

研究报告

Research Report

江口萝卜猪FABPs主要家族基因SNPs筛选及生物信息学分析

盘道兴¹, 王振¹, 杨茂林², 廖乔平³, 杨昌平³, 吴宇萍³, 谢海强¹, 刘若余¹

1 贵州大学动物科学学院/贵州大学高原山地动物遗传育种与繁殖教育部重点实验室, 贵阳, 550025

2 贵州省江口县科技局, 铜仁, 554400; 3 贵州省江口县畜牧局, 铜仁, 554400

✉ 通讯作者, liury04@163.com; 作者

计算分子生物学, 2015 年, 第 4 卷, 第 3 篇 doi: 10.5376/cmb.cn.2015.04.0003

收稿日期: 2015 年 03 月 28 日 接受日期: 2015 年 03 月 28 日 发表日期: 2015 年 03 月 28 日

© 2015 BioPublisher 生命科学中文期刊出版平台

本文首次发表在《基因组学与应用生物学》印刷版 2015 年, 第 34 卷, 第 01 期上。现依据版权所有人授权的许可协议, 采用 [Creative Commons Attribution License](#) 协议对其进行授权, 再次发表与传播。只要对原作有恰当的引用, 版权所有人允许并同意第三方无条件的使用与传播。

摘要 以江口萝卜猪为试验材料构建 DNA 池, 采用直接测序技术对猪 L-FABP、I-FABP、H-FABP、A-FABP 基因进行 SNPs 快速筛查, 共检测出 7 个 SNPs, 分别为 intron1-T1745C、exon2-T125C、exon2-A131C、exon2-C153A、exon2-A65T、exon2-G40A、intron3-C65T。其中 intron1-T1745C、intron3-C65T 位于内含子上; exon2-T125C、exon2-C153A 为同义突变; exon2-A131C、exon2-A65T、exon2-G40A 为错义突变, 分别使编码氨基酸发生 Glu→Ala, Lys→Met, Glu→Lys 的改变, 对其进行生物信息学分析表明, 突变前后的等位基因频率估算, mRNA 二级结构预测, 蛋白质二级、三级结构预测分析均有差异。

关键词 江口萝卜猪; 脂肪酸结合蛋白基因; SNPs; 生物信息学

SNP Screening and Bioinformatics Analysis of the Main Family Genes of FABPs in Jiangkou Luobo Pig

Pan Daoxing¹, Wang Zhen¹, Yang Maolin², Liao Qiaoping³, Yang Changping³, Wu Yuping³, Xie

Haiqiang¹, Liu Ruoyu¹

1 College of Animal Sciences, Guizhou University/Key Laboratory of Animal Genetics, Breeding and Reproduction in the Plateau Mountainous Region (Guizhou University), Ministry of Education, Guiyang, 550025

2 Science and Technology Bureau of Jiangkou County, Tongren, 554400; 3 Animal Husbandry Bureau of Jiangkou County, Tongren, 554400

✉ Corresponding author, liury04@163.com; Authors

Abstract Jiangkou Luobo Pigs were used to construct DNA pool, the SNPs in genes of L-FABP, I-FABP, H-FABP and A-FABP were rapidly screened by DNA sequencing, seven SNPs were detected in the four genes which included two SNPs (intron1-T1745C, intron3-C65T) located in the intron, two SNPs (exon2-T125C, exon2-C153A) were synonymous mutation, and three SNPs were missense mutations (exon2-A131C, Glu→Ala; exon2-A65T, Lys→Met; exon2-G40A, Glu→Lys). The bioinformatics analysis indicted that the missense mutations could cause the change of allele frequency, mRNA secondary structure, secondary and tertiary protein structure.

Keywords Jiangkou Luobo Pig, Fatty acid binding protein gene, SNPs, Bioinformatics

江口萝卜猪是中国宝贵的地方遗传资源保护品种之一, 主要分布于贵州省东北部铜仁地区, 主产于江口县桃映乡、民和乡、怒溪乡和坝盘乡, 其

中以桃映乡最为集中, 其具有耐粗饲、适应性强、易育肥、屠宰率高、肉品质好等优良特性, 深受当地人民的喜爱(惠嫣婷等, 2014)。脂肪酸结合蛋白

(fatty acid-binding proteins, FABPs)是脂结合蛋白超家族成员,是一类分子量小,具有高亲和力的可溶性蛋白质,在脂肪酸的摄取、转运及代谢调控中发挥重要作用,其广泛分布于哺乳动物的脂肪、肌肉、肝脏、心肌、小肠等组织细胞中(蒋金津等,2009)。迄今为止,已分离并鉴定出9种类型的脂肪酸结合蛋白,其中肝脏型脂肪酸结合蛋白(L-FABP,又称FABP1)、肠型脂肪酸结合蛋白(I-FABP,又称FABP2)、心脏型脂肪酸结合蛋白(H-FABP,又称FABP3)、脂肪细胞型脂肪酸结合蛋白(A-FABP,又称FABP4)是该家族中较常见的4种(徐海霞,房兴堂,陈宏,2008,畜牧与兽医,40(1):94-97)。单核苷酸多态性位点(single nucleotide polymorphism site, SNPs)主要是指在基因组水平上由单个核苷酸变异而引起DNA序列的改变,一些SNPs位于蛋白质编码区会影响翻译后氨基酸的关键功能基团,进而影响蛋白质的结构及相关功能。脂肪酸结合蛋白是影响脂肪沉积的重要基因,对机体脂肪代谢有调控作用,其基因多态性对揭示体脂变化规律具有重要意义(陈璐,2013)。姜延志等(2006)对4个猪种的L-FABP基因进行SNPs检测并分析其遗传多态性与肌肉脂肪(intramuscular fat, IMF)含量之间的相关性,结果表明L-FABP基因可能是影响猪IMF的主效基因;Chamberlain等(2009)研究表明,人I-FABP基因第2外显子第54位点SNP与脂代谢密切相关,其突变型I-FABP提高与长链脂肪酸的亲合力,致使机体吸收更多脂类从而使血脂水平升高;郭松长(2003)对8个猪群体的H-FABP基因遗传多态性进行研究,结果表明H-FABP基因多态性对猪生长、肉质性状有一定影响;Gerbens等(2001)对不同猪群体的A-FABP基因多态性进行研究,结果表明该基因的SNPs与肌肉脂肪含量显著相关。基于此,本研究以江口萝卜猪为材料,利用DNA池与测序技术对猪脂肪酸结合蛋白主要家族基因L-FABP、I-FABP、H-FABP、A-FABP的外显子序列进行SNPs检测,并作生物信息学分析,为研究其基因对脂肪沉积的影响奠定基础,同时为江口萝卜猪的选种与保种工作提供理论依据。

1 结果与分析

1.1 猪肌肉组织DNA提取

提取DNA后用1%琼脂糖凝胶电泳检测,基因组DNA条带整齐,经紫外分光光度计检测,其

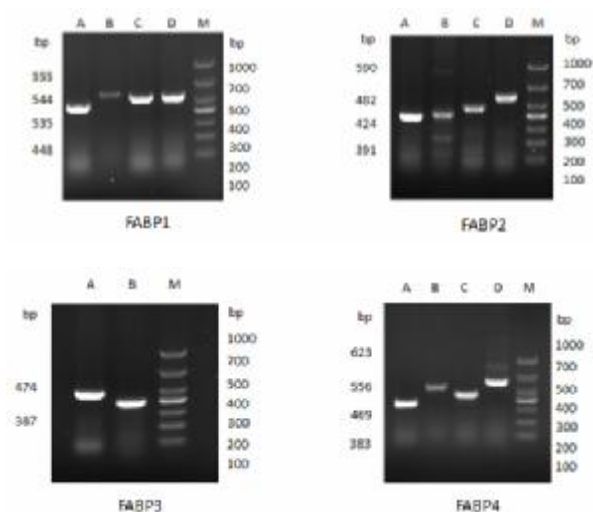


图1 PCR扩增电泳图

注: M: DL1000 DNA Marker; A, B, C, D 分别代表 exon1, exon2, exon3, exon4; 片段长度按大到小自上而下排列

Figure 1 Results of PCR amplification

Note: M: DL1000 DNA Marker; A, B, C, D represent exon1, exon2, exon3, exon4; fragment length order by a large to a small top-down

OD₂₆₀/OD₂₈₀在1.6~1.8范围内,表明基因组DNA提取效果较佳,可用于后续PCR扩增。

1.2 脂肪酸结合蛋白主要家族基因的PCR扩增

PCR扩增后,取5μL的PCR产物利用琼脂糖凝胶电泳进行检测,扩增片段与目的片段大小一致,条带单一,表明引物特异性较好(图1)。

1.3 扩增基因的测序

对测序结果进行比对筛查出7个SNP位点(图2):以第一外显子为基准,在FABP1基因的第一内含子1745bp处发生T→C突变,在第二外显子125bp处发生T→C突变,在第二外显子131bp处发生A→C突变,在第二外显子153bp处发生C→A突变,分别将其命名为intron1-T1745C、exon2-T125C、exon2-A131C、exon2-C153A。其中exon2-T125C、exon2-C153A为同义突变;exon2-A131C为错义突变,由谷氨酸(Glu)替换为丙氨酸(Ala);在FABP2基因第二外显子65bp处发生A→T突变,命名为exon2-A65T,其为错义突变,由赖氨酸(Lys)替换为甲硫氨酸(Met);在FABP3基因第二外显子40bp处发生G→A突变,命名为exon2-G40A,其为错义突变,由谷氨酸(Glu)替换为赖氨酸(Lys);在FABP4

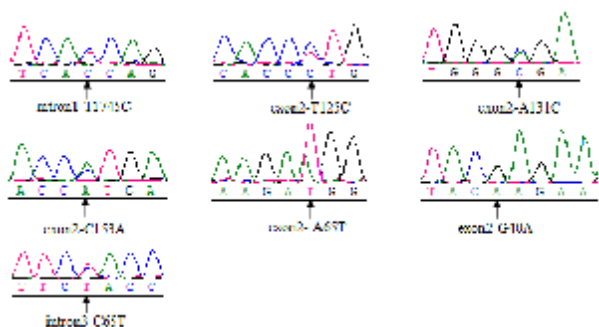


图 2 测序及 BLAST 分析结果

Figure 2 Results of sequencing and BLAST

基因的第三内含子 65bp 处发生 C→T 突变, 将其命名为 intron3-C65T。

1.4 SNPs 等位基因频率估算

利用 MWSnap 软件的标尺分别测量 FABP1、FABP2、FABP3、FABP4 基因的各 SNPs 等位基因峰高, 根据公式估算 SNPs 等位基因频率(见表 1)。由表可知, 等位基因频率在突变前后有差异。除了 FABP3 基因 exon2-G40A 位点突变前后等位基因频率差异较小外, 其余 SNPs 突变前后均有明显差异。

1.5 mRNA 二级结构分析

对引起错义突变的 exon2-A131C、exon2-A65T、exon2-G40A 位点进行 mRNA 二级结构预测结果表明, SNP 位点突变前后引起 mRNA 二级结构改变, 并且导致 RNA 二级结构自由能发生改变(见图 3)。其中 exon2-A131C 位点突变前后的自由能由 -125.76 kcal/mol 变为 -130.36 kcal/mol; exon2-A65T 位点突变前后的自由能

表 1 等位基因频率估算

Table 1 Estimation of allele frequency

基因类型 Gene type	突变位点 Mutant site	等位基因频 Allele frequency	
		突变前 Before mutation	突变后 After mutation
FABP1	intron1-T1745C	0.387 1	0.612 9
	exon2-T125C	0.314 3	0.685 7
	exon2-A131C	0.379 3	0.620 7
	exon2-C153A	0.352 9	0.647 1
FABP2	exon2-A65T	0.320 5	0.679 5
FABP3	exon2-G40A	0.482 8	0.517 2
FABP4	intron3-C65T	0.450 0	0.550 0

由 -148.27 kcal/mol 变为 -148.69 kcal/mol; exon2-G40A 位点突变前后的自由能由 -142.25 kcal/mol 变为 -140.76 kcal/mol。RNA 二级结构和自由能的改变均会影响其结构的稳定性, 进而可能会影响后续蛋白质翻译过程及其相关功能的表达。

1.6 蛋白质二级结构分析

分别对突变位点 exon2-A131C、exon2-A65T、exon2-G40A 进行蛋白质二级结构分析结果表明, exon2-G40A 位点突变前后的 β -转角、 α -螺旋、无规卷曲、扩展链均有所改变; exon2-A131C 和 exon2-A65T 位点突变前后的 β -转角、 α -螺旋、扩展链有所改变, 而无规卷曲不变(表 2)。

1.7 蛋白质突变前后三级结构分析

进行突变前后蛋白质三级结构预测和分析, 对了解蛋白质结构及其相关功能具有重要意义。利用蛋白质三级结构预测软件对 exon2-A131C、exon2-A65T、exon2-G40A 位点突变前后的蛋白质结构进行分析结果表明, exon2-A131C 位点碱基分别为 A、C 对应氨基酸为谷氨酸(Glu)和丙氨酸(Ala)时, exon2-A65T 位点碱基分别为 A、T 对应氨基酸为赖氨酸(Lys)和甲硫氨酸(Met)时, 以及 exon2-G40A 位点碱基分别为 G、A 对应氨基酸为谷氨酸(Glu)和赖氨酸(Lys)时, 其蛋白质三维结构突变前后均有所改变(见图 4)。

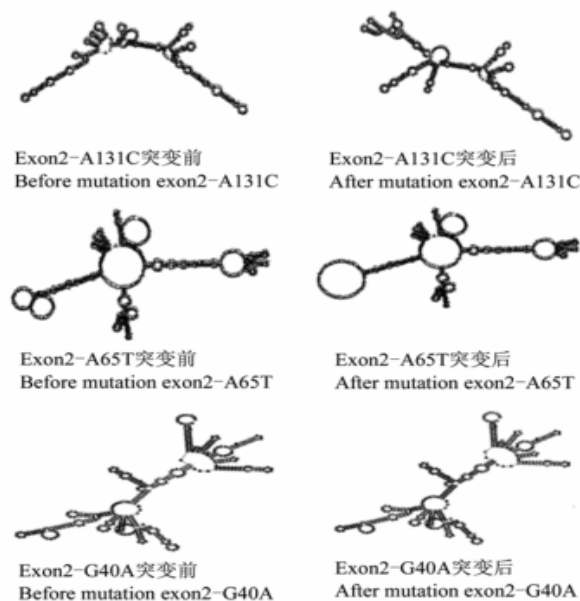


图 3 RNA 二级结构变化结果

Figure 3 Results of secondary structure change of RNA

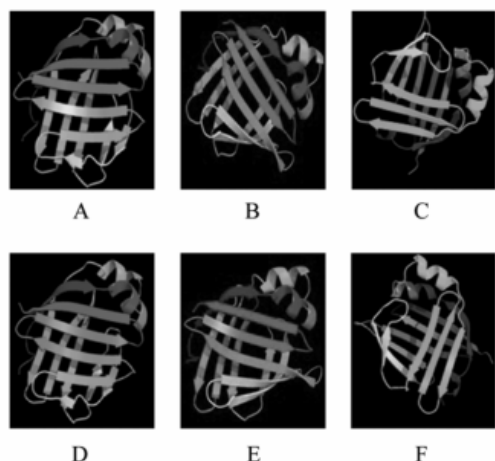


图 4 蛋白质三级结构变化

注: A: exon2-A131C 突变前; B: exon2-A65T 突变前; C: exon2-G40A 突变前; D: exon2-A131C 突变后; E: exon2-A65T 突变后; F: exon2-G40A 突变后

Figure 4 Results of tertiary structure change of protein

Note: A: Before mutation exon2-A131C; B: Before mutation exon2-A65T; C: Before mutation exon2-G40A; D: After mutation exon2-A131C; E: After mutation exon2-A65T; F: After mutation exon2-G40A

2 讨论

在影响猪肉品质的众多因素中, 肌内脂肪(IMF)是一个极其重要的指标, 其与肉品质呈正相关, 主要影响肉的嫩度、风味及多汁性。研究表明, 2%~3%的肌内脂肪含量是优质猪肉的理想标准, 当肌内脂肪含量低于2%时, 肉的质地和口感均较差(祝仁铸等, 2013)。近年来, 国内外对猪的选育一直倾向于更大程度上提高瘦肉率, 导致肌内脂肪降低, 严重影响猪肉品质, 忽略了保持一定肌内脂肪含量的重要性。因此, 在保证瘦肉率的同时, 提高肌内脂肪含量成为育种工作者新的研究领域。脂肪酸结合蛋白家族(FABPs)对脂肪代谢具有重要意义, 尤其是在调节肌内脂肪含量方面起着关键作用(郭瑞, 2006), 特别是 H-FABP 和 A-FABP 基因被学者们作为研究影响肌内脂肪含量的候选基因, 其表达量与肌内脂肪含量呈正相关(陈志辉, 2006)。

FABPs 主要通过改变与脂肪酸代谢有关酶的活性, 增加脂肪酸在膜间的转运, 影响细胞内信号转导和基因转录及介导激素作用等途径调节机体脂肪酸代谢(Nakata T., 2003)。在现代畜牧业生产上, 将 FABPs 基因的优势基因型作为后代选育的参考和依据, 可提高动物生产性能, 改善畜产品品质, 能更好地满足消费者对畜产品更高的要求。目前, 研

究者们采用分子生物学方法从分子水平上对 FABPs 功能进行多方面研究, 对更深入了解脂肪酸结合蛋白家族基因对动物机体脂肪的代谢调控具有深远意义(Her G.M., et al, 2004; Jiang Y.Z., et al, 2006)。

本研究对江口萝卜猪 FABP1、FABP2、FABP3、FABP4 基因进行 SNP 多态位点检测, 共筛查出 7 个 SNPs。其中 intron1-T1745C、intron3-C65T 分别在 FABP1 和 FABP4 基因的内含子上, 由于内含子在转录过程中被剪接去除, 在大多数真核结构基因中不编码序列, 对翻译产物的结构无意义, 因此其突变位点能否会对基因转录翻译过程造成一定影响还需要进行更深入的研究探讨; 在 FABP1 基因外显子上的 exon2-T125C、exon2-C153A 多态位点未引起对应氨基酸序列的改变, 为同义突变; 在 FABP1、FABP2、FABP3 基因外显子上的 exon2-A131C、exon2-A65T、exon2-G40A 多态位点都引起了编码氨基酸的改变, 为错义突变, 对应的氨基酸改变分别为: 由谷氨酸(Glu)替换为丙氨酸(Ala), 由赖氨酸(Lys)替换为甲硫氨酸(Met), 由谷氨酸(Glu)替换为赖氨酸(Lys)。对引起错义突变的 3 个多态位点分别进行突变前后的生物信息学分析。其多态位点等位基因频率估算结果表明等位基因频率在突变前后有较大差异; mRNA 二级结构分析结果表明 SNP 位点突变前后引起 mRNA 二级结构改变, 并且导致其自由能发生改变; 蛋白质二级、三级结构预测分析结果表明, 突变前后的二级结构和三级结构均有较明显改变, 表明多态位点可能通过影响氨基酸序列, 从而影响相关蛋白质的高级结构, 进而影响其对应的相关调控功能。其 SNPs 对探究基因多态位点与猪脂肪沉积的相关性具有科学意义, 为阐明脂肪酸结合蛋白主要家族基因 FABP1、FABP2、FABP3、FABP4 在猪机体脂肪沉积代谢途径中的调控机理奠定理论基础。

3 材料与方法

3.1 DNA 的提取及 DNA 池的构建

江口萝卜猪肌肉组织样采自江口县江口萝卜猪繁育中心。采用磁珠法动物组织基因组 DNA 抽提试剂盒提取江口萝卜猪肌肉组织 DNA, 用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取效果, 经紫外分光光度计检测每个 DNA 样品浓度, 加双蒸水调整 45 个 DNA 样品浓度至 100 ng/ μ L, 各取 10 μ L 构建

表 2 蛋白质突变前后二级结构分析

Table 2 The analytic of prediction of secondary protein structure with different mutation

		β - 转角(%) Beta turn (%)	α - 螺旋(%) Alpha helix (%)	无规卷曲(%) Random coil (%)	扩展链(%) Extended strand (%)
exon2-A131C	突变前 Before mutation	12.60 (16)	15.75 (20)	29.92 (38)	41.73 (53)
	突变后 After mutation	9.45 (12)	21.26 (27)	29.92 (38)	39.37 (50)
exon2-A65T	突变前 Before mutation	12.88 (17)	20.45 (27)	29.55 (39)	37.12 (49)
	突变后 After mutation	13.64 (18)	21.97 (29)	29.55 (39)	34.85 (46)
exon2-G40A	突变前 Before mutation	9.77 (13)	23.31 (31)	31.58 (42)	35.34 (47)
	突变后 After mutation	11.28 (15)	24.06 (32)	30.08 (40)	34.59 (46)

表 3 引物序列, 目的片段长度及退火温度

Table 3 Sequences of primer, predicted length and annealing temperature of amplified DNA

基因 Gene	引物 Primer	上游引物序列(5'-3') Sequence of the upstream primer (5'-3')	下游引物序列(5'-3') Sequence of the downstream primer (5'-3')	目的片段长度(bp) Target fragment length (bp)	退火温度(°C) Annealing temperature (°C)
FABP1	exon1	GCACTTGATTGACACCCAT	GTCCAGGGAGGAATAGCAT	448	62.7
	exon2	CCACTGACCTTCCCTTTC	TCCCTAAGACCTTCCTCC	555	61.5
	exon3	CTATTCA GAGCCAGAGCACA	GCAATGATGAGGGAGTAGTG	535	57.6
	exon4	ACTCCCTCATCATTGCCACAG	ACGAGAATCACCCCTTCAGACC	544	58.5
FABP2	exon1	ATCATCCTTCAATGCAGCT	CACAACAGGCACTATTCCC	391	55.3
	exon2	CACAACAGGCACTATTCCC	CTCCATTGGCTGCTTCAGTA	424	50.9
	exon3	CTCCATTGGCTGCTTCAGTA	AATCAGAAGGCATCAGAAAG	482	55.3
	exon4	ACACTTCTGATGCCCTTCTG	AAATGCTGCAAATTATTCGA	590	58.5
FABP3	exon1	AGCTGGGCTGTCTGACTC	CCTCCACCCTCCACTATC	474	61.2
	exon2	TGAAGACCTGGTGTAAAGCA	ACAACAAGAACCGGAAGT	387	52.7
FABP4	exon1	GGAGAACCAAAGTTGAGAAA	CAGAGTGAAAAACAGCCATA	383	56.5
	exon2	ACACACATACACGCATTCC	TTTTTTTCCCTCTTTTCCC	556	57.0
	exon3	GTATGCTGTTGCTTTTGGT	ATTGGAAGAGGTTAGGTGG	469	59.7
	exon4	CTCCACCATTGGAGAA	CCTAACACGGGCAACTTC	623	52.7

DNA 池。

3.2 特异性引物设计

从 NCBI 数据库中获得猪 FABP1、FABP2、FABP3、FABP4 基因 DNA 序列(GenBank 登录号分别为: NC_010445、NC_010450、NC_010448、NC_010446), 利用 Primer-BLAST 针对每个基因的每个外显子分别设计 1 对特异性引物, 共 14 对, 引物信息见表 3。

3.3 DNA 扩增测序

PCR 扩增得到 FABP1、FABP2、FABP3、FABP4 基因外显子序列。PCR 反应体系为 40 μ L: 2 \times Taq PCR Master Mix 试剂 20 μ L, 上、下游引物各 2.0 μ L, 基因组 DNA 4 μ L、双蒸水 12 μ L。PCR 扩增条件: 95 $^{\circ}$ C 预变性 3 min; 95 $^{\circ}$ C 变性 30 s; 退火 30 s, 退火温度参见上表 3; 72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s; 循环 35 个后 72 $^{\circ}$ C 终延伸 10 min。扩增的 PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳进行检测, 通过凝胶成像仪拍照并记录结果。

3.4 序列测序及分析

扩增的 PCR 产物委托上海英骏生物技术有限公司纯化后双向测序, 利用 DNASTar 软件对测序结果进行校正比对, 结合 BLAST 分析确定 SNPs。

3.5 SNPs 峰高测量及等位基因频率估算

利用 DNASTar 中的 SeqMan 软件查看测序结果, 并利用 MWSnap 测量各多态位点等位基因的对应峰高。通过如下公式估算各等位基因频率 (Suliman H.B et al., 2003)。

$$A_i = B_i / (B_a + B_b), i = a, b$$

式中 A_i 表示某多态位点等位基因频率, B_a 和 B_b 分别代表测序图上其 SNP 等位基因 a 、 b 峰高。

3.6 突变前后多态位点生物信息学分析

利用

<http://rna.tbi.univie.ac.at/cgi-bin/RNAfold.cgi> 软件进行 mRNA 二级结构预测;

利用

https://npsa-prabi.ibcp.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=npsa_sopma.html 软件进行蛋白质二级结构预测;

利用

<http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/phyre2/html/page.cgi?id=index> 软件进行蛋白质三级结构预测。

作者贡献

盘道兴为本研究试验执行者, 完成了试验操作、数据整理与分析及论文撰写; 杨茂林, 廖乔平, 杨昌平, 吴宇萍与盘道兴共同完成了样品采集和数据分析工作, 王振、谢海强协助论文修改工作; 刘若余为本研究项目负责人, 负责实验指导及论文修改。

致谢

本研究由贵州省农业攻关项目(黔科合 NY[2014]3045 号)和贵州省科技富民强县项目《江口萝卜猪养殖及深加工技术集成与示范》(黔科合县市科技计划[2012]7024 号)共同资助。贵州大学动物科学学院张依裕副教授对本研究的指导和帮助, 在此表示诚挚感谢。

参考文献

Chamberlain A.M., Schreiner P.J., Fornage M., et al, 2009, Ala54Thr polymorphism of the fatty acid binding protein 2 gene and saturated fat intake in relation to lipid levels and insulin resistance: the Coronary Artery Risk Development in Young

Adults(CARDIA) study, *Metabolism*, 58(9): 1222-1228

Chen L., 2013, Effect of fatty acid-binding proteins(FABPs)gene polymorphism on animal products quality, *Animal Husbandry and Feed Science*, 34(10): 82-84 (陈璐, 2013, 脂肪酸结合蛋白(FABPs)基因多态性对畜产品品质的影响, *畜牧与饲料科学*, 34(10): 82-84)

Chen Z.H., Xu L.M., Shan A.S., 2006, Fatty acid-binding proteins (FABPs) and their genes of FABPs, *Journal of Northeast Agricultural University*, 37(5): 689-692 (陈志辉, 徐良梅, 单安山, 2006, 脂肪酸结合蛋白及其基因, *东北农业大学学报*, 37(5): 689-692)

Gerbens F., Verburg F.J., Van Moerkerk H.T., et al, 2001, Associations of heart and adipocyte fatty acid-binding protein gene expression with intramuscular fat content in pigs, *J Anim Sci*, 79(2): 347-354

Guo R., 2006, Studies on polymorphism of H-FABP and A-FABP genes in min pig, landrace and Yorkshire, *Northeast Agricultural University, Thesis for M.S., Supervisor: Wang X.B., pp. 34-37* (郭瑞, 2006, 民猪、长白、大白 H-FABP 和 A-FABP 基因多态性的研究, 硕士学位论文, 东北农业大学, 导师: 王希彪, pp. 34-37)

Guo S.C., 2003, Studies on effects of Hal gene and H-FABP gene on partial economic traits in pigs, *Thesis for M.S., Hunan Agricultural University, Supervisor: Liu X.C., pp. 20-26* (郭松长, 2003, 氟烷基因、心肌脂肪酸结合蛋白基因对猪部分经济性性状影响的研究, 硕士学位论文, 湖南农业大学, 导师: 柳小春, pp. 20-26)

Her G.M., Yeh Y.H., Wu J.L., 2004, Functional conserved elements mediate intestinal-type fatty acid binding protein(I-FABP)expression in the gut epithelia of zebrafish larvae, *Development Dynamics*, 230: 734-742

Hui Y.T., Yang Y.Q., Liu R.Y., 2014, Analysis of mRNA expression difference and relationship with intramuscular fat content of APOA5 and APOC3 genes in pig, *Genomics and Applied Biology*,

- 33(1): 94-99 (惠嫣婷, 杨永强, 刘若余, 2014, 猪 APOA5 和 APOC3 基因 mRNA 的表达差异及与肌肉脂肪沉积的相关性分析, 基因组学与应用生物学, 33(1): 94-99)
- Jiang J.J., Chen L.X., Zou Z.D., 2009, Research progress on fatty acid binding protein, *Animal Husbandry and Feed Science*, 30(2): 6-8(蒋金津, 陈立祥, 邹增丁, 2009, 脂肪酸结合蛋白的研究进展, 畜牧与饲料科学, 30(2): 6-8)
- Jiang Y.Z., Li X.W., 2006, Relationship between BsmI louse polymorphism of porcine adipocyte fatty acid binding protein gene and content of intramuscular fat, *Chinese Journal of Animal Science*, 42(7): 1-3(姜延志, 李学伟, 2006, 猪脂肪细胞型脂肪酸结合蛋白基因 BsmI 位点多态性与肌肉脂肪含量的相关研究, 中国畜牧杂志, 42(7): 1-3)
- Jiang Y.Z., Li X.W., Yan G.X., 2006, Sequence characterization, tissue-specific expression and polymorphism of the porcine(Sus scrofa)liver-type fatty acid binding protein gene, *Acta Genetica Sinica*, 2006, 33(7):598-606
- Nakata T., 2003, Human as an early diagnostic and heart-type fatty acid-binding protein prognostic marker in acute coronary syndrome, *Cardiology*, 99(2): 96-104
- Suliman H.B., Carraway M.S., Piantadosi C.A., 2003, Postlipopolysaccharide oxidative damage of mitochondrial DNA, *American Journal of Respiratory and Critical Care Medicine*, 167(4): 570-579
- Zhu R.Z., Yi S.H., Wang Y.H., 2013, The gene expression of MDH and LPL in muscle and their association with content of intramuscular fat and composition of fatty acids in pigs, *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 44(8): 1182-1188(祝仁铸, 尹逊河, 王元虎, 2013, 猪肌肉组织 MDH 和 LPL 基因表达与肌肉脂肪含量和脂肪酸组成关系的研究, 畜牧兽医学报, 44(8): 1182-1188)