

## 不同精粗比日粮对犊牛组织中脂肪代谢相关酶基因表达的影响

占今舜 郭静 杨宏波 詹康 刘红 刘明美 赵国琦\*

(扬州大学 动物科学与技术学院,江苏 扬州 225009)

**摘要** 为研究不同精粗比全价颗粒饲料对犊牛不同组织中 *SREBP-1*、*FASN*、*SCD1* 和 *ApoA1* mRNA 表达的影响,选取日龄和体重相近的中国荷斯坦断奶公犊牛 12 头,分为 4 组,每组 3 头,各试验组精粗比分别为 75:25 (I)、70:30 (II)、65:35 (III) 和 60:40 (IV),预试期 14 d,正试期 56 d。结果表明,试验 II 组肝脏、十二指肠和瘤胃中的 *SREBP-1* 和 *ApoA1* mRNA 相对表达量显著高于试验 IV 组 ( $P < 0.05$ );试验 I 组肝脏和十二指肠中的 *FASN* mRNA 相对表达量显著高于试验 III 组 ( $P < 0.05$ ),而在瘤胃和肌肉中的结果与之相反;试验 I 组犊牛肝脏和十二指肠以及试验 III 组瘤胃中的 *SCD1* mRNA 相对表达量显著高于其他各组 ( $P < 0.05$ )。以上结果说明,日粮高精粗比能够促进犊牛体内脂肪的形成。

**关键词** 荷斯坦牛;基因表达;精粗比;荧光定量 PCR

中图分类号 S 823; S 816.11

文章编号 1007-4333(2015)05-0194-07

文献标志码 A

## Effects of different concentrate to forage ratio on expression of related fat metabolism enzymes in tissue of calf

ZHAN Jin-shun, GUO Jing, YANG Hong-bo, ZHAN Kang, LIU Hong, LIU Ming-mei, ZHAO Guo-qi\*

(College of Animal Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China)

**Abstract** To study the effects of concentrate to forage ratio in pellet feed on the expression of *SREBP-1*, *FASN*, *SCD1* and *ApoA1* mRNA in different calf tissue. Twelve Holstein bull calves with similar age and weight were divided into 4 groups with 3 calves in each group. Calves in the groups were fed with different concentrate : forage ratios : 75 : 25 (I), 70 : 30 (II), 65 : 35 (III) and 60 : 40 (IV), respectively. The pre trial period was 14 d and the experimental period was 56 d. The results showed: The expression of related *SREBP-1* and *ApoA1* mRNA in liver, duodenum and rumen of group II was significantly higher than of group IV. The expression of related *FASN* mRNA in liver and duodenum of group I was significantly higher than that of group III, but in rumen and muscle the results obtained were on the contrary. The expression of related *SCD1* mRNA in liver, duodenum of group I and rumen of group III was significantly higher than that of other groups. In conclusion, the high concentrate to forage ratio could improve fat synthesis of calf.

**Key words** Holstein; genetic expression; concentrate to forage ratio; qRT-PCR

脂肪是机体内储能的主要形式,具有氧化供能的作用;类脂是构成组织细胞的膜系统的主要成分。因此,脂类是生长和发育不可或缺的物质。机体内脂肪合成和代谢是一个复杂的生理和生化过程,脂肪合成和分解代谢相关酶类在此过程中发挥着重要作用<sup>[1]</sup>。固醇调节原件结合蛋白(*SREBPs*)、脂肪酸合成酶(*FASN*)、硬脂酰辅酶 A 去饱和酶(*SCD*)和载脂蛋白(*ApoA*)等均在脂肪合成和分解代谢中

发挥作用。*SREBP1* 主要参与调节脂肪酸合成和胰岛素介导的葡萄糖代谢,尤其是脂肪形成;*FASN* 主要在肝脏和脂肪组织中,是从头合成脂肪的关键酶;*SCD1* 调控膜流动性,改变细胞膜的功能和脂质代谢,影响脂肪的沉积;*ApoA1* 是一种主要的载脂蛋白,参与脂蛋白代谢和维持正常血清脂质代谢<sup>[2-5]</sup>。脂肪的合成与分解均通过一系列酶促反应完成的,受多种因素的影响,其中日粮和激素的影响最为关

收稿日期:2014-12-26

基金项目:江苏省科技支撑项目(BE2013387)

第一作者:占今舜,博士研究生,E-mail:zhanjinshun1985@163.com

通讯作者:赵国琦,教授,博士生导师,主要从事牧草和草食动物营养研究,E-mail:gqzhao@yzu.edu.cn

键<sup>[6]</sup>。Yamada 等<sup>[7]</sup>研究发现,日粮中高精料组(90 : 10)牛的皮下脂肪和肌肉脂肪中的脂肪形成转录因子的表达高于低精料组(65 : 35)。翟真真等<sup>[8]</sup>研究发现,随日粮中精料水平的提高,奶牛血脂和血清饱和脂肪酸含量逐渐升高,达到一定水平(精 : 粗为 55 : 45)后就处于一种相对稳定的状态。姜雪元等<sup>[9]</sup>研究发现,当精料比例从 40 : 60 提高到 60 : 40,促进参与脂肪代谢的脂酰辅酶 A 合成酶和细胞色素 b5、烯醇化酶的表达。说明日粮中不同精粗比对脂肪合成和代谢具有影响作用,高精料日粮能促进脂肪的沉积。目前,通过研究不同精粗比颗粒饲料对犍牛不同组织中脂肪合成与代谢相关基因表达影响的研究鲜见报道。因此,本试验以中国荷斯坦

公犍牛为试验对象,研究配制不同精粗比的全价颗粒饲料对不同组织脂肪代谢相关基因 mRNA 表达的影响,旨在为今后奶牛生产中配制合理精粗比日粮提供科学依据。

## 1 材料与方 法

### 1.1 试验日粮及设计

根据 NRC(2001)营养需要配制不同精粗比的全价颗粒饲料。试验 I 组、试验 II 组、试验 III 组和试验 IV 组的颗粒饲料精粗质量比分别为 75 : 25、70 : 30、65 : 35 和 60 : 40。粗料按照苜蓿和小黑麦草 3 : 1 组成,各处理组全价颗粒饲料均采用 20 型颗粒饲料机组制成。各试验组日粮组成和营养水平见表 1。试验于

表 1 日粮组成和营养水平(干物质基础)

Table 1 Composition and nutrient levels of basal diet (DM basis)

项目 Items	I	II	III	IV
w(原料组成)/% Ingredients				
玉米 Corn	35.42	34.50	32.39	30.95
豆粕 Soybean meal	12.00	11.50	11.28	11.00
酒糟 DDGS	3.40	5.02	4.80	5.00
麸皮 Wheat Bran	21.00	16.00	13.50	9.96
苜蓿 Alfalfa	18.75	22.50	26.25	30.00
小黑麦 Triticale	6.25	7.50	8.75	10.00
食盐 NaCl	0.00	0.07	0.09	0.24
磷酸氢钙 CaHPO <sub>4</sub>	0.00	0.17	0.17	0.28
碳酸钙 CaCO <sub>3</sub>	0.40	0.03	0.03	0.00
小苏打 NaHCO <sub>3</sub>	0.25	0.19	0.22	0.05
蛋氨酸 Methinine	0.03	0.02	0.02	0.02
预混料 <sup>①</sup> Premixer	2.50	2.50	2.50	2.50
合计 Total	100.00	100.00	100.00	100.00
营养水平 <sup>②</sup> Nutrient levels				
w(干物质)/% DM	84.50	84.89	85.05	85.20
w(粗灰分)/% Ash	4.22	4.22	4.31	4.35
w(粗蛋白)/% CP	17.61	17.54	17.36	17.42
w(粗脂肪)/% EE	3.67	3.71	3.58	3.50
w(中性洗涤纤维)/% NDF	28.94	31.54	34.72	37.68
w(酸性洗涤纤维)/% ADF	13.38	14.31	15.41	16.62
w(钙)/% Ca	0.58	0.58	0.58	0.58
w(磷)/% P	0.40	0.40	0.40	0.40
w(赖氨酸)/% Lys	0.73	0.73	0.73	0.73
w(蛋氨酸)/% Met	0.26	0.26	0.26	0.26
能量 MJ/kg NE <sub>L</sub>	6.49	6.36	6.36	6.32
精粗比 Concentrate/roughage	75 : 25	70 : 30	65 : 35	60 : 40

注:①每千克预混料中含维生素 A 7.5 IU/g、维生素 D 20 IU/g、维生素 E 25 IU/kg、铁 15 mg/kg、铜 15 mg/kg、锰 70 mg/kg、锌 70 mg/kg、碘 1 mg/kg、硒 0.22 mg/kg 和钴 1 mg/kg。②除能量、钙、磷、赖氨酸和蛋氨酸外均为实测值。

Note:①Pre-mixed feed per kilogram contains : VA 7.5 IU/g, VD 20 IU/g, VE 25 IU/kg, Fe 15 mg/kg, Cu 15 mg/kg, Mn 70 mg/kg, Zn 70 mg/kg, I 1 mg/kg, Se 0.22 mg/kg, Co 1 mg/kg;② All values were measured except NE, Ca, P, Lys and Met.

2014年3月—2014年5月在扬州大学实验农牧场进行。试验选取日龄相近( $103.92 \pm 1.50$ ) d和体重相近( $121.25 \pm 4.12$ ) kg的中国荷斯坦断奶公犊牛12头,分为4组,每组3头,预试期14 d,正试期56 d。每天饲喂3次,饲喂时间为8:30、14:30和20:30,每周调整1次饲喂量,但保证每组犊牛的干物质采食量基本一致。犊牛自由饮水,每天有6~7 h户外活动。每日清晨打扫圈舍,并每周至少对牛舍消毒2次。

## 1.2 样品采集

试验结束时,每组犊牛禁食12 h后,进行屠宰。然后沿纵向剖开腹腔,分离出肝脏、瘤胃、十二指肠和背最长肌。用高温灭菌后的镊子和手术剪刀剪取各组织,在灭菌生理盐水中清洗,装入1.5 mL的离心管中,并液氮速冻后转移到 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 冰箱冷冻

保存。

## 1.3 试验方法

### 1.3.1 组织总RNA的提取及cDNA的合成

根据RNA提取试剂盒(天根生化科技有限公司)说明书进行组织总RNA的提取,采用One Drop仪器进行总RNA的浓度和纯度的测定。根据1%甲醛变性琼脂糖凝胶电泳结果判断RNA的是否有降解。然后采用Takara反转录试剂盒进行cDNA的合成。试验在冰上进行,10  $\mu\text{L}$ 体系,反应条件为 $37\text{ }^{\circ}\text{C}$ ,15 min, $85\text{ }^{\circ}\text{C}$ ,5 s, $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ 。所得cDNA保存于 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 待测。

### 1.3.2 引物设计

根据Genbank中的GAPDH、 $\beta$ actin、SREBP-1、FASN、APOA1和SCD1基因序列,采用Primer 5.0软件设计,引物由Invitrogen公司合成(表2)。

表2 引物设计

Table 2 Primer design

基因 Gene	登录号 Accession number	引物序列(5'-3') Primer sequence	产物长/bp Product length
GAPDH	XM_001252479	F:GGGTCATCATCTCTGCACCT R:GGTCATAAGTCCCTCCACGA	177
$\beta$ actin	NM_173979.3	F:GACATCCGCAAGGACCTCTA R:ACATCTGCTGGAAGGTGGAC	205
SREBF-1	NM_001113302.1	F:CGCTCTTCCATCAATGACAA R:GTCCTTCAGCGATTTGCTTT	192
FASN	NM_001012669.1	F:GGTGCCTCTGGTGTCTAA R:CCTCGGGTGAGGACATTTAT	208
ApoA1	NM_174242.3	F:GTTGTCCAAAGTGCCTGAAC R:GCCACTTCTTCTGGAACCTCG	158
SCD1	NM_173959.4	F:TGGTGTCTCTGTTGTTGTGCT R:GGTAGTTGTGGAAGCCCTCA	242

### 1.3.3 Real Time-PCR反应条件

根据TaKaRa试剂盒说明书进行冰上配制反应液(表3),后在罗氏Light Cycler<sup>®</sup> 96 PCR仪上进

行检测。反应条件为: $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ 、30 s; $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ 、5 s, $60\text{ }^{\circ}\text{C}$ 、20 s,40个循环; $65\text{ }^{\circ}\text{C}$ 、15 s。

表3 RT-PCR反应液

Table 3 The reaction liquid of real-time PCR

项 目 Items	使用量/ $\mu\text{L}$ Volume	终浓度/ $(\mu\text{mol/L})$ Concentration
SYBR 预混合试剂 ExTaq II	10.0	$1 \times$
SYBR <sup>®</sup> Premix Ex Taq II (Tli RNaseH Plus) $2 \times$	10.0	$1 \times$
PCR 正向引物 PCR forward primer ( $10\text{ }\mu\text{mol/L}$ )	0.8	0.4
PCR 反向引物 PCR reverse primer ( $10\text{ }\mu\text{mol/L}$ )	0.8	0.4
cDNA 模板 cDNA template	2.0	$1 \times$
灭菌蒸馏水 Sterile dH <sub>2</sub> O	6.4	0.0
总体积 Total Volume	20.0	

### 1.4 数据分析

试验数据先用 Excel 进行预处理,根据公式  $2^{-\Delta C_t}$ , 其中  $\Delta C_t = C_{t_{目的基因}} - C_{t_{管家基因}}$ , 计算出目的基因的相对表量。采用 SPSS 17.0 单因素方差分析 (ANOVA), LSD 法多重比较,  $P < 0.05$  表示差异显著。

## 2 结果

### 2.1 对不同组织的 SREBP-1 mRNA 表达的影响

由表 4 可知, 试验 II 组犊牛肝脏的 SREBP-1 mRNA 相对表达量显著高于其他各组 ( $P < 0.05$ ),

表 4 不同精粗比对不同组织的 SREBP-1 mRNA 表达的影响  
Table 4 Relative expression of SREBP-1 mRNA in different tissues

项目 Items	组别 Groups			
	I	II	III	IV
肝脏 Liver	0.095 1±0.000 9 b	0.332 5±0.080 7 a	0.141 3±0.009 0 b	0.051 4±0.011 2 b
瘤胃 Rumen	0.037 4±0.005 4 a	0.032 0±0.005 3 a	0.032 4±0.004 1 a	0.013 9±0.000 7 b
十二指肠 Duodenum	0.156 1±0.019 1 a	0.138 7±0.003 4 a	0.129 2±0.018 3 a	0.090 3±0.002 7 b
肌肉 Muscle	0.060 9±0.010 1 b	0.052 9±0.001 3 abc	0.069 4±0.010 2 a	0.038 7±0.007 2 c

注:同行不同小写字母者表示差异显著 ( $P < 0.05$ ), 相同字母或无字母表示差异不显著 ( $P > 0.05$ )。下表同。

Note: In the same row, values with different small letter superscripts mean significant difference ( $P < 0.05$ ), while with the same or no letter superscripts mean no significant difference ( $P > 0.05$ ). The same as below.

试验 IV 组中的瘤胃和十二指肠的 SREBP-1 mRNA 相对表达量显著低于其他各组 ( $P < 0.05$ ), 而肌肉中的 SREBP-1 mRNA 相对表达量则显著低于试验 I 和 III 组 ( $P < 0.05$ )。

### 2.2 对不同组织的 FASN mRNA 表达的影响

由表 5 可知, 试验 III 组犊牛肝脏的 FASN

mRNA 相对表达量显著低于试验 I 组 ( $P < 0.05$ ), 然而在瘤胃中的表达与之相反; 试验 I 组十二指肠的 FASN mRNA 相对表达量显著高于试验 II 和 IV 组 ( $P < 0.05$ ), 但在肌肉中的表达与之相反。另外, 从表中可以看出, FASN 基因在十二指肠中的表达量较高。

表 5 不同组织中 FASN mRNA 表达的影响  
Table 5 Relative expression of FASN mRNA in different tissues

项目 Items	组别 Groups			
	I	II	III	IV
肝脏 Liver	0.054 8±0.002 4 a	0.028 9±0.003 0 ab	0.020 4±0.001 8 b	0.048 0±0.022 0 ab
瘤胃 Rumen	0.031 3±0.002 3 b	0.023 4±0.002 7 bc	0.080 1±0.006 3 a	0.016 6±0.004 8 c
十二指肠 Duodenum	0.584 6±0.099 8 a	0.129 3±0.026 3 b	0.300 5±0.036 7 bc	0.387 0±0.011 4 c
肌肉 Muscle	0.019 6±0.001 8 c	0.042 1±0.002 2 ab	0.049 3±0.007 7 a	0.034 8±0.009 1 b

### 2.3 对不同组织的 ApoA1 mRNA 表达的影响

由表 6 可知, 试验 II 组犊牛肝脏、瘤胃、十二指肠和肌肉的 ApoA1 mRNA 相对表达量显著高于试验 IV ( $P < 0.05$ )。另外, 各试验组中肝脏的 ApoA1 mRNA 相对表达量最高, 而瘤胃和肌肉中表达比较少。

### 2.4 对不同组织的 SCD1 mRNA 表达的影响

由表 7 可知, 试验 I 组犊牛肝脏和十二指肠以及试验 III 组瘤胃中的 SCD1 mRNA 相对表达量显著高于其他各组 ( $P < 0.05$ ), 而肌肉中各组之间差异不显著。另外, SCD1 在肝脏和十二指肠中的表达较高。

表6 不同组织中 *ApoA1* mRNA 相对表达量Table 6 Relative expression of *ApoA1* mRNA in different tissues

项目 Items	组别 Groups			
	I	II	III	IV
肝脏 Liver	0.492 2±0.069 7 b	0.873 8±0.030 0 a	0.436 8±0.006 4 b	0.420 5±0.086 0 b
瘤胃 Rumen	0.002 0±0.001 3 b	0.006 1±0.001 0 a	0.005 2±0.000 8 a	0.001 8±0.000 9 b
十二指肠 Duodenum	0.066 8±0.003 6 b	0.095 6±0.008 9 a	0.057 6±0.012 3 b	0.046 2±0.007 9 b
肌肉 Muscle	0.008 0±0.004 6 b	0.027 8±0.005 1 a	0.008 1±0.003 4 b	0.010 4±0.001 4 b

表7 不同组织中 *SCD1* mRNA 相对表达量Table 7 Relative expression of *SCD1* mRNA in different tissues

项目 Items	组别 Groups			
	I	II	III	IV
肝脏 Liver	0.359 1±0.029 9 a	0.117 2±0.008 6 c	0.085 7±0.002 9 c	0.275 2±0.026 9 b
瘤胃 Rumen	0.026 9±0.009 1 b	0.075 9±0.006 2 b	0.149 9±0.042 4 a	0.070 5±0.002 7 b
十二指肠 Duodenum	0.507 9±0.094 0 a	0.267 4±0.037 9 b	0.159 4±0.005 5 b	0.214 8±0.067 3 b
肌肉 Muscle	0.054 9±0.022 4 a	0.049 5±0.012 4 a	0.048 6±0.007 5 a	0.066 2±0.005 1 a

### 3 讨论

1)多不饱和脂肪酸具有降解 *SREBP-1* mRNA 和抑制前体 *SREBP* 蛋白水解的作用;葡萄糖浓度升高能够提高 *SREBP* 前体水平及通过 *Jak /STAT* 依赖途径刺激 *SREBP-1* 活化;胰岛素通过 *PI3* 激酶依赖途径提高 *SREBP-1* mRNA 表达和核内 *SREBP-1* 蛋白稳定性。因此,多不饱和脂肪酸、胰岛素及葡萄糖是 *SREBP* 进行调控的主要因素之一<sup>[10]</sup>。张树坤<sup>[11]</sup>研究发现,饲喂高精料(6:4)日粮,山羊肝脏中脂肪、糖、氨基酸分解代谢均加强,血液中胰岛素含量显著升高,瘦素、*PRL*、胰高血糖素和 *GH* 的含量有升高趋势。董文超<sup>[12]</sup>研究也发现,高精料(6:4)日粮奶山羊的肝静脉胰岛素浓度比低精料(4:6)高。石蕊<sup>[13]</sup>研究发现,饲喂高精料奶山羊肝静脉等血浆中单不饱和和脂肪酸、多不饱和脂肪酸浓度均高于低精料组,而饱和脂肪酸的浓度则相反。本试验结果发现,高精料组(75:25、70:30)肝脏、瘤胃和十二指肠的 *SREBP-1* mRNA 相对表达量较高。原因可能是因为摄食高精料日粮中能量、蛋白和脂肪含量较高,促使脂肪、糖、氨基酸分解代谢强,导致体内胰岛素升高和多不饱和脂肪酸浓度降低,进而促进 *SREBP-1* mRNA 表达。

2)*FASN* 的活性及其基因表达易受营养和激素的影响。刘作华等<sup>[14]</sup>研究表明,脂肪组织、肝脏组织和肌肉组织的 *FASN* mRNA 丰度随日粮能量水平提高而升高,进而促进育肥猪的脂肪沉积。Paulauskis 等<sup>[15]</sup>研究发现,胰岛素能够促进小鼠 *FASN* 基因的表达。另外,*SREBP-1* 是 *FASN* 基因的主要转录调控因子,可通过 *Akt* 的磷酸化来调节 *FASN* 基因的表达<sup>[16-17]</sup>。许会芬等<sup>[18]</sup>研究表明,*SREBP-1* 能够促进 *FASN* 和酰基辅酶 A 羧化酶(*ACC*)等酶的表达。在本试验中,试验 I 组犊牛的组织中肝脏和十二指肠的 *FASN* mRNA 表达最高,可能是因为高精料日粮提高体内胰岛素水平,促进 *SREBP-1* 的生成,进而提高 *FASN* 基因的表达。随着日粮精粗比水平的增加,瘤胃中的乙酸、丁酸含量呈下降趋势<sup>[19-20]</sup>。而乙酸和丁酸均能上调 *FASN* 基因的表达,乙酸的上调程度更大<sup>[21]</sup>。另外,王海荣等<sup>[22]</sup>研究发现,随着日粮的水平升高,瘤胃的乙酸含量显著下降。因此,在本试验中,试验 III 组的瘤胃 *FASN* mRNA 相对表达量高于其他各组的原因可能是奶牛摄入低精粗日粮,导致瘤胃中乙酸、丁酸含量升高,进而使 *FASN* 基因表达升高。而试验 IV 组表达下降可能是因为粗纤维过高,导致乙酸等挥发性脂肪酸下降所致。

3) *SCD1* 基因能够影响牛奶中饱和脂肪酸/单不饱和脂肪酸以及肌肉脂肪沉积,可以作为改善牛奶和牛肉质量的重要候选基因<sup>[4,23]</sup>。研究表明,高碳水化合物日粮可以显著增加肝脏中 *SCD1* mRNA 表达水平;而敲除 *SREBP1* 基因的小鼠体内 *SCD1* mRNA 表达水平很低<sup>[24-25]</sup>。在本试验中,试验 I 组犍牛肝脏和十二指肠中的 *SCD1* mRNA 表达水平高于其他各组。是因为该组日粮中犍牛体内促进 *SREBP-1* 的生成,进而促进 *SCD1* 基因表达。另外,高精粗日粮能够降低单不饱和脂肪酸、多不饱和脂肪酸浓度,提高饱和脂肪酸的浓度。而 *SCD1* 是脂肪酸去饱和化的限速酶,当饱和脂肪酸的浓度升高时,也会导致 *SCD1* mRNA 表达升高,促使 *SCD1* 含量升高,促进单不饱和脂肪酸生成增加。*FASN* 二聚体催化饱和脂肪酸、肉豆蔻酸脂、棕榈酸酯和硬脂酸的合成<sup>[16]</sup>。本试验中发现,试验 III 组瘤胃的 *FASN* mRNA 最高,可能该组瘤胃中的棕榈酸酯等合成较多,而棕榈酸酯是 *SCD1* 的主要底物,因此导致该组 *SCD1* mRNA 表达升高。对于各组肌肉中 *SCD1* mRNA 表达差异不显著,可能是因为犍牛处于生长阶段,营养物质均主要用于器官生长和发育,而在肌肉中的沉积较少,进而导致促进 *SCD1* mRNA 表达的相关底物到达肌肉的量相似。

4) 高密度脂蛋白主要由肝和小肠合成,肝合成的新生 HDL 以磷脂和 ApoA1 为主,其中 ApoA1 占高密度脂蛋白的 70%。在本试验中也可以看出, *ApoA1* 在肝脏和十二指肠中的表达较高。研究发现,在一定范围内,随着日粮精粗比的升高,奶牛血脂和血清饱和脂肪酸含量逐渐升高<sup>[8]</sup>。ApoA1 可从外周组织中逆转运游离胆固醇的受体,将其运送到肝脏中进行分解代谢<sup>[26]</sup>。机体中的组织基本都有合成胆固醇的能力,只是合成速度和总合成量存在差异。胆固醇以乙酰 CoA 作为基本原料,主要在细胞溶胶和内质网上进行合成。反刍动物主要利用乙酸和丁酸转变成乙酰 CoA。而随着日粮中精粗比和纤维含量的升高,瘤胃中的乙酸、丁酸含量呈下降趋势。另外,随着日粮中性洗涤纤维含量的升高,粗蛋白、粗纤维等营养物质的表观消化率呈下降趋势<sup>[27]</sup>。因此,在本试验中,试验 I 组犍牛组织的 *ApoA1* mRNA 的表达量较低原因可能是因为胆固醇合成较少造成的。而试验 II 组犍牛组织的 *ApoA1* mRNA 的表达量最高,可能是因为该组日粮

中的粗脂肪含量较高,生成的脂肪酸较高。而当肝外组织的脂肪酸升高时,高密度脂蛋白会将其运送到肝脏进行分解代谢,防止游离胆固醇在肝外组织细胞上的沉积。

## 4 结 论

精粗比为 75 : 25 颗粒饲料具有促进犍牛肝脏和十二指肠的 *FASN* 和 *SCD1* 基因的表达以及瘤胃和十二指肠 *SREBP-1* 基因的表达,而精粗比 70 : 30 促进犍牛肝脏、十二指肠、瘤胃和肌肉的 *ApoA1* 基因的表达。说明日粮高精粗比能够促进犍牛体内脂肪的形成。

## 参 考 文 献

- [1] 岳颖,刘国华,郑爱娟,等. 生长动物脂肪代谢关键酶基因表达调控[J]. 动物营养学报, 2012, 24(2): 232-238
- [2] 王红芳,杨维仁,刘建新,等. 醇调控元件结合蛋白及其对乳脂合成的调节作用[J]. 动物营养学报, 2010, 22(5): 1165-1170
- [3] Roy R, Ordovas L, Zaraqoza P, et al. Association of polymorphisms in the bovine *FASN* gene with milk-fat content [J]. *Animal Genetics*, 2006, 37(3): 215-218
- [4] 王小龙,常玲玲,陈莹,等. 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, 2014, 47(9): 1858-1864
- [5] 郭小权,胡国良,曹华斌,等. 高能量低蛋白质日粮对蛋鸡载脂蛋白 A I 和脂质代谢的影响[J]. 动物营养学报, 2010, 22(1): 187-193
- [6] 单安山,徐奇友. 动物脂肪代谢与调控[J]. 东北农业大学学报, 2004, 35(2): 216-221
- [7] Yamada T, Nakanishi N. Effects of the roughage/concentrate ratio on the expression of angiogenic growth factors in adipose tissue of fattening *Wagyu* steers [J]. *Meat Science*, 2012, 90: 807-813
- [8] 翟真真,贾玉东,王振勇,等. 不同日粮精粗比对奶牛血脂和血清游离脂肪酸的影响[J]. 江西农业大学学报, 2008, 30(2): 291-296
- [9] 姜雪元,张树坤,张源淑. 不同精粗比日粮对泌乳山羊肝脏蛋白表达谱及乳脂合成的影响[J]. 南京农业大学学报, 2012, 35(6): 97-103
- [10] 樊丹君,许国强. 固醇调节元件结合蛋白与脂质代谢的研究进展[J]. 国际内科学杂志, 2007, 34(3): 152-154
- [11] 张树坤. 不同精粗比日粮对泌乳山羊乳脂/乳蛋白的影响及其机制[D]. 南京: 南京农业大学, 2012
- [12] 董文超. 不同精粗比日粮对干奶期山羊肝脏氨基酸代谢及相关激素的影响[D]. 南京: 南京农业大学, 2012
- [13] 石蕊. 不同精粗比日粮对奶山羊养分消化及瘤胃、肝脏脂肪酸代谢的影响[D]. 南京: 南京农业大学, 2013

- [14] 刘作华,杨飞云,孔路军,等.日粮能量水平对生长育肥猪肌肉脂肪含量以及脂肪酸合成酶和激素敏感脂酶 mRNA 表达的影响[J].畜牧兽医学报,2007,38(9):934-941
- [15] Paulauskis J D, Sul H S. Hormonal regulation of mouse fatty acid synthase gene transcription in liver [J]. Journal of Biological Chemistry, 1989, 264(1):574-577
- [16] 吴江鸿,胡斯乐,祁云霞,等.FASN 基因与反刍动物脂肪形成的关系[J].畜牧与兽医,2013,45(7):100-103
- [17] Li X W, Li Y, Yang W T, et al. *SREBP-1c* overexpression induces triglycerides accumulation through increasing lipid synthesis and decreasing lipid oxidation and VLDL assembly in bovine hepatocytes [J]. Journal of Steroid Biochemistry & Molecular Biology, 2014, 143:174-182
- [18] 许会芬,罗军,李芳,等.山羊 *SREBP-1* 基因的超表达对脂肪酸代谢相关基因表达的影响[J].生物工程学报,2012,28(11):1306-1316
- [19] 华金玲,郭亮,王立克,等.不同精粗比日粮对黄淮白山羊瘤胃挥发性脂肪酸影响[J].东北农业大学学报,2013,44(6):58-61
- [20] 贾玉东,王振勇,柴同杰,等.日粮粗精比对奶牛瘤胃液和血清乙酸、丙酸、丁酸的影响[J].西北农林科技大学学报:自然科学版,2008,36(7):27-32
- [21] Jacobs A A, Dijkstra J, Liesman J S, et al. Effects of short- and long-chain fatty acids on the expression of stearoyl-CoA desaturase and other lipogenic genes in bovine mammary epithelial cells[J]. Animal, 2013, 7(9):1508-1516
- [22] 王海荣,侯先志,王贞贞,等.不同纤维水平日粮对绵羊瘤胃内环境的影响[J].内蒙古农业大学学报,2008,29(3):9-14
- [23] 张静静,宋玉芹,李桢,等.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,2013,28(1):54-57
- [24] Miyazaki M, Dobrzyn A, Weng C M, et al. Stearoyl-CoA desaturase 1 gene expression is necessary for fructose-mediated induction of lipogenic gene expression by sterol regulatory element-binding protein-1c-dependent and independent mechanisms [J]. Journal of Biological Chemistry, 2004, 279(24):25164-25171
- [25] Shimano H, Yahagi N, Kudo M A, et al. Sterol regulatory element-binding protein-1 as a key transcription factor for nutritional induction of lipogenic enzyme genes [J]. Journal of Biological Chemistry, 1999, 274(50):35832-35839
- [26] John B M, Henry J P. Cholesterol is a determinant of the structures of discoidal high density lipoproteins formed by the solubilization of phospholipid membranes by apolipoprotein A I [J]. Biochimica et Biophysica Acta, 2008, 178(5):245-253
- [27] 张立涛,李艳玲,王金文,等.不同中性洗涤纤维水平饲粮对肉羊生长性能和营养成分表观消化率的影响[J].动物营养学报,2013,25(2):433-440

责任编辑:苏燕