

萧蓉, 姜薇薇, 王局东, 等. 拜城油鸡不同生长阶段脂肪代谢相关基因表达量与脂肪性状的相关性研究 [J]. 畜牧与兽医, 2026, 58 (2): 1-10.
XIAO R, JIANG W W, WANG J D, et al. Correlation between fat metabolism-related gene expression and fat traits in different growth stages of Baicheng fatty chicken [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2026, 58 (2): 1-10.

拜城油鸡不同生长阶段脂肪代谢相关基因表达量与脂肪性状的相关性研究

萧蓉, 姜薇薇, 王局东, 张海月, 孙杰*

(石河子大学动物科技学院, 新疆 石河子 832000)

摘要: 旨在探讨拜城油鸡不同生长发育阶段小肠型脂肪酸结合蛋白 (I-FABP)、载脂蛋白 A1 (APOA1)、微粒体甘油三酯转运蛋白 (MTTP)、类微粒体甘油三酯转运蛋白 (MTTPL)、脂肪分化相关蛋白 (ADFP) 和过氧化物酶体增殖物激活受体 γ (PPAR γ) 基因与脂肪性状的关系, 为深入研究候选基因对脂肪性状的作用奠定基础。采集拜城油鸡不同日龄 (14、28、56、84、112 d) 的胸肌、腿肌、肝脏、腹脂、背部脂肪和胸部脂肪样品共 300 份, 测定其脂肪性状和血脂指标, 采用实时荧光定量 PCR 技术对拜城油鸡不同生长阶段各组织中 I-FABP、APOA1、MTTP、MTTPL、ADFP 和 PPAR γ 基因表达量进行检测。结果: I-FABP 基因在 14 d 的肝脏中表达量最高, PPAR γ 基因在 112 d 的肝脏中表达量最高, APOA1、MTTPL 基因在肝脏和肌肉中高表达, MTTP 基因在腹脂中高表达, ADFP 基因在胸部脂肪中高表达。相关性分析表明, I-FABP 基因表达量与胸肌、腿肌的肌内脂肪 (IMF) 呈极显著正相关 ($P<0.01$), 与胸部脂肪重呈显著负相关 ($P<0.05$), 其在腹脂、背部脂肪和胸部脂肪中的表达量与低密度脂蛋白 (LDL) 呈显著正相关 ($P<0.05$); MTTP 基因在肝脏中的表达量与甘油三酯 (TG) 呈显著负相关 ($P<0.05$), 其在胸部脂肪中的表达量与 LDL 呈显著负相关 ($P<0.05$); MTTPL 基因表达量与腿肌 IMF 呈显著负相关 ($P<0.05$), 其在腹脂中的表达量与高密度脂蛋白 (HDL) 呈极显著正相关 ($P<0.01$); PPAR γ 基因在背部脂肪中的表达量与 LDL 呈显著正相关 ($P<0.05$)。结论: I-FABP、MTTP、MTTPL 和 PPAR γ 基因在拜城油鸡脂肪性状的形成过程中发挥重要作用。

关键词: 拜城油鸡; 组织; 脂肪性状; 候选基因; 基因表达

中图分类号: S813 **文献标志码:** A **文章编号:** 0529-5130(2026)02-0001-10

Correlation between fat metabolism-related gene expression and fat traits in different growth stages of Baicheng fatty chicken

XIAO Rong, JIANG Weiwei, WANG Judong, ZHANG Haiyue, SUN Jie*

(College of Animal Science and Technology, Shihezi University, Shihezi 832000, China)

Abstract: The aim of this study was to explore the relationship between intestinal the fatty acid binding protein (I-FABP), apolipoprotein A1 (APOA1), microsomal triglyceride transfer protein (MTTP), microsomal triglyceride transfer protein-like (MTTPL), adipose differentiation-related protein (ADFP) and peroxisome proliferator-activated receptor γ (PPAR γ) genes and the fat traits in Baicheng fatty chickens at different growth and development stages, and to lay a foundation for further study on the role of candidate genes in fat traits. A total of 300 samples of pectoral muscle, leg muscle, liver, abdominal fat, back fat and chest fat were collected from Baicheng fatty chickens at different ages (14, 28, 56, 84, 112 days), and their fat traits and blood lipid indexes were determined. Real-time quantitative PCR was used to detect the expression levels of the I-FABP, APOA1, MTTP, MTTPL, ADFP and PPAR γ genes in different tissues of the Baicheng fatty chickens at different growth stages. The results showed that the expression of the I-FABP gene was the highest in the liver at 14 days of age, the expression of the PPAR γ gene was the highest in the liver at 112 days of age, the APOA1 and MTTPL genes were highly expressed in liver and muscle, the MTTP gene was highly expressed in abdominal fat, and the ADFP gene was highly expressed in chest fat. The correlation analysis showed that the expression of the I-FABP gene was significantly positively correlated with the intramuscular fat (IMF) of the pectoral muscle and leg muscle of the chickens ($P<0.01$), and significantly negatively correlated with the chest fat weight ($P<0.05$). The expression of the I-FABP gene in the abdominal fat, back fat and chest fat was significantly positively correlated with low density lipoprotein

收稿日期: 2025-03-13; 修回日期: 2025-11-24

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31660654); 石河子大学大学生研究训练计划项目 (SRP2024020)

第一作者: 萧蓉, 女, 本科生

* 通信作者: 孙杰, 教授, 从事动物遗传资源利用与分子育种研究, E-mail: sunjie_shzu@126.com。

(LDL) ($P < 0.05$)。The expression of the MTP gene in liver was significantly negatively correlated with triglyceride (TG) ($P < 0.05$), and its expression in the chest fat was significantly negatively correlated with LDL ($P < 0.05$)。The expression of the MTTPL gene was significantly negatively correlated with the leg muscle IMF ($P < 0.05$), and its expression in the abdominal fat was significantly positively correlated with high density lipoprotein (HDL) ($P < 0.01$)。The expression of the PPAR γ gene in the back fat was significantly positively correlated with LDL ($P < 0.05$)。In conclusion, the I-FABP, MTP, MTTPL and PPAR γ genes played an important role in the formation of fat traits in Baicheng fatty chickens.

Keywords: Baicheng fatty chicken; tissue; fat trait; candidate gene; gene expression

拜城油鸡原产于新疆阿克苏地区拜城县周边, 属肉蛋兼用型的地方品种, 具有体态肥美、肉品质优良、耐寒、耐粗饲、抗病力和抗逆性强等特性, 因皮肤和肌肉间有一层脂肪而得名^[1-2]。脂肪性状是畜禽肉品质评价的重要指标, 脂肪沉积量和沉积部位是影响畜禽的胴体组成、肉色和嫩度等肉质性状的关键因素^[3]。因此, 探究脂肪代谢相关基因与脂肪性状之间的关系对改善肉品质具有重要的作用。

诸多研究证明, 小肠型脂肪酸结合蛋白 (I-FABP)、载脂蛋白 A1 (APOA1)、微粒体甘油三酯转运蛋白 (MTTP)、类微粒体甘油三酯转运蛋白 (MTTPL)、脂肪分化相关蛋白 (ADFP) 和过氧化物酶体增殖物激活受体 γ (PPAR γ) 基因是影响畜禽脂肪代谢的候选基因^[4-8], 而拜城油鸡相关基因表达量的变化与脂肪性状之间是否有相关性的研究鲜见报道。为此, 本研究以拜城油鸡为研究对象, 测定其在不同日龄 (14、28、56、84、112 d) 的脂肪性状和血脂指标, 并采用实时荧光定量 PCR 技术对拜城油鸡不同生长阶段各组织 (胸肌、腿肌、肝脏、腹脂、背部脂肪和胸部脂肪) 中 I-FABP、APOA1、MTTP、MTTPL、ADFP 和 PPAR γ 基因表达量进行检测, 探讨拜城油鸡不同生长阶段脂肪代谢相关基因表达量与脂肪性状的相关性, 为推动拜城油鸡育种进程提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

在相同的饲养管理条件下, 选取不同日龄 (14、28、56、84、112 d) 的拜城油鸡公鸡 (购自新疆诺奇拜城油鸡发展有限公司) 各 10 只, 禁食 12 h 后颈静脉放血屠宰并采集胸肌、腿肌、肝脏、腹脂、背部脂肪和胸部脂肪样品于液氮中储存备用, 测定全净膛重, 以及胸部、背部、腹部和肌胃外的脂肪重量, 并计算腹脂率。同时采血 5 mL, 取血清装入离心管中置于 -20 °C 冰箱保存。

腹脂率 = (腹脂重 + 肌胃外脂肪重) / 全净膛重 \times 100%。

1.2 肌内脂肪 (IMF) 含量测定

采用索氏抽提法, 石油醚提取试验鸡各日龄胸肌和腿肌内的脂肪并测定 IMF 含量。

1.3 血脂指标测定

采用南京建成生物工程研究所有限公司的试剂盒分别测定血清中甘油三酯 (TG)、总胆固醇 (TC)、高密度脂蛋白 (HDL) 和低密度脂蛋白 (LDL) 含量。

1.4 引物设计

根据 GenBank 登录的鸡 I-FABP、APOA1、MTTP、MTTPL、ADFP、PPAR γ 和 GAPDH 基因序列, 采用 Primer Premier 5.0 设计引物, NCBI 在线对比后由新疆有康生物科技有限公司合成, 引物序列见表 1。

1.5 总 RNA 的提取和反转录

采用北京全式金生物技术有限公司的 TRIzol[®] Reagent 试剂盒提取组织样品中总 RNA, 并用 Nanodrop 2000 (Thermo Scientific, 美国) 测定其浓度和纯度。采用北京全式金生物技术有限公司的 PerfectStart[®] Uni RT&qPCR Kit 将 RNA 反转录合成 cDNA。

1.6 实时荧光定量 PCR

采用 SYBR Green I 染料法进行实时荧光定量 PCR 检测。反应体系 (20 μ L): cDNA 模板 1 μ L, SYBR Green Master Mix 10 μ L, 上下游引物各 1 μ L, ddH₂O 7 μ L。反应程序: 94 °C 预变性 30 s; 94 °C 变性 5 s, 退火 (温度见表 1) 15 s, 72 °C 延伸 10 s, 40 个循环。每个样品进行 3 次独立重复试验, 并在每次试验时增设阴性对照样本。用 Excel 软件统计各样品 Ct 值, 2^{- $\Delta\Delta$ Ct} 法计算基因相对表达量。

1.7 数据统计与分析

采用 SPSS 27.00 软件中 ANOVA 程序进行单因素方差分析, LSD 法进行差异显著性检验, 结果采用“平均值 \pm 标准差”表示。采用 Pearson 法对 112 d 脂肪代谢相关基因表达量与脂肪性状、血脂指标进行相关性分析, 以 $P < 0.05$ 为显著性标准。

表 1 引物序列信息

基因	基因序列号	引物序列 (5'→3')	退火温度/℃
I-FABP	NM_001007923. 2	F: CTGGCTGATGGGACTGAACTT R: CCGACGATTCTCTGTATGCT	56
APOA1	NM_205525. 5	F: CGCCTCTGGTGCAGGAATT R: TTGACAAAAGAATGGCAAAGC	60
MTTP	NM_001109784. 3	F: CAGGAGGGATGGAGTTCAGC R: TGGTACACGAATGCCTGAAA	57
MTTPL	NM_001322804. 2	F: CTTGGCAGCTCTCTCAGACT R: GTGTTTACCTCCTGCAGTC	57
ADFP	NM_001031420. 2	F: GATGTTATCCTTCGTGGT R: GATGTTATCCTTCGTGGT	53
PPAR γ	NM_001001460. 2	F: GTGCAATCAAAATGGAGCC R: CTTACAACCTTCACATGCAT	53
GAPDH	NM_204305. 2	F: TGGCATCCAAGGACTGAGC R: GGGAGACAGAAGGGAACAGAA	56

2 结果与分析

2.1 不同日龄拜城油鸡脂肪比重的比较

由表 2 可知, 拜城油鸡胸肌 IMF、腿肌 IMF 均在 28 d 时显著高于 56、84 和 112 d ($P < 0.05$); 拜城油鸡腹脂率在 56、84 d 时显著高于 14、112 d ($P <$

0.05); 拜城油鸡胸部脂肪重在 28 d 时显著低于 56、84 和 112 d ($P < 0.05$); 拜城油鸡背部脂肪重随日龄的增长呈上升趋势, 在 112 d 时显著高于 28、56 d ($P < 0.05$), 其余各时间点间差异均不显著 ($P >$

0.05)。

表 2 不同日龄拜城油鸡脂肪比重的比较

指标	14 d	28 d	56 d	84 d	112 d
胸肌 IMF/%	5.06±0.84 ^{ab}	6.19±0.65 ^a	4.24±2.02 ^b	4.34±0.40 ^b	4.00±0.70 ^b
腿肌 IMF/%	7.77±0.26 ^{ab}	9.61±3.16 ^a	5.58±0.67 ^b	6.02±0.62 ^b	5.42±0.30 ^b
腹脂率/%	1.31±0.67 ^b	2.53±1.19 ^{ab}	3.81±1.09 ^a	4.26±1.55 ^a	2.01±2.22 ^b
胸部脂肪重/g	—	0.96±0.66 ^b	6.08±1.63 ^a	5.72±3.19 ^a	4.48±4.64 ^a
背部脂肪重/g	—	0.10±0.00 ^b	1.32±1.07 ^b	4.38±2.47 ^{ab}	6.04±6.93 ^a

注: 同行数据肩标不同字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。下同。

2.2 不同日龄拜城油鸡血脂指标的比较

由表 3 可知, 拜城油鸡 TG 浓度在 14 d 时显著高于 84 d ($P < 0.05$); 拜城油鸡 TC 浓度在 84、112 d 时显著高于 14、28 和 56 d ($P < 0.05$), 在 14 d 时显

著高于 28、56 d ($P < 0.05$); 拜城油鸡 HDL 浓度在 14 d 时显著高于 28、56 和 84 d ($P < 0.05$); 拜城油鸡 LDL 浓度在 14 d 时显著高于 56、84 和 112 d ($P < 0.05$), 其余各时间点间差异均不显著 ($P > 0.05$)。

表 3 不同日龄拜城油鸡血脂指标的比较

指标	14 d	28 d	56 d	84 d	112 d
TG	0.80±0.12 ^a	0.71±0.15 ^{ab}	0.77±0.19 ^{ab}	0.56±0.14 ^b	0.65±0.19 ^{ab}
TC	2.87±0.29 ^b	1.32±0.57 ^c	1.93±0.63 ^c	4.76±0.59 ^a	4.29±0.84 ^a
HDL	5.84±1.47 ^a	4.24±0.52 ^b	4.41±0.33 ^b	4.26±0.74 ^b	5.25±0.79 ^{ab}
LDL	3.30±0.85 ^a	2.75±0.77 ^{ab}	1.76±0.29 ^b	1.96±0.88 ^b	1.60±0.28 ^b

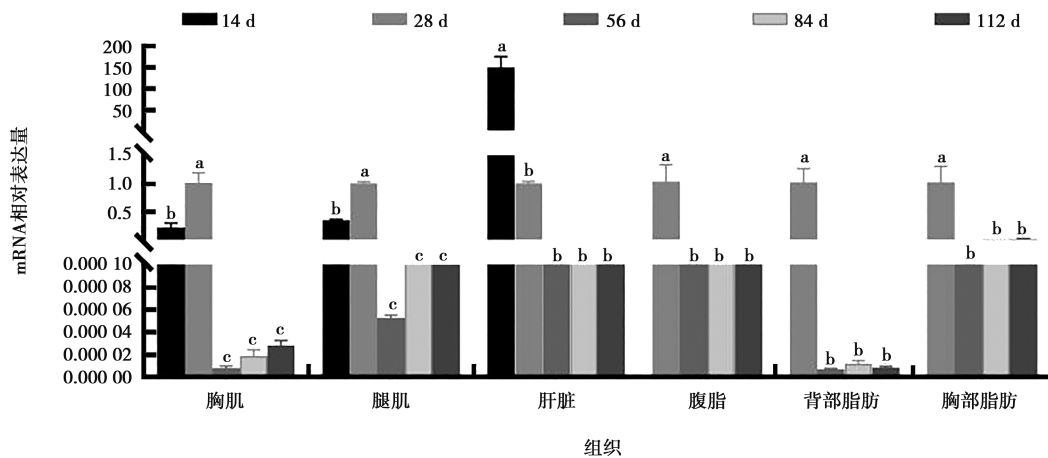
mmol/L

2.3 不同日龄拜城油鸡脂肪代谢相关基因在各组织中的定量表达

2.3.1 I-FABP 基因 mRNA 表达量

由图 1 可知, 拜城油鸡 I-FABP 基因在胸肌和腿肌中的表达量均在 28 d 时显著高于 14、56、84 和

112 d ($P < 0.05$), 在 14 d 时显著高于 56、84 和 112 d ($P < 0.05$); 肝脏中的表达量随日龄的增加呈下降趋势, 在 14 d 时显著高于其余各时间点 ($P < 0.05$); 腹脂、背部脂肪和胸部脂肪中的表达量均在 28 d 时显著高于其余各时间点 ($P < 0.05$)。



相同组织不同日龄比较, 不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。下同。

图 1 不同生长阶段拜城油鸡 I-FABP 基因在各组织中的表达变化

2.3.2 APOA1 基因 mRNA 表达量

由图 2 可知, 拜城油鸡 APOA1 基因在胸肌中的表达量随日龄的增加呈增加、降低、增加趋势, 在 56 d 时显著高于其余各时间点 ($P < 0.05$); 腿肌和肝脏中的表达量均在 112 d 时显著高于其余各时间点

($P < 0.05$); 腹脂和背部脂肪中的表达量均在 28 d 时显著高于 56、84 和 112 d ($P < 0.05$), 在 112 d 时显著高于 56、84 d ($P < 0.05$); 胸部脂肪中的表达量在 56 d 时显著高于 28、84 和 112 d ($P < 0.05$), 在 112 d 时显著高于 28、84 d ($P < 0.05$)。

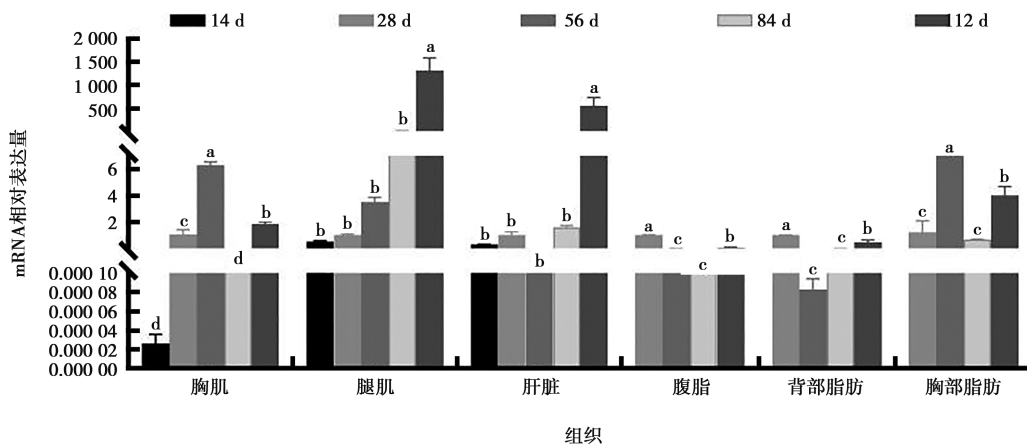


图 2 不同生长阶段拜城油鸡 APOA1 基因在各组织中的表达变化

2.3.3 MTTP 基因 mRNA 表达量

由图 3 可知, 拜城油鸡 MTTP 基因在胸肌中的表达量在 28、84 d 时显著高于 14、56 和 112 d ($P < 0.05$), 在 112 d 时显著高于 14、56 d ($P < 0.05$), 在 56 d 时显著高于 14 d ($P < 0.05$); 腿肌中的表达量在 28 d 时显著高于 14、56、84 和 112 d ($P <$

0.05), 在 84 d 时显著高于 14、56 d ($P < 0.05$); 肝脏中的表达量在 84 d 时显著高于 14、28、56 和 112 d ($P < 0.05$), 在 28 d 时显著高于 14、56 d ($P < 0.05$); 腹脂中的表达量在各时间点间均存在显著差异 ($P < 0.05$), 其表达量大小依次是 56 d > 84 d > 112 d > 28 d; 背部脂肪中的表达量在 28、84 d 时显

著高于 56、112 d ($P < 0.05$)；胸部脂肪中的表达量在 56、112 d 时显著高于 28、84 d ($P < 0.05$)，在

84 d 时显著高于 28 d ($P < 0.05$)。

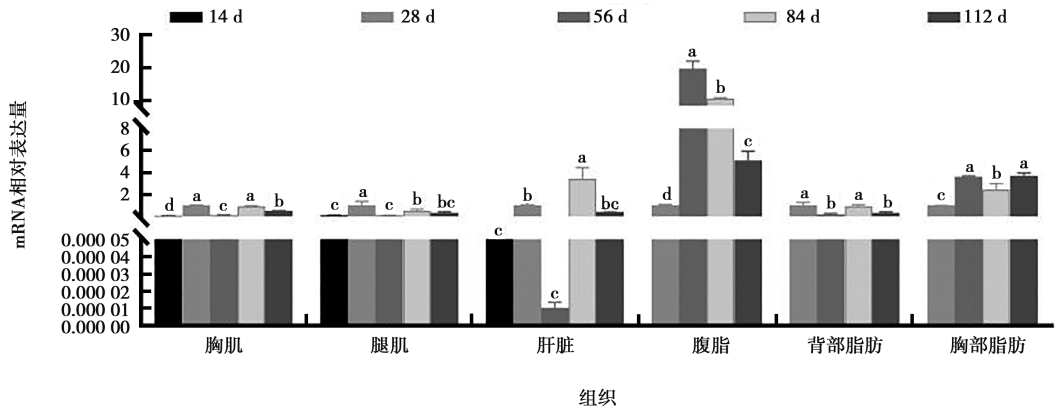


图3 不同生长阶段拜城油鸡 MTPP 基因在各组织中的表达变化

2.3.4 MTTPL 基因 mRNA 表达量

由图4可知，拜城油鸡 MTTPL 基因在胸肌中的表达量在 112 d 时显著高于 14、28 和 84 d ($P < 0.05$)，在 14、56 d 时显著高于 28、84 d ($P < 0.05$)，在 84 d 时显著高于 28 d ($P < 0.05$)；腿肌中的表达量随日龄的增加呈先降低后升高趋势，在 112 d 时显著高于其余各时间点 ($P < 0.05$)；肝脏中

的表达量在 56 d 时最高，且显著高于其余各时间点 ($P < 0.05$)；腹脂中的表达量在各时间点间均存在显著差异 ($P < 0.05$)，其表达量大小依次是 112 d > 56 d > 84 d > 28 d；背部脂肪中的表达量在 84 d 时显著高于 28、56 和 112 d ($P < 0.05$)，在 56、112 d 时显著高于 28 d ($P < 0.05$)；胸部脂肪中的表达量在 56 d 时显著高于 28、112 d ($P < 0.05$)。

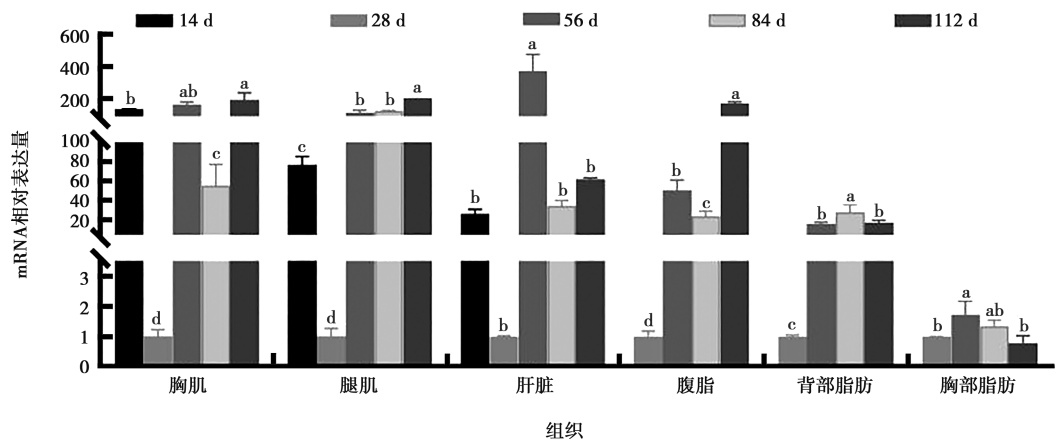


图4 不同生长阶段拜城油鸡 MTTPL 基因在各组织中的表达变化

2.3.5 ADFP 基因 mRNA 表达量

由图5可知，拜城油鸡 ADFP 基因在胸肌中的表达量随日龄的增长呈下降趋势，在 14 d 时显著高于 28、56、84 和 112 d ($P < 0.05$)，在 28、56 和 84 d 时显著高于 112 d ($P < 0.05$)；腿肌中的表达量在 14 d 时显著高于 28、56、84 和 112 d ($P < 0.05$)，在 28、56 d 时显著高于 84、112 d ($P < 0.05$)；肝脏中

的表达量在 56 d 时最高，且显著高于其余各时间点 ($P < 0.05$)；腹脂中的表达量在 56 d 时显著高于 28、84 和 112 d ($P < 0.05$)，在 28 d 时显著高于 84、112 d ($P < 0.05$)；背部脂肪中的表达量在 28 d 时最高，且显著高于其余各时间点 ($P < 0.05$)；胸部脂肪中的表达量在 56、112 d 时显著高于 28、84 d ($P < 0.05$)。

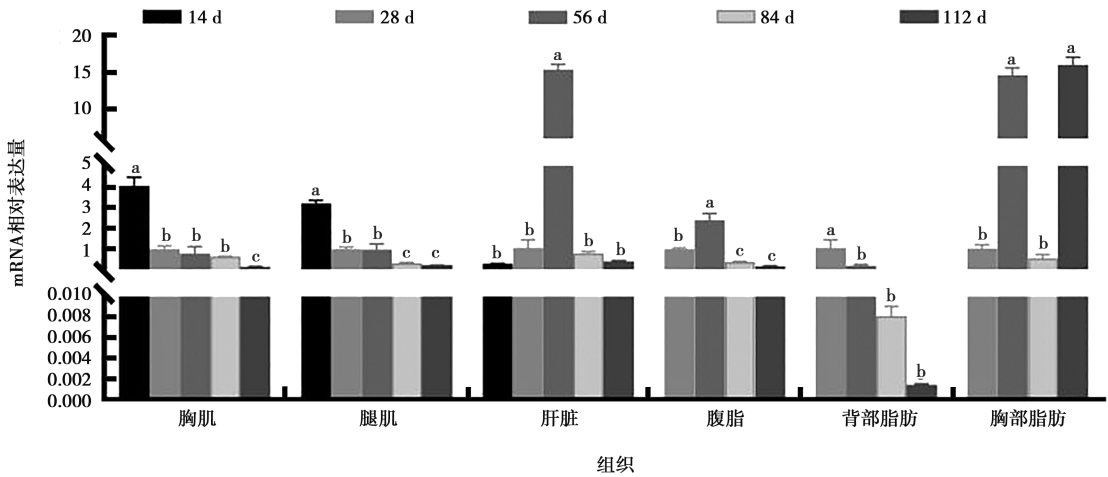


图 5 不同生长阶段拜城油鸡 ADFP 基因在各组织中的表达变化

2.3.6 PPAR γ 基因 mRNA 表达量

由图 6 可知，拜城油鸡 PPAR γ 基因在胸肌中的表达量随日龄的增加呈先降低后升高趋势，在 112 d 时显著高于其余各时间点 ($P < 0.05$)；腿肌中的表达量在 112 d 时显著高于 14、28、56 和 84 d ($P < 0.05$)，在 28 d 时显著高于 14、56 和 84 d ($P < 0.05$)；肝脏中的表达量在 112 d 时显著高于 14、28、56 和 84 d ($P < 0.05$)，在 56 d 时显著高于 14、28 和

84 d ($P < 0.05$)；腹脂中的表达量在各时间点间均存在显著差异 ($P < 0.05$)，其表达量大小依次是 56 d > 112 d > 28 d > 84 d；背部脂肪中的表达量在 28 d 时显著高于 56、84 和 112 d ($P < 0.05$)，在 84、112 d 时显著高于 56 d ($P < 0.05$)；胸部脂肪中的表达量在 112 d 时显著高于 28、56 和 84 d ($P < 0.05$)，在 28 d 时显著高于 56、84 d ($P < 0.05$)。

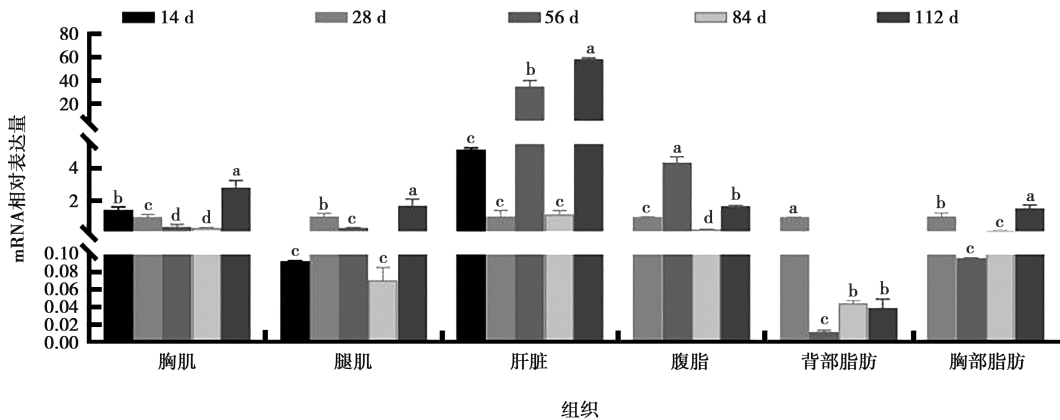


图 6 不同生长阶段拜城油鸡 PPAR γ 基因在各组织中的表达变化

2.4 拜城油鸡脂肪代谢相关基因表达量与脂肪性状的相关性分析

由表 4 可知，I-FABP 基因表达量与胸肌 IMF、腿肌 IMF 呈极显著正相关 ($P < 0.01$)，与胸部脂肪重呈显著负相关 ($P < 0.05$)；MTTPL 基因表达量与腿肌 IMF 呈显著负相关 ($P < 0.05$)；而 APOA1、MTTP、ADFP 和 PPAR γ 基因表达量与脂肪性状的相关性均未达到显著水平 ($P > 0.05$)。

2.5 拜城油鸡脂肪代谢相关基因表达量与血脂指标的相关性分析

由表 5 可知，I-FABP 基因在腹脂、背部脂肪和胸部脂肪中的表达量与 LDL 呈显著正相关 ($P < 0.05$)；MTTP 基因在肝脏中的表达量与 TG 呈显著负相关 ($P < 0.05$)，在胸部脂肪中的表达量与 LDL 呈显著负相关 ($P < 0.05$)；MTTPL 基因在腹脂中的表达量与 HDL 呈极显著正相关 ($P < 0.01$)；PPAR γ 基

因在背部脂肪中的表达量与 LDL 呈显著正相关 ($P < 0.05$); 而 APOA1、ADFP 基因在各个组织中的表达量与血脂指标的相关性均未达到显著水平 ($P > 0.05$)。

表 4 拜城油鸡脂肪代谢相关基因表达量与脂肪性状的相关性分析

指标	I-FABP	APOA1	MTTP	MTTPL	ADFP	PPAR γ
胸肌 IMF	0.966 **	-0.347	0.368	-0.748	0.330	-0.183
腿肌 IMF	0.975 **	-0.460	0.669	-0.923 *	0.432	-0.025
腹脂率	-0.392	-0.455	0.710	-0.584	0.365	0.100
胸部脂肪重	-0.960 *	0.509	0.808	0.608	0.441	-0.563
背部脂肪重	-0.698	-0.361	-0.274	0.701	-0.806	-0.679

注: * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$ 。下同。

表 5 拜城油鸡脂肪代谢相关基因表达量与血脂指标的相关性分析

基因	组织	TG	TC	HDL	LDL
I-FABP	胸肌	0.190	-0.684	-0.271	0.558
	腿肌	0.265	-0.687	-0.163	0.659
	肝脏	0.597	-0.066	0.814	0.794
	腹脂	0.263	-0.687	-0.417	0.957 *
	背部脂肪	0.264	-0.688	-0.418	0.957 *
	胸部脂肪	0.255	-0.679	-0.409	0.956 *
APOA1	胸肌	0.373	-0.415	-0.298	-0.527
	腿肌	-0.255	0.482	0.345	-0.527
	肝脏	-0.248	0.476	0.348	-0.522
	腹脂	0.260	-0.667	-0.352	0.938
	背部脂肪	0.215	-0.487	0.050	0.734
	胸部脂肪	0.752	-0.349	0.153	-0.514
MTTP	胸肌	-0.763	0.154	-0.659	-0.137
	腿肌	-0.412	-0.246	-0.589	0.149
	肝脏	-0.882 *	0.555	-0.540	-0.206
	腹脂	0.290	-0.005	-0.190	-0.571
	背部脂肪	-0.514	-0.025	-0.617	0.790
	胸部脂肪	0.112	0.429	0.644	-0.975 *
MTTPL	胸肌	0.341	0.259	0.597	-0.378
	腿肌	-0.386	0.762	0.236	-0.756
	肝脏	0.362	-0.310	-0.253	-0.483
	腹脂	-0.039	0.485	0.993 **	-0.721
	背部脂肪	-0.660	0.852	0.121	-0.708
	胸部脂肪	0.306	-0.236	-0.572	-0.194
ADFP	胸肌	0.643	-0.214	0.693	0.872
	腿肌	0.760	-0.350	0.674	0.862
	肝脏	0.391	-0.433	-0.347	-0.399
	腹脂	0.818	-0.712	-0.409	0.013
	背部脂肪	0.406	-0.802	-0.475	0.941
	胸部脂肪	0.494	0.043	0.743	-0.756

续表5

基因	组织	TG	TC	HDL	LDL
PPAR γ	胸肌	0.054	0.287	0.650	-0.079
	腿肌	-0.149	0.040	0.064	-0.371
	肝脏	0.037	0.225	0.225	-0.701
	腹脂	0.831	-0.469	0.102	-0.402
	背部脂肪	0.237	-0.666	-0.411	0.959*
	胸部脂肪	0.015	0.061	0.728	0.064

3 讨论

3.1 不同日龄拜城油鸡脂肪代谢相关基因表达量的变化

研究证实, I-FABP 基因与长链脂肪酸的吸收、靶向运输及代谢密切相关^[9], 其表达产物直接或间接影响畜禽机体内脂肪的代谢。本研究表明, I-FABP 基因在拜城油鸡胸肌、腿肌、肝脏、腹脂、背部脂肪和胸部脂肪中均有表达, 且在肝脏中表达最高, 与熊讯等^[4]、石鹏飞等^[10]研究结果一致。此外, 试验发现 I-FABP 基因在 14、28 d 在各个组织中的表达显著高于其余日龄, 推测其在拜城油鸡生长发育早期发挥作用; APOA1 作为 HDL 的重要组成蛋白, 在胆固醇逆转运过程中起载体作用^[11]。本研究显示, APOA1 基因在拜城油鸡不同组织中均有表达, 且在肝脏和肌肉中高表达, 与国内相关研究报道一致^[12-14]。覃岭等^[15]研究发现, 在肝脏细胞中, APOA1 与细胞膜表面的 ATP 结合盒转运体 A1 (ABCA1) 相互作用, 才能行使其转运细胞内胆固醇及磷脂的功能, 因此推测 APOA1 基因在拜城油鸡肝脏中主要发挥脂类物质转运的功能; MTTP 存在于内质网中, 主要参与肝脏内极低密度脂蛋白 (VLDL) 的装配、分泌等脂质代谢过程。Eresheim 等^[16]研究表明, MTTP 基因在鸡的胚胎肝脏、小肠、肾脏以及卵黄囊中有表达。本研究显示, MTTP 基因在拜城油鸡各组织中均有表达, 且在腹脂中表达最高, 因此还需进一步研究其在家禽各组织中的表达水平; 徐春林^[17]研究发现, 鸡 MTTP 基因具有组织表达特异性, 只在肝脏和肾脏中表达。本研究表明, MTTP 基因在拜城油鸡各组织中均有表达。目前针对 MTTP 基因的研究甚少, 其在各个组织的表达量尚不明确, 需进一步研究。

ADFP 基因能促进脂肪酸和脂滴的形成, 调控脂质的合成和分解。有研究表明 ADFP 基因在成年鼠肌肉、肺脏、肝脏、肾脏等多个组织中均有表达, 在 TG 含量最多的组织中表达量最高^[18]。本研究发现, ADFP 基因在拜城油鸡不同组织中均有表达, ADFP

基因相对表达量在 56 d 的肝脏中达到最大, 说明肝脏作为家禽 TG 合成的主要器官, 在 56 d 时脂质合成达到一个较快时期, 与赵小玲等^[19]、相德才等^[20]研究结果一致; PPAR γ 作为脂肪分化的关键调控转录因子, 能促进脂肪细胞分化, 增加脂肪细胞数量, 还可间接影响其他脂肪代谢相关基因表达^[21]。张长庆等^[22]研究报道, PPAR γ 基因在荷斯坦公牛脂肪和肌肉中有表达。本研究表明, PPAR γ 基因在拜城油鸡各组织中均有表达, 在 112 d 时胸肌、腿肌的 PPAR γ 表达量显著高于其余日龄, 与沙尔山别克·阿不地力大等^[23]研究结果一致。但孟和等^[24]研究发现, PPAR γ 基因在脂肪中的表达量最高, 在肝脏、肌肉中不表达, 这可能与 PPAR γ 基因表达具有种属差异有关。段逵^[25]研究表明, 鸡 PPAR γ 对脂肪的调控模式与哺乳动物存在一定的差异。

3.2 不同日龄拜城油鸡脂肪代谢相关基因与脂肪性状、血脂指标的关联分析

I-FABP 基因有利于脂类的吸收和运输。本研究表明, 拜城油鸡 I-FABP 基因表达量与脂肪性状、血脂指标具有显著的关联, 因此还需进一步对其调控机制进行研究; APOA1 基因在脂质代谢、转运及维持动物体内血脂指标过程中发挥重要作用, 特别是在胆固醇的逆转运过程中起关键作用^[11]。王斯雯^[26]研究发现, 在泰和乌鸡中, APOA1 在肝脏中的表达量与血脂指标无显著相关, 在宁都黄鸡中, APOA1 在肝脏中的表达量与 TG 呈显著负相关。本研究显示, 拜城油鸡 APOA1 基因表达量与脂肪性状、血脂指标均无显著相关, 推测 APOA1 基因表达与脂肪性状相关性具有品种效应; MTTP 基因作为脂代谢过程中重要的调控基因, 不仅对 TG、胆固醇等脂质的转运起重要作用, 同时还是 VLDL 组装和分泌的限速因素。近年来, 随着对 MTTP 基因功能的研究不断深入, 发现鸡 MTTP 不是肝脏脂质代谢中 VLDL 组装、分泌的关键因子^[7, 27-28]。本研究发现, 拜城油鸡 MTTP 基因在肝脏中的表达量与 TG 呈显著负相关, 在胸部脂肪中的表达量与 LDL 呈显著负相关; 有研究表明鸡 MTTP 所含有的结构域与人 MTTP 含有的结构域相

同,推测 MTTPL 基因具有与人 MTP 类似的功能^[17]。徐春林等^[27]研究发现,MTTPL 在鸡产蛋期肝脂质代谢中发挥重要作用。夏天^[7]研究指出,MTTPL 基因参与肝脏细胞 VLDL 的转运。本研究表明,拜城油鸡 MTTPL 基因在腹脂中的表达量与 HDL 呈极显著正相关。目前,MTTPL 基因在家禽中的调控机制还需进一步研究。

ADFP 基因常被作为影响脂肪代谢的候选基因,具有调节脂滴中 TG 水解代谢的作用^[29]。赵小玲等^[19]研究揭示,ADFP 基因的表达与鸡的脂肪含量变化显著相关,推测该基因在鸡的脂肪性状形成过程中发挥了重要的调控作用。本研究表明,拜城油鸡 ADFP 基因表达量与脂肪性状、血脂指标均无显著相关,与张斌等^[30]研究结果一致;Farmer^[31]指出,在前脂肪细胞分化和脂肪细胞成熟异常复杂的过程中,PPAR γ 是极其重要的转录因子,它直接或间接调控其他转录因子的表达进而诱导脂肪细胞的分化。朱云等^[32]研究表明,山猪 PPAR γ 2 基因的表达量与 IMF 含量呈弱相关。盘道兴等^[33]研究发现,PPAR γ 基因的表达量与 IMF 含量呈正相关,在 28~42 d 时呈强度相关。本研究显示,拜城油鸡 PPAR γ 基因在背部脂肪中的表达量与 LDL 呈显著正相关。这可能与家畜与禽类脂肪合成场所不同有关,家畜的脂肪合成主要发生在脂肪内,而禽类的脂肪合成主要发生在肝脏中。

4 结论

本研究发现拜城油鸡脂肪代谢相关基因的表达具有组织和日龄差异性。I-FABP、APOA1、MTTPL 和 PPAR γ 基因均在肝脏中高表达;I-FABP 基因在 14、28 d 各组织中显著表达,推测其在拜城油鸡生长发育早期发挥作用。相关性分析表明,I-FABP、MTP、MTTPL 和 PPAR γ 基因表达量与脂肪性状、血脂指标显著相关,推测其在拜城油鸡脂肪性状的形成过程中发挥重要作用。研究结果为深入研究拜城油鸡脂肪代谢机制、推动拜城油鸡育种进程提供了理论依据。

参考文献:

- [1] 姚洋,赵晓钰,李海英,等.拜城油鸡高、低皮脂群体间屠宰性能、肉品质及肌肉风味物质的比较研究[J].中国畜牧杂志,2024,60(9):192-197.
- [2] 窦礼正.果园散养珍珠鸡与拜城油鸡屠宰性能比较分析[J].现代畜牧兽医,2020(8):22-24.
- [3] 秦昆鹏,李响,尹月,等.鸡的脂肪生成及其调控机制[J].动物营养学报,2022,34(11):6860-6872.
- [4] 熊讯,李永,阮涌,等.猪 FABP1 和 FABP2 基因的分子特征及组织表达分析[J].南方农业学报,2022,53(4):935-945.
- [5] 王永丽,刘晓静,崔焕先,等.京星黄鸡 IMF 系全基因组选择信号检测分析[J].中国家禽,2022,44(12):14-20.
- [6] ZHAO X L, LIU Y P, LI L, et al. Association between single nucleotide polymorphism of ADFP gene and carcass traits and intramuscular fat content in chicken [J]. Yi Chuan, 2007, 29(12): 1483.
- [7] 夏天.鸡 MTTPL 基因在肝脏脂质代谢中的生物学功能及表达调控机制[D].郑州:河南农业大学,2023.
- [8] 郝称莉,李齐发,乔永,等.湖羊肌肉组织 H-FABP 和 PPAR γ 基因表达水平与肌内脂肪含量的相关研究[J].中国农业科学,2008,41(11):3776-3783.
- [9] 廖秀冬,任立明,王光璞,等.北京鸭 FABP2 基因多态性与体尺和屠体性状的相关性研究[J].中国家禽,2012,34(17):23-26.
- [10] 石鹏飞,许家利,孙金魁,等.关岭牛 FABP1 和 FABP2 基因克隆及其组织表达分析[J].南方农业学报,2023,54(2):598-608.
- [11] 熊婷.鸡 ApoA-I 和 ApoA-V 基因多态性与胆固醇含量及繁殖性状的关联研究[D].雅安:四川农业大学,2012.
- [12] 王福彬,吴晓云,顾亚荣,等.大通牦牛 ApoA1 基因克隆及生物信息学分析与组织表达谱分析[J].基因组学与应用生物学,2022(4):752-761.
- [13] 赵佳福,杨远青,段志强,等.从江香猪 ApoA1、ApoC3、ApoE 基因在组织器官中表达差异分析[J].黑龙江畜牧兽医,2018(3):132-136.
- [14] 张旭,高昆,张海涛,等.人载脂蛋白 A1 基因转基因小鼠的建立[J].中国实验动物学报,2011,19(6):461-464.
- [15] 覃岭,王宇童.过表达 apoA-I 对 BEL-7402 细胞内脂质堆积的影响[J].首都医科大学学报,2012,33(2):198-204.
- [16] ERESHEIM C, PLIESCHNIG J, IVESSA N E, et al. Expression of microsomal triglyceride transfer protein in lipoprotein-synthesizing tissues of the developing chicken embryo [J]. Biochimie, 2014, 101(100):67-74.
- [17] 徐春林.鸡肝脏脂质转运关键基因的鉴定及表达调控研究[D].郑州:河南农业大学,2016.
- [18] YAN J, BURMAN A, NICHOLS C, et al. Detection of differential gene expression in brown adipose tissue of hibernating Arctic ground squirrels with mouse microarrays [J]. Physiol Genomics, 2006, 25(2):346-353.
- [19] 赵小玲,罗轶,周艳,等.乌骨鸡 ADFP 基因表达的变化及其与脂沉积的相关性[J].中国畜牧杂志,2009,45(7):1-5.
- [20] 相德才,赵智勇,张斌,等.盐津乌骨鸡 ADFP、FATP1 和 ApoB 基因表达量变化及其与脂肪性状的相关分析[J].中国畜牧杂志,2017,53(9):33-37.
- [21] 吴雨,苑洪霞,陈祥.PPAR γ 与 FAS 基因在白洗猪及苏白杂交 F1 代不同组织中的表达分析[J].中国畜牧杂志,2020,56(3):66-69.
- [22] 张长庆,刘婷,赵生国,等.PPAR γ 基因在荷斯坦公牛不同组织部位表达差异性研究[J].中国农学通报,2014,30(23):13-18.
- [23] 沙尔山别克·阿不地力大,舒婷,吴旭升,等.拜城油鸡 A-FABP、H-FABP 和 PPAR-PPAR- γ 基因 mRNA 表达的发育性

变化及其与肌肉脂肪含量的相关性研究 [J]. 中国家禽, 2019, 41 (14): 5-11.

[24] 孟和, 李辉, 王宇祥. 鸡 PPARs 基因组织表达特性的研究 [J]. 遗传学报, 2004, 31 (7): 682-687.

[25] 段遼. 鸡 PPAR γ 基因的 mRNA 5'端克隆、表达及调控分析 [D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2015.

[26] 王斯雯. 三个江西不同品种鸡 apoA-I、apoB 基因表达与脂类代谢的相关性分析 [D]. 南昌: 江西农业大学, 2015.

[27] 徐春林, 曹玉珠, 夏天, 等. 鸡微粒体甘油三酯转运蛋白样基因生物学特性及表达调控 [J]. 畜牧兽医学报, 2022, 53 (9): 2900-2911.

[28] IVESSA N E, REHBERG E, KIENZLE B, et al. Molecular cloning, expression, and hormonal regulation of the chicken microsomal triglyceride transfer protein [J]. Gene, 2013, 523 (1): 1-9.

[29] 赵小玲. 鸡 ADFP 和 PLIN 基因与脂肪组织生长发育关系的遗传学研究 [D]. 雅安: 四川农业大学, 2008.

[30] 张斌, 赵智勇, 相德才, 等. 武定鸡 APOB、ADFP、FATP1 基因表达量变化及其与脂肪沉积的相关性 [J]. 中国家禽, 2016, 38 (24): 11-17.

[31] FARMER S R. Transcriptional control of adipocyte formation [J]. Cell Metab, 2006, 4 (4): 263-273.

[32] 朱云, 金邦荃, 龚兰, 等. 猪背最长肌 PPAR γ 2 基因 Bsr1 位点多态性与肉质关系的研究 [J]. 南京师大学报 (自然科学版), 2013, 36 (3): 81-86.

[33] 盘道兴, 王振, 杨茂林, 等. 不同品种猪 PPAR γ 和 C/EBP α 基因表达规律与肌肉脂肪含量的相关 [J]. 中国农业科学, 2017, 50 (1): 171-182.

· 信息 ·

