

## 黔北黑猪不同骨骼肌内脂肪沉积相关lncRNAs的鉴定

李琳<sup>1</sup>,孟金柱<sup>1,2\*</sup>,张虹亮<sup>1\*</sup>

1. 湖南农业大学动物医学院,湖南长沙410128

2. 铜仁学院贵州省梵净山地区生物多样性保护与利用重点实验室,贵州铜仁554300

**摘要:**旨在挖掘不同类型骨骼肌内脂肪沉积相关的候选长链非编码RNA(long noncoding RNA, lncRNA)。取亲缘关系相近的9头健康黔北黑猪母猪(日龄180±11 d,体重60±7 kg),随机分成3组,分别采集背最长肌和腰大肌,通过RNA-seq构建lncRNAs表达谱,筛选差异表达lncRNAs并经qRT-PCR进行验证,采用生物信息学方法预测差异表达的lncRNAs的靶基因,并对其进行GO和KEGG功能富集分析,从中找出肌内脂肪沉积相关的lncRNAs,同时构建lncRNA-mRNA调控网络。在黔北黑猪两种不同骨骼肌中注释到4 232个lncRNAs,从中鉴定出45个差异表达lncRNAs(23个下调表达,22个上调表达);qRT-PCR结果提示这些lncRNA的表达模式与RNA-seq数据高度一致。GO和KEGG分析结果表明,差异表达lncRNAs的靶基因主要富集在磷脂、脂质和脂肪酸转运、脂肪酸分解及雌激素受体信号通路负调控等GO条目和ABC转运蛋白、内吞作用、胆汁分泌、代谢途径、过氧化物酶体等信号通路上;lncRNA-mRNA调控网络表明,TCONS\_00123816和TCONS\_00014197可能分别通过PPAR信号通路和Wnt信号通路调控肌内脂肪沉积。TCONS\_00123816和TCONS\_00014197可能通过其靶基因调控猪骨骼肌内脂肪沉积。这些研究发现将为深入解析不同类型骨骼肌脂肪沉积的机理提供数据支撑,对辅助选育优质肉用品种具有重要意义。

**关键词:**黔北黑猪;lncRNAs;背最长肌;腰大肌;脂肪沉积

中图分类号:S828

文献标识码:A

文章编号:1000-2324(2026)02-0263-08

## Identification of lncRNAs Related to Fat Deposition in Different Skeletal Muscle of Qianbei Black Pigs

LI Lin<sup>1</sup>, MENG Jin-zhu<sup>1,2\*</sup>, ZHANG Hong-liang<sup>1\*</sup>

1. College of Veterinary Medicine/Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China

2. Tongren University/Guizhou Provincial Key Laboratory for Biodiversity Conservation and Utilization in the Fanjing Mountain Region, Tongren 554300, China

**Abstract:** This study aims to explore the candidate lncRNAs related to intramuscular fat deposition in different types of skeletal muscle of Qianbei black pigs. Nine healthy female Qianbei black sows (180±11 days old and 60±7 kg in weight) with close kinship are randomly divided into 3 groups. Samples are collected from the longissimus dorsi and psoas major muscles. RNA-seq is used to construct lncRNA expression profiles, and differentially expressed lncRNAs are screened and validated by qRT-PCR. Bioinformatics methods are employed to predict the target genes of these differentially expressed lncRNAs, followed by GO and KEGG functional enrichment analyses to identify lncRNAs related to intramuscular fat deposition. Additionally, an lncRNA-mRNA regulatory network is constructed. A total of 4 232 lncRNAs are annotated in the two skeletal muscles of Qianbei black pigs, from which 45 differentially expressed lncRNAs are identified (23 downregulated and 22 upregulated). The qRT-PCR results indicate that the expression patterns are highly consistent with the RNA-seq data. GO and KEGG analysis reveal that the target genes of differentially expressed lncRNAs are mainly enriched in GO terms such as phospholipid, lipid and fatty acid transport, fatty acid breakdown, and negative regulation of estrogen receptor signaling pathways, as well as signaling pathways involving ABC transporters, endocytosis, bile secretion, metabolic pathways, and peroxisomes. The lncRNA-mRNA network indicates that TCONS\_00123816 and TCONS\_00014197 may regulate intramuscular fat deposition through the PPAR signaling pathway and the Wnt signaling pathway, respectively. TCONS\_00123816 and TCONS\_00014197 may regulate skeletal muscle fat deposition through their target genes in pig. These findings provide data support for in-depth analysis of the mechanisms of fat deposition in different types of skeletal muscle and hold significant implications for assisting in the breeding of high-quality meat varieties.

**Keywords:** Qianbei black pig; lncRNAs; longissimus dorsi muscle; psoas major muscle; fat deposition

收稿日期:2025-06-20

修回日期:2026-03-08

基金项目:贵州省科学技术厅高层次创新型人才培养项目(千层次)(2022-(2020)-044)

第1作者简介:李琳(1999-),女,硕士研究生,研究方向:动物生殖与肠道健康研究。E-mail:1521109253@qq.com

\*通讯作者: Author for correspondence. E-mail:mjz122021@126.com;zhanghongliang456@163.com

近年来,人们对猪肉的要求已开始由“量”转变到“质”,脂肪含量是影响肉质的重要指标。骨骼肌作为最主要的食用部位,约占体重的 50%,其品质直接影响口感。肌内脂肪(Intramuscular fat, IMF)主要是甘油三酯和磷脂,分布在肌内膜、肌束膜和肌外膜上<sup>[1]</sup>。不同部位肌肉的肌内脂肪含量存在差异,如半膜肌>半腱肌>背最长肌<sup>[2]</sup>,背最长肌>腰大肌<sup>[3]</sup>。IMF 与其他脂肪的不同不仅体现在位置上,还体现在生物学上,它可以直接影响肌肉组织的能量平衡和生长<sup>[4]</sup>。从经济角度来看,IMF 在动物肌肉组织中的沉积状况,会对肉品的风味特征、嫩度以及多汁程度等关键品质指标产生显著影响<sup>[5]</sup>。长链非编码 RNA(long non-coding RNA, LncRNA)是长度大于 200 bp 的非编码 RNA,这类 RNA 通常不具备编码蛋白质的功能,或者仅具有极其微弱的蛋白编码潜能,通过调控靶基因参与许多细胞生物学过程,如细胞增殖、分化、凋亡等<sup>[6]</sup>。大量研究表明,lncRNAs 在不同猪种脂肪组织发育过程中均发挥了重要作用<sup>[7]</sup>。甾醇调节元件结合蛋白-1c(sterol regulatory element binding protein-1c, Srebp-1c)已被确认为促进脂质生成中关键因子表达的主要转录因子,而 Srebp1c 是参与脂质合成的 lncRNA 的关键靶标<sup>[8]</sup>。Chen 等人<sup>[9]</sup>也发现 lncRNA 可调节许多参与脂肪酸合成途径的转录因子和酶。然而,关于 lncRNAs 在猪肌内脂肪沉积过程中的作用的研究较少,且主要集中在不同品种间肌内脂肪沉积相关 lncRNAs 的探究。

黔北黑猪作为贵州省地方特色猪种,其生物学特性表现为性成熟周期较短、脂肪沉积能力较强、环境适应性与抗逆性优良,但同时存在生长速率偏低、体型结构偏小等制约产业化的生产性能特征,近年来,黔北黑猪种质资源日渐衰退<sup>[10]</sup>。鉴于黔北黑猪种质资源保护与可持续利用的现实需求,系统挖掘其潜在优良性状已成为当前亟待解决的关键问题。前期研究发现,黔北黑猪腰大肌(psoas major muscle, PMM)内的脂肪含量显著高于背最长肌(longissimus dorsi muscle, LDM)<sup>[10]</sup>。因此,本研究基于高通量测序,对黔北黑猪 LDM 与 PMM 中的 lncRNA 进行鉴定,从表观遗传学的角度解析脂肪代谢的相关调控。这些研究将为深入解析不同类型骨骼肌脂肪沉积的机理提供数据支撑,对辅助选育优质肉用品种具有重要意义。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品采集

在本研究开展过程中,所涉及的所有动物实验均已严格依照相关伦理规范流程,经铜仁学院动物实验伦理委员会正式审批通过(TRU2021013)。在相同饲养条件下,从铜仁梵净桃园农牧发展有限公司选取亲缘关系相近的 9 头健康黔北黑猪母猪(日龄 180±11 d,体重 60±7 kg)作为试验对象。电击后屠宰,于每头猪的最后肋骨处及倒数第 4 肋骨区域分别采集 LDM 与 PMM 样本。分别将采集的两类骨骼肌样本随机分为 3 组( $n=3$ ),并将每组中来源于 3 头猪的 LDM 以及 PMM 样本分别各取 0.5 g 混合后置于两个不同的离心管中,立即投入液氮速冻,并于 -80 °C 超低温冰箱中保存,用于后续 RNA 建库测序和实时荧光定量 PCR 实验。

### 1.2 RNA 测序

根据 RNeasy Mini Kit 试剂盒(Qiagen, 德国)提供的说明书,分别从两种类型的肌肉组织样本中分离提取总 RNA。随后,使用 Agilent 公司(美国)生产的 Bioanalyzer 2100 系统配合 RNA Nano 6000 Assay Kit 对所提取的 RNA 样品进行完整性评估。每组样本均取 3 μg RNA 采用 NEBNext Ultra™ RNA Library Prep Kit(NEB, 美国)进行文库构建,最后通过 Illumina HiSeq™ 4000 高通量测序平台进行测序分析。

### 1.3 LncRNAs 的鉴定

原始数据处理参考课题组前期研究<sup>[11]</sup>。本研究采用 HiSAT2 比对工具,将各样本的有效读段(clean reads)与猪(*Sus scrofa*)参考基因组进行序列比对,进而获得原始转录本,并借助 StringTie 软件对这些转录本进行了组装拼接。剔除与已知 mRNA 重叠的、长度小于 200 bp 的和大于 2 个外显子的转录本。随后,利用编码非编码指数(coding-non-coding Index, CNCI, v2)、潜在编码计算器(Coding Potential Calculator, CPC, 0.9-r2)以及 PFAM-Scan(V1.3)软件对转录本的编码能力进行预测,并进一步剔除 CPC 评分<-1 及 CNCI 评分<0 的转录本,剩余转录本均被鉴定为 lncRNA。

### 1.4 差异表达的lncRNAs分析

通过使用Cuffdiff(v2.2.1)软件对lncRNAs的表达量进行定量分析,采用每千碱基转录本每百万映射读取片段数(FPKM)作为标准化表达量指标。为了筛选LDM和PMM之间差异表达的mRNAs及lncRNAs,设定 $|\log_2(\text{fold change})| \geq 1$ ,并以校正后的 $P$ 值 $<0.05$  (corrected  $P$ -value  $< 0.05$ )作为筛选标准。

### 1.5 荧光定量PCR (qRT-PCR)验证

使用EasyScript® All-in-One First-Strand cDNA Synthesis SuperMix for qPCR with gDNA removed

试剂盒(全式金,中国)对1.2节中提取的总RNA进行逆转录合成cDNA。利用Primer 5.0软件设计所需的引物序列,具体信息详见表1,选择 $\beta$ -actin作为内源性对照基因,并委托华大基因公司合成。采用TransStart®Tip Green qPCR SuperMix试剂盒(全式金,中国)在瑞士罗氏公司生产的LightCycler 480平台上开展qRT-PCR反应。反应条件为:94 °C 10 s, 60 °C 30 s, 72 °C 20 s。本研究针对每个反应均设置了三个独立的生物学重复,以确保数据的可靠性。采用 $2^{-\Delta\Delta CT}$ 算法对lncRNAs的相对表达水平进行标准化计算。

表1 实时荧光定量基因引物列表  
Table 1 List of gene primers for qRT-PCR

基因名称 Gene name	引物(5'→3') Primer sequence (5'→3')	产物大小/bp Product size
TCONS_00102593	F: TCGCACACGCTTACATCAGT; R: TTTTGGTAAACAGGCGGGGT	175
TCONS_00123816	F: ACTCACTCTTGGGCTGATGC; R: GAGTCAAACGCCCTCTCAC	461
TCONS_00024014	F: ATCTCCAGGGTGGGCTTTTG; R: CGAAACTAGTCCCGCACT	102
TCONS_00034700	F: GGTCCGCACGAGACAGATAG; R: TCGACAACAGGTAGCAGCTC	662
TCONS_00014197	F: ACTTGAATGCCGCTTGAGAGA; R: CATACCCCTACCCAGGTCA	356
$\beta$ -Actin	F: GCTAAGGGGGCGCTCTGTC; R: GTGTTGGCGTAGAGGTCCTTC	117

### 1.6 靶基因预测和功能富集分析

根据lncRNA与mRNA表达的相关性,以Pearson相关系数大于0.95作为临界值,通过Python软件(3.6.5)来预测差异表达lncRNA的靶基因,其中包括顺式和反式作用。每个lncRNA上下游100 kb区域内的基因被鉴定为顺式作用的靶基因。然而,将与差异表达的lncRNAs不在同一染色体上的靶基因被认定为反式作用,其判据为直接互补碱基对 $\geq 10$ ,自由能 $\leq -50$  kcal/mol。

为深入探究差异表达lncRNA靶基因的生物功能,我们运用GOseq软件包对其进行了GO (Gene Ontology) 功能注释。同时,借助clusterProfiler软件包,对这些靶基因进行了KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) 功能富集分析。设定校正后的 $P$ 值小于0.05作为判定GO功能注释及KEGG富集结果具有显著性的阈值。

### 1.7 lncRNA-mRNA调控网络的构建

为进一步探索差异表达lncRNA与其靶基因之间的相互作用,基于mRNA与lncRNA之间的

Pearson相关指数计算,筛选出最为相关的lncRNA及其靶基因,构建差异表达lncRNA-靶基因互作网络。通过NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) PubMed查询其功能,结合GO和KEGG富集条目,我们识别出与肌内脂肪沉积过程相关的lncRNA。基于这些lncRNA与相应mRNA之间的潜在调控关系,我们构建了一个相互作用的调控网络模型。随后,利用Cytoscape软件(3.7.1版本),将此复杂的lncRNA-mRNA调控网络以图形化的方式清晰呈现出来。

## 2 结果与分析

### 2.1 lncRNAs的鉴定

通过测序,在黔北黑猪PMM和LDM中共获得622 198 995个原始读段(Raw reads),过滤后仍有606 465 670个干净读段(Clean reads)。此外,6个样本中干净读段的Q20值均超过了97.44%,Q30值均超过了92.03%,GC含量大于51.60%,表明测序数据质量已达后续分析所需标准(表2)。利用CNCL、CPC和PFAM进行编码潜能筛选后,在9头母猪的肌肉组织中共鉴定出

4 232 个 lncRNAs, 其中基因间 lncRNAs (lincRNAs) 占 46.88%, 反义 lncRNAs 占 21.79%, 正义重叠 lncRNAs 占 31.33%(图 1B), 其中大部分包含 2-5 个外显子(图 1A)。

表 2 测序数据质量总结  
Table 2 Summary of sequencing data quality

样本 Sample	原始读段 Raw reads	干净读段 Clean reads	原始碱基/G Raw bases	干净碱基/G Clean bases	错误率/% Error rate	Q20/%	Q30/%	GC 含量/% GC content
LDM1	108 592 302	105 604 876	16.29	15.84	0.03	97.51	93.15	54.33
LDM2	99 474 548	96 976 168	14.92	14.55	0.03	97.54	93.18	54.54
LDM3	101 782 305	99 482 367	15.26	14.86	0.03	97.52	93.17	54.42
PMM1	103 000 976	100 546 260	15.45	15.08	0.03	97.44	92.80	51.60
PMM2	107 489 230	104 397 657	16.12	15.66	0.03	97.5	93.03	52.01
PMM3	101 859 634	99 458 342	15.01	14.73	0.03	97.47	92.94	51.62

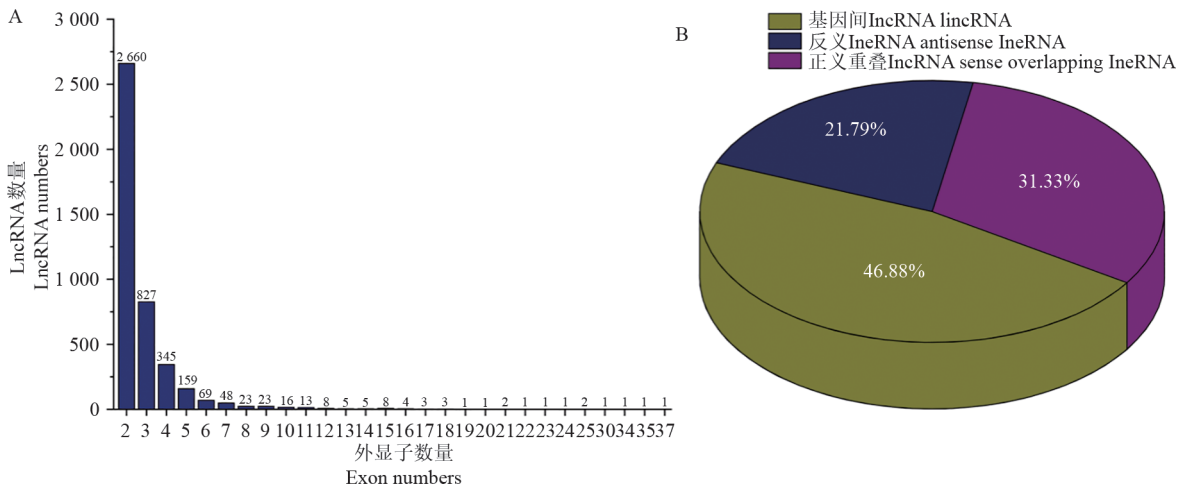


图 1 猪肌肉中候选 lncRNAs 的外显子数和分类

Fig. 1 Distribution of exonic numbers and classification of candidate lncRNAs in porcine muscle

注: A: lncRNA 的外显子数分布; B: lncRNA 亚型的分类。

Note: A: Distribution of exonic numbers of lncRNAs; B: Classification of lncRNA subtypes.

### 2.2 差异表达分析

进一步分析的数据显示, LDM 和 PMM 样品中有 45 个显著差异表达的 lncRNAs(图 2), 其中 TCONS\_00057259、TCONS\_00067890、TCONS\_00024024、TCONS\_00134314、TCONS\_00134283 等 23 个是下调的 lncRNAs, TCONS\_00114161、TCONS\_00064974、TCONS\_00101986、TCONS\_00004460、TCONS\_00172825 等 22 个是上调的 lncRNAs。(附表 1)

### 2.3 差异表达 lncRNAs 的验证

随机抽选 5 个 lncRNAs, 通过 qRT-PCR 技术测定它们在两种不同肌肉中的相对表达量。结果显示, 这些 lncRNA 的表达模式与 RNA-seq 分析所得的数据相一致(图 3), 证实了 RNA-seq 分

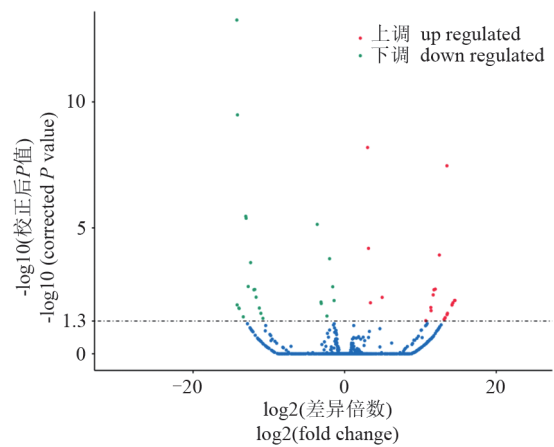


图 2 LDM 和 PMM 差异表达 lncRNAs 火山图  
Fig. 2 Volcano plot of differentially expressed lncRNAs in *Longissimus dorsi* muscle (LDM) and *Psoas major* muscle (PMM)

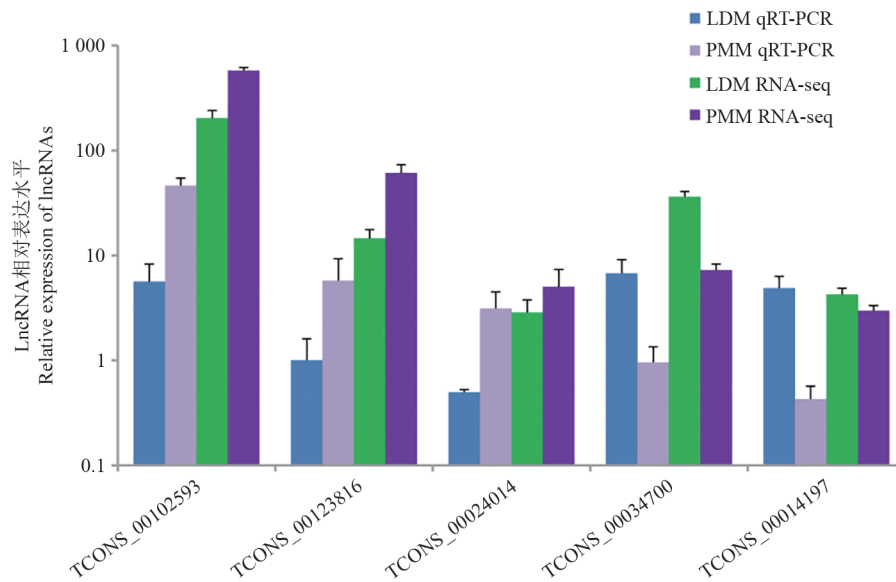


图 3 qRT-PCR 验证差异表达 lncRNAs 的结果

Fig. 3 Results of qRT-PCR validation for differentially expressed lncRNAs

析用于识别与肌肉脂肪沉积相关基因的高可靠性和可重复性。

2.4 功能富集和信号通路分析

通过对差异表达的 lncRNAs 的靶基因的 GO 富集和 KEGG 通路分析发现,这些靶基因显著富集在三个类别:生物过程、细胞组分和分子功能

中,共 55 个条目。其中与脂肪沉积密切相关的条目及对应的靶基因和 lncRNAs 见表 3。KEGG 分析显示,差异调控的 lncRNAs 的靶 mRNAs 富集在 15 条通路,图 4 列出了 ABC 转运蛋白、内吞作用、胆汁分泌、代谢途径、过氧化物酶体等可能参与猪肌肉脂肪沉积的相关通路。

表 3 黔北黑猪肌肉脂肪沉积相关 lncRNAs GO 富集分析

Table 3 GO enrichment analysis of lncRNAs associated with intramuscular fat deposition in Qianbei black pigs

类别	描述	P 值	基因名称	lncRNA
Category	Description	P value	Gene name	
生物学过程	极长链脂肪酸分解代谢过程	0.012 5	<i>ABCD3</i>	TCONS_00110001、TCONS_00109998、ENSSSCT00000043536
	磷脂运输	0.014 4	<i>RUNDC3B</i>	TCONS_00160344、TCONS_00160345
	脂质运输	0.021 2	<i>ABCD3、RUNDC3B</i>	TCONS_00110001、TCONS_00109998、ENSSSCT00000043536、TCONS_00160344、TCONS_00160345
	脂质定位	0.027 4	<i>ABCD3、RUNDC3B</i>	TCONS_00160344、TCONS_00160345、TCONS_00110001、TCONS_00109998、ENSSSCT00000043536
分子功能	细胞内雌激素受体信号通路的负调控	0.033 2	<i>CNOT2</i>	TCONS_00112322、TCONS_00116593、TCONS_00116596、TCONS_00116551
	脂肪酸转运活性	0.025 5	<i>ABCD3</i>	TCONS_00110001、TCONS_00109998、ENSSSCT00000043536
	长链脂肪酸转运活性	0.014 5	<i>ABCD3</i>	TCONS_00110001、TCONS_00109998、ENSSSCT00000043536
	水解酶活性	0.039 1	<i>ERCC6L、KIF4A、GDPD2、RUNDC3B、MTMR4、RAD51C、ABCD3、CNOT2、RUNDC3B、TEX14</i>	TCONS_00170913、TCONS_00167564、TCONS_00170867、TCONS_00167461、TCONS_00160344、TCONS_00160345、TCONS_00030346、TCONS_00110001、TCONS_00109998、ENSSSCT00000043536、TCONS_00112322、TCONS_00116593、TCONS_00116596、TCONS_00116551

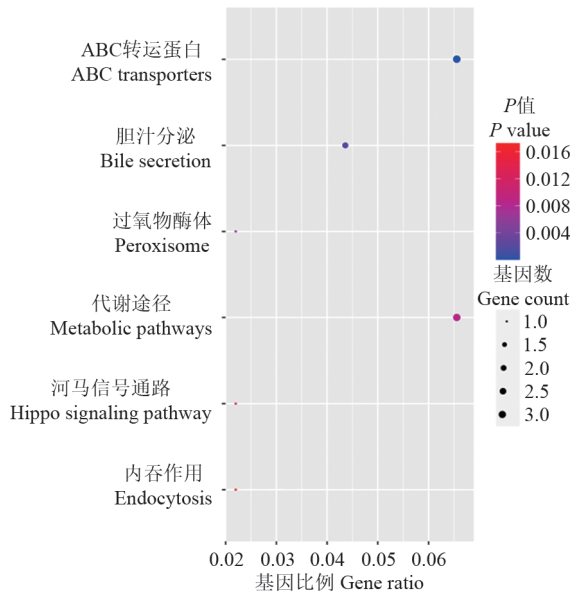


图4 LDM与PMM中脂肪沉积相关lncRNA靶基因的KEGG通路分析

Fig. 4 KEGG pathway analysis of target genes of fat deposition-associated lncRNAs in *Longissimus dorsi* Muscle (LDM) and *Psoas major* Muscle (PMM)

### 2.5 lncRNA-mRNA 调控网络构建

lncRNAs 作为竞争性内源 RNA (competitive endogenous RNA, ceRNA) 来调节其靶 mRNA 的表达。研究结果显示 40 个差异 lncRNAs 靶向调控 60 个基因。其中一些 mRNAs 可以被同一个 lncRNA 调控，而一个 mRNA 也可以被多个 lncRNAs 调控；通过搜库对 lncRNA 的靶基因功能进行查找，发现 TCONS\_00123816 和 TCONS\_00014197 的靶基因 *FABP3* 和 *FoxB2* 可分别通过

调控 PPAR 信号通路和 Wnt 信号通路，在肌肉脂肪沉积调控方面发挥重要作用(图 5)。

### 3 讨论

脂肪在动物体内分为皮下脂肪、肌间脂肪、肌内脂肪和内脏脂肪 4 种<sup>[12]</sup>。IMF 的沉积主要依赖于肌内前脂肪细胞的增殖和分化<sup>[13]</sup>。研究发现，LncIMF4 可通过抑制自噬抑制脂肪分解，调控猪肌内前脂肪细胞的脂肪生成，IRLnc 能够调节猪 IMF 的分解<sup>[14,15]</sup>。不同品种猪中鉴定出多个 lncRNA 基因与差异甲基化区域 (Differentially methylated regions, DMRs) 存在重叠，而这些猪在脂肪沉积能力、性别及组织的解剖部位等方面均存在差异<sup>[16]</sup>。通过对静海黄鸡腹部脂肪组织中不同时期前脂肪细胞的 lncRNA 和 mRNA 表达谱进行分析，发现 lncRNAs 的靶基因在脂肪细胞分化相关的 MAPK 和 PPAR 信号通路中显著富集<sup>[17]</sup>。这些研究发现表明，lncRNAs 在畜禽的脂肪沉积和脂肪酸组成、调控成脂分化和脂质代谢中发挥重要作用。本研究通过高通量测序对黔北黑猪 LDM 和 PMM 中表达的 lncRNAs 进行检测，结果筛选出 45 个显著差异表达的 lncRNAs，其中 23 个下调 lncRNAs，22 个上调 lncRNAs。靶基因 KEGG 分析发现，有些 lncRNAs 可能参与肌肉脂肪沉积，如 TCONS\_00123816 的靶基因为脂肪酸结合蛋白-3 (Fatty acid binding protein3, FABP3)，是前脂肪细胞分化的调控因子之一，miR-381-3p 通过抑制过氧化物酶体增殖物激活受体 (PPAR) 信号通路中的

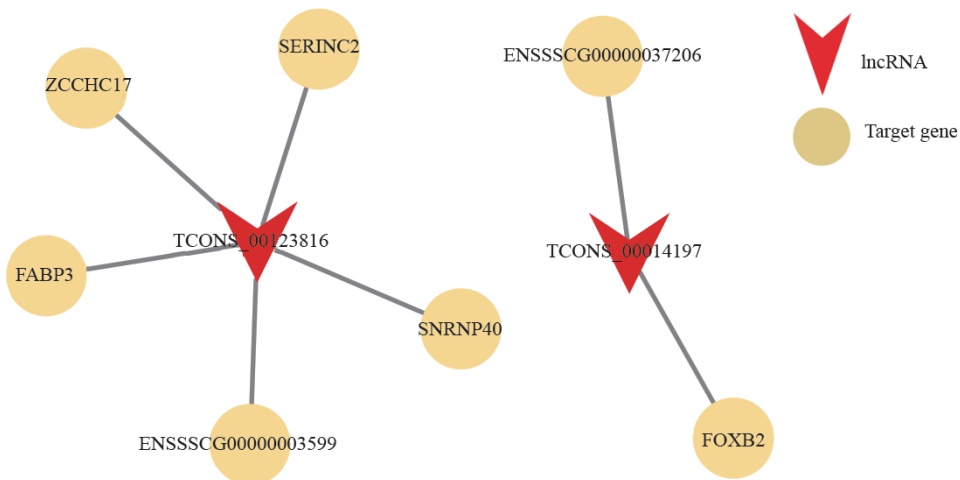


图5 肌肉脂肪沉积相关的 lncRNA-mRNA 交互网络

Fig. 5 lncRNA-mRNA interaction network associated with intramuscular fat deposition

FABP3 表达,抑制前脂肪细胞分化和脂滴沉积<sup>[18,19]</sup>。此外,在对巴六猪(巴克夏猪×安庆六白猪)背最长肌的研究中发现,高表达的FABP3能够促进前脂肪细胞的分化,并且FABP3的mRNA和蛋白表达水平在脂滴逐渐积累的过程中持续升高<sup>[19]</sup>。在约克夏猪和杜洛克猪中同样证实了这一点<sup>[20,21]</sup>。FABP3是PPAR信号通路的成员之一,PPAR信号通路在脂肪酸与胆固醇的代谢调节,以及成脂分化的过程中发挥重要作用。FABP3在骨骼肌中的表达随着高脂肪饮食的摄入而升高,而部分缺乏FABP3的小鼠脂肪酸利用率降低,同时,FABP3还被认为是一种脂质“伴侣”,调节脂肪酸的溶解度、流动性和利用<sup>[18]</sup>。FABP3过表达通过上调过氧化物酶体增殖物激活受体 $\gamma$ (peroxisome proliferator-activated receptor gamma, PPAR $\gamma$ )等成脂基因促进脂肪细胞分化,而对FABP3的干扰导致脂滴减少,进一步验证了FABP3可能通过PPAR信号通路参与IMF沉积过程<sup>[19,22]</sup>。

在胚胎发育过程中,Wnt信号通路可激活间充质多能细胞的成肌与成骨分化,同时抑制其成脂分化<sup>[22]</sup>。这一过程主要通过Wnt信号通路抑制成脂关键调控因子CCAAT/增强子结合蛋白 $\alpha$ (CCAAT/enhancer binding protein alpha, CEBPA)和PPAR $\gamma$ 实现<sup>[23]</sup>。而 $\beta$ -catenin(Wnt信号通路的组成成分)与PPAR $\gamma$ 之间存在功能性相互作用,即这两种蛋白质可相互负调控对方的活性<sup>[24]</sup>。TCONS\_00014197的靶基因是叉头框蛋白B2(FOXB2),在293T细胞中,Moparhi等人<sup>[25]</sup>发现在所筛选的17个Fox家族转录因子中,FOXB2被鉴定为最具Wnt信号激活能力的候选因子。在携带激活型 $\beta$ -catenin突变的结直肠癌细胞系HCT116和SW48中,FOXB2可诱导荧光素酶活性,表明其具有强效的Wnt通路调控潜能<sup>[25]</sup>。此外,有研究发现,FOXB2是Wnt信号通路的激活剂,可以激活Wnt7b,Wnt7b能增加胞质 $\beta$ -catenin,抑制关键的促脂肪调节因子CEBPA和PPAR $\gamma$ ,进而抑制肌肉成脂潜能<sup>[26]</sup>。因此,推测TCONS\_00123816和TCONS\_00014197可能分别通过PPAR信号通路和Wnt信号通路调控肌肉脂肪沉积。

## 4 结论

本研究在黔北黑猪LDM和PMM中共筛选到45个差异表达的lncRNAs,很多lncRNAs都与肌肉脂肪沉积密切相关,其中TCONS\_00123816、TCONS\_00014197可能是肌肉脂肪沉积的候选lncRNAs。本研究发现将为深入解析不同类型骨骼肌脂肪沉积的机理提供数据支撑,对辅助选育优质肉用品种具有重要意义。

## 参考文献

- [1] 庞喆.基于RNA-seq延边黄牛肌内脂肪候选基因的筛选与表达分析[D].延吉:延边大学农学院,2018.
- [2] 王彦平,王怀中,张印,等.猪胴体不同部位肌肉品质分析比较[J].养猪,2017(01):65-67.
- [3] 郭建凤,武英,王继英,等.专门化品系ZFD猪生长性能、胴体性能及不同部位肌肉品质研究[J].西北农业学报,2010,19(01):22-25.
- [4] Tan Z, Jiang H. Molecular and cellular mechanisms of intramuscular fat development and growth in cattle [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2024, 25(5): 2520.
- [5] 向进,吴燕,杨齐心,等.关岭猪和从江香猪肌肉中挥发性风味物质差异研究[J].中国畜牧杂志,2024,60(08):224-232.
- [6] Chen M, Zhang L, Guo Y, et al. A novel lncRNA promotes myogenesis of bovine skeletal muscle satellite cells via PFN1-RhoA/Rac1[J]. Journal of Cellular and Molecular Medicine, 2021, 25(13): 5988-6005.
- [7] Feng H, Liu T, Yousuf S, et al. Identification and analysis of lncRNA, miRNA and mRNA related to subcutaneous and intramuscular fat in Laiwu pigs[J]. Frontiers in Endocrinology, 2023,13: 1081460.
- [8] Ferré P, Phan F, Fougelle F. SREBP-1c and lipogenesis in the liver: an update[J]. Biochemical Journal, 2021, 478(20): 3723-3739.
- [9] Chen N, Li Y, Li X. Dynamic role of long noncoding RNA in liver diseases: pathogenesis and diagnostic aspects[J]. Clin Exp Med, 2025, 25(1): 160.
- [10] 孟金柱,吴震洋,安清明,等.黔北黑猪肌内脂肪沉积相关基因的筛选[J].浙江大学学报(农业与生命科学版),2021,47(06):797-804.
- [11] Zhao Y, Cao G, Gao P, et al. Comparing the mRNA expression profile of psoas major and Longissimus dorsi muscles in pig[J]. Indian Journal of Animal

- Research, 2020, 54(12): 1490-1496.
- [12] Stewart S, Gardner G, McGilchrist P, et al. Prediction of consumer palatability in beef using visual marbling scores and chemical intramuscular fat percentage[J]. Meat Science, 2021, 181: 108322.
- [13] Petrus P, Mejhert N, Corrales P, et al. Transforming growth factor- $\beta$ 3 regulates adipocyte number in subcutaneous white adipose tissue[J]. Cell Reports, 2018, 25(3): 551-560.
- [14] Sun Y, Cai R, Wang Y, et al. A newly identified LncRNA LncIMF4 controls adipogenesis of porcine intramuscular preadipocyte through attenuating autophagy to inhibit lipolysis[J]. Animals (Basel), 2020, 10(6): 926.
- [15] Wang L, Zhou Z Y, Zhang T, et al. IRLnc: a novel functional noncoding RNA contributes to intramuscular fat deposition[J]. BMC Genomics, 2021, 22(1): 95.
- [16] Zhou Z Y, Li A, Wang L G, et al. DNA methylation signatures of long intergenic noncoding RNAs in porcine adipose and muscle tissues[J]. Scientific Reports, 2015, 5(1): 15435.
- [17] Zhao J, Li K, Yang Q, et al. Enhanced adipogenesis in Mashen pigs compared with Large White pig[J]. Italian Journal of Animal Science, 2017, 16(2): 217-225.
- [18] Ge W, Zhang W, Zhang Y, et al. A single-cell transcriptome atlas of cashmere goat hair follicle morphogenesis[J]. Genomics Proteomics Bioinformatics, 2021, 19(3): 437-451.
- [19] Jiang Y, Liu J, Liu H, et al. miR-381-3p inhibits intramuscular fat deposition through targeting FABP3 by ceRNA regulatory network[J]. Biology (Basel), 2022, 11(10): 1497-1497.
- [20] González-Prendes R, Quintanilla R, Mármol-Sánchez E, et al. Comparing the mRNA expression profile and the genetic determinism of intramuscular fat traits in the porcine gluteus medius and *Longissimus dorsi* muscles[J]. BMC Genomics, 2019, 20(1): 170-170.
- [21] Cho K H, Kim M J, Jeon G J, et al. Association of genetic variants for FABP3 gene with back fat thickness and intramuscular fat content in pig[J]. Mol Biol Reports, 2011, 38(3): 2161-2166.
- [22] Yi B, Wang J, Wang S, et al. Overexpression of Banna mini-pig inbred line fatty acid binding protein 3 promotes adipogenesis in 3T3-L1 preadipocytes[J]. Cell Biol International, 2014, 38(8): 918-923.
- [23] Christodoulides C, Lagathu C, Sethi J K, et al. Adipogenesis and WNT signalling[J]. Trends in Endocrinology & Metabolism, 2009, 20(1): 16-24.
- [24] Khan F U, Owusu-Tieku N Y, Dai X, et al. Wnt/ $\beta$ -catenin pathway-regulated fibromodulin expression is crucial for breast cancer metastasis and inhibited by aspirin[J]. Frontiers in Pharmacology, 2019, 10: 1308.
- [25] Moparthi L, Pizzolato G, Koch S. Wnt activator FOXB2 drives the neuroendocrine differentiation of prostate cancer[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2019, 116(44): 22189-22195.
- [26] Takada I, Kouzmenko AP, Kato S. Wnt and PPAR $\gamma$  signaling in osteoblastogenesis and adipogenesis[J]. Nature Reviews Rheumatology, 2009, 5(8): 442-447.