

# ACSL 基因家族鉴定及其在大别山牛组织中的表达分析

章会斌, 金磊, 李倩, 许娟, 金海, 赵拴平, 徐磊\*

(安徽省农业科学院畜牧兽医研究所, 安徽省畜禽产品安全重点实验室, 安徽合肥 230036)

**摘要:** 长链酰基辅酶 A 合成酶 (Long-chain fatty Acyl-CoA synthetases, ACSLs) 家族对脂质代谢至关重要。为明确家牛 ACSL 基因功能, 本研究利用隐马尔可夫模型对家牛 ACSL 基因家族进行鉴定, 通过生物信息学技术对 ACSL 基因家族进行分析, 基于转录组数据解析 ACSL 基因家族在大别山牛不同组织中的表达规律。结果表明, ACSL 基因家族保守性较高, 进化分析表明 ACSL 基因可分为 2 个亚家族 ACSL1/5/6 和 ACSL3/4, 其中家牛、水牛和瘤牛的同源性较高。基因结构分析显示 ACSL 基因家族在不同物种间存在结构相似性, 染色体定位表明 ACSL 基因在家牛和瘤牛的相同染色体上分布。蛋白互作网络分析显示 ACSL 基因家族可能与 FASN 等基因发生潜在的互作关系, 涉及到脂肪酸合成、代谢及降解等关键生物过程。转录组数据显示, 大别山牛 ACSL 表现出不同的组织表达分布特征, 其中 ACSL1 在肌肉中高度表达, ACSL3/4/6 在瘤胃中高度表达, 相关性分析表明 ACSL6 与大别山牛肌肉棕榈酸 (C16:0) 呈正相关, 而 ACSL1 和 ACSL4 分别与硬脂酸 (C18:0) 和油酸 (C18:1n7c) 呈负相关。本研究不仅为进一步了解 ACSL 基因家族的功能提供了理论参考, 也为大别山牛肉质遗传改良的分子机制提供了新的见解。

**关键词:** 家牛; ACSL; 基因结构; 脂质代谢; 基因表达

**中图分类号:** S823.2

**文献标识码:** A

**DOI 编号:** 10.19556/j.0258-7033.20250508-07

牛肉是优质的蛋白质来源, 保障牛肉生产的稳定性对促进社会经济发展至关重要。近年来, 分子育种技术因其能同步提升牛肉产量和品质, 已成为肉牛研究领域的热点课题。其中, 肉品脂肪酸组成是影响牛肉营养价值和风味特征的关键指标, 尤其是不饱和脂肪酸含量, 不仅关系到消费者的健康, 更是决定肉类产品市场竞争力的重要因素。

近年来, 长链酰基辅酶 A 合成酶 (Long-Chain Fatty Acyl-CoA Synthetases, ACSLs) 家族在脂质代谢调控中的作用受到广泛关注。ACSL 是催化长链脂肪酸转化

为甘油三酯、磷脂和胆固醇酯的关键酶, 在脂质从头合成和  $\beta$ -氧化降解过程中起核心作用<sup>[1]</sup>。研究表明, ACSL 基因家族包含 5 种亚型 (ACSL1、ACSL3-6), 主要催化碳链长度为 12~20 的脂肪酸, 各亚型具有独特的细胞定位特征和底物偏好性<sup>[2-4]</sup>。ACSL1 基因通过调控牛骨骼肌中不饱和脂肪酸的组成, 进而影响脂肪酸合成和脂滴形成, 这一过程可能受到非编码 RNA 与基因网络的协同调控, 为理解牛肉脂肪酸组成的分子机制提供了新视角<sup>[2,5]</sup>。ACSL3 在肝细胞极低密度脂蛋白分泌过程中发挥关键作用<sup>[6]</sup>, 同时作为牛脂肪细胞脂质含量的正向调节因子, 既能诱导脂肪细胞分化, 又能促进脂滴中甘油三酯的积累<sup>[7]</sup>。ACSL4 通过催化长链脂肪酸活化参与细胞脂质合成, 不仅调控乳腺细胞甘油三酯代谢, 还在奶牛乳脂合成调控中具有重要功能<sup>[8]</sup>。值得注意的是, ACSL4 基因多态性与猪肌肉脂肪含量显著相关, 其在猪肌肉脂肪细胞中的过表达可提高单不饱和脂肪酸和多不饱和脂肪酸含量<sup>[9]</sup>。在中国云岭牛背最长肌中高表达的 ACSL5 基因, 其表达水平可能与饱和脂肪酸、多不饱和脂肪酸含量呈正相关, 而与肌肉脂肪水平

收稿日期: 2025-05-08; 修回日期: 2025-06-12

资助项目: 国家肉牛牦牛产业技术体系合肥综合试验站 (CARS-37); 安徽省科技攻关计划项目子课题 (202423m10050001); 安徽省肉牛良种联合攻关项目 ([2021] 1146); 安徽省农业科学院新进博士项目 (XJBS-202432)

作者简介: 章会斌 (1997-), 男, 安徽太湖人, 博士, 助理研究员, 主要从事动物遗传育种研究, E-mail: zhanghuibin1997@126.com

\* 通信作者: 徐磊 (1986-), 男, 河南息县人, 博士, 研究员, 主要从事肉牛遗传繁育与健康养殖研究, E-mail: xuleirock@163.com

呈负相关<sup>[10]</sup>。此外, *ACSL6* 基因与安格斯牛干物质采食量和试验中后期体重显著相关, 可能在调控牛只采食行为中发挥作用<sup>[12]</sup>。

随着大量物种基因组数据的公布, 基因家族成员的鉴定研究正变得越来越普遍<sup>[13]</sup>。目前已有大量研究揭示了 *ACSL* 基因的结构特征和生物学功能, 但尚未有学者对家牛 *ACSL* 基因家族进行全基因组水平的系统性研究, 且缺乏多组织表达谱的深入分析。为深入解析家牛 *ACSL* 基因家族的功能特征, 本研究首先对家牛 *ACSL* 基因家族进行系统进化分析, 并对其基因组特征进行全面鉴定; 其次以安徽省地方品种大别山牛为研究对象, 分析 *ACSL* 基因家族在不同组织的表达模式; 最后初步探讨 *ACSL* 基因家族与大别山牛肌肉脂肪酸组成的关联性, 以评估该基因家族成员的功能特性。本研究将为解析 *ACSL* 基因调控家牛脂质代谢及肉品风味的分子机制提供新的理论依据。

## 1 材料与方法

**1.1 *ACSL* 基因家族的鉴定及特征分析** 从 NCBI 数据库获取家牛 (*Bos taurus*, GCA\_002263795.3)、瘤牛 (*Bos indicus*, GCF\_000247795.1)、水牛 (*Bubalus bubalis*, GCF\_019923935.1)、家猪 (*Sus scrofa*, GCA\_000003025.6) 和绵羊 (*Ovis aries*, GCA\_002742125.1) 的基因组序列和注释文件。从 Pfam 数据库 (<http://pfam.xfam.org/>) 下载 *ACSL* 基因的结构域信息, 基于 *ACSL* 结构域序列构建隐马尔可夫模型, 并使用 HMMER 工具筛选目标结构域序列, 参数取默认值。进一步通过 BLAST 在 NCBI 和 UniProt 数据库中进行验证, 经综合分析确认 *ACSL* 基因特征结构域。通过 ExPasy 在线平台 (<https://web.expasy.org>) 提交家牛 *ACSL* 基因家族序列, 对鉴定到的家牛 *ACSL* 基因家族成员蛋白的氨基酸数量、相对分子质量及等电点等理化参数进行在线分析。

**1.2 *ACSL* 家族基因结构分析及染色体定位** 利用 MEME (<http://meme-suite.org/>) 和 GSDS (<http://gsds.cbi.pku.edu.cn/>) 分别分析 *ACSL* 家族蛋白的保守基序 (motif) 及基因结构特征。通过 Pfam 数据库对各基序进行注释。基于 Ensembl 数据库获取家牛、瘤牛和水牛 *ACSL* 基因家族各成员染色体位置及精确坐标信息, 采用 MapChart 软件 (<https://www.wur.nl/en/show/>

Mapchart.htm) 绘制染色体定位图谱。

**1.3 系统进化树分析** 采用 MEGA 11 软件对家牛、水牛、瘤牛、家猪和绵羊的 *ACSL* 基因家族成员进行多序列比对 (默认参数), 基于邻接法 (Neighbor Joining) 构建系统发育树, 参数 Bootstrap=1 000。通过 iTOL (<https://itol.embl.de/>) 对进化树进行可视化呈现。

**1.4 PPI 网络建立与功能富集分析** 为了解家牛 *ACSL* 基因家族的生物学功能, 利用 String 在线数据库检索与 *ACSL* 基因家族可能存在潜在互作的基因并建立 PPI 网络, 随后利用 DAVID 软件对网络节点基因进行 GO 注释和 KEGG 通路分析。

**1.5 *ACSL* 基因家族成员在大别山牛不同组织中的表达特征分析** 大别山牛瘤胃背囊、背最长肌及肝脏组织的 RNA-seq 原始测序数据来自本课题组自测。使用 FastQC 对原始测序数据进行质控, 得到 clean data 后, 利用 Hisat2 软件建立索引, 并将质控后高质量测序数据比对到牛参考基因组, 采用 StringTie 计算各基因在不同组织中的 TPM 值, 最后对 *ACSL* 基因家族进行主成分分析。

**1.6 相关性分析** 选取脂肪酸差异显著的背最长肌样本及对应的 *ACSL* 基因家族表达数据, 首先对 2 个数据集分别进行正态分布检测, 选择 Spearman 相关性分析计算脂肪酸水平与 *ACSL* 基因家族表达量之间的相关性, 相关性矩阵的可视化基于 R 软件中的 corrplot 包实现。

## 2 结果

**2.1 *ACSL* 基因家族的系统进化** 利用 hmmer 工具在家牛、瘤牛、水牛、猪和绵羊的全基因组数据中发现了 5 个 *ACSL* 基因。为了探究 *ACSL* 家族成员之间的进化关系, 基于来自 5 个物种的蛋白质序列构建了系统发育树 (图 1)。如图 1 所示, 这些物种中的 *ACSL* 基因被分为 3 组, 分别命名为 Group I~III。Group I 有 2 个 *ACSL*, Group II 有 8 个 *ACSL*, Group III 有 15 个 *ACSL*。从系统发育树中可以发现 *Sus scrofa-ACSL4*、*Ovis aries-ACSL4* 聚为 Group I, *Ovis aries-ACSL3*、*Bos indicus-ACSL3*、*Bos taurus-ACSL3*、*Bubalus bubalis-ACSL3*、*Sus scrofa-ACSL3*、*Bos taurus-ACSL4*、*Bos indicus-ACSL4*、*Bubalus bubalis-ACSL4* 聚为 Group II, 其余的 *ACSL* 聚类到 Group III。说明在家牛、瘤牛和水牛中, *ACSL* 基因家族主要分为 2 类, *ACSL3* 和

*ACSL4* 聚集为同一分支, *ACSL1*、*ACSL5* 和 *ACSL6* 聚集为同一分支。通过选择进化分析可知, 与其他家畜相比, 家牛、水牛和瘤牛有更高的同源性, 其中家牛和水牛的同源性表现得更明显。

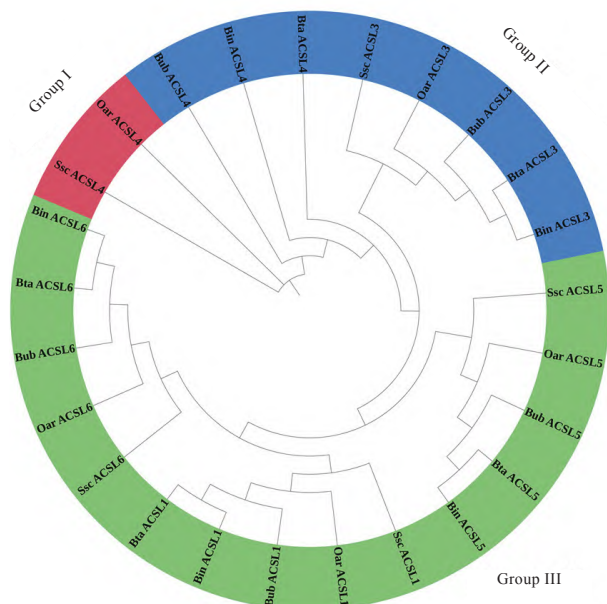


图 1 家牛、瘤牛、水牛、家猪和绵羊 *ACSL* 基因家族的系统发育树

**2.2 基序鉴定和保守结构域分析** 根据系统发育树结果进一步分析了 *ACSL* 基因家族的结构, 包括系统发育树、基序、保守结构域分布 (图 2), 以表明家牛、瘤牛、水牛、猪和绵羊的 *ACSL* 基因之间的关系。发现 *ACSL* 基因有 3 个基序, 并且基序 2 存在于所有的 25 个基因家族成员中, 而绵羊 *ACSL3* 基因并没有基序 1 和 3。此外, 同一基因亚家族中密切相关的基因共享相同的基序组成, 这可能意味着这些基因发挥了相似的功能。保守结构域分析表明, 在这 25 个基因中可以找到 12 个保守结构域, 值得注意的是, 相同保守结构域被同一组内的基因所共享, 并且除了 bin*ACSL1* 之外, 所有的 *ACSL* 基因都包含 AFD\_class\_I super family。

**2.3 *ACSL* 基因的染色体定位** 利用 MCScanX 在家牛、瘤牛和水牛中定位了 *ACSL* 基因家族的成员 (图 3)。结果表明, *ACSL* 基因分布在各自的 5 条不同染色体上, 值得注意的是, *ACSL3* 基因和 *ACSL4* 基因在家牛、瘤牛和水牛中分别位于 2 号染色体和 X 染色体。此外, *ACSL* 家族在家牛和瘤牛之间的分布高度一致, 这表明了家牛和瘤牛中 *ACSL* 基因家族之间可能存在功能上的相似之处, 暗示了 *ACSL* 基因家族的功能可以在 2 个物

种的研究中互相作为参考。

**2.4 *ACSL* 基因的蛋白质互作网络及功能富集分析** 为探究 *ACSL* 基因家族在家牛中可能发挥的作用, 通过 STRING 网络对 *ACSL* 基因家族的 5 个基因进行了深入分析。以 highest confidence (0.900) 为标准, 筛选到了 25 个可能与 *ACSL* 基因家族发生蛋白质互作的基因, 因此构建了包含这些基因的 PPI 网络 (图 4), 颜色越深则代表这个基因在网络中发挥的作用越大。如图 4 所示, *ACSL* 家族的所有 5 个基因都与 *FASN* 基因有互作关系, 并且在 PPI 网络中 *FASN* 基因是最关键的核心基因, 这提示了 *ACSL* 家族基因在家牛中发挥功能作用的通路可能需要 *FASN* 基因的参与。

为进一步探究网络中这些基因潜在的生物学功能和参与的信号通路调节, 对这些基因进行了功能富集分析。结果显示, 与 *ACSL* 家族发生互作的基因分布在线粒体、内质网、氧化还原酶复合物等细胞组分中, 可能发挥着长链脂肪酸 CoA 连接酶活性、花生四烯酸 CoA 连接酶活性、核苷酸结合等分子功能, 主要与脂肪酸生物合成、脂肪酸代谢等生物学过程相关 (图 5A)。KEGG 通路分析显示这些基因显著富集到脂肪酸代谢、脂肪酸生物合成、脂肪酸降解、PPAR 和 MAPK 信号通路 (图 5B)。有趣的是, 还发现了过氧化物酶体和铁死亡信号通路, 说明了 *ACSL* 基因家族可能在生物体氧化应激和铁死亡中发挥着潜在作用。

**2.5 *ACSL* 基因在大别山牛不同组织中的表达分析** 基于 RNA-seq 技术获取了 20 头大别山牛的 18 个肌肉、13 个肝脏以及 15 个瘤胃组织的基因表达谱, 并提取了 *ACSL* 基因家族的表达水平来探究其功能 (图 6)。根据 *ACSL* 家族基因的主成分分析结果可知 (图 6A), 不同组织间的 *ACSL* 家族基因表达模式不同, 表明其功能可能不同。结果显示, 不同组织间的表达情况区分为明显, PC1 解释了 51.6% 的差异。根据单个基因的箱线图分析可知, *ACSL* 家族基因在大别山牛肌肉、肝脏及瘤胃中的表达呈现组织差异性, 如 *ACSL1* 基因在瘤胃中表达水平较低 (图 6B), 在肌肉及肝脏中的表达水平相对瘤胃更高 ( $P < 0.01$ ), *ACSL3*、*ACSL4* 及 *ACSL6* 在瘤胃中有更高的表达 (图 6C、D、F), 但在肌肉和肝脏中, 这 3 个基因相对表达水平更低 ( $P < 0.01$ ), 而 *ACSL5* 基因则在肝脏中表达水平较高 (图 6E), 在肌肉和瘤胃中的表达水平相对较低 ( $P < 0.01$ )。

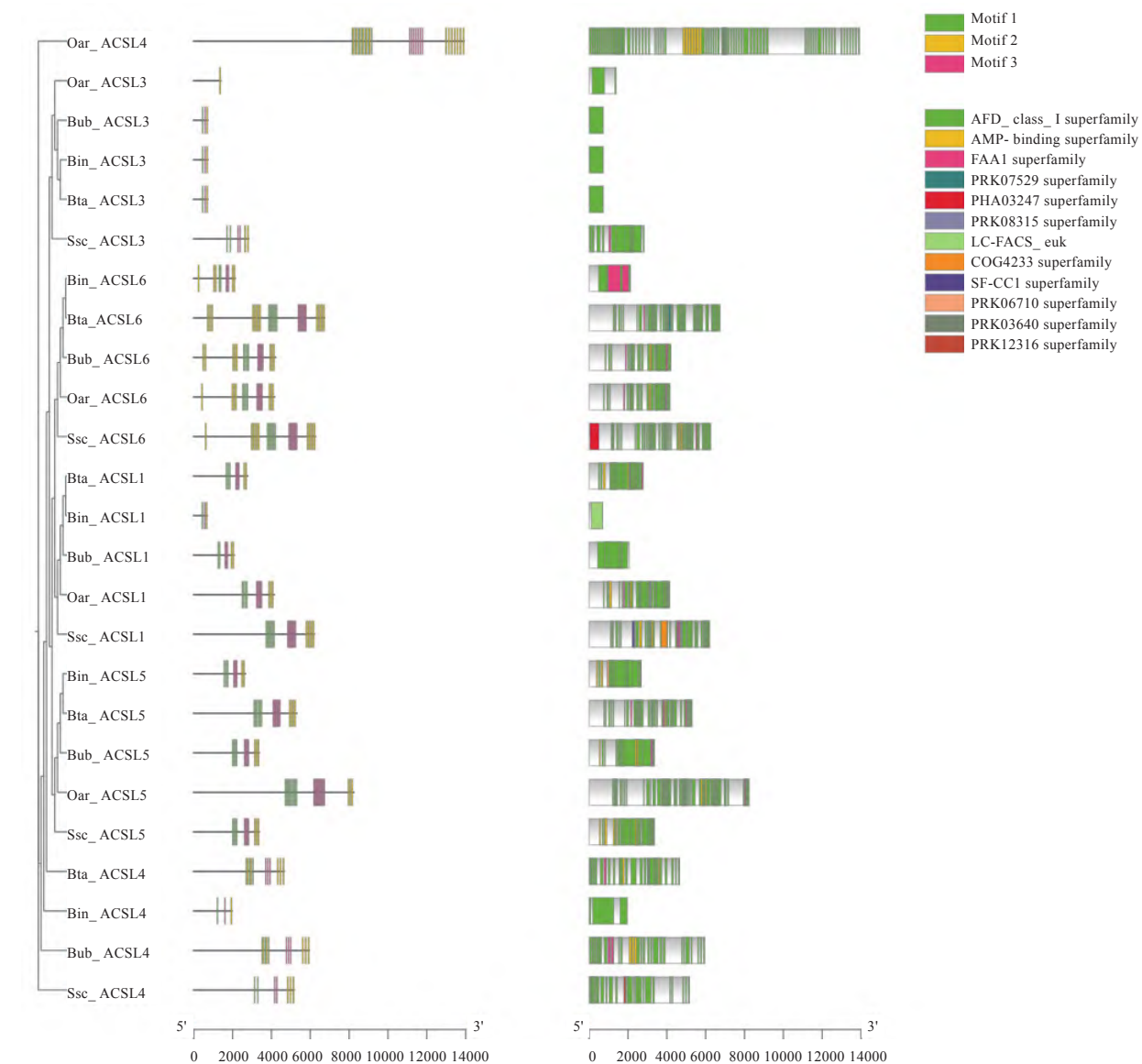
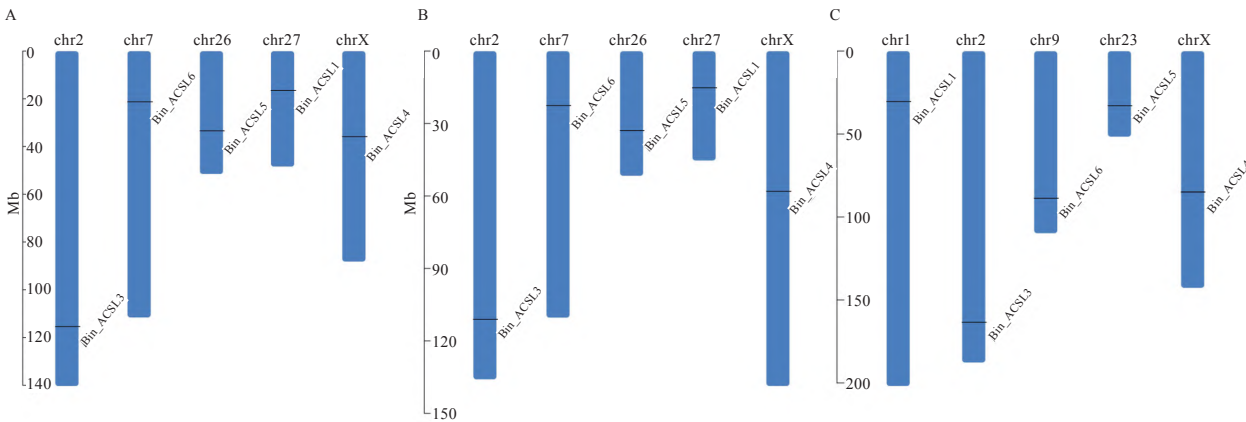


图2 ACSL 基因家族系统发育关系、基序鉴定和基因结构分析



A、B、C 分别为 ACSL 基因家族在家牛、瘤牛、水牛上的染色体分布。

图3 ACSL 基因家族的染色体分配

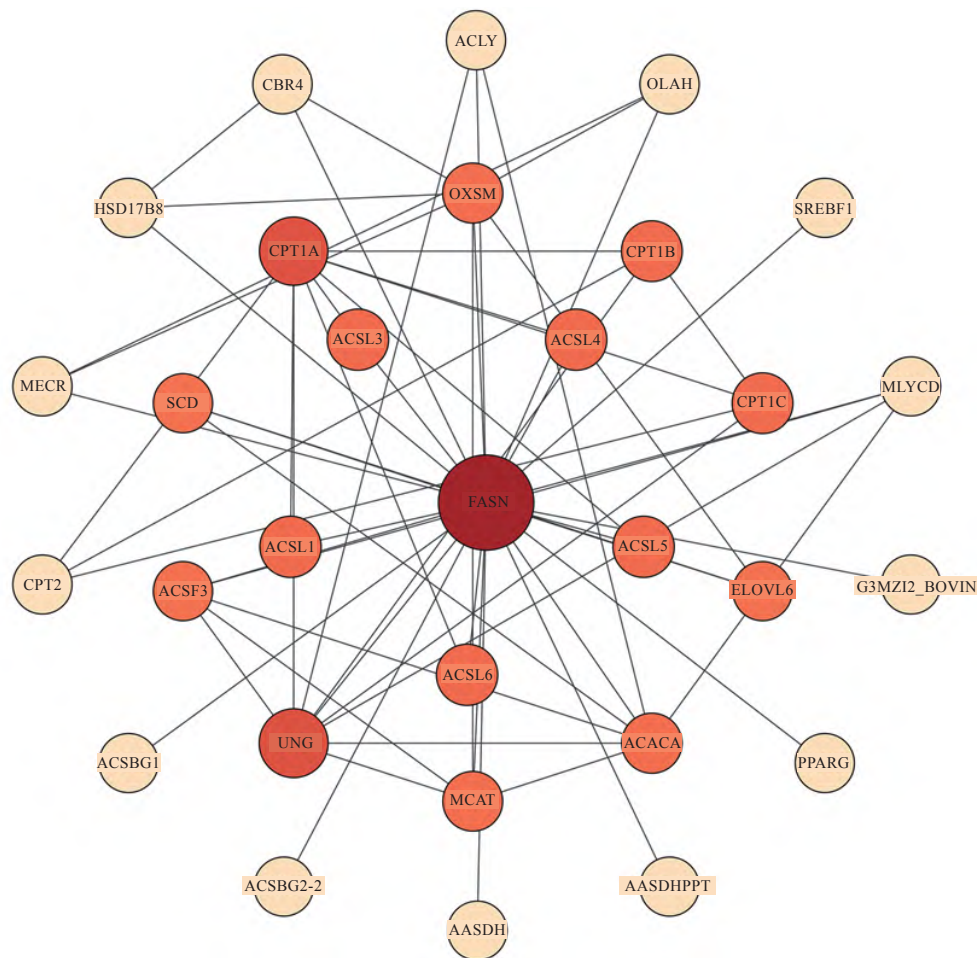


图 4 ACSL 基因家族的蛋白质互作网络

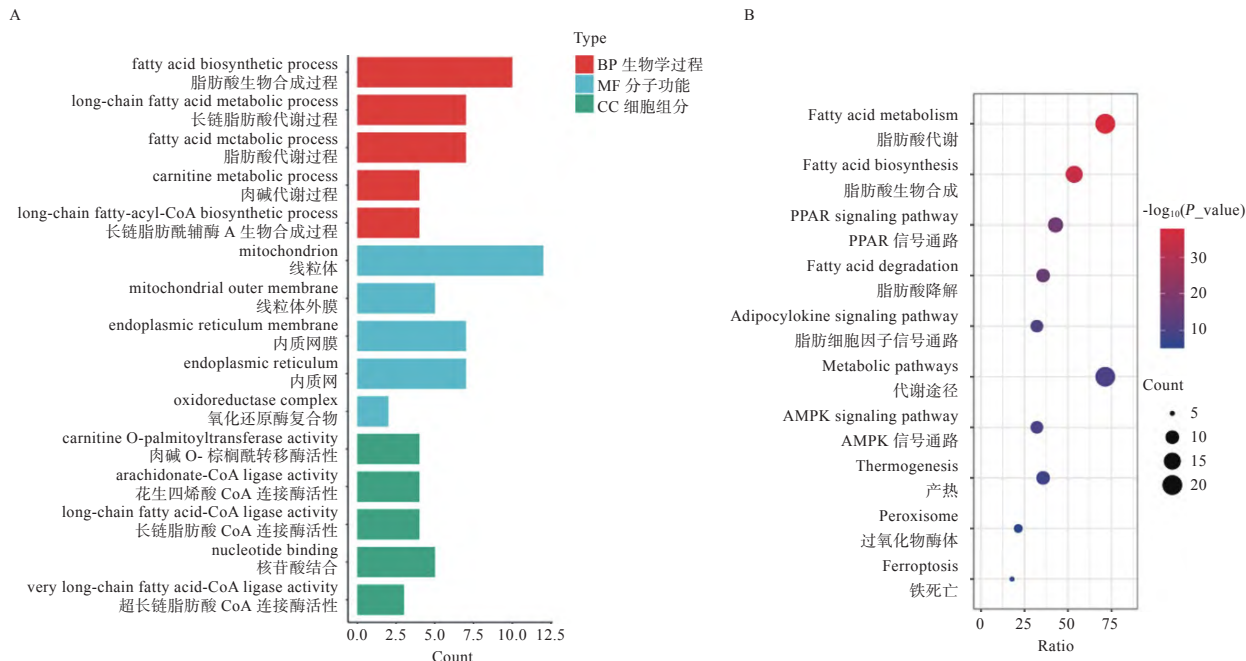
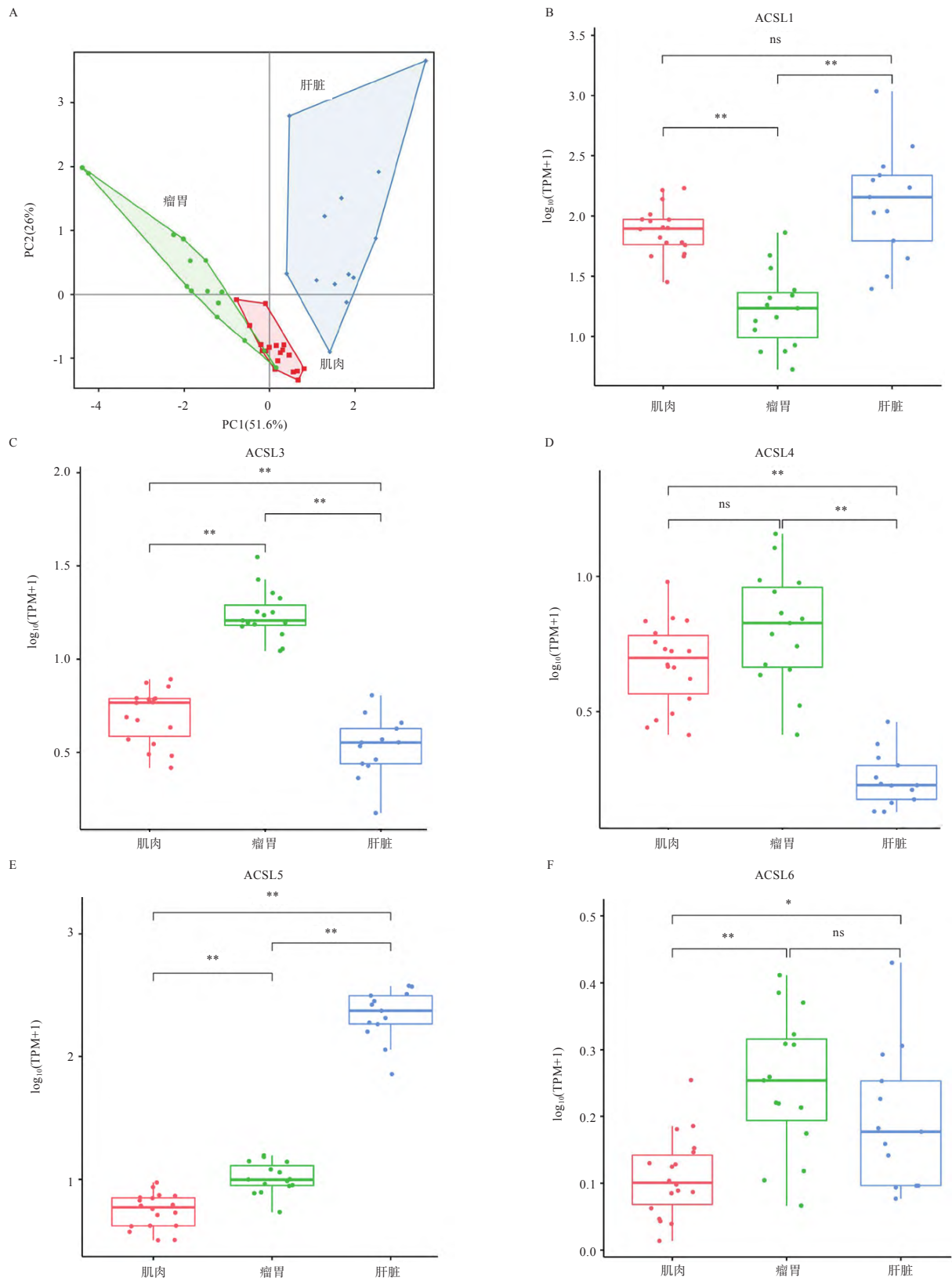


图 5 功能富集分析 (A) 及 KEGG 通路分析 (B) 结果



A: ACSL 家族基因的主成分分析; B~F: ACSL 家族基因在肌肉、瘤胃和肝脏中的表达。  
\*\*表示差异极显著 ( $P<0.01$ ), \*表示差异显著 ( $P<0.05$ ), ns表示差异不显著 ( $P>0.05$ )。

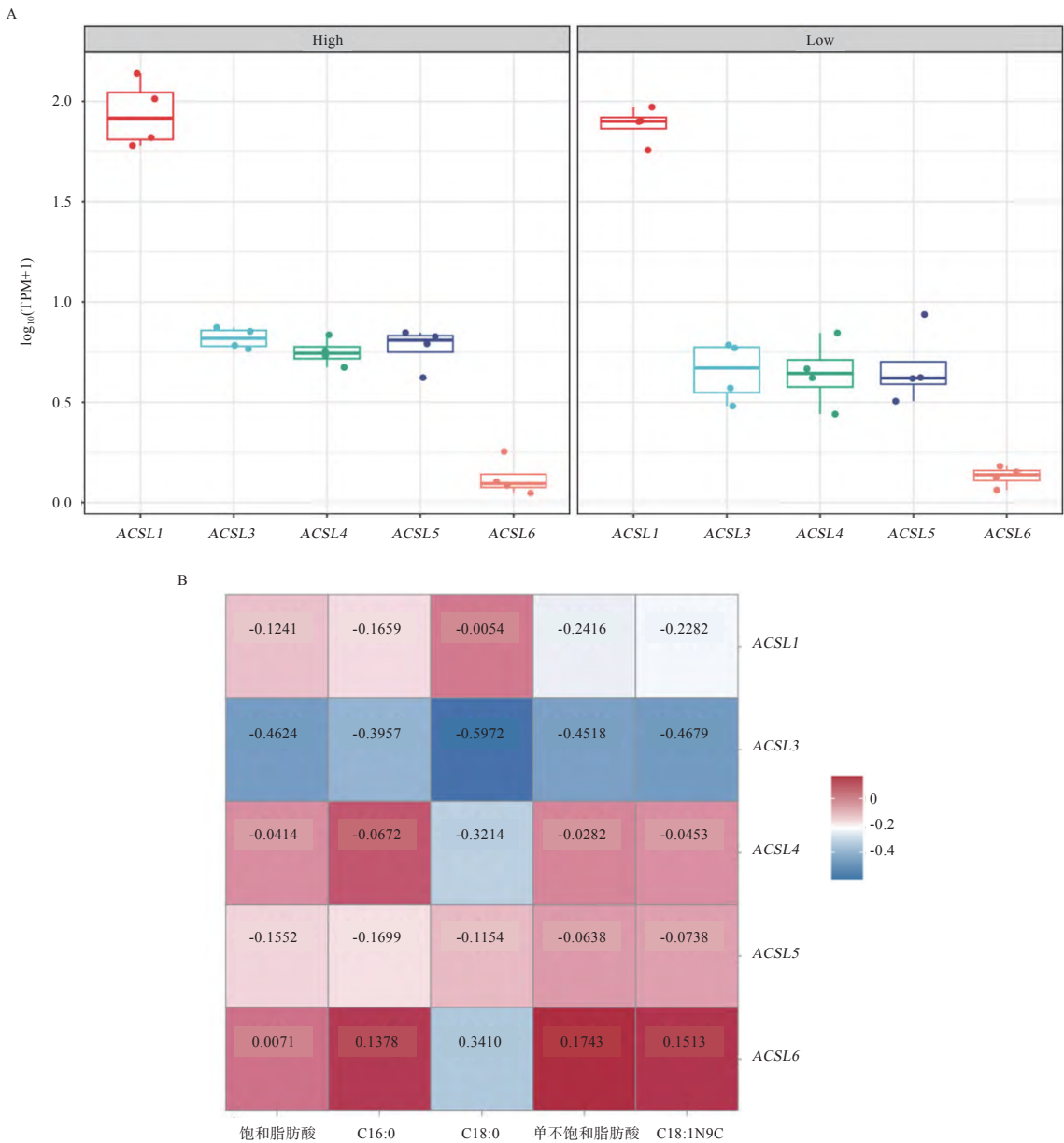
图6 大别山牛肌肉、瘤胃和肝脏 ACSL 基因家族的表达分析

2.6 ACSL 基因在脂肪酸差异的大别山牛肌肉组织中的表达分析 鉴于在 PPI 网络和基因功能富集分析中得知 ACSL 基因家族在脂肪酸代谢方面的潜在作用, 对在棕榈酸 (C16:0)、硬脂酸 (C18:0) 及油酸 (C18:1n9c) 等脂肪酸组成方面有极端差异的 8 个大别山牛背最长肌肉样本 (第 13~14 肋) 进行了分析 (图 7)。结果表明, ACSL1 在肌肉样本中的表达水平较高 (TPM>50), ACSL6 的表达水平较低 (TPM<1), 其他 3 个 ACSL 家族基因的 TPM 大约都在 5 左右 (图 7A)。高脂肪酸

组有高一点的趋势, 但差异不显著。进一步对肌肉样本的脂肪酸水平和基因表达水平进行相关性分析 (图 7B), 结果表明, 饱和脂肪酸含量与 ACSL6 表达水平呈显著正相关, C18:0 含量与 ACSL1 表达水平呈显著负相关, 单不饱和脂肪酸、C18:1n9c 含量与 ACSL4 表达水平呈显著负相关。

3 讨论

随着高通量测序技术的发展, 越来越多的基因和转录本被发现, 这为鉴定基因家族成员提供了帮助, 并有



A: ACSL 家族基因在高、低脂肪酸肌肉组织中的表达; B: ACSL 家族基因与脂肪酸水平的相关性分析。

图 7 ACSL 基因家族的表达分析

助于理解基因家族所执行的生物学功能<sup>[13]</sup>。家牛是人类驯化的高等动物之一,能够适应全球不同气候条件<sup>[14]</sup>。对牛的基因鉴定及生物信息学分析可进一步完善对肉牛遗传育种和牛肉生产的认识。*ACSL* 基因家族在脂肪代谢与脂肪酸合成过程中具有重要作用,对该基因家族的研究可进一步提升牛肉品质,从而满足消费者对牛肉产品的多元化需求<sup>[15]</sup>。通过研究 *ACSL* 基因家族的进化关系及基因表达特征,可为肉牛遗传改良和牛肉品质提升提供理论依据。

**3.1 *ACSL* 基因家族的系统发育与结构特征分析** 本研究从 5 种哺乳动物中全基因组水平鉴定了 25 个 *ACSL* 基因家族成员,并对这些物种的 *ACSL* 基因进行了系统发育分析。结果表明,牛的 *ACSL* 基因家族可分为 2 个进化支,且家牛、水牛和瘤牛的 *ACSL* 基因表现出较高的同源性。基因结构能够反映基因家族的进化程度,研究发现牛的 *ACSL* 基因结构与其他物种高度相似,这表明该基因家族在哺乳动物中可能具有保守的进化特征。值得注意的是, *ACSL* 基因家族在牛和水牛染色体上的分布具有高度一致性,这些结果提示针对 *ACSL* 基因家族的研究可在这 2 个物种间相互借鉴参考。

**3.2 *ACSL* 基因的 PPI 网络与节点基因功能富集分析** 基因功能的行使往往伴随着复杂的细胞代谢活动及大量相关基因或通路的激活与抑制<sup>[16]</sup>。为此,本研究通过构建 *ACSL* 基因的蛋白质互作网络,鉴定出 25 个与该基因家族密切相关的基因。研究发现, *FASN* 基因在 PPI 网络中处于核心枢纽地位,提示该基因具有关键作用。已有研究指出, *FASN* 基因作为脂肪酸合成途径中的关键限速酶,可催化棕榈酸的合成<sup>[17]</sup>。棕榈酸不仅是其他饱和或不饱和脂肪酸的前体物质,对维持细胞结构与功能至关重要。此外, *FASN* 基因还与肌肉脂肪含量及肉品中特定脂肪酸(如 C18:0、LA、EPA 和 C20:0 等)的沉积显著相关<sup>[18-20]</sup>。这些结果表明, *ACSL* 基因家族可能与 *FASN* 协同参与脂肪酸合成与代谢的调控过程。GO 功能富集与 KEGG 通路分析显示, PPI 网络中的基因显著富集于脂肪酸相关信号通路,特别是脂肪酸生物合成、脂肪酸代谢、脂肪酸  $\beta$ -氧化以及脂质生物合成通路。值得注意的是,过氧化物酶体通路和铁死亡通路也呈现显著富集,提示 *ACSL* 基因家族可能在氧化应激调控和铁死亡过程中发挥潜在作用。

**3.3 大别山牛 *ACSL* 基因家族组织表达谱分析** 本研究基于已获取的大别山牛转录组数据进行了 *ACSL* 基因家族表达分析,发现该基因家族在大别山牛不同组织中均有表达。通过初步分析,证实 *ACSL* 基因家族的表达丰度与大别山牛肌肉组织脂肪酸水平存在一定相关性,这与前期关于肉品质的相关验证研究结果一致<sup>[21-23]</sup>。已知 *ACSL1* 贡献了哺乳动物脂肪组织中 80% 的 *ACSL* 活性,对体内脂肪组织脂肪酸氧化激活至关重要<sup>[24]</sup>。该基因主要在肝脏和脂肪组织中表达,能引导脂肪酸参与甘油三酯合成以维持胆固醇稳态,并参与胆汁酸合成与代谢的调控<sup>[25]</sup>。目前关于 *ACSL1* 在肝脏中的功能研究显示,其活性可决定神经酰胺水平,高脂饮食诱导的胰岛素抵抗可通过沉默 *ACSL1* 表达得到缓解<sup>[26]</sup>;而 *ACSL1* 基因缺失则会促进肝细胞死亡<sup>[27]</sup>。本研究中, *ACSL1* 与 *ACSL5* 基因在大别山牛肝脏组织中均呈现高表达,因此推测 *ACSL5* 基因可能同样参与大别山牛肝脏脂质代谢调控。*ACSL5* 作为固醇调节元件结合蛋白(SREBP)-1c 的靶基因,其表达受外源碳水化合物影响<sup>[28]</sup>。在鱼类研究中,肌肉组织粗脂肪、n-3 多不饱和脂肪酸和 n-6 多不饱和脂肪酸总量与 *ACSL5* 表达水平显著相关<sup>[29]</sup>。值得注意的是,啮齿类动物中关于 *ACSL5* 的研究存在争议: Bowman 等<sup>[4]</sup>发现 *ACSL5* 是全身能量代谢的重要调节因子,其失活会导致肝脏 *ACSL* 活性显著降低;而 Meller 等<sup>[30]</sup>的研究则表明 *ACSL5* 表达不影响肝脏棕榈酰辅酶 A 活性及膳食长链脂肪酸的吸收。

**3.4 关键 *ACSL* 亚家族在大别山牛组织中的表达与功能分析** 本研究发现 *ACSL3* 和 *ACSL4* 在大别山牛不同组织中的表达趋势相似。定位于内质网和胞质脂滴的 *ACSL3* 已被证实可介导甘油二酯合成,刺激哺乳动物脂肪酸氧化和脂质蓄积<sup>[31]</sup>。有研究敲低孕期小鼠子宫 *ACSL4* 的表达,发现小鼠胚胎着床效率降低,进一步发现 *ACSL4* 的下调通过脂肪酸  $\beta$ -氧化途径调控子宫内膜蜕膜化<sup>[32]</sup>。*ACSL6* 则通过激活脂肪酸并将其导向合成代谢途径参与骨骼肌葡萄糖和脂肪酸循环<sup>[33]</sup>,该基因优先代谢多不饱和脂肪酸,其过表达可特异性促进二十二碳六烯酸代谢<sup>[34]</sup>。结合前人研究结果,本研究通过对大别山牛 *ACSL* 基因家族的系统分析,深化了对该基因家族与脂肪酸代谢关系的认识,这些发现为后续开展大别山牛脂肪酸代谢研究提供了新的视角。

## 4 结 论

本研究对牛 *ACSL* 基因家族的 5 个成员进行了全面分析, 系统发育分析表明这些基因可分为 2 个亚家族: *ACSL1/5/6* 和 *ACSL3/4*。通过蛋白质互作网络和功能富集分析揭示了 *ACSL* 基因家族的潜在功能。*ACSL* 基因在牛不同组织中的差异表达特征表明该基因家族可能在调节脂肪酸代谢过程中发挥多重作用。后续研究需要在牛肝细胞、骨骼肌细胞、成肌细胞或体内模型中进一步验证 *ACSL* 基因家族的功能。本研究结果为 *ACSL* 基因家族在牛脂肪酸代谢中的关键作用提供了证据支持, 并为后续通过分子标记辅助育种提高牛生产性能的研究提供了数据基础。

## 参考文献:

- [1] Yan S, Yang X F, Liu H L, *et al.* Long-chain acyl-CoA synthetase in fatty acid metabolism involved in liver and other diseases: an update[J]. *World J Gastroenterol*, 2015, 21(12): 3492-3498.
- [2] Zhao Z, Bai Y, Tian H, *et al.* Interference with *ACSL1* gene in bovine adipocytes: Transcriptome profiling of circRNA related to unsaturated fatty acid production[J]. *Genomics*, 2021, 113(6): 3967-3977.
- [3] Valente R S, Almeida T G, Alves M F, *et al.* Modulation of long-chain Acyl-CoA synthetase on the development, lipid deposit and cryosurvival of in vitro produced bovine embryos [J]. *PLoS One*, 2019, 14(8): e0220731.
- [4] Bowman T A, O'Keeffe K R, D'Aquila T, *et al.* Acyl CoA synthetase 5 (*ACSL5*) ablation in mice increases energy expenditure and insulin sensitivity and delays fat absorption[J]. *Mol Metab*, 2016, 5(3): 210-220.
- [5] Li X, Bai Y, Li J, *et al.* Transcriptional analysis of microRNAs related to unsaturated fatty acid synthesis by interfering bovine adipocyte *ACSL1* gene[J]. *Front Genet*, 2022, 13: 994806.
- [6] Yao H, Ye J. Long chain acyl-CoA synthetase 3-mediated phosphatidylcholine synthesis is required for assembly of very low density lipoproteins in human hepatoma Huh7 cells[J]. *J Biol Chem*, 2008, 283(2): 849-854.
- [7] Lv Y, Cao Y, Gao Y, *et al.* Effect of *ACSL3* expression levels on preadipocyte differentiation in Chinese red steppe cattle[J]. *DNA Cell Biol*, 2019, 38(9): 945-954.
- [8] Fan Y, Han Z, Lu X, *et al.* Identification of milk fat metabolism-related pathways of the bovine mammary gland during mid and late lactation and functional verification of the *ACSL4* gene[J]. *Genes (Basel)*, 2020, 11(11): 1357.
- [9] Ren H, Zhang H, Hua Z, *et al.* *ACSL4* directs intramuscular adipogenesis and fatty acid composition in pigs[J]. *Animals (Basel)*, 2022, 12(1): 119.
- [10] Zhang H M, Xia H L, Jiang H R, *et al.* Longissimus dorsi muscle transcriptomic analysis of Yunling and Chinese simmental cattle differing in intramuscular fat content and fatty acid composition[J]. *Genome*, 2018, 61(8): 549-558.
- [11] Saatchi M, Beever J E, Decker J E, *et al.* QTLs associated with dry matter intake, metabolic mid-test weight, growth and feed efficiency have little overlap across 4 beef cattle studies[J]. *BMC Genomics*, 2014, 15(1):1004.
- [12] Zhong J, Wang W, Li Y, *et al.* Genome-wide identification and evolutionary and mutational analysis of the *bos taurus* pax gene family[J]. *Genes (Basel)*, 2024, 15(7): 897.
- [13] Goodwin S, McPherson J D, McCombie W R. Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies[J]. *Nat Rev Genet*, 2016, 17(6):333-351.
- [14] Chen N, Cai Y, Chen Q, *et al.* Whole-genome resequencing reveals world-wide ancestry and adaptive introgression events of domesticated cattle in East Asia[J]. *Nat Commun*, 2018, 9(1): 2337.
- [15] Quan J, Bode A M, Luo X. *ACSL* family: The regulatory mechanisms and therapeutic implications in cancer[J]. *Eur J Pharmacol*, 2021, 909: 174397.
- [16] Ideker T, Thorsson V, Ranish J A, *et al.* Integrated genomic and proteomic analyses of a systematically perturbed metabolic network[J]. *Science*, 2001, 292(5518): 929-934.
- [17] Paiva P, Medina F E, Viegas M, *et al.* Animal fatty acid synthase: a chemical nanofactory[J]. *Chem Rev*, 2021, 121(15): 9502-9553.
- [18] Otto J R, Mwangi F W, Pewan S B, *et al.* Lipogenic gene single nucleotide polymorphic dna markers associated with intramuscular fat, fat melting point, and health-beneficial omega-3 long-chain polyunsaturated fatty acids in australian pasture-based bowen genetics forest pastoral angus, hereford, and WAGYU beef cattle[J]. *Genes (Basel)*, 2022, 13(8): 1411.
- [19] Liu Y, Wu X, Xu Q, *et al.* Temporal transcriptome dynamics of longissimus dorsi reveals the mechanism of the differences in muscle development and IMF deposition between Fuqing goats and Nubian goats[J]. *Animals (Basel)*, 2024, 14(12): 1770.
- [20] Otto J R, Pewan S B, Edmunds R C, *et al.* Differential expressions of *FASN*, *SCD*, and *FABP4* genes in the ribeye muscle of omega-3 oil-supplemented Tattykeel Australian White lambs [J]. *BMC Genomics*, 2023, 24(1): 666.
- [21] Corominas J, Ramayo-Caldas Y, Castelló A, *et al.* Evaluation of the porcine *ACSL4* gene as a candidate gene for meat quality traits in pigs[J]. *Anim Genet*, 2012, 43(6): 714-720.
- [22] Zhang B, Sun Z, Yu Z, *et al.* Transcriptome and targeted metabolome analysis provide insights into bile acids' new roles and mechanisms on fat deposition and meat quality in lamb[J]. *Food Res Int*, 2022, 162(Pt A):111941.
- [23] Xiong L, Pei J, Wu X, *et al.* Explaining unsaturated fatty acids (UFAs), especially polyunsaturated fatty acid (PUFA) content in subcutaneous fat of Yaks of different sex by differential proteome analysis[J]. *Genes (Basel)*, 2022, 13(5): 790.
- [24] Ellis J M, Li L O, Wu P C, *et al.* Adipose acyl-CoA synthetase-1 directs fatty acids toward beta-oxidation and is required for cold

(下转第 251 页)

- [9] Jimenez-Severiano H, Reynoso M L, Roman-Ponce S I, *et al.* Evaluation of mathematical models to describe testicular growth in Blackbelly ram lambs[J]. Theriogenology, 2010, 74(7): 1107-1114.
- [10] Lupi T M, Nogales S, León J M, *et al.* Characterization of commercial and biological growth curves in the Segureña sheep breed[J]. Animal, 2015, 9(8): 1341-1348.
- [11] Gbangboche A B, Glele-Kakai R, Salifou S, *et al.* Comparison of non-linear growth models to describe the growth curve in West African Dwarf sheep[J]. Animal, 2008, 2(7): 1003-1012.
- [12] Lambe N R, Navajas E A, Simm G, *et al.* A genetic investigation of various growth models to describe growth of lambs of two contrasting breeds[J]. J Anim Sci, 2006, 84(10): 2642-2654.
- [13] Liang X L, Duan Q J, Li B W, *et al.* Genomic structural variation contributes to evolved changes in gene expression in high-altitude Tibetan sheep[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2024, 121(27): e2322291121.
- [14] Hu X J, Yang J, Xie X L, *et al.* The genome landscape of Tibetan sheep reveals adaptive introgression from argali and the history of early human settlements on the Qinghai-Tibetan Plateau[J]. Mol Biol Evol, 2019, 36(2): 283-303.
- [15] Xiao H, Peng Z, Xu C L, *et al.* Yak and Tibetan sheep trampling inhibit reproductive and photosynthetic traits of *Medicago ruthenica* var[J]. Environ Monit Assess, 2018, 190(9): 507.
- [16] Ghiasi H, Lupi T M, Mokhtari M S. The estimation of genetic parameters for growth curve traits in Raeini Cashmere goat described by Gompertz model[J]. Small Ruminant Res, 2018, 165: 66-70.
- [17] Narinç D, Narinç NÖ, Aygün A. Growth curve analyses in poultry science[J]. World Poultry Sci J, 2017, 73(2): 395-408.
- [18] Sariyel V, Aygun A, Keskin I. Comparison of growth curve models in partridge[J]. Poult Sci, 2017, 96(6): 1635-1640.
- [19] Tran VH, Gilbert H, David I. How to improve breeding value prediction for feed conversion ratio in the case of incomplete longitudinal body weights[J]. J Anim Sci, 2017, 95(1): 39-48.
- [20] 周溪, 郭海民, 杨芳, 等. 宁乡猪生长发育规律及生长曲线拟合分析[J]. 中国畜牧杂志, 2024, 60(11): 254-261.
- [21] Kum D, Karakus K, Ozdemi R T. The best non-linear function for body weight at early phase of Norduz female lambs[J]. Tra J Sci, 2010, 8(2): 62-67.
- [22] Tariq M M, Bajwa M A, Waheed A, *et al.* Growth curve in Mengali sheep breed of Balochistan[J]. J Anim Plant Sci, 2011, 21(1): 5-7.
- [23] 曹忻, 赵有璋. 无角陶赛特羔羊和波德代羔羊的生长发育模型[J]. 甘肃农业大学学报, 2006, 41(2): 21-25.
- [24] 喇永富, 席锐, 李发弟, 等. 西北寒旱地区湖羊及其杂交后代生长发育模型分析[J]. 草业学报, 2016, 25(9): 182-188.
- [25] Mignon-Grasteau S, Beaumont C, Ricard F H. Genetic analysis of a selection experiment on the growth curve of chickens[J]. Poult Sci, 2001, 80(7): 849-854.
- [26] 王敏强, 渊锡藩, 邱怀. 第一部分大通牦牛生长发育规律及其增长模型[J]. 中国草食动物科学, 2005(s2): 113-117.
- [27] 张发慧. 藏系绵羊自然放牧条件下生长发育规律观察[J]. 畜牧兽医杂志, 2009, 39(4): 26-28.
- [28] 包鹏甲, 王宏博, 夏永祺, 等. 放牧藏系绵羊生长发育及体重变化规律研究[J]. 安徽农业科学, 2017(35): 85-87.

(责任编辑: 赵楠)

(上接第246页)

- thermogenesis[J]. Cell Metab, 2010, 12(1): 53-64.
- [25] Huh J Y, Reilly S M, Abu-Odeh M, *et al.* TANK-binding Kinase 1 regulates the localization of Acyl-CoA synthetase ACSL1 to control hepatic fatty acid oxidation[J]. Cell Metab, 2020, 32(6): 1012-1027.e1017.
- [26] Zabielski P, Imierska M, Roszczyc-Owsiejczuk K, *et al.* The role of Acyl-CoA synthetase 1 in bioactive lipid accumulation and the development of hepatic insulin resistance[J]. Nutrients 2024, 16(7): 1003.
- [27] Dong H, Zhong W, Zhang W, *et al.* Loss of long-chain acyl-CoA synthetase 1 promotes hepatocyte death in alcohol-induced steatohepatitis[J]. Metabolism, 2023, 138: 155334.
- [28] Luo Q, Das A, Oldoni F, *et al.* Role of ACSL5 in fatty acid metabolism[J]. Heliyon, 2023, 9(2): e13316.
- [29] Wu Y, Xiao P, Sha H, *et al.* Transcriptome analysis reveals the potential key genes in nutritional deposition in the Common Carp (*Cyprinus carpio*) [J]. Animals (Basel), 2024, 14(13): 1939.
- [30] Meller N, Morgan M E, Wong W P, *et al.* Targeting of Acyl-CoA synthetase 5 decreases jejunal fatty acid activation with no effect on dietary long-chain fatty acid absorption[J]. Lipids Health Dis, 2013, 12: 88.
- [31] Narita T, Naganuma T, Sase Y, *et al.* Long-chain bases of sphingolipids are transported into cells via the acyl-CoA synthetases[J]. Sci Rep, 2016, 6: 25469.
- [32] Zhang H, Sun Q, Dong H, *et al.* Long-chain acyl-CoA synthetase-4 regulates endometrial decidualization through a fatty acid  $\beta$ -oxidation pathway rather than lipid droplet accumulation[J]. Mol Metab, 2024, 84: 101953.
- [33] Jung Y H, Bu S Y. Suppression of long chain acyl-CoA synthetase blocks intracellular fatty acid flux and glucose uptake in skeletal myotubes[J]. Biochim Biophys Acta Mol Cell Biol Lipids, 2020, 1865(7): 158678.
- [34] Marszalek J R, Kitidis C, Dirusso C C, *et al.* Long-chain acyl-CoA synthetase 6 preferentially promotes DHA metabolism[J]. J Biol Chem, 2005, 280(11): 10817-10826.

(责任编辑: 赵楠)