

肉鸡屠宰率性状全基因组关联分析

刘爽^{1,2}, 王东贤¹, 蔡日春³, 余洋³, 王一东², 杜永旺²,
郑麦青², 崔焕先², 巩元芳^{1*}, 黄超^{3*}

(1. 河北科技师范学院动物科技学院,

河北省特色动物种质资源挖掘与创新重点实验室, 河北秦皇岛 066004;

2. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 动物营养学国家重点实验室, 北京 100193;

3. 广西金陵农牧集团有限公司, 广西南宁 530000)

摘要:为探究黄羽肉鸡屠宰率性状的遗传基础, 研究选用264只金陵花鸡终端父系公鸡作为试验素材, 测定其屠宰率表型值; 通过10×全基因组重测序技术, 结合屠宰率表型数据进行全基因组关联分析。结果显示: GWAS筛选到屠宰率与1、4、11号染色体上共20个单核苷酸多态性(SNPs)标记显著相关; 通过连锁不平衡分析识别出1号和11号染色体3个显著单倍型区块, 鉴定到位点4_35233727的CC基因型个体其屠宰率表型显著高于CT和TT基因型个体($P<0.01$), 位点11_7830618的CC基因型个体的屠宰率表型高于CA和AA基因型个体。结果表明, 位点4_35233727所注释到的GPRIN3基因, 与位点11_7830618注释到的ORC6和VPS35基因可能是影响肉鸡屠宰率的候选基因。

关键词:屠宰率; 全基因组关联分析; 单核苷酸多态性; 肉鸡

中图分类号: S831.2

文献标识码: A

文章编号: 1004-6364(2025)08-27-06

Genome-wide Association Analysis of Dressing Percentage Traits in Broilers

LIU Shuang^{1,2}, WANG Dongxian¹, CAI Richun³, YU Yang³, WANG Yidong², DU Yongwang²,
ZHENG Maiqing², CUI Huanxian², GONG Yuanfang^{1*}, HUANG Chao^{3*}

(1. Hebei Key Laboratory of Specialty Animal Germplasm Resources Exploration and Innovation,
College of Animal Science and Technology, Hebei Normal University of Science &
Technology, Qinhuangdao, Hebei 066004;

2. State Key Laboratory of Animal Nutrition, Institute of Animal Science,
Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193;

3. Guangxi Jinling Agriculture and Animal Husbandry Group Co., Ltd., Nanning, Guangxi 530000)

Abstract: To investigate the genetic basis of dressing percentage in broilers, a total of 264 Jinlinghua chickens were selected to measure their dressing percentage phenotypic values. Utilizing 10× whole genome resequencing technology, a genome-wide association study (GWAS) was performed. The analysis identified 20 single nucleotide polymorphisms (SNPs) significantly

收稿日期: 2024-10-25; 修回日期: 2024-11-10

基金项目: 南宁市科技重大专项(20222025); 国家肉鸡产业技术体系建设专项资金(CARS-41-Z02); 国家重点研发计划专项资金(2022YFD1100107)

作者简介: 刘爽(2000-), 女, 硕士研究生, 研究方向为动物遗传育种, E-mail: liu0316shuang@163.com

*通信作者: 巩元芳(1966-), 女, 博士, 教授, 主要从事动物遗传育种研究, E-mail: gyfkeyan@163.com; 黄超(1987-), 男, 学士, 畜牧师, 主要从事畜牧兽医生产与研究, E-mail: 122769782@qq.com

associated with the dressing percentage on chromosomes 1, 4, and 11. Linkage disequilibrium analysis revealed three significant haplotype blocks on chromosomes 1 and 11. Furthermore, individuals with the CC genotype at locus 4_35233727 exhibited a significantly higher dressing percentage compared to those with CT and TT genotypes ($P<0.01$). Additionally, individuals with the CC genotype at locus 11_7830618 showed a higher dressing percentage than those with CA and AA genotypes. These findings suggested that the *GPRIN3* gene at locus 4_35233727 and the *ORC6* and *VPS35* genes at locus 11_7830618 were potential candidate genes influencing dressing percentage in broilers.

Key words: dressing percentage; genome-wide association analysis; single nucleotide polymorphism; broiler

肉鸡作为现代畜牧业中的重要家禽品种,因其饲养周期短、饲料转化效率优良而受到广泛关注^[1]。随着居民收入水平不断提高以及城镇化进程的加快,城乡居民对肉类产品的需求逐步增长^[2]。鸡肉已成为继猪肉之后,我国第二大畜禽生产和消费品,肉鸡产业在缓解我国肉类产品供需压力方面将发挥愈加重要的作用^[3]。屠宰率是评价禽肉生产能力的重要指标^[4],改善肉鸡的屠宰率已成为肉鸡育种的一项重要目标。

传统的畜禽遗传改良方法主要依赖于家系选择和杂交育种^[5],而这些方法存在遗传进展缓慢、成本高昂等局限^[6]。为此,应用现代生物技术手段(如全基因组关联分析)来鉴定与肉鸡屠宰率相关的遗传基因和变异位点^[7],其应用可加速其遗传进展,并对肉鸡生产实践具有重要的理论和应用价值。

全基因组关联分析以大规模基因组数据为基础的遗传分析方法,能够揭示复杂性状的遗传基础,并识别与性状相关的基因及变异位点^[8-9]。随着高通量测序技术的发展,全基因组关联分析在畜禽经济性状的基因定位中得到了广泛应用,取得了一系列重要进展^[10]。例如,Kanlisi等^[8]对韩国本土鸡8周龄体重进行GWAS分析,筛选到12个SNPs及多个候选基因(如*WDR37*、*KCNIP4*、*SLIT2*等)与体重相关;孙艳发^[11]研究发现北京油鸡和科宝白羽肉鸡的F₂代资源群体,有18个SNPs与体重相关,并锁定4号染色体6.83 Mb至78.1~849 Mb区域为潜在的重要候选区域。

尽管已有研究尝试通过GWAS分析识别与肉鸡生长性能相关的遗传位点,但针对屠宰率性状的研究仍较为缺乏。本研究选取金陵花鸡终端父系(E系)公鸡,进行屠宰率性状全基因组关联分析,鉴定与肉鸡屠宰率相关的功能基因和重要遗传变异,为选育提升肉鸡屠宰率提供理论基础和技术支撑。

1 材料与方法

1.1 试验动物及表型收集

本研究以广西金陵农牧集团有限公司提供的264只金陵花鸡终端父系E系公鸡为试验群体,该群体已进行四个世代体重基因组选择,生产性能取得明显提升。试验过程中,所有个体统一管理,笼养方式饲养,自由采食及饮水,进行常规免疫和防疫。饲养至56日龄时翅静脉中采集抗凝血样于-20℃保存,并禁食12 h后进行屠宰。

屠宰率按《NY/T 823—2020 家禽生产性能名词术语和度量计算方法》^[12]进行测定。屠宰率为肉鸡胴体重与宰前活重的比值,计算公式为:屠宰率(%)=胴体重/宰前活重×100%;使用SPSS软件对表型数据进行正态分布检验和T检验,置信度设定为95%, $P<0.05$ 判定为显著性差异。

1.2 DNA提取及数据质控

1.2.1 血液采集及DNA提取

通过磁珠法提取基因组DNA,利用1%琼脂糖凝胶电泳对DNA的完整性和纯度进行检测。质量合格的样品委托北京康普森农业科技有限公司进行10×全基因组重测序。

1.2.2 数据的质控

利用PLINK(V1.9)软件对所获得的SNP数据进行质量控制。质控标准为:最小等位基因频率(Minimum allele frequency, MAF)>0.05、个体检出率>90%,符合以上标准的位点进行下一步的GWAS分析。

1.3 遗传参数估计

使用ASReml 3.0软件通过个体动物模型对目标性状进行遗传力估计。所用模型如下:

$$y=X\beta+Z\alpha+e$$

式中, y 为表型观测向量, X 为固定效应关联矩阵, β 为固定效应(为批次效应和性别效应), Z 为个体的加性遗传效应关联矩阵, α 为个体加性遗传效应, e 为残差效应向量。

1.4 全基因组关联分析

采用GEMMA软件中的混合线性模型(LMM)对屠宰率性状进行GWAS分析,考虑了固定效应(SNP效应)和随机效应(个体间亲缘关系)。统计模型如下:

$$y = W\alpha + x\beta + u + \varepsilon; u \sim MVN_n(0, \lambda\tau^{-1}K), \varepsilon \sim MVN_n(0, \tau^{-1}I_n)$$

其中, y 为表型向量; W 为固定效应指示矩阵, α 为固定效应系数向量; x 为基因型向量, β 为SNPs效应; u 为随机效应向量, ε 为残差向量; 在模型中, MVN_n 表示 n 维多元正态分布, λ 为两个方差组分的比值, τ^{-1} 为残差方差, K 基于SNP计算的亲缘关系矩阵, I_n 为单位矩阵。为了推断独立检验的有效SNPs数量,使用PLINK 1.9软件中的参数 `-indepairwise 2550.2` 进行计算。在全基因组水平,显著性阈值设置为 $1/\text{有效SNPs位点数量}$ 。

表型解释变异(PVE)通过以下公式计算:

$$PVE = \frac{2\beta^2MAF(1 - MAF)}{2\beta^2MAF(1 - MAF) + (se(\beta))^22NMAF(1 - MAF)}$$

式中, β 为GWAS结果的效应值, MAF 为SNPs最小等位基因频率, N 为参与GWAS分析的个体数。使用R(V4.3.0)软件计算,并采用Wald检验法确定SNPs的显著性。通过Bonferroni校正多重检验确定显著性阈值,使用R(V4.3.0)软件 `qqman` 包对GWAS结果进行可视化。

1.5 显著位点基因注释与通路分析

根据设定的显著性阈值筛选与目标性状显著关联的SNPs,利用生物数据库Ensembl(<https://asia.ensembl.org/index.html>)中的BioMart模块,将筛选到的显著SNPs与鸡参考基因组(Genome assembly GRCg6a)进行比对。对显著位点上、下游50 kb范围内的基因进行检索,收集范围内的基因信息,并利用NCBI网站的Gene数据库检索相关候选基因的生物学功能。基于GWAS结果进行GO(Gene Ontology)生物过程及KEGG(Kyoto encyclopedia of genes and genomes)通路分析,以评估这些基因在相关生物学过程和代谢通路中的作用。

1.6 连锁不平衡分析

使用Haploview软件的“Solid spine of LD”算法对显著SNPs进行连锁不平衡分析(Linkage disequilibrium, LD),构建单倍型区块。通过评估SNPs之间的连锁不平衡程度识别潜在的遗传标

记,进而探讨这些标记与表型变异的关系。

2 结果与分析

2.1 屠宰率性状描述性统计及屠宰率遗传力估计

表1为金陵花鸡终端父系E系公鸡屠宰率性状描述性统计结果,图1为经过预处理后的屠宰率频率分布直方图。由表1可知,金陵花鸡终端父系E系公鸡屠宰率的平均值为90.67%,变异系数为1.58%。由图1可知,该性状符合正态分布。利用ASReml(v3.0)软件中的个体动物模型对屠宰率性状的遗传力进行了估计,屠宰率性状遗传力为0.738,属于高遗传力性状。这应该与金陵花鸡E系经过体重选育有直接关系。

表1 屠宰率性状描述性统计

表型	平均值	标准差	最小值	最大值	变异系数
胴体重/g	2 354.21	154.10	1 909	2 770	6.55
宰前活重/g	2 596.33	165.13	2 173	3 004	6.36
屠宰率/%	90.67	1.40	87.15	95.29	1.58

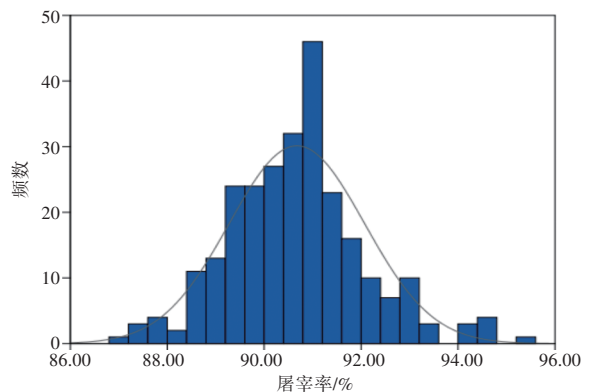


图1 屠宰率频率分布直方图

2.2 全基因组关联分析结果

基因型数据经过质控后,最终保留了264个个体的7 840 824个SNPs。经独立检验,最终选取了4 796 195个有效SNPs用于后续分析。利用GEMMA软件中的混合线性模型(LMM),对264只肉鸡的屠宰率性状进行了全基因组关联分析,屠宰率性状的QQ图显示前端大多数点沿对角线分布,末尾微微翘起,说明模型合理,能有效避免假阳性情况出现(见图2)。在全基因组范围内检测到20个与屠宰率显著关联的SNPs标记,有15个SNPs位于1号染色体上,1个SNPs位于4号染色体上,4个SNPs位于11号染色体上(见图3)。与屠宰率性状显著相关的SNPs可解释表型2.33%~2.91%的全基因组变异,具体见表2。

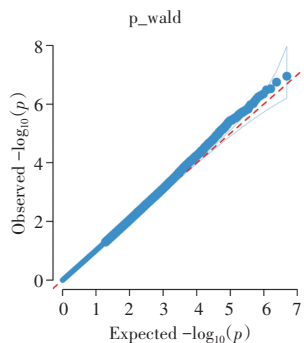


图2 屠宰率性状QQ图

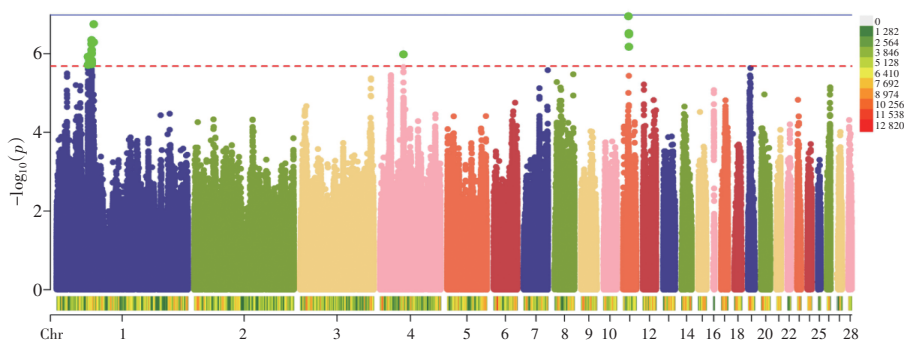


图3 屠宰率性状曼哈顿图

表2 与屠宰率性状显著相关的SNPs

SNP	染色体	位置	等位基因	beta	SE	p_wald	PVE/%	基因
1_47196102	1	47196102	G/A	0.665	0.124	1.19E-06	2.56	-
1_49329251	1	49329251	C/T	-0.653	0.126	1.51E-06	2.33	-
1_52636848	1	52636848	G/T	-0.666	0.129	1.71E-06	2.50	-
1_52637288	1	52637288	C/T	-0.646	0.126	1.84E-06	2.48	-
1_52637294	1	52637294	A/T	-0.632	0.125	1.46E-06	2.53	-
1_52637340	1	52637340	C/T	-0.631	0.126	9.97E-07	2.62	-
1_52637358	1	52637358	A/G	-0.625	0.125	1.62E-06	2.51	-
1_52637389	1	52637389	A/G	-0.731	0.147	5.67E-07	2.74	-
1_52637849	1	52637849	G/T	-0.611	0.124	1.49E-06	2.52	-
1_52638181	1	52638181	G/A	-0.62	0.126	4.47E-07	2.80	-
1_52646992	1	52646992	A/C	0.614	0.125	9.56E-07	2.62	-
1_52647650	1	52647650	C/G	-0.607	0.124	1.70E-06	2.50	-
1_52647910	1	52647910	T/C	-0.606	0.124	8.03E-07	2.66	-
1_56037827	1	56037827	C/T	-0.598	0.122	5.11E-07	2.76	-
1_56041478	1	56041478	G/A	-0.602	0.123	1.78E-07	2.76	-
4_35233727	4	35233727	T/C	-0.740	0.148	1.04E-06	2.59	<i>GPRIN3</i>
11_7830618	11	7830618	C/A	1.234	0.226	1.12E-07	2.91	<i>ORC6, VPS35</i>
11_8706974	11	8706974	G/A	1.276	0.243	6.68E-07	2.54	-
11_8716935	11	8716935	A/G	1.274	0.243	2.98E-07	2.71	-
11_8717297	11	8717297	C/G	1.258	0.247	3.24E-07	2.69	-

注：“-”表示未注释到基因。

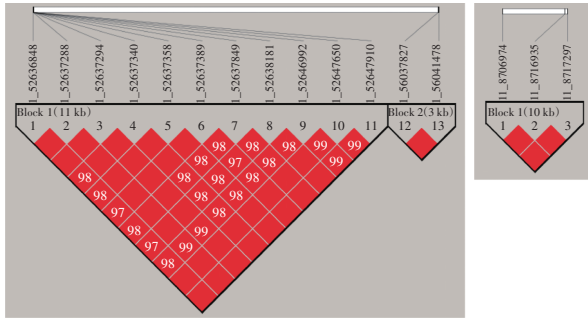
2.3 候选基因功能注释

通过基因注释和结构域比对分析共鉴定出3个与屠宰率相关的候选基因。其中,在4号染色体上注释到的基因为G蛋白调节的神经突起生长诱导因子3(G protein-regulated inducer of neurite outgrowth 3, *GPRIN3*);在11号染色体上注释到的2个基因分别为起始识别复合物亚基6(Origin recognition complex subunit 6, *ORC6*)和液泡蛋白分选相关蛋白35(Vacuolar protein sorting-associated protein 35, *VPS35*)。GO通路富集分析表明,以上基因参与了多种生物学过程,包括:自愿肌肉骨骼运动(GO:0050882)、对泛素依赖的蛋白质降解过程的负调节(GO:2000059)、细胞转胞吞饮(GO:0045056)、参与凋亡过程的线粒体碎片化(GO:0043653)、虹膜形态发生(GO:0061072)、核源复制识别复合物(GO:0005664)、对细胞蛋白质

降解过程的正调节(GO:1903364)、DNA复制起始(GO:0006270)、对转化生长因子β受体信号通路的正调节(GO:0030511)、视网膜层形成(GO:0010842)、蛋白质酪氨酸激酶活性(GO:0004713)、溶酶体组织(GO:0007040)和转化生长因子β受体信号通路(GO:0007179)以及对血管生成的正调节(GO:0045766)。KEGG富集分析显示,富集的通路主要包括细胞周期和内存作用。

2.4 单倍型分析

对1号和11号染色体上筛选到的15个和4个SNPs位点进行连锁不平衡(LD)分析,识别出3个单倍型区块;其中,在1号染色体上存在两个显著关联的单倍型,在11号染色体上存在一个显著关联的单倍型。LD分析结果显示,这些单倍型区块内的SNPs完全连锁(见图4)。



注：方格中的数字为D'，表示连锁不平衡的程度。

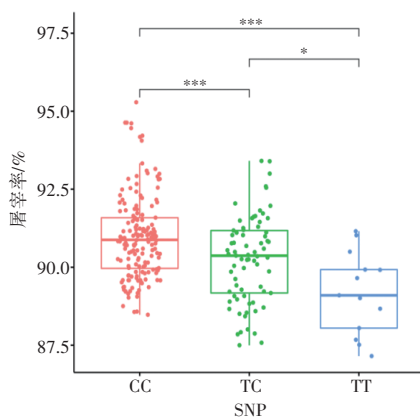
图4 单倍型图

2.5 优势基因型分析

对所有个体鉴定到的显著位点进行屠宰率优势基因型分析,表3为屠宰率显著相关基因型的频率以及对应的屠宰率均值。在位点4_35233727处,CC基因型的个体其屠宰率极显著高于CT和TT基因型个体($P<0.01$) (见图5)。在位点11_7830618处,CC基因型的个体屠宰率表型高于CA和AA基因型个体,但未达到显著水平(见图6)。

表3 屠宰率显著相关优势基因型

SNP	Ah/Ref	基因型	基因型频率/%	屠宰率均值%	优势基因型
4_35233727	C/T	CC	65.6	90.95±1.32	CC
		CT	29.2	90.29±1.39	
		TT	5.2	89.18±1.34	
11_7830618	A/C	AA	86.0	90.47±1.36	CC
		CA	13.2	91.73±1.25	
		CC	0.80	92.98±2.33	



注：*或**表示差异显著($P<0.05$),***或****表示差异极显著($P<0.01$),下同。

图5 chr4_35233727位点屠宰率性状相关的差异基因型箱线图

3 讨论

屠宰率性状是肉鸡生产中备受关注的重要经济性状,对其产业化发展具有显著影响。研究表

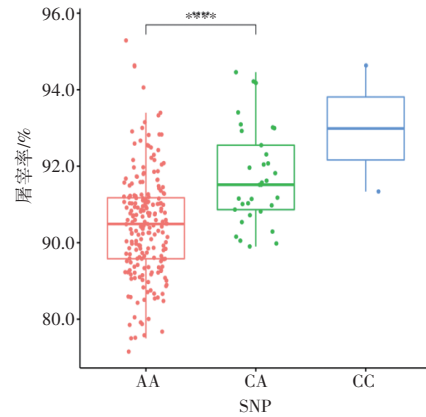


图6 chr11_7830618位点屠宰率表型箱线图

明,优质肉鸡的屠宰率通常在80%以上,桑国俊等^[13]研究表明静原鸡公鸡的屠宰率平均值为87.12%。本研究中,金陵花鸡终端父系E系公鸡的屠宰率平均值为90.67%,表明其胴体品质较优越。

本研究结果显示,显著SNPs所能解释的52.33%的表型变异与屠宰率性状的高遗传力可能存在紧密关系,屠宰率性状所呈现的高遗传力(0.738)进一步强调了遗传因素在该性状中的重要作用。在金陵花鸡终端父系E系公鸡不同染色体上多个SNPs共同作用于屠宰率性状,体现了该肉鸡屠宰率性状的遗传复杂性及多效性特征。多项GWAS分析发现,宁海黄鸡和广西黄鸡3、5、8及11号染色体上的4个SNPs与生长性状相关^[14],1号染色体173.5~175.0 Mb区间内的5个SNPs与鸡生长性状显著相关^[15],北京油鸡屠宰性状的研究发现4号染色体上7个SNPs与屠宰性状显著或潜在显著关联^[16],京海黄鸡4号染色体的13个SNPs可能是影响京海黄鸡屠宰性状的重要候选区域^[17]。此外,陈则东等^[18]利用SLAF-seq技术检测了京海黄全基因组范围内与脚重相关的SNPs,发现4号染色体上72.8~77.9 Mb区域可能是影响鸡脚重的重要功能区。本研究中鉴定到的20个与屠宰率性状显著关联SNPs同样位于1、4和11号染色体上,与上述研究基本一致。

基于以上20个SNPs定位到的3个候选功能基因中,*GPRIN3*(G-protein regulated inducer of neurite outgrowth 3)基因在神经发育中起关键作用,其在质膜中具有活性,参与神经发育^[19]。*GPRIN3*基因的C414T位点与牦牛体高、体重、胸围和体斜长显著相关^[20];*VPS35*(Vacuolar protein sorting 35)

基因作为细胞内蛋白质转运的重要参与者,通过内吞作用在细胞信号转导与代谢过程中具有重要作用^[21],已有研究表明内吞途径可能对肌肉细胞的生长和分化产生影响^[22]; *ORC6*(Origin recognition complex subunit 6)为细胞周期调控的重要蛋白,参与DNA复制和细胞增殖,其编码的蛋白质是ORC复合物的一个亚基^[23]。*ORC6*在协调染色体复制、分离以及细胞质分裂方面至关重要^[24]。细胞增殖的有效调控是肌肉发育的基础^[25]。以上鉴定到的3个基因可能参与了肉鸡生长发育的调控过程,进而提升了屠宰率。

4 结论

本研究系统筛选了金陵花鸡终端父系E系公鸡屠宰率性状的遗传变异与候选功能基因,共鉴定出20个与屠宰率性状显著相关的单核苷酸多态性(SNPs)标记,这些标记分布于1、4、11号染色体上,并注释到4号染色体上的*GPRIN3*以及11号染色体上的*ORC6*和*VPS35*等候选基因;鉴定到20个达到全基因组显著水平的SNPs,并筛选出*GPRIN3*、*ORC6*和*VPS35*等候选基因。结果为肉鸡屠宰率性状遗传改良与分子育种提供了重要的基础数据,推动肉鸡育种向精准化和高效化迈进。

参考文献:

[1] 辛翔飞,郑麦青,文杰,等. 2023年我国肉鸡产业形势分析、未来展望与对策建议[J]. 中国畜牧杂志, 2024, 60(3): 312-317.

[2] 文杰. 肉鸡种业的昨天、今天和明天[J]. 中国畜牧业, 2021(17): 27-30.

[3] 秦越,李干琼. 典型国家与地区肉类消费特征及变化规律研究[J]. 农业展望, 2022, 18(1): 15-25.

[4] 袁春友. 雪山鸡不同品系生长性能、屠宰性能和肉品质的比较分析[D]. 扬州:扬州大学, 2023.

[5] 施俊安,刘凌斌,王丽辉. 家禽全基因组关联分析研究进展[J]. 饲料博览, 2022(6): 16-24, 30.

[6] 邓雨英,柳序,王婷,等. 全基因组关联分析(GWAS)在鸡重要经济性状基因定位中的研究进展[J]. 中国家禽, 2022, 44(9): 80-86.

[7] XIE L, LUO C, ZHANG C, et al. Genome-wide association study identified a narrow chromosome 1 region associated with chicken growth traits[J]. PLoS one, 2012, 7(2): e30910.

[8] KANLISI R A, AMUZU-AWEH E N, NAAZIE A, et al. Genetic architecture of body weight, carcass, and internal organs traits of Ghanaian local chickens [J]. Frontiers in genetics, 2024, 15: 1297034.

[9] 王一东,陈智武,黄超,等. 肉鸡屠宰率性状全基因组关联分

析[J]. 中国家禽, 2024, 46(2): 1-6.

[10] 门立林,王一东,杜永旺,等. 肉鸡净膛率 and 全净膛率相关SNPs鉴定[J]. 中国家禽, 2024, 46(8): 1-8.

[11] 孙艳发. 基于全基因组关联研究技术筛选鸡产肉和肉品质性状相关候选基因[D]. 扬州:扬州大学, 2013.

[12] 中华人民共和国农业农村部. 家禽生产性能名词术语和度量计算方法:NY/T 823—2020[S]. 北京:中国农业出版社, 2020.

[13] 桑国俊,郭海龙,罗琰,等. 静原鸡屠宰性能研究[J]. 畜牧兽医学杂志, 2020, 39(2): 1-5.

[14] 谭雨革,曹海月,董信阳,等. 基于600K SNP芯片技术对宁海黄鸡和广西黄鸡生长及屠体性状的全基因组关联分析[J]. 农业生物技术学报, 2019, 27(8): 1434-1444.

[15] GU X, FENG C, MA L, et al. Genome-wide association study of body weight in chicken F₂ resource population [J]. PLoS one, 2011, 6(7): e21872.

[16] LIU R, SUN Y, ZHAO G, et al. Genome-wide association study identifies loci and candidate genes for body composition and meat quality traits in Beijing-You chickens [J]. PLoS one, 2013, 8(4): e61172.

[17] 张涛,樊庆灿,张向前,等. 京海黄鸡体组成性状的全基因组关联分析[J]. 畜牧兽医学报, 2015, 46(9): 1502-1514.

[18] 陈则东,王文浩. 鸡脚重性状的全基因组关联分析[J]. 农业生物技术学报, 2016, 24(10): 1569-1577.

[19] MOTOTANI Y, OKAMURA T, GOTO M, et al. Role of G protein-regulated inducer of neurite outgrowth 3 (GRIN3) in β -arrestin 2-Akt signaling and dopaminergic behaviors [J]. Pflügers archiv - European journal of physiology, 2018, 470(6): 937-947.

[20] 柴志欣,武志娟,王吉坤,等. *CTGF*、*Gprin3*基因多态性及其与牦牛体尺性状的关联分析[J]. 中国畜牧兽医, 2022, 49(6): 2216-2227.

[21] FUSE A, FURUYA N, KAKUTA S, et al. VPS29 - VPS35 intermediate of retromer is stable and may be involved in the retromer complex assembly process [J]. FEBS letters, 2015, 589(13): 1430-146.

[22] 林珑,史岸冰. 细胞内吞循环运输通路及其分子调控机制[J]. 遗传, 2019, 41(6): 451-68.

[23] 恽朝晖,王晓蓉,徐进. 真核生物DNA复制起始识别复合物的功能[J]. 生命的化学, 2020, 40(11): 1962-1970.

[24] BALASOV M, HUIJBREGTS R P H, CHESNOKOV I. Role of the Orc6 protein in origin recognition complex-dependent DNA binding and replication in drosophila melanogaster [J]. Molecular and cellular biology, 2007, 27(8): 3143-3153.

[25] WU J, YUE B. Regulation of myogenic cell proliferation and differentiation during mammalian skeletal myogenesis [J]. Biomedicine & pharmacotherapy = Biomedecine & pharmacotherapie, 2024, 174: 116563.

(编辑:朱云芬)