

研究报告

Research Report

miR-1 和 miR-206 在不同饲养方式 AA 肉仔鸡肌肉组织中的表达分析

吴秋雪¹ 张伟伟^{1,2*} 常鑫¹ 张磊¹ 邵淑丽^{1,2} 孙婴宁^{1,2}

¹ 齐齐哈尔大学生命科学与农林学院, 齐齐哈尔, 161006; ² 抗性基因工程与寒地生物多样性保护黑龙江省重点实验室, 齐齐哈尔, 161006

* 通信作者, zww121@163.com

摘要 为研究 miR-1 和 miR-206 在不同饲养方式下 AA 肉仔鸡肌肉组织中的表达情况, 本试验采用生物信息学方法比对了 miR-1、miR-206 在不同物种中的同源性, 通过茎环结构实时定量 RT-PCR 法分析 miR-1 和 miR-206 在不同饲养方式下 AA 肉仔鸡的肌肉组织中的表达, 从而初步探究其表达规律。结果表明 gga-miR-1 和 gga-miR-206 成熟序列分别位于鸡基因组 20 号和 3 号染色体上; pre-gga-miR-1 与 eca、ptr、efu、tgu、ola 同源性高达 86%, pre-gga-miR-206 与 bta、cfa、hsa、mml、ptr、efu、xtr 同源性高达 88%; gga-miR-1 和 gga-miR-206 在幼鸡腿肌中表达量高于笼养鸡和散养鸡, 且笼养鸡中 gga-miR-1 和 gga-miR-206 表达量高于散养鸡, 在散养鸡的翅肌和胸肌中表达量高于幼鸡和笼养鸡。表明不同饲养方式下 miR-1 和 miR-206 在不同组织表达不同, 导致肉品质不同。本研究有助于了解不同饲养方式下 miR-1 和 miR-206 表达规律, 养殖户可根据不同需求采取相应的饲养方式。

关键词 miR-1; miR-206; 肌肉组织; 骨骼肌; 饲养方式

Expression Analysis of miR-1 and miR-206 in Muscle Tissues of AA Broilers with Different Feeding Methods

Wu Qiuxue¹ Zhang Weiwei^{1,2*} Chang Xin¹ Zhang Lei¹ Shao Shuli^{1,2} Sun Yingning^{1,2}

¹ College of Life Science and Agroforestry, Qiqihar University, Qiqihar, 161006; ² Heilongjiang Provincial Key Laboratory of Resistance Gene Engineering and Protection of Biodiversity in Cold Areas, Qiqihar, 161006

* Corresponding author, zww121@163.com

DOI: 10.13417/j.gab.041.000034

Abstract In order to study the expression of miR-1 and miR-206 in the muscle tissue of AA broilers under different feeding methods, this study used bioinformatics methods to compare the homology of miR-1 and miR-206 in different species. The stem-loop real-time quantitative RT-PCR method was used to analyze the expression of miR-1 and miR-206 in the muscle tissue of AA broilers under different feeding methods, so as to initially explore their expression rules. The results showed that the mature sequences of gga-miR-1 and gga-miR-206 were located on chromosomes 20 and 3 of the chicken genome, respectively; pre-gga-miR-1 had high homology(86%) with eca, ptr, efu, tgu, and ola, pre-gga-miR-206 had 88% homology with bta, cfa, hsa, mml, ptr, efu, xtr; gga-miR-1 and gga-miR-206 were highly expressed in young chicken leg muscles. The expression levels of gga-miR-1 and gga-miR-206 in caged chickens were higher than those of free-range chickens, and the expression levels in the wing and breast muscles of free-range chickens were higher than those of young chickens and Cage chickens. It showed that miR-1 and miR-206 were expressed differently in

基金项目: 本研究由国家青年科学基金项目(31801148)、黑龙江省自然科学基金项目(C2016057)、黑龙江省教育厅基本业务专项(135209260)和黑龙江省省属高等学校基本科研业务费科研项目(植物性食品加工技术特色学科专项)(YSTSXK201874)共同资助
引用格式: Wu QX., Zhang W.W., Chang X., Zhang L., Shao S.L., and Sun Y.N., 2022, Expression analysis of miR-1 and miR-206 in muscle tissues of AA broilers with different feeding methods, Genomics and Applied Biology, 41(1): 34-40. (吴秋雪, 张伟伟, 常鑫, 张磊, 邵淑丽, 孙婴宁, 2022, miR-1 和 miR-206 在不同饲养方式 AA 肉仔鸡肌肉组织中的表达分析, 基因组学与应用生物学, 41(1): 34-40.)

different tissues under different feeding methods, resulting in different meat quality. This study was helpful to understand the expression patterns of miR-1 and miR-206 under different feeding methods, and farmers could adopt corresponding feeding methods according to different needs.

Keywords miR-1; miR-206; Muscle tissue; Skeletal muscle; Feeding method

骨骼肌的生长发育是一个非常复杂的生物过程,受多种信号通路和调节因素的影响(Egan and Zierath, 2013)。microRNAs (miRNAs) 是一种长度为 18~25 个核苷酸的小非编码 RNA,广泛参与细胞增殖、分化和细胞凋亡的调节过程,在真核生物中广泛存在,呈现一种保守主义参与生物进化过程(Saliminejad et al., 2019)。目前已经发现了许多 miRNA,例如 mir-1a、mir-133a 和 mir-122,它们在鸡脂肪组织和骨骼肌发达的不同阶段,会有不同的表现形式,表明 miRNA 在鸡脂肪组织和骨骼肌中发挥不同作用(Horak et al., 2016)。miRNA-206 是将 DNA 聚合酶 α 的水平向下调整,促进肌肉亚细胞分化的肌肉特异型 miRNA(Wang et al., 2013)。miR-1 是肌肉中特别表现出来的典型的 mircoRNA,对骨骼

肌和心肌具有一定的调节效果,在肌肉分化形成期间为主要的调节基因,同时在肌肉组织中也特异性表现出来(Li et al., 2010)。不同饲养方式导致鸡的肉品质不同(杨会强和唐辉, 2007)。本试验以不同饲养方式的鸡为试验材料,通过茎环结构实时定量 RT-PCR 检测不同饲养方式 AA 肉仔鸡肌肉组织中 miR-1 和 miR-206 的表达量,以了解 miR-1 和 miR-206 在不同饲养方式的鸡的不同组织中的表达情况。

1 结果

1.1 鸡中 miR-1 结构及各物种同源性分析

各物种中 miR-1 的同源性见图 1,由图可知,

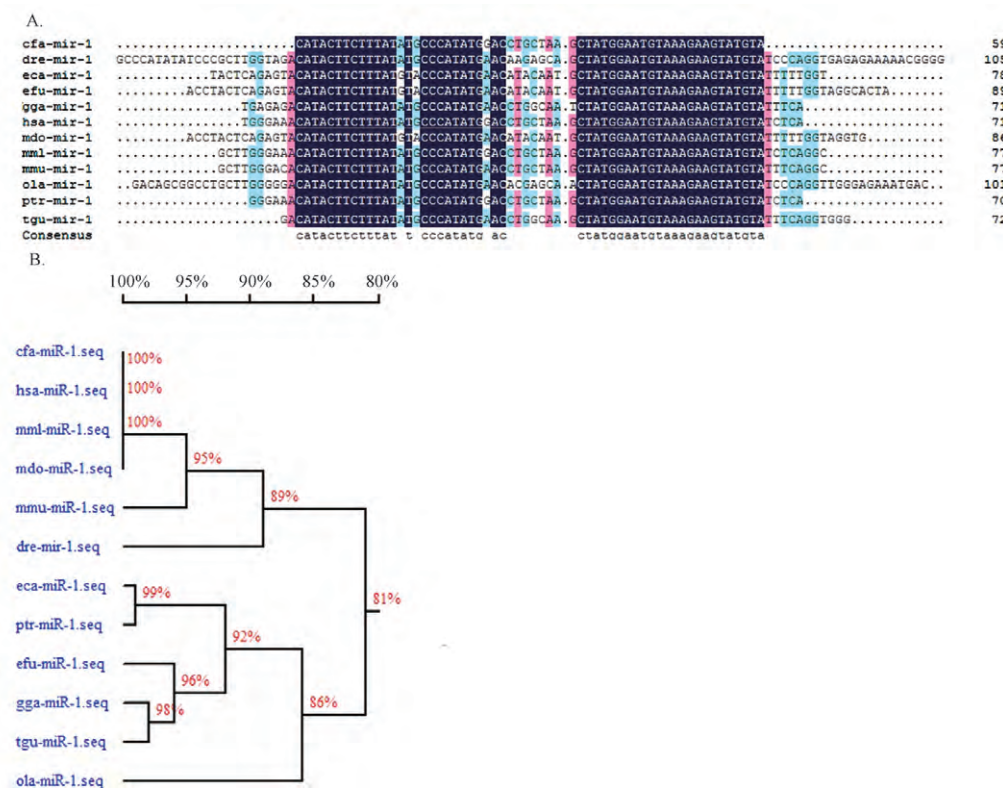


图 1 各物种中 miRNA-1 的同源性

注: A: 各物种 miRNA-1 前体序列比对结果; B: 各物种中 miRNA-1 的同源性; cfa: 狗; dre: 斑马鱼; gga: 鸡; hsa: 人; mml: 猕猴; mmu: 小鼠; ptr: 黑猩猩; mml: 猕猴; eca: 马; efu: 大棕蝠; mdo: 家蝇; ola: 青鳉; tgu: 斑胸草雀

Figure 1 Homology of miRNA-1 in various species

Note: A: miRNA-1 precursor sequence alignment results of each species; B: The homology of miRNA-1 in each species; cfa: dog; dre: zebrafish; gga: chicken; hsa: human; mml: macaque; mmu: mouse; ptr: chimpanzee; mml: macaque; eca: horse; efu: big brown bat; mdo: housefly; ola: Medaka; tgu: Zebra finch

表 1 miR-1 基因信息

Table 1 Gene information of miR-1

名称 Name	成熟序列 Mature sequence	基因组位置 Genomic location	簇状 miRNA<10 kb Clustered miRNA<10 kb
gga-miR-1	ACAUACUUCUUUAUAUGCCCAUA	chr20: 8315740-8315810 [+]	gga-mir-1b
cfa-miR-1	UGGAAUGUAAAGAAGUAUGUA	chr7: 66214380-66214438 [+]	cfa-mir-133a
dre-miR-1	UGGAAUGUAAAGAAGUAUGUAU	chr2: 4116314-4116400 [-]	dre-mir-133a-1
eca-miR-1	UGGAAUGUAAAGAAGUAUGUAU	chr8: 39912211-39912288 [+]	eca-mir-133a
efu-miR-1	UGGAAUGUAAAGAAGUAUGUAU	JH977615.1: 27070873-27070953 [-]	efu-mir-133-2
hsa-miR-1	UGGAAUGUAAAGAAGUAUGUAU	chr18: 21829004-21829088 [-]	hsa-mir-133a-1
mdo-miR-1	ACAUACUUCUUUAUGUACCCAU	chr3: 263364374-263364459 [+]	mdo-mir-133a-1
mml-miR-1	ACAUACUUCUUUAUGUACCCAU	chr18: 10284217-10284288 [-]	mml-mir-133a
mmu-miR-1	UGGAAUGUAAAGAAGUAUGUAU	chr18: 10785446-10785567 [+]	mmu-mir-133a-2
ola-miR-1	UGGAAUGUAAAGAAGUAUGUA	17: 29410125-29410225 [-]	ola-mir-133-1
ptr-miR-1	UGGAAUGUAAAGAAGUAUGUAU	chr18: 18841373-18841456 [-]	ptr-mir-133a-1
tgu-miR-1	ACAUACUUCUUUAUGUACCCAU	chr2: 108164864-108164935 [-]	tgu-mir-133-1

注: cfa: 狗; dre: 斑马鱼; gga: 鸡; hsa: 人; mml: 猕猴; mmu: 小鼠; ptr: 黑猩猩; mml: 猕猴; eca: 马; efu: 大棕蝠; mdo: 家蝇; ola: 青鳉; tgu: 斑胸草雀
Note: cfa: dog; dre: zebrafish; gga: chicken; hsa: human; mml: macaque; mmu: mouse; ptr: chimpanzee; mml: macaque; eca: horse; efu: big brown bat; mdo: housefly; ola: Medaka; tgu: Zebra finch

家鸡与马、黑猩猩、大棕蝠、斑胸草雀、青鳉同源性高达 86%。miR-1 在各物种的基因组中的位置见表 1,其中 gga-miR-1 位于鸡基因组 20 号染色体上,成熟序列为 ACAUACUUCUUUAUAUGCC-CAUA,在基因组中与 gga-miR-133b 成簇状排列。本试验以 gga-miR-1 成熟序列为模板,设计引物检测其在鸡肠肌、胸肌、腿肌和翅肌组织中的表达。

1.2 鸡中 miR-206 结构及各物种同源性分析

各物种中 miR-206 的同源性见图 2,由图可知,家鸡与普通牛、狗、人、猕猴、黑猩猩、大棕蝠、非洲爪蟾同源性高达 88%。miR-206 在各物种的基因组中的位置见表 2,其中 gga-miR-206 位于鸡基因组 3 号染色体上,成熟序列为 UGGAAUGU-AAGGAAGUGUGUGG,在基因组中与 gga-miR-133b 成簇状排列。本试验以 gga-miR-206 成熟序列为模板,设计引物检测其在鸡肠肌、胸肌、腿肌和翅肌组织中的表达。

1.3 不同饲养方式下 AA 肉仔鸡肌肉组织中 gga-miR-1 和 gga-miR-206 基因表达

gga-miR-1 和 gga-miR-206 基因表达结果见图 3,由图可知,gga-miR-1 和 gga-miR-206 在幼鸡腿肌中表达量高于笼养鸡和散养鸡,且在笼养鸡中 gga-miR-1 和 gga-miR-206 表达高于散养鸡,gga-miR-1 和 gga-miR-206 在散养鸡的翅肌和胸肌中表达量高于

幼鸡和笼养鸡。

2 讨论

2.1 鸡中 miR-1 和 miR-206 结构及同源性分析

MicroRNA (miRNA) 属于非编码单链 RNA 分子的类型,长度约为 18~25 个核苷酸(Zhang et al., 2015)。广泛存在于植物、动物和人类的细胞中,通过碱基配对的方法,结合到目标 mRNA 的翻译被编码区域(3'UTR)所控制(Vienberg et al., 2017)。根据最近的研究可知,miRNA 广泛参与各种细胞的分化调节和组织发育(Ameres and Zamore, 2013)。鲁明(2013)研究表明,miR-1 和 miR-206 能够促进成肌细胞的分化,miR-206 特异性表达在骨骼肌中。miR-206 在新形成的肌肉纤维中高度表达,在肌肉萎缩期间,miR-206 可能参与了有关肌肉的再生和成熟(Jiang et al., 2019)。李志雄等(2018)研究表明,在鸡的发展阶段中,许多 miRNA 表达的特性对调节肌肉发育起着重要的作用。首先,在 miRBase 数据库中查得了不同物种的 miRNA-1 和 miRNA-206 基因序列,用 DNAMAN 软件将这些物种与鸡(Gallus gallus)进行了同源性比较,pre-gga-miR-1 与 eca、ptr、efu、tgu、ola 同源性高达 86%,pre-gga-miR-206 与 bta、cfa、hsa、mml、ptr、efu、xtr 同源性高达 88%;同源性为 100%的几个物种里,虽然除了 3'端和 5'端以外相似的序列位置不同,但是产生的成熟 microRNA 是相同的。

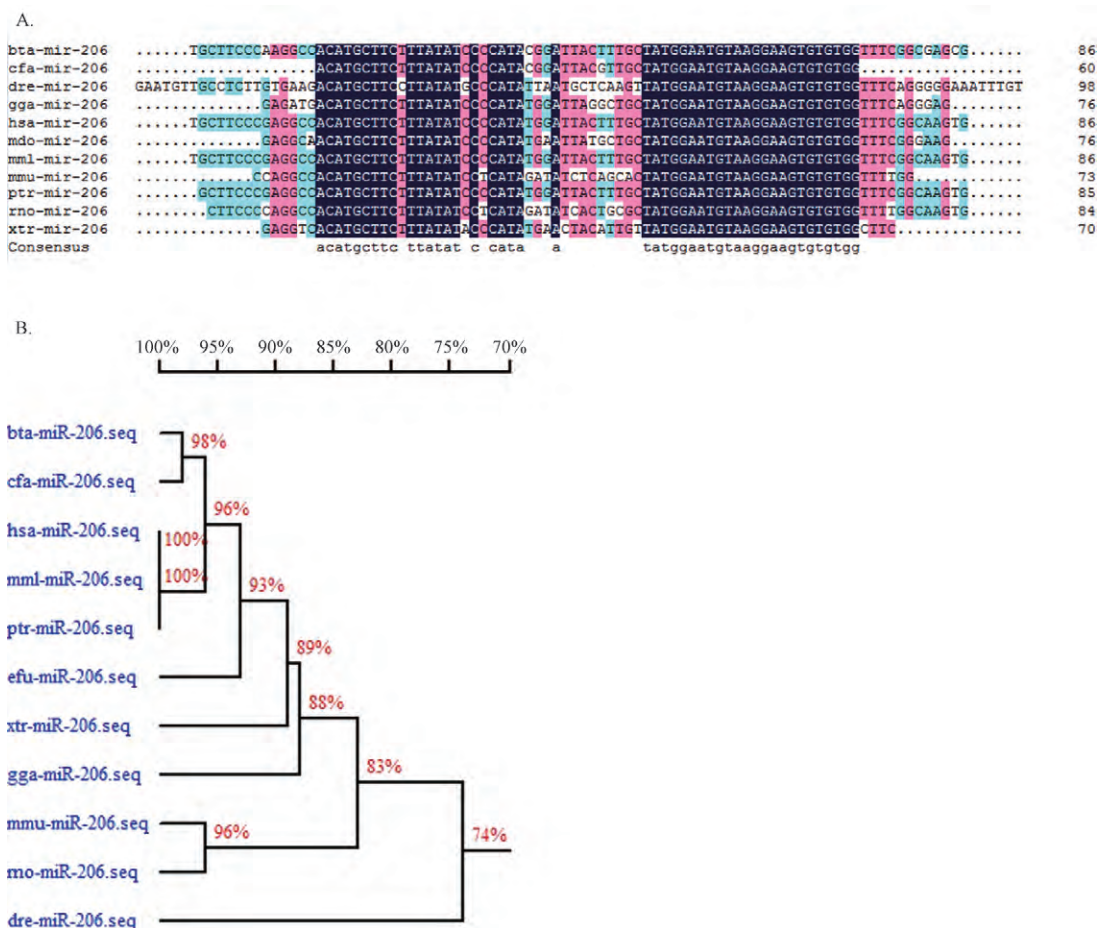


图 2 各物种中 miRNA-206 的同源性

注: A: 各物种 miRNA-206 前体序列比对结果; B: 各物种中 miRNA-206 的同源性; cfa: 狗; dre: 斑马鱼; eca: 马; gga: 鸡; hsa: 人; mml: 猕猴; mmu: 小鼠; ptr: 黑猩猩; bta: 普通牛; efu: 大棕蝠; xtr: 非洲爪蟾; rno: 褐家鼠

Figure 2 Various species miRNA-206 homology

Note: A: MiRNA-206 precursor sequence alignment results of each species; B: The homology of miRNA-206 in each species; cfa: dog; dre: zebrafish; eca: horse; gga: chicken; hsa: human; mml: macaque; mmu: mouse; ptr: chimpanzee; bta: ordinary cow; efu: big brown bat; xtr: xenopus; rno: brown house mouse

表 2 miR-206 基因信息

Table 2 Gene information of miR-206

名称 Name	成熟序列 Mature sequence	基因组位置 Genomic location	簇状 miRNA<10 kb Clustered miRNA<10 kb
gga-miR-206	UGGAAUGUAAGGAAGUGUGUGG	chr3: 108045182-108045257 [-]	gga-mir-133b
cfa-miR-206	UGGAAUGUAAGGAAGUGUGUGG	chr12: 19805523-19805582 [+]	
dre-miR-206	UGGAAUGUAAGGAAGUGUGUGG	chr20: 19544648-19544746 [-]	dre-mir-133b
bta-miR-206	UGGAAUGUAAGGAAGUGUGUGG	chr23: 24353667-24353752 [+]	bta-mir-133 b
efu-miR-206	UGGAAUGUAAGGAAGUGUGUGGU	JH977778. 1: 1897224-1897304 [+]	
hsa-miR-206	UGGAAUGUAAGGAAGUGUGUGG	chr6: 52144349-52144434 [+]	hsa-mir-133b
mml-miR-206	UGGAAUGUAAGGAAGUGUGUGG	chr4: 53106130-53106215 [+]	mml-mir-133 b
mmu-miR-206	ACAUGCUUCUUUAUCCUCAUA	chr1: 20679010-20679082 [+]	mmu-mir-133b
ptr-miR-206	UGGAAUGUAAGGAAGUGUGUGG	chr6: 52743837-52743921 [+]	ptr-mir-133 b
xtr-miR-206	UGGAAUGUAAGGAAGUGUGUGG	KV460357. 1: 1079506-1079575 [-]	xtr-mir-133b
rno-miR-206	ACAUGCUUCUUUAUCCUCAUA	chr9: 26791764-26791847 [+]	rno-mir-133b

注: cfa: 狗; dre: 斑马鱼; eca: 马; gga: 鸡; hsa: 人; mml: 猕猴; mmu: 小鼠; ptr: 黑猩猩; bta: 普通牛; efu: 大棕蝠; xtr: 非洲爪蟾; rno: 褐家鼠

Note: cfa: dog; dre: zebrafish; eca: horse; gga: chicken; hsa: human; mml: macaque; mmu: mouse; ptr: chimpanzee; bta: ordinary cow; efu: big brown bat; xtr: xenopus; rno: brown house mouse

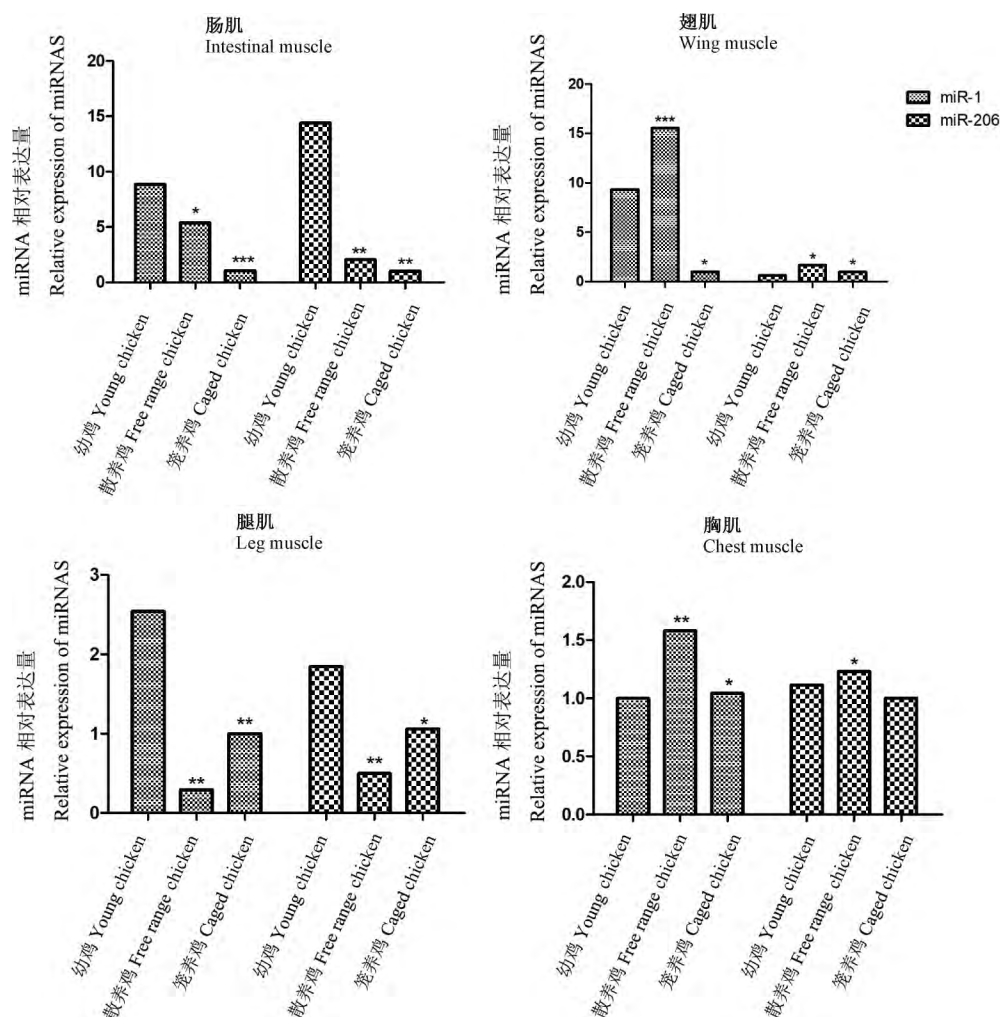


图3 AA肉仔鸡不同组织中 gga-miR-1 和 gga-miR-206 基因表达量

注: *: $P < 0.05$ 表示差异显著; **: $P < 0.01$ 表示差异极显著

Figure 3 Gene expression levels of gga-miR-1 and gga-miR-206 in different tissues of AA broilers

Note: *: $P < 0.05$ means significant difference; **: $P < 0.01$ means extremely significant difference

2.2 不同饲养方式下 AA 肉仔鸡肌肉组织中 gga-miR-1 和 gga-miR-206 基因表达

AA 肉仔鸡是快速生长型肉用仔鸡,对食物的转化率较高。AA 肉仔鸡中肌纤维数量和肌肉的形成量受到多种影响因素调控。本试验检测了不同饲养方式下的鸡不同组织中 gga-miR-1 和 gga-miR-206 基因表达规律。结果表明, gga-miR-1 和 gga-miR-206 在幼鸡腿肌中表达量高于笼养鸡和散养鸡,且在笼养鸡中 gga-miR-1 和 gga-miR-206 表达高于散养鸡。gga-miR-1 和 gga-miR-206 在散养鸡的翅肌和胸肌中表达量高于幼鸡和笼养鸡。不同饲养方式的鸡不同组织 gga-miR-1 和 gga-miR-206 的表达结果存在差异,可能是因为基因特异性表达或者时间特异性导致的差异。microRNAs 的表达可以分为时间特异性和组织

特异性。通过分析 microRNAs 表达谱发现,其中大约 50% 的 microRNAs 的表达是组织特异性, miR-1 和 miR-206 在肌组织特异性表达 (Sweetman et al., 2008)。许旭东等 (2011) 表示 miRNAs 在不同组织的不同表达的生理功能是不一样的。胚胎发育和肌肉细胞分化过程中, miR-1、miR-206 和 miR-133 三种 miRNA 的表达仅局限于骨骼肌成肌细胞和心脏组织 (Sempere et al., 2004)。本试验研究结果显示, gga-miR-1 和 gga-miR-206 在 AA 幼鸡中腿肌组织表达量高于笼养鸡和散养鸡。李德深等 (2011) 研究结果显示, 12 周有氧训练后与 60 min 激烈运动相比较, miR-1、miR-133a 和 miR-206 表达显著降低,这表明在强烈的单次运动后静态下的基因表达与器官反复运动之后存在差异。所以推测在散养方式下生长的 AA 鸡经过长期的运动会导致 gga-miR-1 和 gga-miR-

206 在腿肌中的表达量低于笼养方式。王星果 (2013) 开展了相关研究,检测了 miR-1a 在不同生长发育时期鸡骨骼肌(腿肌)中表达特征,结果显示,在 0~7 周的生长发育过程中,miR-1a 的表达量从 1 周到 4 周有明显增加,而 5 周龄时 miR-1a 的表达量却低于 0 周。本试验结果表明,AA 肉仔散养鸡的翅肌和胸肌中 gga-miR-1 和 gga-miR-206 的表达显著高于笼养方式,可能是因为笼养方式与散养方式下鸡的生存环境和活动量不同所导致的差异。李德深等 (2011) 研究表明肌肉的生长和分化是一个复杂的过程,受运动锻炼及 miR-1、miR-206 和 miR-133 等多种肌肉特异性 microRNA 协同调控,所以鸡的胸肌重、腿肌重及比率的变化不只受 miR-1 和 miR-206 单一因素调控。表明不同饲养方式下 miR-1 和 miR-206 在不同组织表达不同,导致肉品质不同。本研究有助于了解不同饲养方式下 miR-1 和 miR-206 表达规律,养殖户可根据不同需求采取相应的饲养方式。

3 材料与方法

3.1 试验材料

6 周龄笼养鸡(AA 鸡)、散养鸡(AA 鸡)、10 日龄笼养幼鸡(AA 鸡)各 6 只(不分公母),由黑龙江省齐齐哈尔市群利一组养鸡场提供。选取不同饲养

方式的鸡相同重量的腿肌、胸肌、翅肌、肠肌组织为试验材料,每个样品设 3 个重复。

3.2 试验方法

3.2.1 miR-1 和 miR-206 同源性分析

在 miRbase 数据库(<http://www.mirbase.org/search.shtml>)中查找了各物种的 miR-1 和 miR-206 的基因序列,利用 DNAMAN 软件进行同源性分析。

3.2.2 茎环结构 RT-PCR 检测 AA 肉仔鸡肌肉组织中 miR-1、miR-206 表达

取 100 mg 各组织肌肉,液氮研磨后用 Trizol 试剂(Invitrogen 公司)提取总 RNA,用 NanoDrop ND-2000C(Thermo, USA)进行 RNA 定量和定性分析。每组样品中取 1 μ g 总 RNA,按照 TransScript® One-Step gDNA Removal and cDNA Synthesis Super Mix 说明,使用 miR-1、miR-206 特异的反转录引物将其反转录成 cDNA,以反转录合成的 cDNA 为模板, U6 基因为内参。在 Eppendorf Mastercycler Realplex 4 PCR 仪中进行 RT-qPCR。PCR 反应体系为 100 ng cDNA, 0.4 μ mol/L 上下游引物,10 μ L 2 $\times$ SYBR Real-time PCR Premix,反应参数为 94 $^{\circ}$ C 2 min、94 $^{\circ}$ C 30 s、60 $^{\circ}$ C 30 s,循环 35 次。每组试验设有 3 个重复。获得数据后,采用 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 方法计算 miR-1、miR-206 的相对表达量(Arocho et al., 2006),引物序列见表 3。

表 3 试验中所用的引物序列

Table 3 Primer sequences used in the experiment

基因 Gene	正向引物 Forward Primer	反向引物 Reverse Primer
miR-1	TGACATGCTTCTTTATATCCCCAT	TCCCTGAAACCACACACTTCC
miR-206	TGACATGCTTCTTTATATCCCCA	CCCTGAAACCACACACTTCTCT
U6	CTCGCTTCGGCAGCACA	AACGCTTCACGAATTTGCGT
miR-1-RT	UGAGAGACAUACUUCUUUAUAUGCCCAUAUGAACCGGCAUUCUAUGGAAUGUAAAGAAGUAUGUAUUUCA	
miR-206-RT	GAGAUGACAUGCUUCUUUAUAUCCCAUAUGGAUUAAGGCGUCUAUGGAAUGUAAGGAAGUGUGUGGUUCAGGGAG	

3.2.3 数据分析

数据通过 SPSS 17.0 软件包中的单因素方差分析(One-way ANOVA)进行处理,定量数据以 $\bar{X} \pm SD$ 表示, $P < 0.05$ 表示差异显著, $P < 0.01$ 表示差异极显著。

作者贡献

张伟伟负责试验方案的设计及论文的修改与定稿;吴秋雪是本研究的执行人,负责试验方案实施及论文的撰写;孙翌宁负责数据分析;邵淑丽负责论文

初稿的写作指导;张磊负责试验结果的整理;常鑫参与本试验的结果分析。全体作者阅读并同意最终的文本。

参考文献

- Ameres S.L., and Zamore P.D., 2013, Diversifying microRNA sequence and function, Nat. Rev. Mol. Cell Biol., 14: 475-488.
- Arocho A., Chen B., Ladanyi M., and Pan Q., 2006, Validation of the $2^{-\Delta\Delta Ct}$ calculation as an alternate method of data analysis for quantitative PCR of BCR-

- ABL P210 transcripts , Iagnostic Molecular Pathology , Am. J. Surg. Pathol., 15: 56-61.
- Egan B., and Zierath J.R., 2013 , Exercise metabolism and the molecular regulation of skeletal muscle adaptation , Cell Metab., 17: 162-184.
- Horak M., Novak J., and Bienertova-Vasku J., 2016 , Muscle-specific microRNAs in skeletal muscle development , Dev. Biol., 410: 1-13.
- Jiang A., Dong C., Li B., Zhang Z., Chen Y., Ning C., Wu W., and Liu H., 2019 , MicroRNA-206 regulates cell proliferation by targeting G6PD in skeletal muscle , FASEB J., 33: 14083-14094.
- Li D.S., Lu J., and Chen C.Z., 2011 , Research progress of muscle-specific microRNA function and its influence of exercise , Chinese Journal of Sports Medicine , 30 (7) : 685-690. (李德深 , 卢健 , 陈彩珍 , 2011 , 肌肉特异性 microRNA 功能及运动对其影响的研究进展 , 中国运动医学杂志 , 30(7) : 685-690.)
- Li Q., Song X.W., Zou J., Wang G.K., Kremneva E., Li X.Q., Zhu N., Sun T., Lappalainen P., Yuan W.J., Qin Y.W., and Jing Q., 2010 , Attenuation of microRNA-1 derepresses the cytoskeleton regulatory protein twinfilin-1 to provoke cardiac hypertrophy , J. Cell Sci., 123: 2444-2452.
- Li Z.X., Xu Y.O., and Lin Y.Q., 2018 , Cloning and prediction of target genes of 3 newly discovered miRNAs in Tibetan chicken , Journal of Southwest Minzu University , 44(5) : 450-454. (李志雄 , 徐亚欧 , 林亚秋 , 2018 , 藏鸡肌肉组织中 3 条新发现 miRNA 序列的克隆及靶基因预测 , 西南民族大学学报 , 44(5) : 450-454.)
- Lu M., 2013 , Influence of miR-206 gene on the differentiation of bovine skeletal muscle satellite cells , Thesis for MS., Northeast Agricultural University , Supervisor: Yan Y.Q., pp40-44. (鲁明 , 2013 , miR-206 对牛骨骼肌卫星细胞分化的影响研究 , 硕士学位论文 , 东北农业大学 , 导师: 严云勤 , pp. 40-44.)
- Saliminejad K., Khorram Khorshid H.R., Soleymani F.S., and Ghaffari S.H., 2019 , An overview of microRNAs: Biology , functions , therapeutics , and analysis methods , J. Cell. Physiol., 234: 5451-5465.
- Sempere L.F., Freemantle S., Pitha-Rowe I., Moss E., Dmitrovsky E., and Ambros V., 2004 , Expression profiling of mammalian microRNAs uncovers a subset of brain-expressed microRNAs with possible roles in murine and human neuronal differentiation , Genome Biol., 5: R13.
- Sweetman D., Goljanek K., Rathjen T., Oustanina S., Braun T., Dalmay T., and Münsterberg A., 2008 , Specific requirements of MRFs for the expression of muscle specific micro RNAs , miR-1 , miR-206 and miR-133 , Dev. Biol., 321: 491-499.
- Vienberg S., Geiger J., Madsen S., and Dalgaard L.T., 2017 , MicroRNAs in metabolism , Acta Physiol., (Oxford , England) , 219: 346-361.
- Wang X.G., 2013 , The expression and function of miRNAs in chicken liver and skeletal muscle Dissertation for Ph.D., Yangzhou University , Supervisor: Gong D.Q., Gu Z.L., pp99-101. (王星果 , 2013 , 鸡肝脏和骨骼肌 miRNA 表达和功能研究 , 博士学位论文 , 扬州大学 , 导师: 龚道清 , 顾志良 , pp99-101.)
- Wang X., Gu Z., and Jiang H., 2013 , MicroRNAs in farm animals , Anim. Sci. J., 7: 1567-1575.
- Xu X.D., Song X.W., and Qin Y.W., 2011 , Role of miR-1 in regulating cardiomyocyte growth , Academic Journal of Second Military Medical University , 31(11) : 1161-1164. (许旭东 , 宋晓伟 , 秦永文 , 2011 , miR-1 在心肌细胞生长中的调节作用 , 第二军医大学学报 , 31(11) : 1161-1164.)
- Yang H.Q., and Tang H., 2007 , Effects of different feeding methods on the quality characteristics of Wenchang chicken , Wenchang chicken , Journal of Animal Ecology , 28(4) : 62-64 , 77. (杨会强 , 唐辉 , 2007 , 不同饲养方式对文昌鸡肉质特性的影响 , 家畜生态学报 , 28(4) : 62-64 , 77.)
- Zhang J., Li S., Li L., Li M., Guo C.Y., Yao J., and Mi S.L., 2015 , Exosome and exosomal microRNA: trafficking , sorting , and function , Genom. Proteom. Bioinf., 13: 17-24.

(责任编辑 庞晓鑫 罗厚枚)