

符明永, 赵秀慧, 刘杰, 等. 山羊 OR2AP1 基因多态性及其与体尺性状的关联分析 [J]. 畜牧与兽医, 2025, 57 (4): 26-35.

FU M Y, ZHAO X H, LIU J, et al. Polymorphism of OR2AP1 gene in goats and its association with body size traits [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2025, 57 (4): 26-35.

山羊 OR2AP1 基因多态性及其与体尺性状的关联分析

符明永, 赵秀慧, 刘杰, 董书餐, 柳广斌, 邓铭, 郭勇庆, 孙宝丽, 刘德武, 李耀坤*

(华南农业大学动物科学学院, 广东 广州 510642)

摘要: 为得到一个或多个分子选育种标记, 以加快生长性能好、产肉效率高的山羊选育工作进程。以雷州山羊、川中黑山羊、努比亚山羊为试验对象, 选取健康成年母羊进行体尺测量和血液样品采集, 通过扩增 OR2AP1 基因、DNA 测序和 PCR-RFLP 检测 OR2AP1 基因的多态性, 利用 SnapGene 软件查找其所对应的限制性内切酶, 使用 IBM SPSS Statistics 26 统计分析软件程序配合构建的单位点效应模型对山羊各位点进行统计分析, 研究 OR2AP1 基因多态性与体尺性状的关联性。结果: OR2AP1 基因上有 8 个单核苷酸多态性 (SNP): g. 94G>A, g. 115G>A, g. 322C>T, g. 349C>T, g. 357C>T, g. 365T>C, g. 627G>A 和 g. 909C>T; 影响体高、体直长和体斜长的位点分别为 g. 115G>A, g. 627G>A, g. 627G>A; 影响胸围的位点为 g. 115G>A 和 g. 357C>T, 影响后腿围的位点为 g. 115G>A 和 g. 357C>T, 影响管围的位点为 g. 357C>T 和 g. 627G>A; 影响尻宽的位点为 g. 115G>A, g. 357C>T, g. 365C>T; 通过连锁不平衡分析发现, 影响山羊体尺性状最佳组合单倍型为 g. 357C>T 和 g. 365T>C 位点上 CCCT、TTTT 型, g. 115G>A 和 g. 357C>T 位点上 AATT、GATT 型。体高最佳组合单倍型为 CCCT、AATT, 体直长、胸围、尻宽最佳组合单倍型分别为 GATT、AATT、TTTT。综上, g. 115G>A, g. 357C>T, g. 365C>T, g. 627G>A 可作为改良山羊体尺性状的分子标记; CCCT、TTTT 型 (g. 357C>T 和 g. 365T>C) 以及 AATT、GATT 型 (g. 115G>A 和 g. 357C>T) 是培育优秀体尺性状山羊的优势单倍型。

关键词: SNP; 遗传多样性; 雷州山羊; 川中黑山羊; 努比亚山羊

中图分类号: S826 **文献标志码:** A **文章编号:** 0529-5130(2025)04-0026-10

Polymorphism of OR2AP1 gene in goats and its association with body size traits

FU Mingyong, ZHAO Xiuhui, LIU Jie, DONG Shucan, LIU Guangbin, DENG Ming,

GUO Yongqing, SUN Baoli, LIU Dewu, LI Yaokun*

(College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China)

Abstract: The aim of this study was to obtain one or more molecular selection markers and accelerate the process of goat selection and breeding with good growth performance and high meat production efficiency. Healthy adult ewes were selected for body size measurement and blood sample collection, the polymorphisms of OR2AP1 gene were detected by amplification of OR2AP1 gene, DNA sequencing and PCR-RFLP, the corresponding restriction enzymes were found by SnapGene software, and the unit point effect model constructed by IBM SPSS Statistics 26 was used to statistically analyze the goat sites to study the association between OR2AP1 gene polymorphisms and body size traits. The results showed that there were eight SNPs in the OR2AP1 gene: g. 94G>A, g. 115G>A, g. 322C>T, g. 349C>T, g. 357C>T, g. 365T>C, g. 627G>A and g. 909C>T. The loci affecting body height, body length and body oblique length were g. 115G>A, g. 627G>A, and g. 627G>A, respectively; and the loci affecting chest circumference, hind leg circumference, and tube circumference were g. 115G>A, g. >357C>T, g. 357CT, and g. 627G>A, respectively; and g. 115G>A, g. 357C>T, and g. 627G>A, respectively; and g. 115G>A, g. 357C>T, g. 365C>T, respectively. The linkage disequilibrium analysis showed that the haplotype of the best combination of body size traits affecting goat were g. 357C>T and g. 365T>C: CCCT, TTTT; and g. 115G>A and g. 357C>T: AATT, GATT. The best combination haplotype of body height were CCCT and AATT, and the best combination haplotype of body length, chest circumference and jiri width were GATT, AATT and TTTT, respectively. In conclusion, g. 115G>A, g. 357C>T, and g. 365C>T and g. 627G>A could be used as molecular markers for improved goat body size traits, while CCCT, TTTT (g. 357C>T and g. 365T>C), AATT and GATT (g. 115G>A and g. 357C>T) were the dominant haplotype for breeding goats with excellent body size traits.

Keywords: SNP; genetic diversity; Leizhou goat; Chuanshong black goat; Nubian goat

收稿日期: 2024-04-08; 修回日期: 2025-02-21

基金项目: 广东省科技特派员项目 (KTP20210344); 广东省现代农业产业技术体系项目 (2023KJ127)

第一作者: 符明永, 男, 硕士研究生

* 通信作者: 李耀坤, 博士, 副教授, 主要从事动物繁殖与生产研究, E-mail: ykli@scau.edu.cn.

OR 基因属于 G 蛋白偶联受体超家族^[1]，其家族成员数目庞大，在哺乳动物基因组中仅次于免疫系统编码基因，约占基因组基因总量的 3%~5%^[2-4]。早期研究认为 OR 基因主要表达于嗅觉上皮的神经元表面，其机制是在嗅觉上皮组织中的 OR 基因通过激活三聚体 G 蛋白触发腺苷酸环化酶Ⅲ产生 cAMP，从而将环状核苷酸控离子通道打开且使 Ca^{2+} 和 Na^{+} 内流，于嗅神经元轴突中产生动作电位并将信号传递至大脑皮层^[5-6]。后来发现其在动物的原始胚胎细胞^[7]、红细胞^[8]、肺^[9]、心脏^[10]、肾脏^[11-12]及雄性动物的睾丸^[13]和前列腺^[14]等部位也有表达。研究发现，OR 基因不仅能够刺激畜禽的嗅觉和味觉器官、增强畜禽采食欲望、提高畜禽采食量^[15]，而且在肌肉生长发育过程中起到某些作用，这或许跟畜禽体尺性状相关联。大量研究表明 OR 基因参与动物机体内外调节和相关细胞表达，目前其在昆虫上研究较多，在畜禽上研究较少^[16-17]。前期研究发现，OR2AP1 在 0、3 和 6 月龄雷州山羊背最长肌中表达量存在差异，OR2AP1 可能在山羊的肌肉生长发育过程中起到了某些作用^[18]。但是关于 OR2AP1 基因在山羊肌肉生长发育中的相关研究却鲜有报道。

本研究以雷州山羊（简称 LZ）、川中黑山羊（简称 CZ）和努比亚山羊（简称 NS）为试验对象，通过扩增 OR2AP1 基因，DNA 测序和 PCR-RFLP 检测 3 个品种中 OR2AP1 基因的多态性，探讨其多态位点与体尺性状关联性，以期得到一个或多个分子选育标记，加快生长性能好、产肉效率高的山羊选育工作进程。

1 材料与方法

1.1 体尺测量和血样采集

按照山羊的耳标编号，依次对体斜长、体直长、体高、胸围、腹围、后腿围、管围和尻宽等参数进行测量，体尺测量时要求羊站立在平坦的地方，姿势要端正。试验所用的完整有效山羊体尺数据共 644 份，其中雷州山羊 219 份，川中黑山羊 344 份，努比亚山羊 81 份。

使用一次性真空负压采血管（抗凝管）采集山羊颈部静脉血液，每只山羊采集 5 mL，与抗凝剂混合。将装有血样的采血管放入采血管架并置于有大量冰块的泡沫箱冷藏保存，待采血工作全部完成后带回实验室内-80℃冻存。

1.2 血样 DNA 的提取

使用天根生化科技有限公司 TIANamp Genomic DNA Kit 试剂盒进行血样 DNA 提取，用 NanoDrop 分光光度计检测样品的浓度和纯度， OD_{260}/OD_{280} 的比值均在 1.8~2.0 间，DNA 样品的质量以 1% 的琼脂糖凝胶电泳进行检测，从每个品种中分别抽取 9、9、18、18、27 个 DNA 样品，每个样品分别取 11.5、11.5、6.0、6.0、4.0 μL ，构建成 15 个 DNA 混池，每个 DNA 混池约 100 μL ，置于-20℃冰箱保存备用。

1.3 引物设计及合成

通过 GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 获得已知的候选基因序列，使用 Primer Premier 5.0 软件设计引物，引物均送至北京六合华大基因科技有限公司合成，引物具体信息如表 1 所示。

表 1 DNA 混池候选基因 PCR 扩增使用引物信息

引物名称	引物序列 (5'→3')	产物大小/ bp	退火温度/℃
P18 F	CCACTGGGCTGGGTCATATT	696	59.7
P18 R	GTTCCCGAAGGGGCTCATAG		
P19 F	GACTATGAGCCCCTTCGGGA	592	60
P19 R	AATTCAGCGGAACTGCTTTTT		
P19X1 F	ACTCTCATGTTCAAACACAAAACATCATAGAGAAGG	101	58.7
P19X1 R	ACGTGTAGGAGACAGTGACTAGCTC		
P19X2 F	TTTTCCACTGTTCCTCCCACTTGATTGTCATTTTC	229	58.7
P19X2 R	ATTCTTTAAGACTCATGAGCTTCTA		

1.4 PCR 扩增及测序

PCR 反应体系为 10 μL ：DNA 1 μL ，上下游引物各 0.1 μL ，Taq DNA 聚合酶 5 μL ， ddH_2O 3.8 μL 。

PCR 反应程序：94℃预变性 2 min；94℃变性 30 s，按表 1 温度退火 30 s，72℃延伸 30 s，共 35 个循环；72℃延伸 5 min。扩增产物经凝胶电泳检测合格后，

收集用于下一步的酶切反应，并将 PCR 产物送至华大基因科技有限公司进行测序。

1.5 序列比对及 RFLP 检测

利用 DNASTar 软件将测序完成后获得的上下游序列进行序列拼接，使用 Chromas 软件进行测序峰图分析，结合测序峰图筛查单核苷酸多态性 (SNP)。使用 SnapGene 软件查找筛查出来的 SNP 位点对应的限制性内切酶，用相应的限制性内切酶对候选基因多态位点的 PCR 扩增产物进行酶切。酶切体系 10 μ L: PCR 反应产物 1 μ L, 10 \times buffer 1 μ L, 限制性内切酶 0.5 U, 0.1% BSA, ddH₂O 补充至 10 μ L, 充分振荡混匀后，放入 37 $^{\circ}$ C 的恒温培养箱中进行酶切。按照各限制性内切酶说明书设置反应时间，消化完成后，将样品取出，进行凝胶电泳并根据凝胶成像结果分析各个泳道呈现的基因型。

1.6 连锁不平衡分析

连锁不平衡 (linkage disequilibrium, LD)，指在某一群体中，分属 2 个或 2 个以上基因座的等位基因同时出现在一条染色体上的概率高于随机出现的频率。连锁不平衡是等位基因或者遗传标记在一个种群中表现出高于或低于由等位基因的随机频率而预测的单模样本的频率，一般用 D (连锁不平衡系数)， D' (标准化连锁不平衡系数) 和 r^2 (相关系数) 来表示 LD 的程度。

$$D = P_{AB} - P_A P_B,$$

式中： P_{AB} 表示实际观察到的 AB 频率， P_A 、 P_B 表示 A、B 频率的期望值。

D' 是由 Lewontin 提出的，通过标准化 D 值得到 D' ， D' 反映了群体的重组历史，适用于研究群体的连锁不平衡程度， D' 的取值范围是 -1 到 1。

$$D' = \frac{D}{D_{\max}},$$

式中， D_{\max} 表示理论最大绝对值。

$$D_{\max} = \begin{cases} \min [P_A P_B - P_a P_b], & D < 0, \\ \min [P_A P_b - P_a P_B], & D > 0, \end{cases}$$

式中， P_a 、 P_b 表示 a、b 频率的期望值。

$$r^2 = \frac{D^2}{P_A P_b P_a P_B},$$

式中， r^2 反映等位基因相关程度，取值范围为 0 到 1。

当 $D'=0$ ， $r^2=0$ 时，处于完全连锁平衡状态；当 $D'=1$ ， $r^2=1$ 时，处于完全连锁不平衡状态；如果 $r^2 > 0.33$ ，可认为位点之间存在强的连锁不平衡^[13]。

1.7 数据统计与分析

使用 Excel 2019 软件计算 OR2AP1 基因多态位点

的基因频率、基因型频率、 χ^2 值、多态信息含量 (PIC)、纯合度 (Ho)、杂合度 (He) 和有效等位基因数 (Ne) 等遗传学参数，并进行连锁不平衡分析。应用 IBM SPSS Statistics 26 统计分析软件 (General Linear Model, GLM) 程序配合构建的单位点效应模型对山羊各位点进行统计分析，采用 LSD 和 Dunnett's T3 法进行均数间的多重比较，结果以“平均数 \pm 标准差”表示， $P < 0.05$ 为差异显著， $P < 0.01$ 为差异极显著。统计分析所用的线性模型如下：

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + \varepsilon_{ijk},$$

式中： Y_{ijk} 为性状观察值， μ 为总体平均值， G_i 为基因型效应， ε_{ijk} 为随机残差效应。

2 结果与分析

2.1 OR2AP1 基因 PCR 扩增及 SNP 位点检测

如图 1 所示，对 OR2AP1 基因的引物 P18、P19 进行扩增，1% 琼脂糖凝胶电泳结果表明扩增片段的长度与目的片段一致且条带清晰无杂带。结果显示在 OR2AP1 基因第 94 bp (以编码序列第 1 位为 +1 位计算) 处发生 G \rightarrow A 突变，第 115 bp 处发生 G \rightarrow A 突变，第 322 bp 处发生 C \rightarrow T 突变，第 349 bp 处发生 C \rightarrow T 突变，第 357 bp 处发生 C \rightarrow T 突变，第 365 bp 处发生 T \rightarrow C 突变，第 627 bp 处发生 G \rightarrow A 突变，第 909 bp 处发生 C \rightarrow T 突变，分别命名为 g. 94G>A、g. 115G>A、g. 322C>T、g. 349C>T、g. 357C>T、g. 365T>C、g. 627G>A、g. 909C>T。利用 P18 引物扩增 OR2AP1 基因序列并委托北京六合华大基因科技有限公司进行测序，通过测序峰图对山羊个体进行基因分型，结果如图 2 所示。

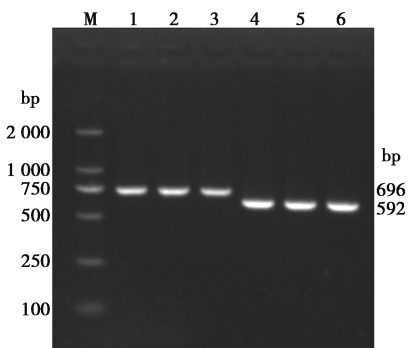


图 1 OR2AP1 基因 2 对引物的扩增产物凝胶电泳结果

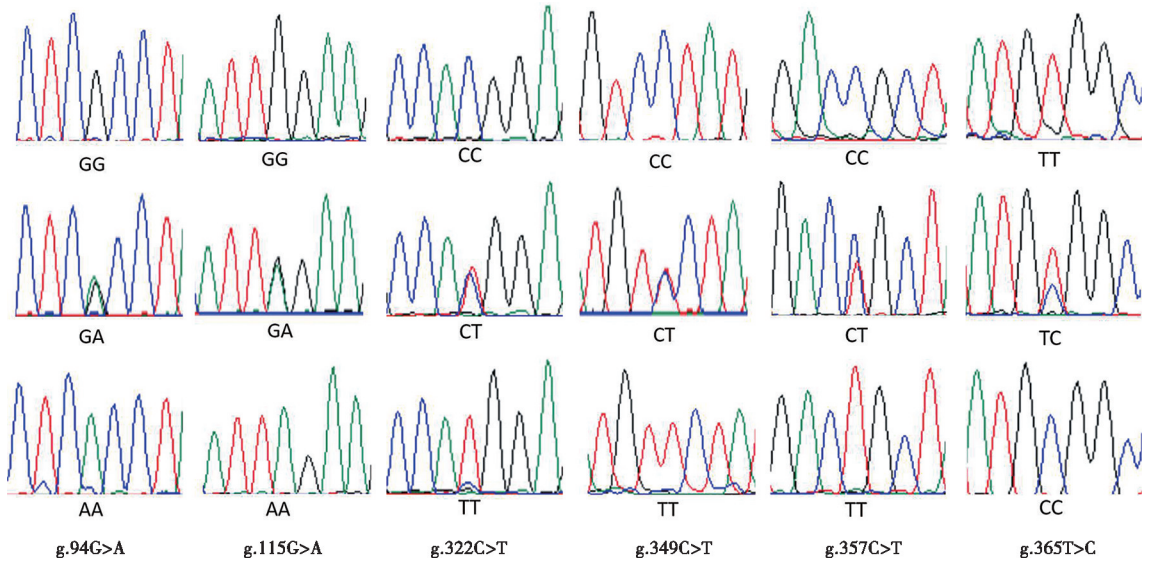


图2 OR2AP1 基因 SNP 位点测序图

2.2 OR2AP1 基因群体遗传特性分析

由表 2 可知, 在 LZ、CZ 和 NS 山羊群体中, g. 357C>T、g. 627G>A 和 g. 909C>T 位点呈现为中度多态, g. 94G>A、g. 322C>T 和 g. 349C>T 位点呈现为低度多态; 在 CZ 和 NS 山羊群体中, g. 115G>A 位点呈现为中度多态, 在 LZ 山羊群体呈现为低度多态; 在 CZ 和 NS 山羊群体中, g. 365T>C 位点呈现为低度多态, 在 LZ 山羊群体中呈现为中度多态。卡方检验

结果显示, 在 CZ、LZ 和 NS 山羊群体基因型的分布中, g. 909C>T 和 g. 627G>A 位点的分布偏离 Hardy-Weinberg 平衡状态 ($P<0.01$), g. 115G>A、g. 357C>T 和 g. 365T>C 位点的分布处于 Hardy-Weinberg 平衡状态 ($P>0.05$)。各位点的基因频率、 χ^2 值、PIC、 H_o 、 H_e 和 N_e 等群体遗传学指标统计结果如表 2 所示。

表 2 OR2AP1 基因 SNP 在雷州山羊、川中黑山羊和努比亚山羊中的遗传参数

突变位点	品种	样本数	基因频率			基因型频数			χ^2 值	PIC	H_o	H_e	N_e
			G	A		GG	GA	AA					
g. 94G>A	LZ	219	1.00	0.00		210	0	0	/	0.00	1.00	0.00	1.00
	CZ	344	0.95	0.05		305	27	4	8.35**	0.09	0.90	0.10	1.11
	NS	81	0.98	0.02		78	3	0	8.10**	0.04	0.96	0.04	1.04
g. 115G>A	LZ	219	0.95	0.05		193	15	2	3.06	0.08	0.91	0.09	1.09
	CZ	344	0.40	0.60		57	156	123	0.29	0.37	0.52	0.48	1.93
	NS	81	0.49	0.51		17	43	18	0.55	0.37	0.50	0.50	2.00
g. 322C>T	LZ	219	1.00	0.00		210	0	0	/	0.00	1.00	0.00	1.00
	CZ	344	1.00	0.00		334	2	0	83.13**	0.01	0.99	0.01	1.01
	NS	81	0.98	0.02		78	2	1	4.62*	0.05	0.95	0.05	1.05
g. 349C>T	LZ	219	1.00	0.00		210	0	0	/	0.00	1.00	0.00	1.00
	CZ	344	0.95	0.05		306	26	4	9.16**	0.09	0.90	0.10	1.11
	NS	81	0.98	0.02		78	3	0	8.10**	0.04	0.96	0.04	1.04
g. 357C>T	LZ	219	0.31	0.69		27	78	105	3.53	0.34	0.57	0.43	1.76
	CZ	344	0.76	0.24		198	118	20	0.10	0.29	0.64	0.36	1.56
	NS	81	0.30	0.70		5	38	38	0.84	0.33	0.58	0.42	1.72
g. 365T>C	LZ	219	0.74	0.26		119	71	20	3.06	0.31	0.61	0.39	1.64
	CZ	344	0.84	0.16		243	81	12	1.94	0.23	0.74	0.26	1.36
	NS	81	0.90	0.10		65	15	1	0.18	0.17	0.81	0.19	1.23

续表2

突变位点	品种	样本数	基因频率		基因型频数			χ^2 值	PIC	Ho	He	Ne
			G	A	GG	GA	AA					
g. 627G>A	LZ	219	0.31	0.69	4	128	86	28.17**	0.34	0.57	0.43	1.75
	CZ	344	0.75	0.25	181	148	12	7.11*	0.31	0.62	0.38	1.61
	NS	81	0.48	0.52	4	69	8	38.49**	0.37	0.50	0.50	2.00
g. 909C>T	LZ	219	0.77	0.23	137	58	21	11.89**	0.29	0.64	0.36	1.55
	CZ	344	0.56	0.44	48	238	10	117.44**	0.37	0.51	0.49	1.97
	NS	81	0.60	0.40	14	57	0	29.85**	0.37	0.52	0.48	1.93

注：*表示差异显著 ($P<0.05$)，**表示差异极显著 ($P<0.01$)； $PIC \geq 0.5$ 为高度多态， $0.25 \leq PIC < 0.5$ 为中度多态， $PIC < 0.25$ 为低度多态，“/”表示组内只有一个基因型，无测定值。

2.3 OR2AP1 基因 SNPs 与山羊体尺性状的关联分析

由表 3 可知，在雷州山羊群体中，g. 115G>A 位点 GG 基因型的后腿围显著大于 GA 基因型 ($P <$

0.05)。g. 357C>T 和 g. 365T>C 位点 CT 基因型的管围显著大于 TT 基因型 ($P < 0.05$)。与 GA 基因型相比，g. 627G>A 位点 AA 基因型的管围显著增大 ($P < 0.05$)。

表 3 雷州山羊 OR2AP1 基因 SNPs 与体尺性状的关联分析

突变位点	基因型	体高	体斜长	体直长	胸围	腹围	后腿围	管围	尻宽
g. 94G>A	GG ($n=206$)	54.57±3.33	63.78±4.48	60.98±4.52	77.81±6.08	85.14±6.76	25.27±3.61	7.21±0.85	14.53±1.43
	GG ($n=190$)	54.56±3.43	63.82±4.48	61.06±4.41	77.95±6.22	85.30±6.92	25.41±3.62 ^a	7.21±0.86	14.57±1.46
g. 115G>A	GA ($n=14$)	54.43±1.70	62.86±4.38	59.52±5.62	76.14±4.09	82.93±4.38	23.36±3.10 ^b	7.24±0.74	14.00±1.04
	AA ($n=2$)	56.00±0.00	67.00±7.07	64.00±7.07	75.75±3.18	84.50±0.71	25.00±4.24 ^{ab}	7.25±0.35	14.00±0.00
g. 322C>T	CC ($n=206$)	54.57±3.33	63.78±4.48	60.98±4.52	77.81±6.08	85.14±5.14	25.27±3.61	7.21±0.85	14.53±1.43
g. 349C>T	CC ($n=206$)	54.57±3.33	63.78±4.48	60.98±4.52	77.81±6.08	85.14±6.76	25.27±3.61	7.21±0.85	14.53±1.43
	CC ($n=26$)	55.10±3.51	63.73±5.60	61.19±5.41	78.72±6.49	85.67±7.87	25.24±3.69	7.27±0.88 ^{ab}	14.83±1.52
	CT ($n=79$)	54.32±3.20	63.57±4.19	60.81±4.28	77.87±5.88	84.84±6.83	25.21±3.39	7.36±0.88 ^a	14.60±1.50
g. 357C>T	TT ($n=101$)	54.62±3.39	63.96±4.43	61.06±4.49	77.53±6.16	85.23±6.46	25.32±3.78	7.08±0.80 ^b	14.40±1.35
	CC ($n=19$)	54.61±3.69	64.21±5.63	61.71±5.52	78.40±7.39	86.03±8.92	25.57±3.75	7.41±0.91 ^a	14.92±1.58
	CT ($n=72$)	54.56±3.25	63.51±4.32	60.72±4.23	77.84±5.44	84.87±6.69	25.24±3.41	7.35±0.85 ^a	14.71±1.47
g. 365T>C	TT ($n=115$)	54.56±3.34	63.88±4.41	61.02±4.54	77.69±6.28	85.16±6.45	25.23±3.73	7.09±0.83 ^b	14.35±1.37
	GG ($n=4$)	54.25±3.10	64.25±2.87	61.88±3.43	78.38±9.91	87.00±6.22	26.00±2.45	7.63±0.80 ^a	14.50±1.29
	GA ($n=126$)	54.41±3.62	63.40±4.81	60.64±4.92	77.49±6.36	84.85±6.78	25.01±3.92	7.10±0.85 ^b	14.47±1.43
g. 627G>A	AA ($n=84$)	54.64±3.06	64.37±3.82	61.51±3.76	77.87±5.48	85.45±6.66	25.54±3.21	7.37±0.79 ^a	14.57±1.41
	CC ($n=133$)	54.52±3.41	63.84±4.41	61.00±4.49	77.24±6.17	84.70±6.59	25.25±3.72	7.17±0.81	14.20±1.42
	CT ($n=59$)	54.25±3.18	63.32±4.12	60.55±4.07	78.18±5.55	85.99±6.26	25.11±3.49	7.23±0.85	14.72±1.34
g. 909C>T	TT ($n=20$)	54.73±3.70	64.90±5.54	62.44±5.59	78.48±7.14	85.83±8.71	25.39±3.62	7.46±0.89	14.88±1.56

注：相同突变位点和体尺指标不同基因型间比较，无肩标或小写字母相同表示差异不显著 ($P>0.05$)，小写字母不同表示差异显著 ($P < 0.05$)，下同。

由表 4 可知，川中黑山羊群体中，g. 115G>A 位点 AA 基因型的体高显著大于 GG 基因型 ($P < 0.05$)，AA 基因型的胸围显著大于 GA 基因型 ($P < 0.05$)，AA 基因型的尻宽显著大于 GG 基因型和 GA 基因型 ($P < 0.05$)。在 g. 357C>T 位点上，CC 基因型和 TT 基因型的胸围、管围以及 TT 基因型的尻宽显著大于

CT 基因型 ($P < 0.05$)。在 g. 365T>C 位点上，CC 基因型和 TT 基因型的尻宽显著大于 CT 基因型 ($P < 0.05$)。在 g. 627G>A 位点上，GG 基因型的体斜长和体直长显著大于 GA 基因型 ($P < 0.05$)。g. 909C>T 位点上，TT 基因型的胸围显著大于 CC 基因型 ($P < 0.05$)。

由表 5 可知, 努比亚山羊群体中, g. 115G>A 位点 AA 基因型的后腿围显著大于 GG 基因型和 GA 基

因型 ($P<0.05$)。与 CT 基因型相比, g. 357C>T 位点 TT 基因型的后腿围显著增大 ($P<0.05$)。

表 4 川中黑山羊 OR2AP1 基因 SNPs 与体尺性状的关联分析

突变位点	基因型	体高	体斜长	体直长	胸围	腹围	后腿围	管围	尻宽
g. 94G>A	GG ($n=302$)	70.13±4.10	72.25±5.72	69.13±5.76	86.42±6.01	94.07±7.03	26.58±3.11	8.60±0.89	16.59±1.48
	GA ($n=27$)	69.61±3.56	70.78±8.49	68.54±5.41	84.30±5.99	93.38±8.96	24.20±3.19	8.34±0.92	16.20±1.78
	AA ($n=4$)	71.50±2.65	71.50±3.32	68.75±2.99	85.88±6.86	94.55±6.98	27.23±1.97	8.83±0.13	17.13±0.85
g. 115G>A	GG ($n=57$)	69.17±4.51 ^b	72.02±7.01	68.65±7.31	86.12±6.26 ^{ab}	93.90±7.76	25.85±3.24	8.68±0.99	16.40±1.57 ^b
	GA ($n=153$)	70.15±3.98 ^{ab}	72.31±5.77	69.51±5.00	85.48±5.50 ^b	93.55±7.04	26.66±3.23	8.48±0.85	16.41±1.48 ^b
	AA ($n=123$)	70.48±3.84 ^a	71.92±5.71	68.72±5.69	87.24±6.44 ^a	94.65±7.10	26.62±2.97	8.67±0.87	16.84±1.49 ^a
g. 322C>T	CC ($n=331$)	70.10±4.05	72.12±5.98	69.09±5.71	86.27±6.04	94.04±7.20	26.49±3.15	8.58±0.89	16.56±1.50
	CT ($n=2$)	70.50±3.54	71.00±4.24	67.00±2.83	81.50±0.71	90.65±0.50	28.85±1.20	8.65±0.92	16.75±0.35
g. 349C>T	CC ($n=303$)	70.11±4.10	72.23±5.71	69.11±5.76	86.38±6.03	94.02±7.06	26.59±3.10	8.60±0.89	16.59±1.48
	CT ($n=26$)	69.79±3.51	70.89±8.64	68.67±5.47	84.62±5.87	93.85±8.80	25.44±3.64	8.39±0.90	16.25±1.80
	TT ($n=4$)	71.50±2.65	71.50±3.32	68.75±2.98	85.88±6.86	94.55±6.98	27.23±1.97	8.83±0.13	17.13±0.85
g. 357C>T	CC ($n=20$)	69.65±3.80	71.15±4.40	68.04±5.16	86.88±6.06 ^a	95.19±6.79	26.17±3.31	8.69±0.80 ^a	16.60±1.59 ^{ab}
	CT ($n=118$)	69.87±4.01	72.14±6.52	69.12±5.67	85.29±5.90 ^b	93.31±7.70	26.35±3.00	8.44±0.88 ^b	16.21±1.51 ^b
	TT ($n=195$)	70.29±4.09	72.20±5.76	69.15±5.79	86.75±6.07 ^a	94.32±6.90	26.64±3.22	8.66±0.89 ^a	16.78±1.45 ^a
g. 365T>C	CC ($n=12$)	69.42±3.92	72.25±4.65	68.75±6.01	88.17±5.49	95.46±5.86	26.54±3.27	8.93±0.81	17.21±1.69 ^a
	CT ($n=81$)	69.93±4.08	71.88±5.28	68.64±5.25	85.19±5.66	92.94±7.07	26.28±2.91	8.48±0.87	16.05±1.47 ^b
	TT ($n=240$)	70.20±4.04	72.19±6.25	69.24±5.85	86.50±6.14	94.31±7.27	26.58±3.22	8.60±0.89	16.71±1.46 ^a
g. 627G>A	GG ($n=171$)	69.93±4.15	73.41±5.54 ^a	70.22±5.22 ^a	86.66±5.97	94.29±7.24	26.33±3.01	8.61±0.93	16.55±1.36
	GA ($n=146$)	70.10±4.03	70.38±5.96 ^b	67.48±5.82 ^b	85.51±5.82	93.36±6.67	26.69±3.31	8.52±0.84	16.48±1.59
	AA ($n=12$)	71.58±4.42	70.42±5.13 ^{ab}	67.58±5.91 ^{ab}	86.89±7.67	96.31±9.36	27.46±1.78	8.58±0.92	16.50±1.62
g. 909C>T	CC ($n=45$)	69.28±4.51	71.53±6.82	68.40±6.95	84.56±5.90 ^b	93.22±7.96	26.09±3.81	8.49±0.87	16.52±1.57
	CT ($n=230$)	70.26±4.06	72.41±5.46	69.30±5.42	86.45±6.07 ^{ab}	94.10±6.82	26.60±2.83	8.56±0.91	16.47±1.48
	TT ($n=10$)	69.20±4.24	72.00±4.83	68.50±6.46	88.80±5.83 ^a	95.55±6.03	26.95±2.73	8.92±0.75	16.95±1.72

表 5 努比亚山羊 OR2AP1 基因 SNPs 与体尺性状的关联分析

突变位点	基因型	体高	体斜长	体直长	胸围	腹围	后腿围	管围	尻宽
g. 94G>A	GG ($n=77$)	66.63±3.73	5.20±3.94	63.31±3.91	81.52±5.23	85.51±6.77	30.87±3.47	8.03±0.83	15.64±1.41
	GA ($n=3$)	63.67±1.53	66.00±5.20	63.17±5.06	84.83±3.82	89.00±4.00	32.50±4.09	8.87±0.23	16.00±0.00
g. 115G>A	GG ($n=17$)	66.18±2.95	64.65±3.04	62.08±3.10	82.14±4.33	86.29±4.12	29.66±3.25 ^b	7.97±0.59	15.38±0.70
	GA ($n=43$)	66.45±4.12	66.43±4.42	63.82±4.44	81.72±6.07	84.94±7.09	30.65±3.42 ^b	8.05±0.96	15.68±1.58
	AA ($n=21$)	66.93±3.52	66.38±3.47	63.21±3.24	82.14±4.33	86.55±7.65	32.52±3.33 ^a	8.16±0.75	15.81±1.41
g. 322C>T	CC ($n=78$)	66.37±3.62	65.99±3.99	63.20±3.92	81.78±5.00	85.73±6.76	30.97±3.47	8.09±0.81	15.73±1.30
	CT ($n=2$)	71.50±6.36	66.00±2.83	64.45±3.47	74.00±9.90	81.50±6.36	27.50±2.12	7.00±1.41	13.50±3.54
	TT ($n=1$)	68.00	70.00	68.50	86.00	87.00	34.00	8.50	14.00
g. 349C>T	CC ($n=78$)	66.63±3.73	66.05±3.94	63.31±3.91	81.52±5.23	85.51±6.77	30.87±3.47	8.03±0.83	15.64±1.41
	CT ($n=3$)	63.67±1.53	66.00±5.20	63.17±5.06	84.83±3.82	89.00±4.00	32.50±4.09	8.87±0.23	16.00±1.60
g. 357C>T	CC ($n=5$)	67.90±2.41	65.80±3.49	63.46±3.82	81.80±2.49	87.60±2.88	31.04±4.06 ^{ab}	8.08±0.75	15.30±0.84
	CT ($n=38$)	66.24±3.80	66.20±4.21	63.51±4.17	81.97±6.21	85.53±6.16	29.57±2.96 ^b	7.97±0.76	15.53±1.46
	TT ($n=38$)	66.62±3.79	65.92±3.84	63.07±3.76	81.29±4.36	85.49±7.60	32.27±3.44 ^a	8.16±0.92	15.82±1.38

续表 5

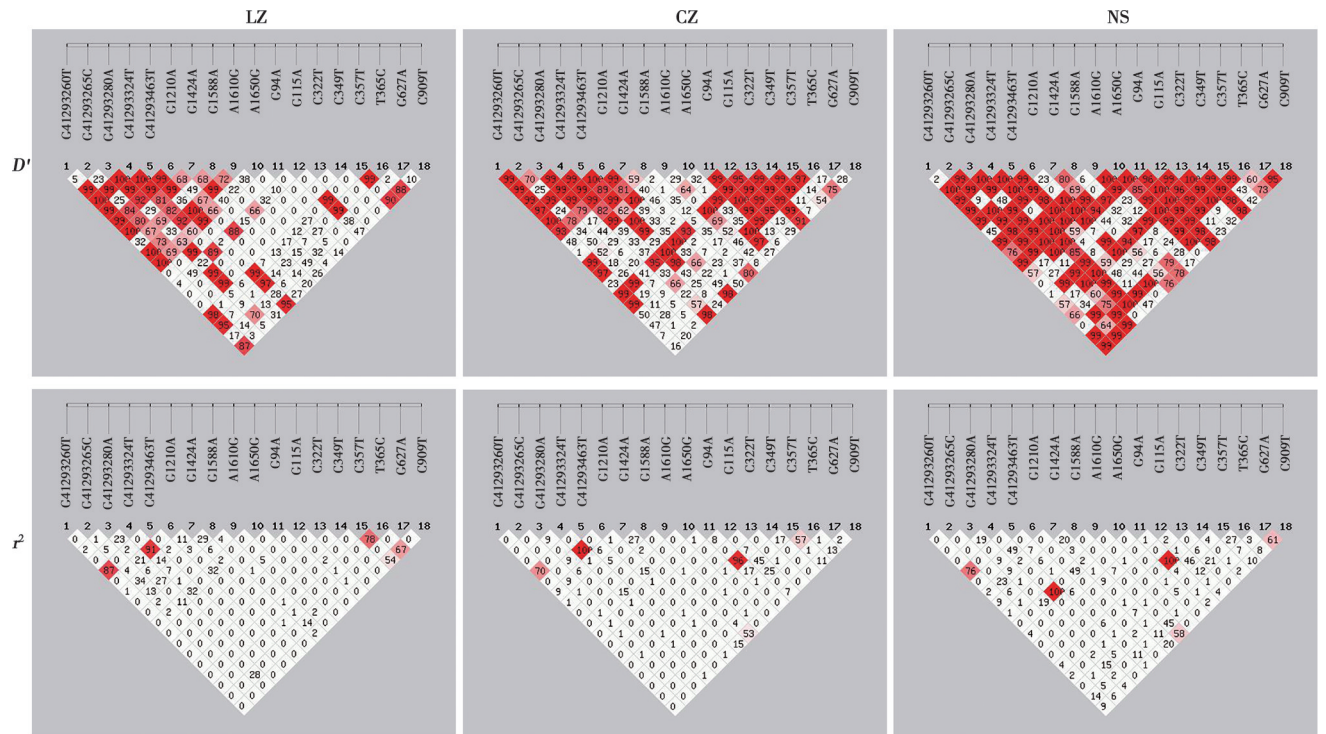
cm

突变位点	基因型	体高	体斜长	体直长	胸围	腹围	后腿围	管围	尻宽
g. 365T>C	CC(n=1)	68.00	70.00	68.50	86.00	87.00	34.00	8.50	14.00
	CT(n=15)	67.33±3.13	67.10±4.34	64.55±4.09	80.23±5.48	83.80±5.83	29.61±2.27	7.89±0.69	15.17±1.60
	TT(n=65)	66.31±3.86	65.74±3.85	62.93±3.82	81.90±5.14	86.04±6.91	31.18±3.65	8.10±0.87	15.79±1.32
g. 627G>A	GG(n=4)	63.50±5.20	66.00±4.08	63.75±3.84	78.50±6.14	83.00±8.03	28.50±2.65	7.83±1.09	15.00±1.41
	GA(n=69)	66.70±3.62	65.85±3.77	63.07±3.77	81.48±5.13	85.52±6.75	31.10±3.53	8.04±0.85	15.66±1.43
	AA(n=8)	66.50±3.67	67.75±5.42	65.06±5.17	84.61±4.62	88.00±7.03	30.69±3.24	8.39±0.51	15.88±1.07
g. 909C>T	CC(n=14)	66.36±2.88	65.86±4.66	63.04±4.30	82.92±4.54	87.79±8.12	30.59±4.64	8.34±0.86	15.82±1.46
	CT(n=57)	66.61±3.93	66.03±3.68	63.28±3.67	81.12±5.44	84.87±6.39	31.00±3.35	8.00±0.84	15.57±1.42

2.4 连锁不平衡分析及组合单倍型对山羊体尺性状的影响

如图 3 所示, 在连锁不平衡分析中 OR2AP1 基因 g. 357C>T、g. 365T>C 和 g. 909C>T 这 3 个位点间在 LZ 群体中呈强连锁 ($r^2>0.33$)。g. 94G>A 和 g. 349C>T、g. 357C>T 和 g. 365T>C、g. 115G>A 和 g. 357C>T 位点间在 CZ 群体中呈强连锁 ($r^2>0.33$)。g. 94G>A 和 g. 349C>T、g. 115G>A 和 g. 357C>T、g. 627G>A 和 g. 909C>T 位点间在 NS 群体中呈强连锁 ($r^2>0.33$)。由表 6 和表 7 可知, 在 g. 357C>T 和 g. 365T>C 位点组合单倍型分析中, LZ 的 CCCC 型、CCTT 型、CTCT 型和 CTTT 型的体高显著低于 CCCT 型 ($P<0.05$)。CCTT 型和 TTTT 型的管围显著

低于 CCCC 型、CCCT 型和 CTCT 型和 CTTT 型 ($P<0.05$)；CZ 的 CCCT 型和 CTTT 型的管围显著低于 CCCC 型、CCTT 型和 TTTT 型 ($P<0.05$)，CCCT 型的尻宽显著低于 CCCC 型、CCTT 型和 TTTT 型 ($P<0.05$)。在 g. 115G>A 和 g. 357C>T 位点组合单倍型分析中, CZ 的 GGTT 型的体高显著低于 AATT 型 ($P<0.05$)，GGTT 型的体直长显著低于 GATT 型 ($P<0.05$)，GACT 型和 GGTT 型的胸围显著低于 AATT 型 ($P<0.05$)，GACT 型的管围显著低于 AATT 型 GGCC 型和 GGTT 型 ($P<0.05$)，GACT 型的尻宽显著低于 AATT 型和 GATT 型 ($P<0.05$)；NS 的 GACT 型和 GGCT 型的后腿围显著低于 AATT 型、GATT 型和 GGTT 型 ($P<0.05$)。



注：图中方块内数字单位为%。

图 3 LZ、CZ 和 NS 山羊中 18 个 SNP 不平衡分析连锁图

表6 g. 357C>T 和 g. 365T>C 位点的组合基因型对山羊体尺性状的影响

品种	基因型	体高	体斜长	体直长	胸围	腹围	后腿围	管围	尻宽
LZ	CCCC (<i>n</i> =17)	54.32±3.80 ^b	63.82±5.51	61.27±5.46	77.39±6.83	84.91±8.63	24.81±3.14	7.22±0.68 ^a	14.62±1.27
	CCCT (<i>n</i> =5)	57.80±1.64 ^a	63.40±6.66	60.50±6.21	79.80±3.70	83.80±4.59	25.30±3.96	7.26±0.40 ^a	15.00±1.41
	CCTT (<i>n</i> =2)	53.00±1.41 ^b	60.00±1.41	58.00±1.41	79.00±2.83	87.00±2.83	22.00±1.41	6.00±0.00 ^b	13.50±0.71
	CTCT (<i>n</i> =64)	54.27±3.28 ^b	63.41±4.23	60.65±4.18	77.37±5.39	84.74±6.88	25.28±3.45	7.33±0.87 ^a	14.63±1.48
	CTTT (<i>n</i> =12)	54.33±3.26 ^b	63.83±4.51	61.21±5.32	78.88±7.75	84.25±7.09	25.08±3.47	7.36±0.98 ^a	14.13±1.60
	TTTT (<i>n</i> =97)	54.53±3.36 ^b	63.84±4.46	60.94±4.54	77.46±6.19	85.05±6.52	25.17±3.77	7.06±0.81 ^b	14.33±1.33
CZ	CCCC (<i>n</i> =11)	69.18±4.02	72.46±4.82	68.91±6.27	88.36±5.71	95.96±5.88	26.32±3.33	8.84±0.77 ^a	17.05±1.67 ^a
	CCCT (<i>n</i> =4)	69.75±4.79	67.50±3.11	64.95±3.56	86.00±6.33	95.75±10.15	25.75±4.57	8.33±1.27 ^b	15.00±1.16 ^b
	CCTT (<i>n</i> =5)	70.60±3.05	71.20±2.95	68.60±2.61	84.30±6.91	93.04±6.93	26.18±2.89	8.66±0.39 ^a	16.90±0.89 ^a
	CTCT (<i>n</i> =77)	69.94±4.07	72.11±5.28	68.83±5.27	85.15±5.67	92.79±6.93	26.31±2.84	8.49±0.86 ^{ab}	16.10±1.47 ^{ab}
	CTTT (<i>n</i> =41)	69.75±3.93	72.20±8.44	69.66±6.39	85.56±6.37	94.30±8.98	26.42±3.31	8.35±0.91 ^b	16.41±1.58 ^{ab}
	TTCC (<i>n</i> =1)	72.00	70.00	67.00	86.00	90.00	29.00	10.00	19.00
	TTTT (<i>n</i> =194)	70.28±4.10	72.21±5.78	69.16±5.80	86.75±6.08	94.34±6.91	26.63±3.23	8.65±0.89 ^a	16.77±1.44 ^a

表7 g. 115G>A 和 g. 357C>T 位点的组合基因型对山羊体尺性状的影响

品种	基因型	体高	体斜长	体直长	胸围	腹围	后腿围	管围	尻宽
CZ	AATT (<i>n</i> =123)	70.48±3.84 ^a	71.92±5.71	68.72±5.69 ^{ab}	87.24±6.44 ^a	94.65±7.10	26.62±2.97	8.67±0.87 ^a	16.84±1.46 ^a
	GACT (<i>n</i> =91)	70.04±3.92 ^{ab}	71.76±6.43	68.90±5.17 ^{ab}	84.94±5.63 ^b	93.11±7.56	26.54±2.99	8.41±0.88 ^b	16.19±1.53 ^b
	GATT (<i>n</i> =62)	70.32±4.09 ^{ab}	73.11±4.56	70.42±4.63 ^a	86.27±5.25 ^{ab}	94.19±6.21	26.83±3.57	8.58±0.79 ^{ab}	16.73±1.35 ^a
	GGCC (<i>n</i> =20)	69.65±3.80 ^{ab}	71.15±4.40	68.04±5.16 ^{ab}	86.88±6.06 ^{ab}	95.19±6.79	26.17±3.31	8.69±0.80 ^a	16.60±1.59 ^{ab}
	GGCT (<i>n</i> =27)	69.32±4.33 ^{ab}	73.40±6.76	69.88±7.17 ^{ab}	86.47±6.70 ^{ab}	93.99±8.26	25.69±2.98	8.54±0.86 ^{ab}	16.27±1.48 ^{ab}
	GGTT (<i>n</i> =10)	67.80±6.29 ^b	70.00±11.01	66.55±10.83 ^b	83.65±5.32 ^b	91.10±8.23	25.63±4.02	9.02±1.56 ^a	16.35±1.92 ^{ab}
NS	AATT (<i>n</i> =21)	66.93±3.52	66.38±3.47	63.21±3.24	82.14±4.33	86.55±7.65	32.52±3.33 ^a	8.16±0.75	15.81±1.41
	GACT (<i>n</i> =28)	66.46±4.11	66.91±4.36	64.23±4.33	82.50±6.69	85.62±6.66	29.99±3.04 ^b	8.01±0.83	15.58±1.66
	GATT (<i>n</i> =15)	66.43±4.26	65.53±4.53	63.07±4.68	80.27±4.53	83.67±7.90	31.88±3.85 ^a	8.13±1.19	15.87±1.46
	GGCC (<i>n</i> =5)	67.90±2.41	65.80±3.49	63.46±3.82	81.80±2.49	87.60±2.88	31.04±4.06 ^{ab}	8.08±0.75	15.30±0.84
	GGCT (<i>n</i> =10)	65.60±2.84	64.20±3.12	61.51±3.02	80.49±4.54	85.30±4.79	28.40±2.50 ^b	7.86±0.57	15.40±0.70
	GGTT (<i>n</i> =2)	64.75±4.60	64.00±1.41	61.50±0.71	80.00±2.83	88.00±2.83	32.50±2.12 ^a	8.25±0.35	15.50±0.71

3 讨论

3.1 OR2AP1 基因多态位点的遗传参数比较

Ho、He、Ne 和 PIC 等是衡量群体遗传变异的重要参数，群体间在遗传方面的本质差异可根据不同的遗传参数体现^[20]。本研究中，3 种山羊 g. 357C>T、g. 627G>A 和 g. 909C>T 位点在群体中分布均匀，Ho 值和 He 值均在 0.50 左右。g. 115G>A 位点在 LZ 山羊群体中的 Ho 值较高，在 CZ 和 NS 山羊群体中的 Ho 和 He 值接近 0.50，说明该位点在 LZ 山羊群体中已经进行选育工作。在其他位点上各 SNP 的 Ho 值较高，He 值较低，说明这些位点遗传性能较稳定，在育种工作中易于保种和提高杂种优势。在群体中，等位基因分布越均匀，所检测到的等位基因的绝对数与

有效等位基因数越接近^[21-22]。OR2AP1 基因中 g. 115G>A、g. 357C>T、g. 627G>A 和 g. 909C>T 位点 Ne 值接近 2，与实际等位基因数相近，表明这些位点上 2 个等位基因在群体中的分布比较均匀，其余位点 Ne 值接近 1，说明等位基因在各群体中分布不均匀，群体间遗传差异较大。

一个群体中 PIC 与其位点 He 成正比，PIC 含量越大，He 比例越大，所提供的遗传信息越高^[23-25]。本研究中，g. 357C>T、g. 627G>A 和 g. 909C>T 位点在 CZ、LZ 和 NS 群体中呈现为中度多态，说明这 3 个位点能够提供较为丰富的遗传信息。在 LZ 群体中，g. 365 T>C 位点呈现为中度多态，说明 LZ 的这个位点还有可以挖掘的遗传资源。在 CZ 和 NS 群体中，g. 115G>A 位点呈现为中度多态，说明这个位点

在 CZ 和 NS 山羊群体中的遗传资源还有待挖掘。其余位点上 3 种山羊呈现为低度多态, 说明这位点的遗传资源可能已经开发完全。

卡方检验结果显示, 在 CZ、LZ 和 NS 山羊群体中, $g. 909C > T$ 和 $g. 627G > A$ 位点偏离 Hardy - Weinberg 平衡状态, 说明人们长期对这 3 个位点相关联的某一性状进行人为选育。在 $g. 115G > A$ 、 $g. 357C > T$ 和 $g. 365T > C$ 位点的基因型分布符合 Hardy - Weinberg 平衡状态, 说明这 3 个 SNP 可能不受目前选育措施的影响, 在选育过程中它们的遗传变化仍然是随机的。

3.2 OR2AP1 基因与体尺性状的关系分析

不同的基因型在动物生长过程中的平均值各不相同, 根据其平均值的大小, 可以作为动物早期生长性状发育的有利基因型的判断依据^[26-28]。 $g. 115G > A$ 位点的碱基由 G 突变为 A, 在 3 种山羊中都有性状伴随基因型的改变发生了明显变化, 结果显示 $g. 115G > A$ 位点可能是影响 LZ、CZ 和 NS 山羊优秀体尺性状的基因, LZ 山羊群体中 GG 型为优势基因型, CZ 和 NS 山羊群体中 AA 型为优势基因型。 $g. 357C > T$ 位点的碱基由 C 突变为 T, 属于同义突变, 却在 3 个品种的山羊中都有性状伴随基因型的改变发生了明显变化。结果显示 $g. 357C > T$ 位点可能是影响 LZ、CZ 和 NS 山羊优秀体尺性状的主效基因, LZ 群体 C 为优势基因, CZ 和 NS 群体中 TT 型为优势基因型。 $g. 365C > T$ 位点碱基由 C 突变为 T, 属于同义突变。结果显示 $g. 365C > T$ 位点可能是影响 LZ 和 CZ 骨骼发育的关键基因。 $g. 627G > A$ 位点的碱基由 G 突变为 A, 属于同义突变。结果显示 $g. 627G > A$ 位点可能是影响 LZ 和 NS 山羊骨骼发育的关键基因, LZ 山羊群体中 AA 型为优势基因型, CZ 山羊群体中 GG 型为优势基因型。

3.3 OR2AP1 基因连锁不平衡分析

许多遗传因素和非遗传因素共同作用导致 LD 水平产生, 除了突变和重组会对 LD 产生影响外, 群体结构和大小、染色体位置和片段选择强度、遗传漂变、物种交配体系等都会对其造成影响^[29-30]。LZ 山羊群体 $g. 357C > T$ 和 $g. 365T > C$ 位点组合分析结果显示, 在这 2 个位点中存在加性效应, $g. 365T > C$ 位点对管围的影响更大, 且 C 为优势基因。CZ 黑山羊群体 $g. 115G > A$ 和 $g. 357C > T$ 位点组合分析结果显示, 在体高这个性状上, $g. 115G > A$ 位点上 AA 型为优势基因型, 在胸围、管围、尻宽上, $g. 357C > T$ 上的 TT 型为优势基因型, 且对性状的影响更大。CZ 黑山羊群体 $g. 357C > T$ 和 $g. 365T > C$ 位点组合分析结果显示, $g. 357C > T$ 和 $g. 365T > C$ 位点间存在加性效应。 $g. 115G > A$ 和 $g. 357C > T$ 位点的组合分析结果显示,

两位点间存在加性效应, $g. 115G > A$ 中 A 为优势基因, $g. 357C > T$ 中 TT 为优势基因型。

4 结论

综上, OR2AP1 基因中, $g. 115G > A$ 可作为改良雷州山羊后腿围、川中黑山羊体高和胸围以及努比亚山羊后腿围的分子标记; $g. 357C > T$ 可作为提高雷州山羊管围, 川中黑山羊胸围、管围、尻宽以及 NS 后腿围的分子标记; $g. 365C > T$ 可作为改进雷州山羊管围、川中黑山羊尻宽的分子标记; $g. 627G > A$ 可作为改良雷州山羊管围、川中黑山羊体斜长和体直长的分子标记。CCCT、TTTT 型 ($g. 357C > T$ 和 $g. 365T > C$) 以及 AATT、GATT 型 ($g. 115G > A$ 和 $g. 357C > T$) 是培育优秀体尺性状山羊的优势基因型。

参考文献:

- [1] JIMENEZ R C, CASAJUANA-MERTIN N, GARCÍA-RECIO A, et al. The mutational landscape of human olfactory G protein-coupled receptors [J]. BMC Biology, 2021, 19 (1): 1-15.
- [2] 轩俊丽. 绵羊嗅觉受体 (OR) 和味觉受体 (T1Rs) 基因多态性研究 [D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2016.
- [3] GAILLARD I, ROUQUIER S, GIORGI D. Olfactory receptors [J]. Cellular and Molecular Life Sciences, 2004, 61 (4): 456-469.
- [4] BUCK L, AXEL R. A novel multigene family may encode odorant receptors: a molecular basis for odor recognition [J]. Cell, 1991, 65 (1): 175-187.
- [5] GONCALVES F, RIBEIRO A, SILVA C, et al. Biotechnological applications of mammalian odorant-binding proteins [J]. Critical Reviews in Biotechnology, 2021, 41 (3): 441-455.
- [6] CONNOR E E, ZHOU Y, LIU G E. The essence of appetite: does olfactory receptor variation play a role [J]. Journal of Animal Science, 2018, 96 (4): 1551-1558.
- [7] FEINGOLD E A, PENNY L A, NIENHUIS A W, et al. An olfactory receptor gene is located in the extended human beta-globin gene cluster and is expressed in erythroid cells [J]. Genomics, 1999, 61 (1): 15-23.
- [8] YUAN T T, TOY P, MCCLARY J A, et al. Cloning and genetic characterization of an evolutionarily conserved human olfactory receptor that is differentially expressed across species [J]. Gene, 2001, 278 (1/2): 41-51.
- [9] SEO J, CHOI S, KIM H, et al. Association between olfactory receptors and skin physiology [J]. Annals of Dermatology, 2022, 34 (2): 87.
- [10] MEIJERINK J. The intestinal fatty acid-enteroendocrine interplay, emerging roles for olfactory signaling and serotonin conjugates [J]. Molecules, 2021, 26 (5): 1416.
- [11] XU J, CHO R, GUPTA K, et al. Uncovering a sex-specific role for olfactory receptor 558 (Olf558) in blood pressure regulation [J]. The FASEB Journal, 2022, 36 (S1): R2639.
- [12] ZHANG S, LI L, LI H. Role of ectopic olfactory receptors in glucose

- and lipid metabolism [J]. *British Journal of Pharmacology*, 2021, 178 (24): 4792-4807.
- [13] TEVERONI E, DI NICUOLO F, VERGANI E, et al. Short-chain fatty acids modulate sperm migration through olfactory receptor 51E2 activity [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23 (21): 12726.
- [14] SPEHR M, SCHWANE K, RIFFELL J A, et al. Odorant receptors and olfactory-like signaling mechanisms in mammalian sperm [J]. *Molecular and Cellular Endocrinology*, 2006, 250 (1/2): 128-136.
- [15] AIVARENGA A B, OLIVEIRA H R, CHEN S Y, et al. A systematic review of genomic regions and candidate genes underlying behavioral traits in farmed mammals and their link with human disorders [J]. *Animals*, 2021, 11 (3): 715.
- [16] GRIFFIN C A, KAFADAR K A, PAVLATH G K. MOR23 promotes muscle regeneration and regulates cell adhesion and migration [J]. *Developmental Cell*, 2009, 17 (5): 649-661.
- [17] PICHAVANT C, BURKHOLDER T J, PAVLATH G K. Decrease of myofiber branching via musclespecific expression of the olfactory receptor mOR23 in dystrophic muscle leads to protection against mechanical stress [J]. *Skeletal Muscle*, 2016, 6 (1): 2.
- [18] ZHAO X, YE J, LIN X, et al. Identification of key functional genes and lncRNAs influencing muscle growth and development in Leizhou black goats [J]. *Genes (Basel)*, 2023, 14 (4): 881.
- [19] ARDLIE K G, KRUGLYAK L, SEIELSTAD M. Patterns of linkage disequilibrium in the human genome [J]. *Nature Reviews Genetics*, 2002, 3 (4): 299-309.
- [20] CAO X K, WANG J, LAN X Y, et al. Genetic variants in BMP8B gene are associated with growth traits in Chinese native cattle [J]. *Gene*, 2013; 532 (1): 108-113.
- [21] HELBIG G, CHRISTOPHERSONII K W, BHAT-NAKSHATRI P, et al. NF- κ B promotes breast cancer cell migration and metastasis by inducing the expression of the chemokine receptor CXCR4 [J]. *Journal of Biological Chemistry*, 2003, 278 (24): 21631-21638.
- [22] HINES H C, ZIKAKIS J P, HAENLEIN G F, et al. Linkage relationships among loci of polymorphisms in blood and milk of cattle [J]. *Journal of Dairy Science*, 1981, 64 (1): 71-76.
- [23] CREPALDI P, MARILL M, GORNI C, et al. Preliminary study on MC1R polymorphism in some cattle breeds raised in Italy [J]. *Italian Journal of Animal Science*, 2016, 13-15. DOI: 10.4081/ijas.2003.s1.13.
- [24] 高旭东, 余四九, 王明亮, 等. 四个牦牛品种 MC1R 基因部分序列的多态性研究 [J]. *生物技术通报*, 2012 (8): 141-145.
- [25] JAHROMI M, AHMED A, BEHBEHANI K, et al. Critical association study of olfactory receptor gene polymorphism in diabetic complications [J]. *Immunome Research*, 2014, 10 (2): 79.
- [26] ZHAI R, WANG W M, ZHANG D Y, et al. Novel polymorphism at *KLf15* gene and its association with growth traits in Hu sheep [J]. *Anim Biotechnol*, 2023, 34 (8): 3287-3293.
- [27] 王鹏. 湖羊 GH、MSTN 基因遗传多态、表达及其与肌肉生长性状关联分析 [D]. 扬州: 扬州大学, 2010.
- [28] 王杨, 王苗苗, 单保森, 等. BRE-AS 启动子负调控区变异与启动子活性、母猪繁殖力的关系 [J]. *南京农业大学学报*, 2023, 46 (6): 1153-1160.
- [29] 苗百更. 寒地水稻种质品质特性及其连锁不平衡分析 [D]. 佳木斯: 佳木斯大学, 2018.
- [30] 冷军臣. 南江黄羊 IGF2BP1 第二内含子 7 个 SNPs 与体重和体尺的关联性研究 [D]. 雅安: 四川农业大学, 2022.