



[综合新闻](#) [通知公告](#) [媒体资讯](#) [科研进展](#) [党建活动](#)

[首页](#) - [新闻中心](#) - [科研进展](#)

肉羊遗传育种科技创新团队揭示miRNA调控山羊产羔数的作用机制

作者：贺小云

来源：肉羊遗传育种科技创新团队

发布时间：2021-11-23

分享



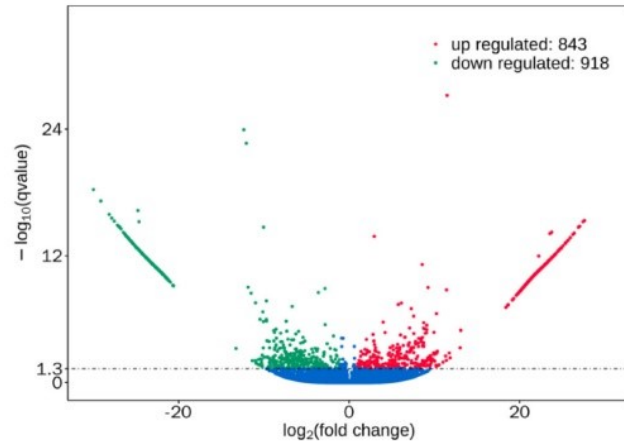
近日，中国农业科学院北京畜牧兽医研究所肉羊遗传育种科技创新团队利用RNA-seq测序技术整合分析了高、低产云上黑山羊卵巢组织中差异表达microRNA，构建了miRNA-mRNA互作调控网络，并对候选miRNA进行了功能验证，为山羊遗传改良提供了重要参考依据。相关研究结果发表在《生物医学中心基因组学（BMC Genomics）》上。

产羔数是山羊繁殖力的一个重要指标，主要由排卵率决定。然而，山羊高繁殖力性状在卵泡期的microRNA调控机制仍不清楚。研究人员以产羔数具有显著差异的云上黑山羊为对象，基于高通量测序技术，分别从差异表达mRNA和miRNA、miRNA-mRNA调控网络、GO和KEGG功能富集分析等方面筛选出了调控山羊多羔性状相关重要候选基因及其调控元件。随后，研究人员利用荧光定量PCR、双荧光素酶活性检测和CCK-8等技术，揭示了miR-1271通过调控靶基因 TXLNA 表达影响山羊产羔数的

和牛II



A



B

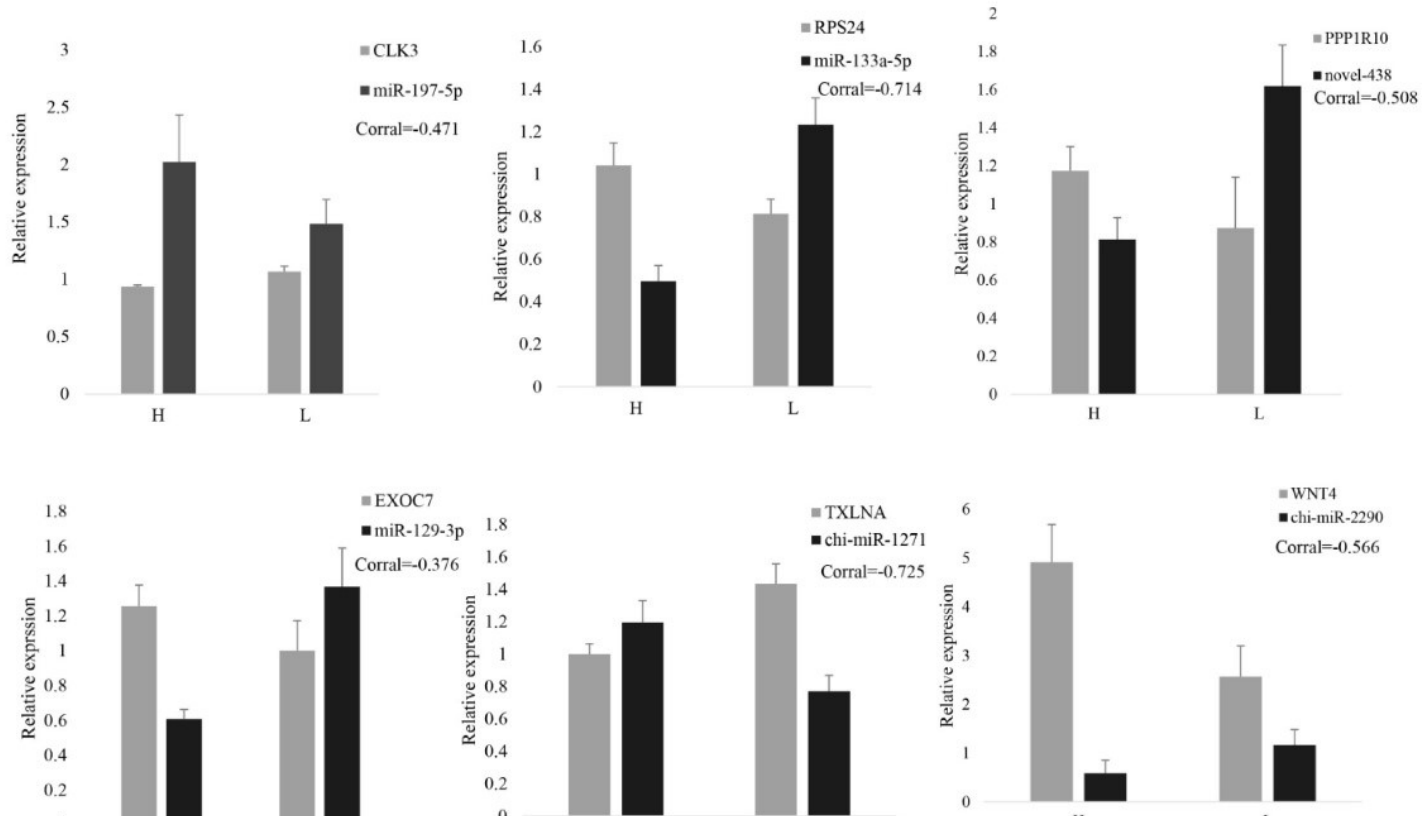
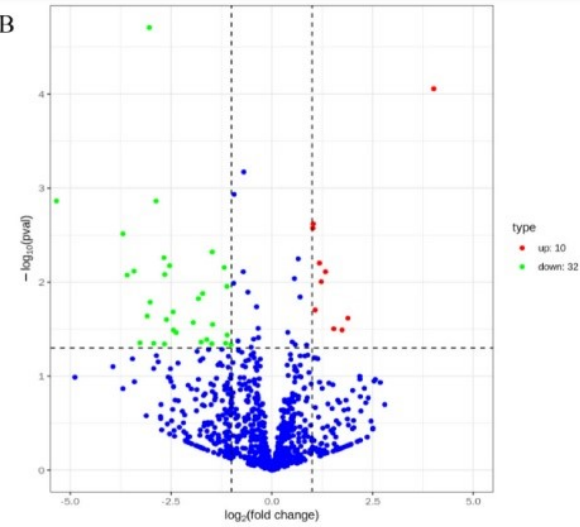


图 差异表达mRNA和miRNA火山图及RT-qPCR验证

该研究得到中国农业科学院科技创新工程、国家现代农业产业体系资助、云南省科技创新人才计划等的支持。博士后刘玉芳为文章第一作者，储明星研究员和洪琼花研究员为共同通讯作者。

原文链接：<https://doi.org/10.1186/s12864-021-08156-2>

上一篇：奶产品质量与风险评估创新团队构建动物乳脂肪酸高通量检测方法与指纹图谱

下一篇：奶产品质量与风险评估团队4项团体标准顺利通过审定



关注牧医所微信



国内科研单位


国外科研单位

相关行业链接

文献检索链接

中国农业科学院院机关

院属各单位链接

 京公网安备 11010802026043号 京ICP备10039560号-5 Copyright @2017 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所

[网站地图](#) · [联系我们](#)



↑