

青海高原型牦牛 *SCD* 基因 SNP 及单倍型与生长性状的关联性分析

祁增源¹ 高占红² 周建强¹ 韩银仓² 刘秀^{1*} 孙永刚^{2*}

1 甘肃农业大学 动物科学技术学院/甘肃省草食动物生物技术重点实验室, 兰州 730070; 2 青海省畜牧兽医科学院, 西宁 810016

*通讯作者, liuxiu@gsau.edu.cn; sunyg2009@qq.com

摘要 硬脂酰辅酶A去饱和酶(stearyl-CoA desaturase, SCD)是牦牛(*Bos grunniens*)体内单不饱和脂肪酸(monounsaturated fatty acid, MUFA)生物合成的关键酶,对脂质合成和氧化的动态平衡调节过程有着重要的作用。为探索青海高原型牦牛 *SCD* 基因多态性及其与生长性状的关联性,通过DNA测序法进行基因的多态性分析,应用连锁不平衡分析和一般线性模型(general linear model, GLM)进行关联性分析。结果表明, *SCD* 基因第3内含子上存在2个SNP (g.6614C>A和g.6660C>T),其中g.6614C>A上存在2种基因型, g.6660C>T上存在3种基因型; χ^2 检验表明, g.6614C>A处于哈代温伯格(Hardy-Weinberg)平衡状态, g.6660C>T处于不平衡状态,且g.6614C>A为低度多态($PIC < 0.25$), g.6660C>T为中度多态($0.50 > PIC > 0.25$)。与生长性状关联性分析发现, g.6614C>A位点上CA基因型的体重、体高、体斜长和管围显著高于CC基因型($P < 0.05$),而胸围与CC基因型差异不显著。g.6660C>T位点上TT基因型个体的体长与CT和CC基因型差异不显著,体重、体高和胸围显著高于CC和CT基因型($P < 0.05$),管围极显著高于CC基因型($P < 0.01$)。单倍型和连锁不平衡分析发现2个位点存在4种单倍型,位点间不存在强连锁性($r^2 = 0.027$)。组合单倍型分析发现, H₁H₃为最优组合单倍型。综上, *SCD* 基因多态性与青海高原型牦牛的部分生长性状相关,可作为牦牛分子标记辅助选择的候选基因,本研究为提高牦牛选种效率提供参考。

关键词 高原型牦牛;硬脂酰辅酶A去饱和酶基因(*SCD*);DNA测序;生长性状

中图分类号 S823.8+5 文献标识码 A

Correlation Analysis of SNP and Haplotypes of *SCD* Gene with Growth Traits in Qinghai Plateau Yak (*Bos grunniens*)

QI Zeng-Yuan¹ GAO Zhan-Hong² ZHOU Jian-Qiang¹ HAN Yin-Cang² LIU Xiu^{1*} SUN Yong-Gang^{2*}

1 Gansu Key Laboratory of Herbivore Biotechnology, College of Animal Science and Technology, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China; 2 Qinghai Academy of Animal Science and Veterinary Medicine, Xining 810016, China

* Corresponding authors, liuxiu@gsau.edu.cn; sunyg2009@qq.com

Abstract Stearyl-CoA desaturase (SCD) is the key enzyme of monounsaturated fatty acid biosynthesis, which plays an important role in the lipid synthesis and oxidation dynamic balance. To explore the qinghai plateau yak *SCD* gene polymorphism and its correlation with growth traits, DNA sequencing method was used for gene polymorphism analysis, linkage disequilibrium analysis and the method of general linear model were used for correlation analysis. The results showed that there were 2 SNPs in *SCD* gene (g.6614C>A and g.6660C>T), there were 2 genotypes in g.6614C>A and 3 genotypes in g.6660C>T. χ^2 test showed that the g.6614C>A balanced in the Hardy Weinberg lattice state, g.6660C>T was in a state of imbalance. g.6614C>A was low polymorphic ($PIC < 0.25$), and g.6660C>T was moderately polymorphic ($0.50 > PIC > 0.25$). And

growth character correlation analysis found that the body weight, body height, body oblique length and tube circumference of CA genotype at g.6614C>A locus were significantly higher than those of CC genotype ($P < 0.05$), but there was no significant difference in chest circumference between CA genotype and CC genotype. g.6660C>T site of TT genotype individuals had no significant difference with CT and CC genotype, individuals weight, body height and chest circumference of TT genotype were significantly higher than CC and CT genotype ($P < 0.05$), while TT genotype tube circumference was extremely significantly higher than CC genotype ($P < 0.01$). Haplotype and linkage disequilibrium analysis showed that there were 4 haplotypes in the 2 loci, and there was no strong linkage between the 2 loci ($r^2=0.027$). The combined haplotype analysis showed that H₁H₃ haploid type was the optimal combination. In conclusion, *SCD* gene polymorphism was related to some growth traits of Qinghai plateau yak, which can be used as candidate genes for marker-assisted selection in yaks. This study provides reference for improving yak breeding.

Keywords Plateau Yak; Stearyl-CoA desaturase gene (*SCD*); DNA sequencing; Growth traits

青海高原型牦牛(*Bos grunniens*)分布于海拔3 500 m以上的高寒地区,是一个数量较大、分布范围较广、生产性能较优的优秀地方类群(刘军, 2011)。牦牛为藏区牧民提供了肉、乳、毛绒等畜产品,是重要的生活和经济来源。但牦牛养殖以传统放牧为主,出栏周期长和商品率低成为制约青海牦牛产业发展的重要因素(Xiong et al., 2013)。因此,牦牛生长性状选育工作的开展成为其产业发展的重要方向。

硬脂酰辅酶 A 去饱和酶(stearyl-CoA desaturase, *SCD*)是一种在内质网上控制饱和和脂肪酸向不饱和脂肪酸转换的含铁关键酶。*SCD*将底物棕榈酰 CoA (C16:0)和硬脂酰 CoA (C18:0)分别转换为棕榈油酰 CoA (C16:1)和油酰基 CoA (C18:1),能催化生产绝大多数的共扼亚油酸(Enoch, Strittmatter, 1978)。哺乳动物的 *SCD* 主要存在于动物的肝脏和乳腺当中,最早在老鼠(*Muroidea*)肝脏中被发现(Thiede et al., 1986)。在牛(*Bovine*)体内,*SCD*基因位于26号染色体,序列长17 088 bp,CDS长1 080 bp,转录cDNA长5 287 bp,共编码359个氨基酸(Jun, 2003; Campbell et al., 2001)。张静静等(2013)利用SNP芯片技术对484头中国西门塔尔牛*SCD1*基因进行检测分析,发现有7个SNP位点存在遗传多态性,关联分析表明,这些位点可以用于肉牛育种的标记辅助选择。唐慧等(2018)在对'蜀宣花牛'、'巴山牛'和'安杂牛'研究中发现,*SCD*基因表达直接影响油酸和棕榈油酸的生成,从而调控着单不饱和脂肪酸的合成进程,进而对不饱和脂肪酸(unsaturated fatty acid, UFA)的沉积发挥作用。王冰冰等(2017)发现*SCD*基因在肌肉组织中的表达量与棕榈油酸(C161)、油酸(C181)、亚油酸(C182)含量呈显

著和极显著正相关。Wang等(2020)对0.5和2.5岁牦牛背最长肌及其相邻肌间脂肪组织进行全转录组分析,发现*SCD*的表达动态与肌内脂肪(intramuscular fat, IMF)沉积的增加趋势一致,表明*SCD*在IMF沉积中起正向调节作用。李涛等(2019)发现*SCD*基因是影响脂肪酸合成的重要候选基因。

鉴于*SCD*基因在牛脂质代谢方面所具有的重要作用,本研究利用DNA测序技术,检测该基因在青海高原型牦牛中的多态性,并分析其与生长性状的关联性,以期对青海高原型牦牛的选育选种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验动物

本实验随机选择442头同等放牧条件下30~36月龄健康的牦牛(*Bos grunniens*),采样地点为青海省祁连县,所有样本均采集自尾颈静脉,采集后置于抗凝采血管中,-80℃保存备用。同时,现场测定所有实验牛只的生长发育指标,包括体重、体斜长、体高、管围以及胸围,其生长性状的测定严格按照蓝贤勇(2004)方法进行。

1.2 基因组DNA提取和检测

采用血液基因组DNA提取试剂盒(天根,北京)提取血液DNA,使用NanoDrop 2000分光光度计(赛默飞世尔科技,美国)检测DNA浓度及纯度,确保样品DNA浓度大于50 ng/μL, OD_{260}/OD_{280} 处于1.8~2.0。

1.3 引物设计

根据GenBank公布的牦牛*SCD*序列(Gene-

bank No. 102280846), 利用 Primer Premier 5.0 软件设计引物, 引物序列为:

F: 5'-ATGTGGTCCTGAGACTTGAA-3'

R: 5'-TTAATTGGCTTAGGTAGTTCAG-3'

长度为 623 bp, 退火温度 50.9 °C, 扩增区域为第三内含子, 引物由上海生工生物工程技术有限公司负责合成。

1.4 PCR 扩增

PCR 反应体系(25.0 μL)包括 12.5 μL Mix 混合液(天根, 北京): 含有核酸染料的 dNTPs、*Taq* DNA 聚合酶、10×Buffer, ddH₂O 10.1 μL, 10 μmol/L 上下游引物各 0.7 μL, DNA 1.0 μL。反应程序为: 95 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 30 s, 50.9 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 进行 34 个循环, 最后 72 °C 延伸 10 min; PCR 结束后 4 °C 保存。PCR 扩增产物用 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳检测。

1.5 突变位点检测

检测合格的 PCR 产物送至上海生工生物工程技术有限公司进行测序, 测序结果使用 DNA-STAR 7.1 软件进行对比分析, 寻找突变位点。

1.6 数据统计分析

根据基因型统计分析结果计算基因型、等位基因频率、遗传杂合度(*He*)、有效等位基因数(*Ne*)和多态信息含量(*PIC*)。采用 SPSS 21.0 软件对 *SCD* 基因多态性位点在牦牛群体中的基因型分布进行卡方检验, $\chi^2 < \chi^2_{0.05}$ 说明该位点处于 Hardy-Weinberg 平衡状态; $\chi^2_{0.05} \leq \chi^2 < \chi^2_{0.01}$ 时为 Hardy-Weinberg 不平衡状态; $\chi^2_{0.01} \leq \chi^2$ 时为 Hardy-Weinberg 极度不平衡状态。使用 Haploview 3.32 软件对 *SCD* 基因 2 个 SNP 位点进行连锁不平衡分析及单倍型分析, 并对不同基因型与生长性状间的关联性进行分析。由于环境和年龄因素的影响, 采用固定模型分析基因型效应对生长性状的影响。

固定模型: $Y_{ij} = \mu + G_i + A_j + E_{ij}$

式中, Y_{ij} : 个体表型记录; μ : 群体均值; G_i : 标记基因型效应; A_j : 年龄效应; E_{ij} : 随机误差。

2 结果与分析

2.1 *SCD* 基因多态位点的遗传学分析

牦牛 *SCD* 基因序列全长 13 321 bp, 含有 6 个外

显子和 5 个内含子。通过测序分析发现, *SCD* 基因第 3 内含子上存在 2 个 SNP, 分别命名为 g.6614C>A (图 1A) 和 g.6660C>T (图 1B), 其中 g.6614C>A 上存在 2 种基因型, 分别为 CC 和 CA, g.6660C>T 上存在 3 种基因型, 分别为 CC, CT 和 TT。

如表 1 所示, g.6614C>A 和 g.6660C>T 位点 CC 均为优势基因型, C 为优势等位基因。χ² 检验表明, g.6614C>A 处于 Hardy Weinberg 平衡状态, g.6660C>T 处于不平衡状态, 且 g.6614C>A 为低度多态 ($PIC < 0.25$), g.6660C>T 为中度多态 ($0.50 > PIC > 0.25$)。

2.2 *SCD* 基因 SNP 位点基因型与牦牛生长性状的关联性分析

将牦牛的 5 个生长性状指标分别与 *SCD* 基因突变位点的基因型进行关联分析。结果显示(表 2), g.6614C>A 位点上 CA 基因型的个体生长性状表现最优, 其体重和体高极显著高于 CC 基因型 ($P < 0.01$), 而胸围与 CC 基因型差异不显著。g.6660C>T 位点上 TT 基因型个体生长性状表现最优, 其体长与 CT 和 CC 基因型差异不显著, TT 基因型个体的体重、体高和胸围显著高于 CC 和 CT 基因型 ($P < 0.05$), 管围极显著高于 CC 基因型 ($P < 0.01$), CT 基因型与 CC 基因型的生长性状无显著差异。

2.3 *SCD* 基因 SNP 位点的单倍型和连锁不平衡分析

对 *SCD* 基因的 2 个 SNP 位点进行单倍型分析, 共检测到 4 种单倍型, 分别为 Hap1~Hap4 (表 3)。其中单倍型 Hap3 的发生频率最高, 达到 0.658, 其次, 为单倍型 Hap4 和单倍型 Hap1, 发生频率分别为 0.218 和 0.100, 而单倍型 Hap2 的发生频率最低, 为 0.024。

通过连锁不平衡分析发现, 2 个 SNP 位点两两间的 r^2 值小于 0.330 (表 4)。基于 r^2 值大于 0.330, 反映两者间具有较强的连锁不平衡效应原则, 因此, 本研究发现的 2 个 SNP 位点间不存在强的连锁性。

2.4 *SCD* 基因 SNP 位点组合单倍型对高原型牦牛生长性状的影响

经分析得出, *SCD* 基因中 2 个 SNP 位点共有 12 种组合单倍型, 将发生频率低于 5.0% 的 8 种合并基因型定义为其他类型, 并进行删除(表 5)。将其余的组合单倍型进行关联性分析后发现, 组合单倍型

H₁H₃ 个体的体重、体高和体斜长极显著高于组合单倍型 H₁H₁ 和 H₂H₃ ($P < 0.01$), 与 H₁H₂ 差异不显著, H₁H₃ 的胸围和管围极显著高于 H₁H₁ ($P < 0.01$), 同 H₁H₂ 和 H₂H₃ 差异不显著。因此, H₁H₃ 为本实验群体中最为优秀组合单倍型。

3 讨论

SCD 基因可以通过影响不饱和脂肪酸的代谢来影响动物体内膜脂和贮脂的不饱和程度, 进一步影响细胞信号转导以及细胞膜的流动性, 最终对生物生长和发育产生广泛的生理作用。王桂芝等(2013)对崂山奶山羊 *SCD* 基因的研究中, 检测到新突变位点 I346 位于内含子上, 对产奶量存在极显著影响。有关研究表明, 奶山羊的产奶量与生长性状呈正相关, 故而内含子上的突变位点也影响崂山奶山羊的生长性状。陈忠琦(2010)对崂山奶山 *SCD* 基因研究中发现现在奶山羊的生长性状方面, E-3.1 和 E-3.2 基因座的突变对关中奶山羊的体长有显著

影响, VV 基因型个体和 G1G1 基因型个体的体长分别显著高于 VM 和 A1G1 型个体, 证明 *SCD* 基因碱基突变对关中奶山羊的体长有一定的影响。朴政玉等(2019)对延边黄牛 *SCD* 基因 C1022T 多态位点中研究发现, TT 基因型体重显著高于 CC 基因型。本研究中 *SCD* 第 3 内含子上的 g.6614C>A 和 g.6660C>T 2 个位点同牦牛的部分生长性状显著相关, 其在 g.6660C>T 位点上 TT 基因型个体的体重、体高和胸围显著高于 CC 和 CT 基因型, 这与前人的研究结果相似。该研究结果表明, 此位点可以作为基因相关的遗传标记来改善牦牛的生长性能。

蔡原等(2015)对'早胜牛'及其杂交群体 *SCD* 基因研究发现, 其外显子 5c.878C>T 位点发生了 CT 的突变, 检测到 2 种基因型(CC 和 CT)和 2 个等位基因(C 和 T), 且 5 个类群多态信息含量均处于中度多态水平。本研究中, 对 *SCD* 基因 g.6660C>T 位点的检测结果进行分析发现, 3 种基因型分别为 CC、CT 和 TT, 而 g.6614C>A 位点的检测结果进行分析

表 1 牦牛 *SCD* 基因遗传多态性分析

Table 1 Genetic polymorphism analysis of *SCD* gene in yak

| 位点 Loci | 基因型频率/% (样本数) | | | | 等位基因频率/% | | | χ^2 | PIC | He | Ne |
|--------------------------|---|-------------|-------------|-----------|---------------------|-------|-------|----------|--------|--------|--------|
| | Genotypic frequencies (Number of samples) | | | | Allelic frequencies | | | | | | |
| | CC | CA | CT | TT | C | A | T | | | | |
| g.6614C>A (<i>SCD</i>) | 75.11 (332) | 24.89 (110) | | | 87.56 | 12.44 | | 8.9274 | 0.1942 | 0.2179 | 1.2786 |
| g.6660C>T (<i>SCD</i>) | 59.28 (262) | | 33.03 (146) | 7.69 (34) | 75.79 | | 24.21 | 4.4064 | 0.2996 | 0.3670 | 1.5797 |

PIC: 多态信息含量; He: 期望杂合度; Ne: 有效等位基因数; PIC>0.5 为高度多态; 0.25<PIC<0.5 为中度多态; PIC<0.25 为低度多态; $\chi^2_{0.05}=5.991$; $\chi^2_{0.01}=9.21$

PIC: Polymorphism information content; He: Heterogosity; Ne: Number of effective alleles; PIC>0.5: High diversity; 0.25<PIC<0.5: Moderate diversity; PIC<0.25: Low diversity

表 2 *SCD* 不同基因型对牦牛生长性状的影响

Table 2 Effect of different genotypes of *SCD* on growth traits in yak

| 位点 Loci | 基因型(样本数) Genotype (Sample number) | 体重/kg Body weight | 体高/cm Withers height | 体斜长/cm Body length | 胸围/cm Chest circumference | 管围/cm Circumference |
|------------|--------------------------------------|----------------------------|--------------------------|--------------------------|------------------------------|--------------------------|
| g.6614C>A | CC (332) | 134.83±15.80 ^B | 97.59±5.39 ^B | 103.34±8.84 ^b | 134.16±12.66 | 14.85±0.98 ^b |
| | CA (110) | 145.73±22.17 ^A | 101.15±6.49 ^A | 108.01±9.37 ^a | 139.78±15.51 | 15.33±1.01 ^a |
| <i>P</i> | | 0.000 | 0.000 | 0.012 | 0.104 | 0.011 |
| g.6660C>T | CC (262) | 135.69±16.84 ^b | 98.14±5.70 ^b | 103.73±9.78 | 134.08±13.08 ^a | 14.85±1.04 ^b |
| | CT (146) | 139.40±19.23 ^{ab} | 98.51±5.85 ^b | 105.67±8.47 | 137.25±13.99 ^{ab} | 15.13±0.88 ^{ab} |
| | TT (34) | 143.79±21.84 ^a | 100.97±6.90 ^a | 105.38±7.83 | 139.61±14.79 ^a | 15.21±1.56 ^A |
| <i>P</i> | | 0.016 | 0.030 | 0.109 | 0.015 | 0.008 |

数值为“平均数±标准差”; 不同小写字母表示差异显著($P < 0.05$), 不同大写字母表示差异极显著($P < 0.01$); 下同

Data in the table are “Mean±SD”; The different lowercase letters of the same column indicated significant difference ($P < 0.05$); while the different capital letters indicated extremely significant difference ($P < 0.01$); The same as below

发现2种基因型为CC和CA型,未检测到AA基因型,原因可能是与选择群体的规模有关,也可能是遗传漂变的结果。青海高原型牦牛群体中2个SNP位点的C等位基因频率均高于T等位基因频率,为优势等位基因。唐红杰(2014)、Orru等(2011)、施雪奎(2011)在对青海高原型牦牛SCD基因上的2个SNP位点研究发现,C等位基因频率均高于T等位基因频率为优势等位基因,与本研究结果一致。g.6660C>T位点在青海高原型牦牛群体中处于哈德温伯格非平衡状态,可能是由于错义突

变造成的表型变异经过人工选育而造成的结果。g.6660C>T位点的多态信息含量处于中度多态(0.50>PIC>0.25),说明该位点多态性丰富,而哈德温伯格非平衡状态则说明该位点正处于人工选育的压力当中。

关于SCD基因多态性研究发现,牛SCD基因的变异主要集中在第5外显子上且存在一处错义突变,而并未发现关于牦牛第3内含子上突变位点的研究。Medrano等(1999)以'荷斯坦奶牛'、'娟珊奶牛'和'瑞士褐牛'3个品种为研究对象,对SCD基因进行SNP扫描发现8个SNP位点,其中第5外显子的3个SNP连锁不平衡,只有1个编码不同的氨基酸为Ala(等位基因C)→Val(等位基因T)。王小龙等(2014)对中国荷斯坦奶牛SCD基因研究中发现762

表3 牦牛SCD基因突变位点单倍型分析

Table 3 Haplotype Analysis of SCD Gene Mutation Site in yak

| 单倍型 | g.6614C>A | g.6660C>T | 频率 |
|-----------|-----------|-----------|-----------|
| Haplotype | | | Frequency |
| Hap1 | A | C | 0.100 |
| Hap2 | A | T | 0.024 |
| Hap3 | C | C | 0.658 |
| Hap4 | C | T | 0.218 |

表4 SCD基因突变位点连锁不平衡分析

Table 4 Analysis of SCD mutation site linkage disequilibrium in yak

| 位点 Site | D' | r ² |
|-----------------|-------|----------------|
| 6614C>A~6660C>T | 0.196 | 0.002 |

表5 SCD基因突变位点组合单倍型与生长性状关联性分析

Table 5 Correlation analysis of SCD mutation site diplotypes and growth traits in yak

| 组合单倍型(个数) | 体重/kg | 体高/cm | 体斜长/cm | 胸围/cm | 管围/cm |
|-------------------------------------|----------------------------|--------------------------|---------------------------|---------------------------|-------------------------|
| Combined haplotype (Number) | Body weight | Withers height | Body length | Chest circumference | Circumference |
| H ₁ H ₁ (244) | 132.92±14.50 ^c | 97.21±5.10 ^B | 102.58±9.97 ^c | 132.28±11.78 ^B | 14.70±1.03 ^B |
| H ₁ H ₂ (80) | 142.85±21.16 ^{Ab} | 100.54±6.46 ^A | 106.71±8.68 ^{Ab} | 138.76±15.08 ^A | 15.23±0.97 ^a |
| H ₁ H ₃ (66) | 146.77±25.20 ^A | 100.85±6.47 ^A | 110.11±11.37 ^A | 138.56±16.82 ^a | 15.28±0.97 ^A |
| H ₂ H ₃ (33) | 137.74±17.30 ^{bc} | 97.97±5.59 ^B | 104.66±7.36 ^{bc} | 136.96±13.34 ^a | 15.10±0.85 ^a |

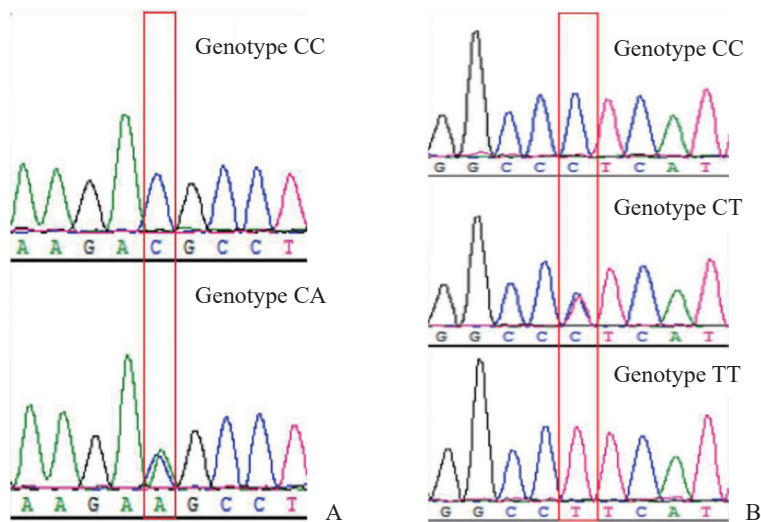


图1 g.6614C>A基因型(A)和g.6660C>T基因型(B)测序图

Figure 1 g.6614C>A genotype (A) and g.6660C>T genotype (B)

和 878 两位点均处于连锁不平衡状态。连锁不平衡是关联分析的前提和基础,其决定了关联分析的精度和所用标记的数量和密度(董俊杰, 2021)。本研究中通过单倍型和连锁不平衡分析发现 2 个位点存在 4 种单倍型,位点间不存在强的连锁性($r^2=0.027$),检测结果与前人研究不一致,可能的原因是所选研究对象不同和 SNP 位点不一样,致使检测结果有所差异。

4 结论

本研究通过 DNA 检测技术在 *SCD* 基因上第 3 内含子中发现了 2 个 SNP 位点,其与青海高原型牦牛的部分生长性状显著相关,经分析 H₁H₃ 为优势组合单倍型。因此,可以将 *SCD* 基因作为牦牛部分生长性状的分子遗传标记,应用在牦牛分子标记辅助育种中,对加快牦牛产业的发展有重要的理论意义。

参考文献

蔡原, 赵生国, 唐红杰, 等. 2015. 早胜牛及其杂交群体 *SCD1* 基因外显子 5 多态性研究[J]. 中国兽医医药杂志, 34(06): 11-15. (Cai Y, Zhao S G, Tang H J. et al. 2015. Polymorphism of exon 5 of *SCD1* gene in Zaosheng cattle and its hybrid population[J]. Journal of Chinese Veterinary Medicine, 34(06): 11-15.)

陈忠琦. 2010. 奶山羊 *SCD* 基因的克隆、多态性检测及其与经济性状的关联分析[D]. 硕士学位论文, 西北农林科技大学, 导师: 陈宏. pp. 44-45. (Chen Z Q. 2010. Clone, polymorphism detection and association analysis with economic traits of *SCD* gene in dairy goat[D]. Thesis for M.S., Northwest A&F University, Supervisor: Chen H. pp. 44-45.)

董俊杰, 曾宇翔, 季芝娟, 等. 2021. 273 份水稻种质资源的遗传多样性、群体结构与连锁不平衡分析[J]. 中国水稻科学, 35(02): 130-140. (Dong J J, Zeng Y X, Ji Z J. et al. 2021. Analysis on genetic diversity, population structure, and linkage disequilibrium of 273 rice germplasm[J]. Chinese Journal of Rice Science, 35(02): 130-140.)

蓝贤勇. 2004. 西农萨能奶山羊经济性状的 DNA 分子标记及 5 个山羊品种 DNA 多态性研究[D]. 硕士学位论文, 西北农林科技大学, 导师: 陈宏. pp. 41-42. (Lan X Y. 2004. Research on DNA molecular marker for economic traits in Xinong Saanen dairy goat and polymorph Ci DNA of five goat breeds[D]. Thesis for M.S., Northwest

A&F University, Supervisor: Chen H. pp. 41-42.)

李涛, 段小花, 荣华, 等. 2019. 武定鸡与大围山微型鸡脂肪酸含量及 *SCD* 基因表达差异研究[J]. 中国家禽, 41(01): 9-12. (Li T, Duan X H, Rong H. et al. 2019. Study on differences of fatty acid content and *SCD* gene expression in Wuding chicken and daweshan mini chicken [J]. China Poultry, 41(01): 9-12.)

刘军. 2011. 青海高原型牦牛种质资源调查与分析[J]. 养殖与饲料, 1(12): 65-67. (Liu J. 2011. Investigation and analysis of germplasm resources of Qinghai plateau yak [J]. Breeding and Feed, 1(12): 65-67.)

朴政玉, 夏广军, 严昌国, 等. 2019. 延边黄牛 *SCD1* 基因多态性及其与经济性状的关联分析[J]. 中国畜牧兽医, 46(09): 2642-2650. (Piao Z Y, Xia G J, Yan C G. et al. 2019. Association analysis between the polymorphism of *SCD1* gene and economic traits in Yanbian yellow cattle[J]. China Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 46(09): 2642-2650.)

施雪奎. 2011. 肉牛 *CAPNI*、*CAST*、*GHR*、*SCD1* 基因多态性及与胴体、肉质性状的相关性研究[D]. 硕士学位论文, 扬州大学, 导师: 杨章平. pp. 18-21. (Shi X K. 2011. Polymorphisms of *CAPNI*, *CAST*, *GHR* and *SCD1* genes in beef cattle and their correlations with carcass and meat quality traits[D]. Thesis for M.S., Yangzhou University, Supervisor: Yang Z P. pp. 18-21.)

唐慧, 王巍, 方东辉, 等. 2018. 不同品种牛 *SCD1* 基因表达与肌肉脂肪酸组成的关系研究[J]. 黑龙江畜牧兽医, 1: 1-4. (Tang H, Wang W, Fang D H, et al. 2018. Study on the relationship between *SCD1* gene expression level and muscle fatty acid composition in different breeds of cattle[J]. Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine, 1: 1-4.)

唐红杰. 2014. 陇东肉牛 *A-FABP* 和 *SCD1* 基因多态性及其与肉质性状的相关性研究[D]. 硕士学位论文, 甘肃农业大学, 导师: 吴建平. pp. 41-42. (Tang H J. 2014. Polymorphisms of *A-FABP* and *SCD1* genes in Longdong beef cattle and its relationship with meat quality trait [D]. Thesis for M.S., Gansu Agricultural University, Supervisor: Wu J P. pp. 18-21.)

王冰冰, 耿爽, 耿春银, 等. 2017. 膨化全脂大豆对延边黄牛 *SCD* 基因表达及肌肉脂肪含量的影响[J]. 饲料工业, 38(11): 21-24. (Wang B B, Geng S, Geng C Y. et al. 2017. Effect of puffing full-fat soybean on Yanbian cattle *SCD* gene expression and fatty acid content in muscle [J]. Feed Industry, 38(11): 21-24.)

王桂芝, 王金凤, 秦孜娟, 等. 2013. 崂山奶山羊硬脂酰-CoA 去饱和酶基因(*SCD*)多态性及其与泌乳性状的相关分

- 析[J]. 畜牧兽医学报, 44(07): 1131-1139. (Wang G Z, Wang J F, Qin Z J. et al. 2013. Association between polymorphism of stearoyl-CoA desaturase gene (*SCD*) and milk production traits in Laoshan dairy goat[J]. Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica, 44(07): 1131-1139.)
- 王小龙, 常玲玲, 陈莹, 等. 2014. 中国荷斯坦牛 *SCD1* 外显子 5 基因多态性及其对乳中脂肪酸组成的影响[J]. 中国农业科学, 47(09): 1858-1864. (Wang X L, Chang L L, Chen Y. et al. 2014. Genetic polymorphism of the *SCD1* gene and its associations with milking traits in Chinese Holstein[J]. Scientia Agricultura Sinica, 47(09): 1858-1864.)
- 张静静, 宋玉芹, 李桢, 等. 2013. 中国西门塔尔牛 *SCD1* 基因多态性与肉质性状的相关分析[J]. 华北农学报, 28(01): 54-57. (Zhang J J, Song Y Q, Li Z, et al. 2013. Polymorphisms of *SCD1* gene and its association with meat quality traits in Chinese Simmental[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 28(01): 54-57)
- Campbell E M G, Gallagher D S, Davis S K, et al. 2001. Rapid communication: Mapping of the bovine stearoyl-CoA desaturase (*SCD*) gene to BTA26[J]. American Society of Animal Science, 79: 1945-1955.
- Enoch H G, Strittmatter P. 1978. Role of tyrosyl and arginyl residues in rat liver microsomal stearyl coenzyme A desaturase[J]. Biochemistry, 17(23): 4927-4932.
- Jun R. 2003. Isolation and molecular characterization of the stearoyl-CoA desaturase (*SCD*) gene affecting fat deposition in pigs[D]. Germany: Degree of Doctor of Agricultural Sciences of the Faculty of Agricultural Sciences Georg-August-University Gttingen, 105 (9) :432-478.
- Medrano J F, Johnson A, DePeters E J. et al. 1999. Genetic modification of the composition of milk fat: Identification of polymorphisms with the bovine stearoyl-CoA-desaturase gene[J]. Journal of Dairy Science, 82: 71.
- Orru L, Cifuni G F, Piasentier E, et al. 2011. Association analyses of single nucleotide polymorphisms in the *LEP* and *SCD1* genes on the fatty acid profile of muscle fat in Simmental bulls[J]. Meat Science, 87: 344-348.
- Thiede M A, Ozols J, Strittmatter P. 1986. Construction and sequence of cDNA for rat liver stearyl coenzyme A desaturase[J]. The Journal of Biological Chemistry, 261(28): 13230-13235.
- Wang H, Zhong J, Zhang C, et al. 2020. The whole-transcriptome landscape of muscle and adipose tissues reveals the ceRNA regulation network related to intramuscular fat deposition in yak[J]. BMC Genomics, 21(1): 347.
- Xiong X R, Li J, Fu M. et al. 2013. Oocyte extract improves epigenetic reprogramming of yak fibroblast cells and cloned embryo development[J]. Theriogenology, 79(3): 462-469.

(责任编辑 李 静)