东北农业科学　2025，50（5）：109-114
Journal of Northeast Agricultural Sciences　DOI: 10.16423/j.cnki.1003-8701.2025.05.017

双乾肉羊 *SERPINA1* 基因 3'UTR 区多态性及与肉质性状关联研究

李　欣[1]，刘昕昕[1]，缪立生[1]，杨少滢[2]，马惠海[1]，曹　阳[1]，阮洪玲[3]，唐于鑫[4]，张喜路[5]，肖艳华[6]*，赵中利[1]*

(1. 吉林省农业科学院(中国农业科技东北创新中心)畜牧兽医研究所，吉林 公主岭 136100；2. 中国农业科学院特产研究所，长春 130000；3. 长春市双阳区畜牧总站，长春 130600；4. 龙井市老头沟镇综合服务中心，吉林 龙井 133400；5. 龙井市畜牧总站，吉林 龙井 133400；6. 吉林省农业科学院(中国农业科技东北创新中心)农业经济与信息研究所，长春 130033)

摘　要：本文研究 *SERPINA1* 基因多态性对绵羊肉质品质的影响，试验选取 49 只 8 月龄的双乾肉羊作为研究对象，筛查 *SERPINA1* 基因 3'UTR 区的单核苷酸多态性(Single Nucleotide Polymorphisms，SNPs)位点，并测定其肉质性状，分析 SNPs 与双乾肉羊肉质性状间的关联性。结果表明，*SERPINA1* 基因 3'UTR 区第 33 位碱基存在 A>G 突变。该位点的遗传纯合度(Ho)为 0.540 8，有效等位基因数(Ne)为 1.849 1，多态信息含量(PIC)为 0.353 8，处于 Hardy-Weinberg 平衡(P>0.05)，属于中度多态。在肉质性状方面，该群体中 GG 基因型个体的肉嫩度显著高于 AA 基因型个体和 AG 基因型个体。由此可见，绵羊 *SERPINA1* 基因的 3'UTR 区 A33G 等位基因多态性与双乾肉羊肉嫩度显著相关，该位点有助于早期筛选出具有优良肉质的绵羊个体，从而提高优质肉羊选育速度，节约饲养成本。

关键词：*SERPINA1* 基因；3'UTR；双乾肉羊；肉质性状；SNP

中图分类号：S826.8　　**文献标识码**：A　　**文章编号**：2096-5877（2025）05-0109-06

SERPINA1 Gene 3′ UTR Region Polymorphism and its Association with Meat Quality Traits in Shuangqian Mutton Sheep

LI Xin[1], LIU Xinxin[1], MIAO Lisheng[1], YANG Shaoying[2], MA Huihai[1], CAO Yang[1], RUAN Hongling[3], TANG Yuxin[4], ZHANG Xilu[5], XIAO Yanhua[6]*, ZHAO Zhongli[1]*

(1. *Institute of Animal and Veterinary Medicine, Jilin Academy of Agricultural Sciences*(*Northeast Agricultural Research Center of China*), *Gongzhuling* 136100; 2. *Institute of Special Animal and Plant Sciences, CAAS, Changchun* 130000; 3. *Shuangyang District Animal Husbandry Station, Changchun* 130600; 4. *Longjing City Comprehensive Service Center, Longjing* 133400; 5. *Longjing City Animal Husbandry Station, Longjing* 133400; 6. *Institute of Agricultural Economy and Information, Jilin Academy of Agricultural Sciences*(*Northeast Agricultural Research Center of China*), *Changchun* 130033, China)

Abstract: This study aimed to investigate the effect of *SERPINA1* gene polymorphism on sheep meat quality. Forty-nine 8-month-old Shuangqian Mutton Sheep were selected as research objects to screen the single nucleotide polymorphisms(SNPs) sites in the 3' UTR region of *SERPINA1* gene. The correlation between SNPs and meat quality traits of Shuangqian Mutton Sheep was analyzed. The results showed that there was an A>G mutation in the 33rd base of the 3' UTR region of *SERPINA1* gene. The genetic homozygosity(Ho) of this site was 0.540 8, the number of effective alleles(Ne) was 1.849 1, and the polymorphism information content(PIC) was 0.353 8, which was in Hardy-Weinberg equilibrium(P>0.05), and belonged to moderate polymorphism. In terms

收稿日期：2025-01-12

基金项目：吉林省科技厅重点研发项目(20230202069NC)；吉林省农业科技创新工程项目(CXGC2025ZD013)；吉林省科技创新平台建设项目(YDZJ202502CXJD052)；2025 年畜禽养殖成熟技术集成应用与示范推广项目(202504)

作者简介：李　欣(1982-)，女，助理研究员，硕士，主要从事动物干细胞研究。

通信作者：赵中利，E-mail: zhaozhongli954@sohu.com
肖艳华，E-mail: 37149959@qq.com

of meat quality traits, the meat tenderness of GG genotype individuals was significantly higher than that of AA genotype individuals and AG genotype individuals. In conclusion, the A33G allele polymorphism in the 3' UTR region of sheep *SERPINA1* is significantly correlated with the tenderness of Shuangqian Mutton Sheep. This locus is conducive to the early screening of sheep with excellent meat quality, thereby improving the breeding speed of superior mutton sheep and saving the feeding cost.

Key words: *SERPINA1* gene; 3' UTR; Shuangqian Mutton sheep; Meat quality trait; SNP

畜禽肉品是重要的蛋白来源，与人类的健康息息相关，消费者对肉品的需求与日俱增，对于肉品质的要求也越来越高。提高肉品品质已成为畜牧工作者亟待解决的问题[1]。目前，单纯依靠营养水平调控不能显著提高肉品品质，而从遗传基础和分子机制角度解析肉品品质的影响因素为解决上述问题提供了新的思路，以期为满足畜牧生产和市场对肉品品质的需求奠定基础[2]。

丝氨酸蛋白酶抑制剂分支A成员1(serpin peptidase inhibitor clade A member 1，*SERPINA1*)基因是一种叫做α-1-抗胰蛋白酶的蛋白质的基因(Alpha-1-Anti Trypsin，*AAT*)，也叫*AAT*基因，它是丝氨酸蛋白酶抑制剂(Serpin)超家族蛋白的成员。Serpin蛋白可以经由构象的改变从而抑制蛋白酶的活性。大多数Serpin蛋白均可抑制丝氨酸或半胱氨酸蛋白酶的活性，参与细胞内和细胞外大部分的生理功能和过程，Serpin蛋白是一种高度保守性的蛋白质[3]。AAT是最丰富的内源性丝氨酸蛋白酶[4]，它以相对高浓度存在于人乳及牛和猪的初乳中[5]。通过转录组与蛋白组联合分析结果表明，*SERPINA1*有可能是调控绵羊肉质性状的关键基因[6]。同时，*SERPINA1*基因具有抗炎作用[7]，该基因的多态性对奶牛的乳蛋白产量、乳脂率及产奶量有显著影响[8]。

3'非翻译区(3' untranslated region，3' UTR)中的单核苷酸多态性(Single Nucleotide Polymorphism，SNP)对基因表达和功能有着至关重要的影响。3' UTR SNP能够影响mRNA的稳定性、亚细胞定位及其蛋白质的翻译效率[9]。3' UTR端序列的变异，可致使基因的表达异常，最终会导致疾病的发生及发展[10]。同时，3' UTR区可作为分子标记，用来对物种的进化关系和种群遗传结构进行研究[11-13]。双乾肉羊是以杜泊绵羊作为父本、以吉林本地绵羊作为母本，采用常规育种技术与分子标记辅助选择方法培育而成的肉用型绵羊新品种，具有生长速度快、产肉性能好、繁殖力高、适应性强且肉质优良等特性。本研究以双乾肉羊作为研究对象，对*SERPINA1*基因进行SNPs筛查，发现其3' UTR具有多态性，并将此SNP位点的多态性与肉质性状关联分析，以探求能够影响绵羊肉质品质的分子标记，继而对于提高畜禽肉品品质具有极其重要的意义。

1 材料与方法

1.1 试验动物

随机选取吉林省农业科学院试验羊场同场出生同一环境饲养的8月龄、体重接近、健康的双乾肉羊49只，逐个进行颈静脉采血，置于抗凝管中，4 ℃冰箱保存。

1.2 主要仪器及试剂

血液基因组DNA快速提取试剂盒(AP-MN-BL-GDNA-50)，购自Axygen公司；超微量分光光度计(Q5000)，购自美国Quawell公司；PCR仪，购自上海伯乐生命医学产品有限公司。

1.3 基因组DNA提取

按照血液基因组DNA快速提取试剂盒说明书，提取49只双乾肉羊血液基因组DNA，并检测DNA的浓度及纯度。经琼脂糖凝胶电泳检测DNA质量，条带清晰且无杂带。

1.4 引物设计及合成

根据GenBank中公布的绵羊*SERPINA1*基因的序列信息(XM_012098288.3)，确定3' UTR区的边界。利用Primer Premier 5.0软件设计引物，引物序列为F：5′-CAGGGCTGGGTAGACAGTGAT-3′；R：5′-AGGACGGAGGGTTGACACG-3′，扩增产物长度为466 bp。引物由上海生工生物工程有限公司合成。

1.5 PCR扩增

将提取并经过鉴定质量好的49只双乾肉羊血液DNA作为模板进行PCR扩增。PCR反应总体系为20 μL：2×ES Taq Master Mix 10 μL，上游引物和下游引物各0.5 μL，DNA 1 μL，ddH_2O为8 μL。PCR反应程序为：95 ℃预变性5 min；95 ℃变性30 s，64.5 ℃退火30 s，72 ℃延伸50 s，从第2步开始共进行30个循环；72 ℃延伸5 min，12 ℃保存。PCR产物经2.0%琼脂糖凝胶电泳检测，将条带明亮的

PCR产物送上海生工生物工程有限公司进行测序。

1.6　基因多态性分析

利用软件DNAMAN 8、Chromas与*SERPINA1*基因的mRNA序列(XM_012098288.3)进行对比分析,筛查出突变位点。

1.7　肉质性状的测量

取以上49只双乾肉羊的背最长肌,检测熟肉率、滴水损失(24、48、72 h)、鲜艳脂肪、初水分、pH值、压榨水分、肉嫩度和蛋白含量。

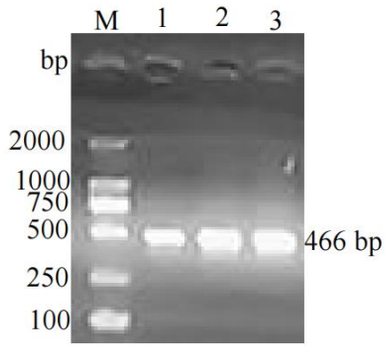
1.8　统计分析

采用Excel软件对试验数据进行整理,试验数据以"平均值±标准误"表示,利用SPSS Statistics 19.0分析软件对数据进行单因素方差分析,利用家畜动物遗传分析工具统计基因型及其频率、基因遗传纯合度(Ho)、杂合度(He)、有效等位基因数(Ne)、多态性信息含量(PIC)等,卡方检验检测SNP位点是否处于Hardy-Weinberg平衡状态。$P<0.05$表示差异显著,$P>0.05$表示差异不显著。

2　结果与分析

2.1　PCR扩增产物电泳结果

双乾肉羊*SERPINA1*基因3'UTR区PCR产物扩增电泳图如图1所示。目的片段长度约为466 bp,与预期大小一致。



注:M:DL2000 Marker;1~3:*SERPINA1*基因3'UTR区。

Note: M, DL2000 Marker; 1-3, *SERPINA1* gene 3'UTR region.

图1　*SERPINA1*基因3'UTR区PCR扩增产物电泳图

Fig.1 Agarose gel electrophoresis results of the 3' UTR in *SERPINA1* gene

2.2　PCR产物测序结果分析

由图2可知,双乾肉羊群体*SERPINA1*基因3'UTR区第33位碱基处发生A>G突变。该位点的优势基因型分别为AA、AG、GG;优势等位基因分别为A、G(图3)。

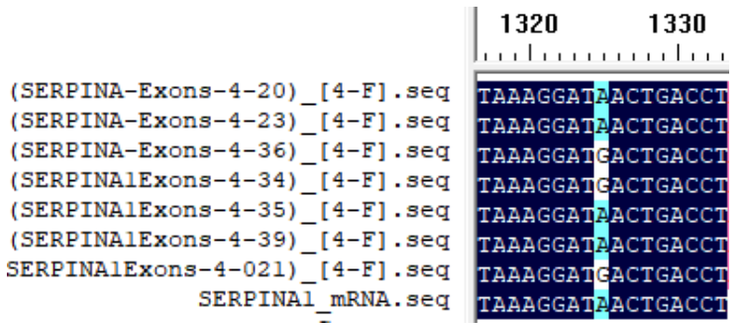


图2　*SERPINA1*基因3'UTR区序列比对结果

Fig. 2 Sequence alignment of 3'UTR of *SERPINA1* gene

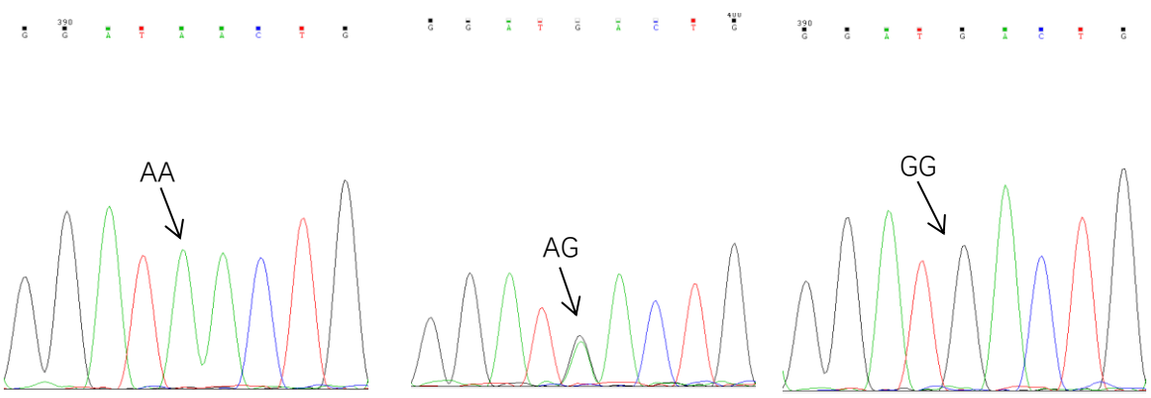


图3　双乾肉羊*SERPINA1*基因3'UTR区不同基因型测序图

Fig. 3 Sequencing of different genotypes of 3'UTR of *SERPINA1* gene

2.3 双乾肉羊*SERPINA1*基因突变位点多态性和遗传多样性分析

卡方适合性检验证明，3个位点在双乾肉羊群体中处于Hardy-Weinberg平衡状态(P>0.05)。多态信息含量(Polymorphism Information Content，PIC)为0.353 8，属于中度多态(0.25<PIC<0.5)，由此表明，该遗传标记能够提供一定量的遗传信息(表1，表2)。

表1 *SERPINA1*基因多态性分析

Table 1 *SERPINA1* gene polymorphism analysis

单核苷酸多态位点 SNP	基因型 Gene type	基因型频率 Genotype frequency	等位基因 Allele gene	基因频率 Gene frequency	卡方检验(χ^2) Chi-square test
chr.18:56838856	AA	0.600 0	A	0.642 9	22.696
	AG	0.342 9	G	0.357 1	
	GG	0.057 1			

表2 *SERPINA1*基因遗传指标

Table 2 *SERPINA1* gene genetic index

单核苷酸多态位点 SNP	遗传杂合度 (He)	遗传纯合度 (Ho)	有效等位基因 (Ne)	多态信息含量 (PIC)
chr.18:56838856	0.459 2	0.540 8	1.849 1	0.353 8

2.4 双乾肉羊*SERPINA1*基因多态性与肉质性状的关联分析

对双乾肉羊群体中3种基因型与肉质性状关联分析，结果显示，*SERPINA1*基因此SNP位点除与肉嫩度相关，与其他所检测的肉质性状均不显著相关。如表3所示，该群体中GG基因型个体的肉嫩度显著高于AA基因型个体和AG基因型个体，表明含有G等位基因的个体肉嫩度要明显高于纯合的野生型(AA)个体。

表3 *SERPINA1*基因多态性与肉质性状关联分析结果

Table 3 Analysis results of 3'UTR of *SERPINA1* gene polymorphism and meat quality traits

指标 Index	基因型 Gene type		
	AG	AA	GG
熟肉率/%	57.44±3.42	58.40±3.87	60.41±3.37
24 h滴水损失/%	0.87±0.23	0.88±0.34	0.69±0.13
48 h滴水损失/%	2.04±0.84	1.74±0.56	1.38±0.08
72 h滴水损失/%	2.91±0.84	2.56±0.62	2.04±0.09
肌内脂肪/%	2.06±0.52	2.13±0.68	1.87±0.16
初水分/%	75.28±1.24	74.93±0.99	74.86±0.54
pH值	5.63±0.06	5.59±0.06	5.57±0.01
压榨水分/%	20.44±8.17	22.86±4.56	23.94±2.33
肉嫩度/%	32.97^{b}±6.26	36.91^{b}±7.59	46.53^{a}±7.79
蛋白含量/%	20.02±0.98	20.16±1.37	20.28±0.44

3 讨论与结论

肉质性状是绵羊最为重要的经济性状，其与经济效益紧密关联，肉质性状也可以由多基因调控的复杂数量性状来进行调控。遗传、品种、年龄、饲养类型和性别等，这些因素都能够影响绵羊的肉质性状，故提高绵羊的肉品质已是广大畜牧育种从业者的紧要目标，以期为消费者提供更受市场欢迎的羊肉产品[14]。

羊肉的嫩度取决于其煮熟后易嚼烂的程度，

肉质的结构特性可以通过嫩度来反映，并直接影响消费者对肉质的客观评价。通常人们会通过咀嚼来评价肉嫩度，一般用剪切力的数值来量化，两者呈负相关，即肉的剪切力值越小其嫩度越好，并且剪切力与肉的口感和风味也有关系。肉嫩度的最主要决定因素是肌肉中蛋白质分子间的相互作用力，而肌原纤维中的肌动蛋白、肌球蛋白的改变是造成肉嫩度差异的主要原因[15]。研究发现，肉的柔软度的决定性因素是肌肉组织的蛋白水解度和肌纤维的溶解性[16]。

肌内脂肪的丰富程度及肌内脂肪的沉积情况，会对肉的品质如嫩度等方面产生显著影响。肌内脂肪的含量是由脂肪细胞的生长与发育所决定的。脂肪细胞的生长发育涵盖了两个过程，分别是细胞体积的增大以及细胞数目的增多[17]。食用肉的理想肌内脂肪含量通常在2.0%~3.0%[18]。研究显示，当肌内脂肪含量达到3.0%时，肌肉的大理石花纹会使肌纤维的密度降低，减少肌纤维间的结缔组织，从而提升肉的嫩度，并且脂肪还能改善肉品的适口性[19]；然而，当肌内脂肪含量低于2.0%时，肉的品质和口感就会变差，而当肌内脂肪含量高于3.0%时，由于脂肪含量太高，与消费者的需求不符。*SERPINA1*基因是Serpin超家族里极为重要的一员，SERPIN家族是一组蛋白质的集合，这些蛋白质有着相同的起源及保守的空间结构，但功能却有很大的分化[20]。目前已阐明部分家族成员在一些生理及病理过程中，尤其是免疫调节及炎症反应中发挥重要的调节作用[21]。*SERPINA1*基因的结构具有高度的保守性，其能够以不可逆的自杀性的方式对多种丝氨酸内切肽酶予以抑制，是血浆里最为主要的中性粒细胞蛋白酶抑制因子[22-23]。研究发现，在湖羊和杜泊羊的对比组中，*SERPINA1*基因在湖羊组中呈现显著上调的状态，这或许是湖羊肌内脂肪含量高于杜泊羊的关键原因。因此，*SERPINA1*基因可能在调节绵羊肌内脂肪含量方面起着重要作用。不过，*SERPINA1*基因对绵羊的肉质性状的调控机制仍有待更深入的研究[24]。

本研究采用PCR结合Sanger测序法，从49只双乾肉羊群体中筛选*SERPINA1*基因3'UTR区的SNPs位点，结果发现，在*SERPINA1*基因3'UTR区的第33位碱基处存在A>G突变，且该突变位点处于Hardy-Weinberg平衡状态，说明在双乾肉羊群体中此突变位点稳定存在，而不是特异性选择差异。与肉质性状的关联分析结果表明，该SNP位点的基因型为GG纯合时，绵羊具有较高肉嫩度。此SNP位点具有特定基因型的绵羊具有高肉质性状，以此作为绵羊肉质性状相关的SNP标记，可用于评估绵羊肉质性状，筛选具有高肉质性状的绵羊个体，以及用于获得具有高肉质性状的绵羊的育种方法，提高优势绵羊选育速度。

综上所述，*SERPINA1*基因3'UTR存在g.56838856位点A>G突变，该突变位点与肉嫩度显著相关，其中，GG基因型较AA和AG基因型个体的肉质更细嫩。该位点处于Hardy-Weinberg平衡状态(P>0.05)，属于中度多态。*SERPINA1*基因多态性可为深入挖掘绵羊肉质性状相关分子标记提供一定的参考依据，对提高育种效率和畜禽肉品品质具有重要的意义。

参考文献：

[1] 马凤英，张景萍，付绍印，等.影响绵羊肉质因素的研究进展[J].饲料研究，2023，46(10)：134-139.
MA F Y, ZHANG J P, FU S Y, et al. Research progress on factors affecting sheep meat quality[J]. Feed Research, 2023, 46(10): 134-139. (in Chinese)

[2] Al-AlI M M, KHAN A A, FAYYAD A M, et al. Transcriptomic profiling of the telomerase transformed mesenchymal stromal cells derived adipocytes in response to rosiglitazone[J]. BMC Genomic Data, 2022, 23(1): 17.

[3] LAW R H P, ZHANG Q, MCGOWAN S, et al. An overview of the serpin superfamily[J]. Genome Biology, 2006, 7(5): 216-226.

[4] BODMER J L, SCHNEBLI H P. Plasma proteinase inhibitors[J]. Schweizerische Medizinische Wochenschrift, 1984, 114(40): 1359-1363.

[5] CHOWANADISAI W, LŐNNERDA B. Alpha 1 antitrypsin and antichymotrypsin in human milk: origin, concentrations and stability[J]. American Journal of Clinical Nutrition, 2002, 76(4): 828-833.

[6] 赵利明.整合转录组与蛋白质组技术筛选绵羊肉品质性状相关候选基因[D].兰州：甘肃农业大学，2023.
ZHAO L M. Integrating transcriptomic and proteomic technologies to screen candidate genes related to meat quality traits in sheep[D]. Lanzhou: Gansu Agricultural University, 2023. (in Chinese)

[7] NITA I, HOLLANDER C, WESTIN U, et al. Prolastin, a pharmaceutical preparation of purified human α1-antitrypsin, blocks endotoxin-mediated cytokine release[J]. Respiratory Research, 2005, 6(1): 1-11.

[8] BEECHER C, DALY M, CHILDS S, et al. Polymorphisms in bovine immune genes and their associations with somatic cell count and milk production in dairy cattle[J]. BMC Genetics, 2010, 11(1): 1-9.

[9] MIGNONE F, GISSI C, LIUNI S, et al. Untranslated regions of mRNAs[J]. Genome Biology, 2002, 3(3):1-10.

[10] LOPEZ D S I, QUESADA M P, ESTELLER M. Aberrant regulation of messenger RNA 3'-untranslated region in human cancer [J]. Cellular Oncology, 2007, 29(1):1-17.

[11] MAYR C. Evolution and biological roles of alternative 3'UTRs [J]. Trends in Cell Biology, 2015, 26(3):227-237.

[12] ZLOTORYNSKI E. RNA: 3'UTR alternatives to protein localization[J]. Nature Reviews Molecular Cell Biology, 2015, 16(6): 327.

[13] 喻世刚,王钢.3'UTR在基因表达调控中的作用[J].中国畜牧兽医,2016,43(11):2907-2913.
YU S G, WANG G. Role of 3'untranslated region(3'UTR) in the regulation of gene expression[J]. China Animal Husbandry& Veterinary Medicine, 2016, 43(11): 2907-2913. (in Chinese)

[14] 李潇,李伟丽,朱涛,等.饲喂月龄对南江黄羊肉色度、嫩度、质构及呈味核苷酸含量的影响[J].西华大学学报(自然科学版),2022,41(2):51-57.
LI X, LI W L, ZHU T, et al. Effects of feeding age on color, tenderness,texture and flavor nucleotide content of Nangjing Yellow Mutton[J]. Journal of Xihua University(Natural Science Edition), 2022, 41(2): 51-57. (in Chinese)

[15] 梁鹏.三个绵羊品种肉质性状的转录组学与代谢组学研究[D].银川:宁夏大学,2022.
LIANG P. Transcriptomics and metabolomics of meat quality traits in three sheep breeds[D]. Yinchuan: Ningxia University, 2022. (in Chinese)

[16] WARNER R D, JACOB R H, EDWARDS J E H, et al. Quality of lamb meat from the information nucleus flock[J]. Animal Production Science, 2010, 50(12): 1123-1134.

[17] GAO Q X, LI J, LIU H L, et al. Comparative study on lipogentic and lipolytic gene expression in intramuscular fat tissue between growing Erhualian and large white pig[J]. Acta Genetica Sinica, 2004, 31(11): 1218-1225.

[18] PARRICI A. Eating quality of pork in denmark[J]. Pig Farming, 1985,10:56-57.

[19] 徐秋良,吴运香.畜禽肉嫩度及其影响因素[J].家畜生态学报,2010,31(6):100-103.
XU Q L, WU Y X. Animal meat tenderness and its influencing factors[J]. Acta Ecologiae Animalis Domestic, 2010, 31(6): 100-103. (in Chinese)

[20] 姚晓坤,潘志鹏,伦永志.人类和小鼠的丝氨酸蛋白酶抑制剂基因超家族[J].大连大学学报,2015,36(6):70-74.
YAO X K, PAN Z P, LUN Y Z. The human and mouse SERPIN Gene superfamily[J]. Journal of Dalian University, 2015, 36(6): 70-74. (in Chinese)

[21] HUNTINGTON J A, READ R J, CARREL L, et al. Structure of a serpin-protease complex shows inhibition by deformation[J]. Nature, 2000, 407(6806): 923-926.

[22] 刘耀波.α1-抗胰蛋白酶和c反应蛋白水平改变在慢阻肺患者中的临床意义[J].社区医学杂志,2015,13(10):45-46.
LIU Y B. Changes in α1-antitrypsin and C-reactive protein levels and their clinical significance in patients with chronic obstructive pulmonary disease[J]. Community Medicine Journal, 2015, 13(10): 45-46. (in Chinese)

[23] 庄明强,艾智武,吴满平.α1-抗胰蛋白酶的研究进展[J].微生物学杂志,2007,27(6):92-95.
ZHUANG M Q, AI Z W, WU M P.Development of alpha-1 antitrypsin[J]. Journal of Microbiology, 2007, 27(6): 92-95. (in Chinese)

[24] CHENG J B, ZHANG X X, XU D, et al. Relationship between rumen microbial differences and traits among Hu sheep, Tan sheep, and Dorper sheep[J]. Journal of Animal Science, 2022, 100(9): 1-10.

(责任编辑:朴红梅)

(上接第99页)

GAO J F. Several considerations on the integration of information technology and school education from the perspective of technology diffusion[J]. China Educational Technology Equipment, 2021(15): 1-2. (in Chinese)

[15] 高喜珍,刘丹.绿色技术创新扩散关键影响因素研究[J].价值工程,2020(32):234-235.
GAO X Z, LIU D. Key influencing factors of green technology innovation and diffusion[J]. Value Engineering, 2020(32): 234-235. (in Chinese)

[16] JOHN F A V S, KEANE A M, EDWARDSJONES G, et al. Identifying indicators of illegal behaviour: carnivore killing in human-managed landscapes[J]. Proceedings Biological Sciences, 2012, 279(1729): 804-812.

[17] 何悦,漆雁斌.农户过量施肥风险认知及环境友好型技术采纳行为的影响因素分析——基于四川省380个柑橘种植户的调查[J].中国农业资源与区划,2020(5):8-15.
HE Y, QI Y B. Analysis of the influencing factors on farmers' awareness of excessive fertilizer application risks and the adoption of environmentally friendly technologies—— Based on a survey of 380 citrus growers in Sichuan Province[J]. China Agricultural Resources and Regional Planning, 2020(5): 8-15. (in Chinese)

[18] 黄炎忠,罗小锋,李容容,等.农户认知、外部环境与绿色农业生产意愿—基于湖北省632个农户调研数据[J].长江流域资源与环境,2018(3):680-687.
HUANG Y Z, LUO X F, LI R R, et al. Farmers' perceptions, external environment, and willingness to adopt green agricultural practices— Based on survey data from 632 households in Hubei Province[J]. Changjiang River Basin Resources and Environment, 2018(3): 680-687. (in Chinese)

[19] 李紫娟.农户绿色认知、技术复杂程度与绿色防控技术采纳行为[D].武汉:华中农业大学,2019.
LI Z J. Farmers' green awareness, technology complexity and adoption behavior of green control technologies[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2019. (in Chinese)

(责任编辑:王 昱)