

肉鸭 *PRKAG2* 基因表达水平与饲料效率性状的相关性分析

金四华¹, 何婷婷¹, 杨磊¹, 范心凤¹, 李云霞¹, 汪加发², 耿照玉^{1*}

(1. 安徽农业大学动物科技学院, 合肥 230036; 2. 黄山强英鸭业有限公司, 黄山 245461)

摘要: 为了探讨 *PRKAG2* 基因在不同饲料效率肉鸭中的表达规律及与饲料效率性状的相关性, 选取具有系谱记录的 1 000 只 H 系公鸭, 测定 21~42 日龄体增重和采食量, 并计算剩余采食量 (RFI)。根据 RFI, 挑选高低 RFI 个体各 8 只, 采集胸大肌、腿肌和肝脏, 采用 qPCR 检测高低 RFI 组肉鸭 *PRKAG2* 表达量。结果表明, *PRKAG2* 基因在低 RFI 组胸大肌的表达量极显著高于高 RFI 组 ($P < 0.01$), 低 RFI 组腿肌中的表达量显著高于高 RFI 组 ($P < 0.05$)。相关性分析表明, *PRKAG2* 在胸大肌中表达量与日采食量、饲料转化率和 RFI 呈极显著负相关 ($P < 0.01$), 与代谢体重呈显著负相关 ($P < 0.05$); 腿肌 *PRKAG2* 表达量与日采食量、饲料转化率和 RFI 呈显著负相关 ($P < 0.05$)。

关键词: 肉鸭; *PRKAG2*; 剩余采食量; FCR; 相关性分析

中图分类号: S834.8

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X (2018)04-0600-05

Association of *PRKAG2* mRNA expression with feed efficiency traits in meat-type ducks

JIN Sihua¹, HE Tingting¹, YANG Lei¹, FAN Xinfeng¹, LI Yunxia¹, WANG Jiafa², GENG Zhaoyu¹

(1. School of Animal Science and Technology, Anhui Agricultural University, Hefei 230036;

2. Huangshan Qiangying Duck Breeding, Co., Ltd, Huangshan 245461)

Abstract: The objective of this study was to investigate the expression profile of *PRKAG2* gene and its correlation with feed efficiency traits in meat-type ducks with high and low feed efficiency. A total of 1 000 pedigreed male ducks were chosen to record body weight gain and feed intake from 21 to 42 days of age, and then residual feed intake (RFI) in the interval was calculated. Based on residual feed intake, sixteen individuals with high and low RFI (8 HRFI vs. 8 LRFI) were selected, and the pectoralis major muscle, leg muscle and liver were taken to isolate total RNA. The relative expression of *PRKAG2* between HRFI and LRFI ducks were detected using quantitative PCR. The results showed that the expression level of *PRKAG2* in pectoralis major muscle in LRFI were significantly higher than that in HRFI ($P < 0.01$), and its relative expression in leg muscle in LRFI was higher than that in HRFI ($P < 0.05$). The correlation analysis revealed that the expression of *PRKAG2* in pectoralis major muscle was significantly negatively correlated with daily feed intake, feed conversion ratio (FCR) and RFI ($P < 0.01$) and significantly negatively related to metabolic body weight ($P < 0.05$). Additionally, the expression of *PRKAG2* in leg muscle was significantly negatively related to daily feed intake, FCR and RFI ($P < 0.05$).

Key words: meat-type duck; AMP-activated protein kinase subunit gamma-2(*PRKAG2*); residual feed intake; feed conversion ration (FCR); correlation analysis

肉鸭是一种重要的水禽, 我国已经成为世界上肉鸭饲养规模与消费量最大的国家之一。在现代肉鸭生产中, 饲料成本大约占生产总成本的 60%~70%。因此, 提高肉鸭饲料效率, 能够降低生产成本, 提高经济效益, 同时也可减轻环境压力。研究

表明, 畜禽饲料效率受到机体组成、营养物质的消化率、新陈代谢以及能量利用率等因素的影响, 其中能量利用效率是影响饲料效率的重要因素^[1-2]。

腺苷酸活化蛋白激酶 (AMP-activated protein kinase, AMPK) 是真核细胞内发现的一类与细胞能

收稿日期: 2018-01-28

基金项目: 安徽省重点研究与开发计划项目 (1704a07020091), 地方畜禽遗传资源保护与生物育种安徽省重点实验室 (AKLGRCB2017008) 和安徽农业大学引进与稳定人才项目 (yj2017-03) 共同资助。

作者简介: 金四华, 博士, 讲师。E-mail: jsh3235@126.com

* 通信作者: 耿照玉, 教授, 博士生导师。E-mail: gzy@ahau.edu.cn

量代谢有关的丝/苏氨酸激酶, 称为“细胞能量感应器”, 它是由 1 个 α 亚基、2 个 β 亚基和 3 个 γ 亚基组成的高度保守的异源三聚体蛋白激酶^[3]。其中, *PRKAG2* (AMP-activated protein kinase subunit gamma-2) 作为编码腺苷磷酸激活的蛋白激酶调节亚基 γ 2 的基因, 含有结合 AMP 和 ATP 的部位, 使其感受细胞的能量变化状态, 在机体物质代谢和能量平衡的调节过程中起着重要的作用^[4]。Zhang 等^[5]发现, *PRKAG2* 基因的突变能够引起 AMPK 活性紊乱, 导致能量代谢障碍, 引起糖原沉积、心脏肥大。Banerjee 等^[6]通过构建 *PRKAG2* (T400N) 突变的转基因小鼠模型, 发现小鼠过渡的糖原沉积, 同时发现转基因鼠心脏 AMPK 活性发生变化, 引起机体能量代谢障碍。Lindholm-Perry 等^[7]在肉牛中发现, *PRKAG2* 基因的多态性与肉牛的平均日增重和剩余采食量显著相关。张春雷等^[8]报道, 肉鸭 *PRKAG2* 基因多态型与北京鸭 18 日龄重、胸宽和龙骨长等经济性性状显著相关。综上, *PRKAG2* 基因是影响饲料效率性状的重要候选基因, 但 *PRKAG2* 基因表达规律及其与肉鸭饲料效率性状的相关性报道较少。

因此, 本研究以 *PRKAG2* 为候选基因, 以具有完整系谱记录的 H 系肉公鸭为试验材料, 收集 21~42 日龄的体增重和采食量, 根据剩余采食量 (RFI), 挑选高低 RFI 组肉公鸭各 8 只, 采用荧光定量 PCR 技术检测 *PRKAG2* 基因在胸大肌、腿肌和肝脏中相对表达量, 并与饲料效率性状进行相关性分析, 为进一步研究该基因对饲料效率的分子调控作用提供一定的参考, 为肉鸭分子改良育种及选育高饲料效率的肉鸭提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以黄山强英鸭业有限公司提供的 1 日龄体重相近的 H 系肉公鸭为试验素材, 试验肉鸭具有 4 个世代完整系谱记录。所有肉鸭饲养于同一栋鸭舍, 统

一饲养管理。试验鸭采用的日粮组成为玉米 60.0%、豆粕 26.0%、蛋白粉 8.0%、豆油 2.3%、石灰石 1.4%、磷酸氢钙 1.02%、蛋氨酸 0.13%、赖氨酸 0.40% 和预混合饲料 0.75%。日粮营养水平: 代谢能 12.35 MJ·kg⁻¹、粗蛋白 18.0%、钙 0.8%、总磷 0.51%、非植酸磷 0.3%、赖氨酸 1.05%、蛋氨酸 0.40% 和胱氨酸 0.29%。

1.2 表型测定与样品采集

所有个体统一饲养至 21 日龄, 21 日龄时全群称重, 将体重相近的 1 000 只 H 系肉公鸭转至个体笼饲喂, 试验期间所有个体自由采食和饮水, 至 42 日龄结束, 记录 21 日龄体重 (BW21)、42 日龄体重 (BW42)、采食量 (FI)、日增重 (ADG), 采用公式 (1) 计算剩余采食量 RFI^[9],

$$RFI = FI - (b_0 + b_1 \times MBW^{0.75} + b_2 \times ADG) \quad (1)$$

式 (1) 中 b_0 为截距, b_1 、 b_2 为回归系数, RFI 计算由 SAS 线性拟合函数完成。根据 RFI 排序, 挑选高低 RFI 肉鸭各 8 只, 供试鸭断颈宰杀后, 采集胸大肌、腿肌和肝脏, 将采集的组织放入 1.5 mL 的离心管中, 迅速至于液氮冷冻, -80℃ 冷冻保存备用。

1.3 总 RNA 提取

采用 OMEGA 试剂盒 (货号 R6834, 美国) 提取胸大肌、腿肌和肝脏中的总 RNA。采用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 RNA 完整性, 然后用 NanoDrop 2000 分光光度计 (ThermoFisher Scientific, 美国) 测定 RNA 浓度、 OD_{260} 与 OD_{280} , 并根据比值判断 RNA 的纯度。

1.4 引物设计

根据 GenBank 中鸭的 *PRKAG2* (登录号: XM_021275248.1) 和 β -actin (登录号: NM_001310421.1) 序列, 根据荧光定量引物设计原则, 采用 Primer Premier 6.0 软件设计引物, 并采用 UCSC In-Silico PCR 工具进行引物特异性检测, 所设计的引物序列见表 1, 引物由上海生工生物技术有限公司合成。

表 1 *PRKAG2* 目的基因与 β -actin 内参基因引物序列

Table 1 Primer sequences of *PRKAG2* and β -actin for quantitative PCR

基因 Gene	引物序列 (5' → 3') Primer sequence	产物长度/bp Product size	退火温度/℃ Annealing temperature
<i>PRKAG2</i>	F: GCCCCTGTGAGATCCAAACA	177	60
	R: AAAGTTGATGCCCCAGGAG		
β -actin	F: TTACCAACACCCACACCCTT	139	60
	R: TGCTGCTGATACCTTCACCA		

F: forward primer; R: reverse primer.

1.5 cDNA 的合成与引物检测

取 1.5 μ g 总 RNA, 按照 EasyScript First-Strand

cDNA Synthesis Super Mix 试剂盒 (TransGen Biotech, 北京) 说明书进行反转录。反转录条件为 42

℃ 孵育 30 min, 反应温度设置为 37℃ 15 min, 85℃ 加热 5 min 失活, 4℃ 1 min 终止反应, 产物存放于 -20℃ 保存备用。

PCR 扩增体系为 cDNA 模板 1.0 μL, 上下游引物 (10 μmol·L⁻¹) 各 0.5 μL, Super Master Mix 10.0 μL, 加 ddH₂O 至总体积 20.0 μL。PCR 反应条件为 95℃ 预变性 5 min; 95℃ 30 s, 60℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 30 s, 31 个循环; 72℃ 延伸 5 min。采用 1.5% 琼脂糖凝胶检测 PCR 产物, 用 DNA 产物纯化回收试剂盒 (DP204, TIAGEN, 北京) 回收目的片段, 并将其与 pGM-T 载体连接、转化, 挑选阳性克隆送上海生工生物科技有限公司测序。采用质粒抽提试剂盒 (DP103, TIAGEN, 北京) 提取测序正确的克隆质粒, NanoDrop2000 测定其浓度。

1.6 标准曲线制备与荧光定量 PCR

以提取质粒 DNA 为标准品, 按照 1:10 比例将质粒 DNA 稀释成一系列标准品, 以标准品为模板进行荧光定量 PCR。每个样品 3 个重复, 根据 Ct 值以及标准品的浓度分别对目的基因 (*PRKAG2*) 和内参基因 (*β-actin*) 制作标准曲线。荧光定量 PCR 反应体系为 20.0 μL: cDNA 1.0 μL, 2×SYBR Green PCR Mater Mix 10.0 μL (Applied Biosystems, 美国), 上下游引物 (10 μmol·L⁻¹) 各 0.4 μL, RNase-free ddH₂O 8.2 μL。采用 ABI PRISM 7500 荧光定量 PCR 仪进行反应, qPCR 反应程序为 95℃ 预变性 5 min;

95℃ 10 s, 60℃ 10 s, 共 40 个循环; 95℃ 15 s, 60℃ 1 min, 95℃ 30 s, 60℃ 15 s。每个样品 3 个重复, 每组加 RNase-free ddH₂O 水作为阴性对照。

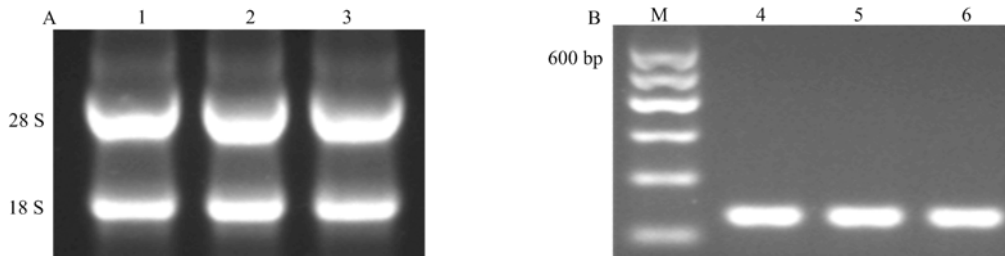
1.7 数据分析

基因的相对表达量采用 2^{-ΔΔC_t} 法进行分析处理, 其中 ΔC_t=目的基因 Ct 值-内参基因 Ct 值, ΔΔC_t=目的基因 ΔC_t 值-内参基因 ΔC_t 值。定量表达数据用 Excel 预处理, 采用 SAS 9.4 软件 (SAS Institute Inc., Cary, NC) 中 Student's *t*-test 进行表型值以及高低 RFI 组基因差异表达分析, 采用 Bivariate Correlation 分析基因表达量与饲料效率性状之间的相关性, 所有数据以平均数±标准差表示, *P*<0.05 表示差异显著, *P*<0.01 表示差异极显著。

2 结果与分析

2.1 总 RNA 质量及反转录效果

由图 1A 可见, 从肉鸭胸大肌、腿肌和肝脏中提取的总 RNA 在琼脂糖电泳中分为清晰的 28 S 和 18 S 2 条带, 表明 RNA 完整性较好, 提取过程中未降解。经 NanoDrop 2000 分光光度计检测, 所有样品的 OD₂₆₀/OD₂₈₀ 范围为 1.9~2.1, 表明 RNA 样品纯度较好, 达到了后续试验的要求。采用 *β-actin* 作内参基因 (图 1B), 结果能扩增出 139 bp 的目的条带, 表明合成的 cDNA 完整性好, 能满足后续 PCR 反应。



M: DNA marker; 1-3: Total RNA; 4-6: *β-actin*

图 1 总 RNA (A) 与 *β-actin* (B) 的 PCR 产物电泳鉴定

Figure 1 Identification of isolated total RNA (A) and PCR products of *β-actin* (B) by agarose electrophoresis

表 2 高低 RFI 组肉鸭饲料效率性状的比较

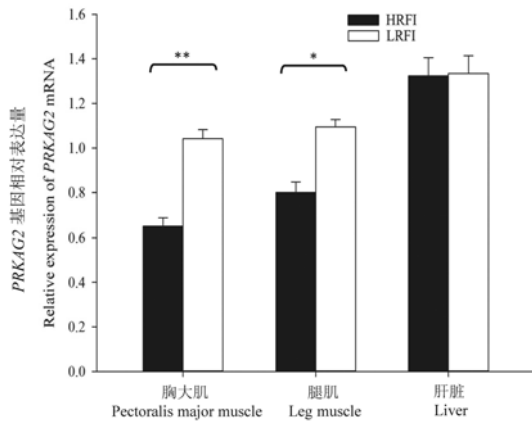
Table 2 Comparison of feed efficiency traits between high RFI and low RFI in meat-type ducks

性状 Traits	高 RFI 组 HRFI group	低 RFI 组 LRFI group
日采食量/g·d ⁻¹ DFI	299.61±15.38 ^A	250.81±13.24 ^B
体增重/g·d ⁻¹ ADG	133.18±7.14	133.47±7.12
代谢体重/g MBW ^{0.75}	361.99±16.64 ^a	348.13±14.80 ^b
饲料转化率 FCR	2.25±0.03 ^A	1.88±0.02 ^B
剩余采食量/g RFI	21.47±0.42 ^A	-19.52±1.46 ^B

注: 同一行不同大写字母表示差异极显著 (*P*<0.01); 同一行不同小写字母表示差异显著 (*P*<0.05)。

Note: Different uppercase letters in the same line differ highly significantly (*P*<0.01). Different lowercase letters in the same line indicate significant differences (*P*<0.05).

DFI: daily feed intake; ADG: average daily gain; MBW: metabolic body weight; FCR: feed conversion ratio; RFI: residual feed intake.



HRFI 表示高 RFI; LRFI 表示低 RFI。“**”表示差异极显著 ($P < 0.01$); “*”表示差异显著 ($P < 0.05$)

HRFI: high residual feed intake, LRFI: low residual feed intake. “***”means highly significant differences ($P < 0.01$). “*” indicates significant differences ($P < 0.05$)

图 2 *PRKAG2* mRNA 在高低 RFI 组肉鸭胸大肌、腿肌和肝脏中的差异表达情况

Figure 2 Differential expression profiles of *PRKAG2* mRNA in pectoralis major muscle, leg muscle and liver of meat-type ducks with high and low residual feed intake

2.2 高低 RFI 组肉鸭饲料效率性状的比较

肉鸭饲料效率性状描述性统计分析及高低 RFI 组饲料效率性状的比较结果见表 2。研究表明, 高

低 RFI 肉鸭日采食量、饲料转化率和剩余采食量之间差异极显著 ($P < 0.01$); 高低 RFI 组之间代谢体重差异显著 ($P < 0.05$)。

2.3 *PRKAG2* 基因 mRNA 在高低 RFI 组肉鸭中差异表达分析

由图 2 可知, *PRKAG2* 基因在高低 RFI 组肉鸭胸大肌中的表达量差异极显著 ($P < 0.01$), 且 LRFI 组表达量显著高于 HRFI 组。与 HRFI 组相比, *PRKAG2* 基因在 LRFI 组腿肌的相对表达量显著升高, 且差异显著 ($P < 0.05$)。 *PRKAG2* 基因在高低 RFI 组肝脏中相对表达量差异不显著 ($P > 0.05$)。

2.4 肉鸭 *PRKAG2* mRNA 相对表达量与饲料效率性状的相关性

肉鸭 *PRKAG2* mRNA 在胸大肌和腿肌中相对表达量与饲料效率性状的相关性分析见表 3。肉鸭胸大肌中 *PRKAG2* mRNA 表达量与日采食量、饲料转化率和剩余采食量间呈极显著负相关 ($P < 0.01$), 与代谢体重呈显著负相关 ($P < 0.05$); 腿肌中 *PRKAG2* mRNA 相对表达水平与日采食量、饲料转化率和剩余采食量呈显著负相关 ($P < 0.05$)。肝脏中 *PRKAG2* mRNA 相对表达量与饲料效率相关性均差异不显著 ($P > 0.05$)。

表 3 *PRKAG2* mRNA 表达水平与肉鸭饲料效率性状的相关系数

Table 3 Correlation coefficient between *PRKAG2* mRNA expression and feed efficiency traits in meat-type ducks

<i>PRKAG2</i> mRNA 表达水平 Relative expression of <i>PRKAG2</i> mRNA	日采食量 DFI	日增重 ADG	代谢体重 MBW ^{0.75}	饲料转化率 FCR	剩余采食量 RFI
胸大肌 Pectoralis major muscle	-0.90**	0.35	-0.56*	-0.85**	-0.86**
腿肌 Leg muscle	-0.62*	0.22	-0.27	-0.82*	-0.83*
肝脏 Liver	-0.27	0.12	-0.02	-0.21	-0.09

注: “***”表示差异极显著 ($P < 0.01$); “*”表示差异显著 ($P < 0.05$)。

Note: “***” means highly significant differences ($P < 0.01$). “*” indicates significant differences ($P < 0.05$).

DFI: daily feed intake; ADG: average daily gain; MBW: metabolic body weight; FCR: feed conversion ratio; RFI: residual feed intake.

3 讨论与结论

近年来, 随着饲料原料价格的逐渐上涨, 饲料效率性状成为肉鸭育种与生产中重点关注的经济性状。剩余采食量 (RFI) 是动物实际采食量与预期采食量的差值, 是评价动物饲料效率的重要指标。RFI 是一个负向选择的性状, RFI 越低, 饲料利用效率越高^[10]。RFI 遗传力为 0.25~0.45, 属于中等遗传力性状, 表明不同个体之间存在着大量的遗传变异, 可以通过有效的个体选择或者家系选择对群体的 RFI 进行遗传改良^[11]。

骨骼肌能量代谢是影响 RFI 的重要因素之一,

PRKAG2 基因作为 AMPK 家族中的重要成员, 其参与调控动物糖、脂等物质代谢过程, 调控机体的骨骼肌能量代谢平衡^[12]。Jin 等^[13]采用基质辅助激光解析电离飞行时间质谱法研究 AMPK 家族基因多态性与肉鸡饲料效率关联性, 发现 AMPK 家族 *PRKAG2* 基因与生长和饲料效率性状显著相关。Jing 等^[14]对高低 RFI 猪骨骼肌进行转录组分析, 发现 *PRKAG2* 基因是影响饲料效率的重要候选基因, 其参与机体骨骼肌能量代谢过程。基于此, 选择 *PRKAG2* 基因作为重要候选基因, 研究其在肉鸭中表达规律及与饲料效率的相关性。本试验表明, 与 HRFI 组 (低饲料效率) 相比, *PRKAG2* 基因在 LRFI

组胸大肌中表达量极显著升高,腿肌中相对表达量显著上升。相关性分析发现,胸大肌中 *PRKAG2* 相对表达量与日采食量、FCR 和 RFI 量间呈极显著负相关,与代谢体重呈显著负相关;腿肌中 *PRKAG2* 表达水平与日采食量、FCR 和 RFI 呈显著负相关。本试验究结果与 Bottje 等^[15-16]在肉鸡中的研究结果一致。由于 *PRKAG2* 含有结合 AMP 和 ATP 的部位,低 RFI 组中 *PRKAG2* 基因的表达上调,AMP/ATP 比值会增加,从而会激活 AMPK 的活性,使其能够快速感受细胞的能量变化状态,提高机体能量利用效率,减少能量的浪费,从而提高饲料效率^[17-18]。Kelly 等^[19]研究发现,低 RFI 组个体上调的基因与能量敏感、合成代谢活性和能量协调有关。因此,减少骨骼肌能量消耗,提高能量利用效率,有助于提高肉鸭饲料效率。

综上,本研究通过检测高低 RFI 组肉鸡 *PRKAG2* 基因差异表达规律,并与饲料效率性状进行相关分析,表明 *PRKAG2* 基因在 LRFI 组胸大肌和腿肌中显著上调,且与日采食量、FCR 和 RFI 显著相关。研究结果对肉鸭饲料效率性状遗传选育提供一定的参考,下一步将从分子和细胞水平研究该基因调控肉鸭饲料效率的潜在分子机制。

参考文献:

- [1] LEE J, KARNUAH A B, REKAYA R, et al. Transcriptional analysis to elucidate the molecular mechanisms that underlie feed efficiency in meat-type chickens[J]. Mol Genet Genomics, 2015, 290(5): 1673-1682.
- [2] YI G Q, YUAN J W, BI H J, et al. In-depth duodenal transcriptome survey in chickens with divergent feed efficiency using RNA-seq[J]. PLoS one, 2015, 10(9): e0136765.
- [3] SANCHEZ A M J, CANDAU R B, CSIBI A, et al. The role of AMP-activated protein kinase in the coordination of skeletal muscle turnover and energy homeostasis[J]. Am J Physiol-Cell Ph, 2012, 303(5): C475-C485.
- [4] HARDIE D G. Sensing of energy and nutrients by AMP-activated protein kinase[J]. Am J Clin Nutr, 2011, 93(4): 891S-896S.
- [5] ZHANG B L, XU R L, ZHANG J, et al. Identification and functional analysis of a novel PRKAG2 mutation responsible for Chinese PRKAG2 cardiac syndrome reveal an important role of non-CBS domains in regulating the AMPK pathway[J]. J Cardiol, 2013, 62(4): 241-248.
- [6] BANERJEE S K, RAMANI R, SABA S, et al. A *PRKAG2* mutation causes biphasic changes in myocardial AMPK activity and does not protect against ischemia[J]. Biochem Bioph Res Co, 2007, 360(2): 381-387.
- [7] LINDHOLM-PERRY A K, KUEHN L A, OLIVER W T, et al. DNA polymorphisms and transcript abundance of *PRKAG2* and phosphorylated AMP - activated protein kinase in the rumen are associated with gain and feed intake in beef steers[J]. Anim Genet, 2014, 45(4): 461-472.
- [8] 张春雷,周嫒,房兴堂,等. *PRKAG2* 基因多态性及其与北京鸭经济性状的关联分析[J]. 中国畜牧兽医, 2016, 43(4): 1045-1049.
- [9] AGGREY S E, KARNUAH A B, SEBASTIAN B, et al. Genetic properties of feed efficiency parameters in meat-type chickens[J]. Genet Sel Evol, 2010, 42(1): 25-30.
- [10] AGGREY S E, REKAYA R. Dissection of Koch's residual feed intake: Implications for selection[J]. Poultry Sci, 2013, 92(10): 2600-2605.
- [11] ZHANG Y S, GUO Z B, XIE M, et al. Genetic parameters for residual feed intake in a random population of Pekin duck[J]. Asian-Australas J Anim Sci, 2017, 30(2): 167-170.
- [12] ASHABI G, KHODAGHOLI F, KHALAJ L, et al. Activation of AMP-activated protein kinase by metformin protects against global cerebral ischemia in male rats: interference of AMPK/PGC-1 α pathway[J]. Metab Brain Dis, 2014, 29(1): 47-58.
- [13] JIN S H, MOUJAHID E M E, DUAN Z Y, et al. Association of *AMPK* subunit gene polymorphisms with growth, feed intake, and feed efficiency in meat-type chickens[J]. Poult Sci, 2016, 95(7): 1492-1497.
- [14] JING L, HOU Y, WU H, et al. Transcriptome analysis of mRNA and miRNA in skeletal muscle indicates an important network for differential Residual Feed Intake in pigs[J]. Sci Rep, 2015, 5: 11953.
- [15] BOTTJE W, KONG B W. Cell Biology Symposium: Feed efficiency: Mitochondrial function to global gene expression[J]. J Anim Sci, 2013, 91(4): 1582-1593.
- [16] BOTTJE W G, LASSITER K, DRIDI S, et al. Enhanced expression of proteins involved in energy production and transfer in breast muscle of pedigree male broilers exhibiting high feed efficiency[J]. Poult Sci, 2017, 96(7): 2454-2458.
- [17] HARDIE D G. AMP-activated/SNF1 protein kinases: conserved guardians of cellular energy[J]. Nat Rev Mol Cell Bio, 2007, 8(10): 774-785.
- [18] CANTÓ C, AUWERX J. PGC-1 α , SIRT1 and AMPK, an energy sensing network that controls energy expenditure[J]. Curr Opin Lipidol, 2009, 20(2): 98-105.
- [19] KELLY A K, WATERS S M, MCGEE M, et al. mRNA expression of genes regulating oxidative phosphorylation in the muscle of beef cattle divergently ranked on residual feed intake[J]. Physiol Genomics, 2011, 43(1): 12-23.