

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2009.00725

绵羊 *H-FABP* 基因单核苷酸多态性的研究

乔海云^{1,2}, 赵倩君¹, 姚娜¹, 卢亚洲¹, 孟详人^{1,3}, 韩健林¹, 关伟军¹, 马月辉¹

1. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100193;
2. 河北工程大学农学院, 邯郸 056000;
3. 黑龙江省农业科学院畜牧所, 哈尔滨 150086

摘要: 以小尾寒羊(48只)、宁夏滩羊(121只)、滩寒杂交羊F₁(23只)、无角陶塞特(48只)、萨福克(24只)5个绵羊群体为实验材料, 利用PCR-SSCP和DNA测序技术对心脏型脂肪酸结合蛋白(*H-FABP*)基因(GenBank登录号: AY157617)外显子2和内含子2部分序列进行单核苷酸多态性(SNPs)检测及遗传多态性分析。结果表明: (1)引物2的PCR扩增产物中存在981(G/A)、1014(A/C)、1019(T/C)和1058(-/G)4个SNP位点, 表现为AA、BB、CC、AB、AC、BC、AD、CD和BD9种基因型, 其中AA为优势基因型。经 χ^2 检验后, 除滩羊和萨福克羊外, 其他群体的基因频率和基因型频率均处于Hardy-Weinberg平衡状态。群体遗传多态性分析表明: 宁夏滩羊、小尾寒羊和无角陶塞特羊3个群体中的多态信息含量(PIC)均处于0.25和0.50之间, 为中度多态, 萨福克羊和滩寒杂交羊F₁为低度多态(PIC<0.25), 表明脂肪酸结合蛋白基因在不同绵羊品种中具有单核苷酸多态性, 可以进一步作为候选基因来分析其与肌肉脂肪含量性状的关联性。(2)引物4的PCR扩增产物中检测到1个SNP多态位点为2407(T/C), 表现为HH、Hh和hh3种基因型, 基因型频率大小为HH>Hh>hh, 经 χ^2 检验后, 在滩羊和无角陶塞特羊中均为达到Hardy-Weinberg平衡状态, 其多态信息含量均为低度多态(PIC<0.25), 而在小尾寒羊、滩寒杂交羊F₁和萨福克羊均没有多态出现。

关键词: 绵羊; 心脏型脂肪酸结合蛋白基因; 单核苷酸多态性

Study on single nucleotide polymorphisms of *H-FABP* gene in sheep

QIAO Hai-Yun^{1,2}, ZHAO Qian-Jun¹, YAO Na¹, LU Ya-Zhou¹, MENG Xiang-Ren^{1,3}, HAN Jian-Lin¹, GUAN Wei-Jun¹, MA Yue-Hui¹

1. Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China;
2. College of Agriculture, Hebei University of Engineering, Handan 056000, China;
3. Institute of Animal Science, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China

Abstract: PCR-SSCP and DNA sequencing approaches were applied to assess the single nucleotide polymorphisms (SNPs) and analyze the genetic polymorphisms at partial exon 2 and intron 2 of *H-FABP* (Heart fatty acid-binding protein) gene, and five sheep populations that comprised of Small-Tailed Han sheep (SH, 48), Ningxia Tan sheep (Tan, 121), Tan × SH F₁ (23), Poll Dorset (48) and Suffolk (24) sheep were screened in this study. The result showed: (1) four SNPs at 981(G/A), 1014(A/C), 1019(T/C) and 1058(-/G) and nine genotypes (AA, BB, CC, AB, AC, BC, AD, CD and BD) were detected using primer 2, the AA was the predominant genotype. A chi-square analysis suggested that the allele frequencies

收稿日期: 2008-11-20; 修回日期: 2009-04-04

基金项目: “十一五”国家科技支撑项目(编号: 2006BAD13B08), 国家高技术研究发展计划(863计划)项目(编号: 2006AA10Z198)资助

作者简介: 乔海云(1971-), 女, 硕士, 讲师, 研究方向: 畜禽遗传资源分子评价。Tel: 010-62815884, E-mail: qiaohaiyun711@163.com

通讯作者: 关伟军(1966-), 男, 教授, 博士生导师, 研究方向: 动物遗传资源。Tel: 010-62815992, E-mail: wjguan86@126.com

马月辉(1964-), 男, 研究员, 博士生导师, 研究方向: 畜禽遗传资源分子评价。Tel: 010-62813463, E-mail: yuehui.ma@263.net

and genotype frequencies of *H-FABP* were in Hardy-Weinberg equilibrium except the Tan and Suffolk populations. Statistical analysis revealed a low polymorphism information content (*PIC*) in the Suffolk and Tan × SH F₁ populations (*PIC* < 0.25) but an intermediate *PIC* in the remaining three populations (0.25 < *PIC* < 0.50). It meant that the fragment of *H-FABP* had polymorphisms, which could be used as a candidate gene associated gene with phenotypic traits like intramuscular fat content in different sheep populations. (2) Three genotypes (*HH*, *Hh* and *hh*) determined by a SNP at 2407(T-C) were detected using primer 4. The genotype frequencies were in the order of *HH* > *Hh* > *hh*. A chi-square analysis suggested that the allele frequencies and genotype frequencies of *H-FABP* were in Hardy-Weinberg equilibrium in the Tan and Poll Dorset populations, and the *PIC* values were low (*PIC* < 0.25). However, there was no polymorphisms in SH, Tan × SH F₁ and Suffolk populations.

Keywords: sheep; *H-FABP*; SNPs

羊肉的品质主要取决于胴体肌肉的数量、颜色、肌肉脂肪的含量与分布以及肌肉的嫩度、多汁性和风味等,在现代肉羊育种中,人们除了对体型、体重、饲料报酬、产肉率等数量性状的选择外,对肉质风味和多汁性等质量性状也给予了极大的关注。肌肉中的肌内脂肪(Intramuscular fat, IMF)主要存在于肌外膜和肌束膜,是具有中等偏高遗传力的重要经济性状。大量研究表明,肌内脂肪是形成肌肉风味的主要前体物质,与肉质及口感呈正相关,因为它影响肉质的嫩度、风味和多汁性,特别是肉的多汁性。当肌束和肌纤维间沉积一定脂肪时,肉的断面大理石纹状评分较高,不仅鲜嫩,而且柔嫩多汁,是理想的肉品^[1,2]。Barton-Gade^[3]对 8 个品种 2 111 头猪进行了研究,发现肌内脂肪的遗传力在 0.5~0.76。这一性状由多基因控制,但存在主基因效应^[4]。

脂肪酸结合蛋白(Fatty acid-binding proteins, FABPs)是一组低分子量(14~15 kDa 左右)结合长链脂肪酸的胞质蛋白。在机体内FABPs参与细胞内脂肪酸的摄取,协助将脂肪酸运到其进行 β -氧化的场所以及甘油三脂和磷脂的合成部位^[5]。FABPs还可能以调节细胞内脂肪酸浓度的方式来调控机体内多种多样的生化过程,尤其是脂类代谢的过程^[6]。FABPs分布于哺乳动物的心肌、小肠、肝脏、脂肪组织、脑、表皮等组织中^[7,8],目前,已经发现至少有 9 种组织特异性的胞质FABPs,分别为脂肪细胞型、脑型、表皮型、心脏型、小肠型、回肠型、肝脏型、髓磷脂型、睾丸型^[9]。其中心脏型脂肪酸结合蛋白(H-heart fatty acid-binding proteins, H-FABP)主要在几个对脂肪酸有高度需求的组织中表达,如心肌、骨骼肌和泌乳的乳腺,它的主要作用是在细胞内与脂

肪酸结合,使细胞内外保持一定的浓度差,促使细胞摄取脂肪酸^[10]。研究表明,心脏脂肪酸结合蛋白基因可作为影响IMF含量的候选基因^[2,11,12]。

Gerberns等^[8]利用人-鼠比较图谱和猪/啮齿动物细胞杂交系,将猪的*H-FABP*基因定位于 6 号染色体上。其编码区和侧翼测序的结果表明,*H-FABP*基因含有 4 个外显子、3 个内含子。鸡的*H-FABP*基因定位于 2 号染色体上。牛的*H-FABP*基因的cDNA也被克隆,其ORF框编码蛋白含有 133 个氨基酸残基^[9]。羊的*H-FABP*基因定位于 2 号染色体上。

目前,猪、鸡、牛的*H-FABP*基因已被相继克隆和定位,并进行了多态性与肌内脂肪含量的关联分析,结果表明,不同基因型之间的肌内脂肪含量有显著差异。但是不同绵羊品种之间该基因是否存在差异方面的研究还较少。因此,本实验根据GenBank发表的绵羊的*H-FABP*基因序列(AY157617)设计引物,以小尾寒羊、宁夏滩羊、滩寒杂交羊F₁代、无角陶塞特羊、萨福克羊 5 个品种为实验材料,利用PCR-SSCP和DNA测序技术对*H-FABP*基因的exon2及intron2进行了单核苷酸多态性(Single nucleotide polymorphisms, SNPs)检测和群体遗传多态性分析,为下一步进行该基因与肌内脂肪性状的关联分析奠定理论基础,并寻找与肉质风味性状相关的遗传标记,为绵羊的肉品质育种提供依据。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 实验材料

以 5 个绵羊品种 264 只个体作为实验材料,其

中包括小尾寒羊 48 只(山东嘉祥种羊场)、宁夏滩羊 121 只(宁夏盐池县滩羊繁育中心)、滩寒杂交羊 F_1 代 24 只(宁夏盐池县滩羊繁育中心)、无角陶塞特羊 48 只(中国农科院北京畜牧兽医研究所昌平基地)和萨福克羊 23 只(中国农科院北京畜牧兽医研究所昌平基地)。取耳组织放入加有 75%酒精的离心管中, 4 保存。

1.1.2 主要试剂

Taq DNA 聚合酶、dNTPs、10×PCR buffer(不含镁离子)以及 DNA Marker、琼脂糖凝胶 DNA 回收试剂盒, 均购自天根生化科技(北京)有限公司。

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取

常规的酚-氯仿抽提法从绵羊的耳组织中提取基因组 DNA, TE 溶解。紫外分光光度计检测基因组 DNA 的浓度和纯度, 稀释至 100 ng/ μ L, 4 保存备用。

1.2.2 引物设计与合成

根据 GenBank 上发表的绵羊 *H-FABP* 基因序列(GenBank 登录号: AY157617), 用 Primer 5.0 软件对 *H-FABP* 基因的 exon2 及 intron2 设计引物, 引物由上海生工生物工程技术有限公司合成。引物序列见表 1。

1.2.3 PCR 扩增

PCR 扩增反应体系为 15 μ L, 包括 10×PCR buffer(不含镁离子)1.5 μ L, 10 mmol/L 的 dNTP 1 μ L, 10 pmol/L 的上下游引物各 0.25 μ L, *Taq* DNA 聚合酶 0.25 μ L, DNA 模板(100 ng/L)3 μ L, ddH₂O 补充至 15 μ L。PCR 扩增条件为 94 预变性 5 min; 94 变性 30 s, 复性 30 s(各引物复性温度见表 1), 72 延伸 30 s,

30 个循环; 72 延伸 10 min; 4 保存。PCR 产物用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测, UV-1000 凝胶成像系统拍照。

1.2.4 SSCP 法检测单核苷酸多态性

取 3 μ L PCR 产物, 加入 9 μ L 的 Loading buffer, 混匀, 98 变性 10 min, 然后迅速放入冰浴中至少 5 min, 使之保持变性状态。变性后的 PCR 产物用 12% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶(Acr:Bis=29:1) 在 1×TBE 电泳溶液中进行检测。电泳条件为温度 4、电压 160 V, 12~14 h。银染显色后, 统计各种基因型的个体数, 并用凝胶成像系统拍照。

1.2.5 序列测定

经 SSCP 分析后, 将其中纯合基因型个体的 PCR 扩增产物纯化后送北京诺塞基因公司直接进行测序, 以 PCR 反应引物作为测序引物, 正反两个方向各测 1 次。测序结果通过 ContigExpress 软件拼接后, 用 BioEdit 软件进行比较, 检测核苷酸变异位点。

1.2.6 数据统计分析

统计有多态的 PCR 扩增片段 SSCP 出现的每种基因型的数量, 应用 PopGen32^[13, 14] 软件计算其基因型频率、等位基因频率、群体杂合度(Heterozygosity, *H*)、有效等位基因数(Effective allele numbers, *N_e*), 利用 Micrisatellite-Toolkit 软件^[15] 计算多态信息含量(Polymorphism information content, *PIC*), 并检验群体内基因型分布是否符合 Hardy-Weinberg 平衡定律。

2 结果与分析

2.1 SSCP 检测结果

对各引物的 PCR 扩增产物片段进行 SSCP 检测, 在引物 2 的扩增片段上发现 4 个等位基因、9 种基

表 1 绵羊 *H-FABP* 基因的引物序列

| 引物 | 引物序列(5' 3') | 片段位置 | 扩增长度(bp) | 复性温度(°C) |
|----|--|-----------------------------|----------|----------|
| P1 | F: TCTCACCCGCCTCTTCTC R: ACGGCTCCTTCTCAACT | exon2, 部分 intron2(676~981) | 306 | 57.8 |
| P2 | F: GATGAGACCACAGCAGAT R: CAGGGAAGAGAACAAGAG | 部分 exon2, intron2(928~1133) | 206 | 55 |
| P3 | F: CCATACACCTTCACCTCCTT R: GGTCAAATGTCCACTTCGTC | intron2 (1914~2251) | 338 | 57.8 |
| P4 | F: AAGACGAAGTGGACATTG R: GAGACTCCCTGGTGGTGAT | intron2 b(2230~2444) | 215 | 57.8 |

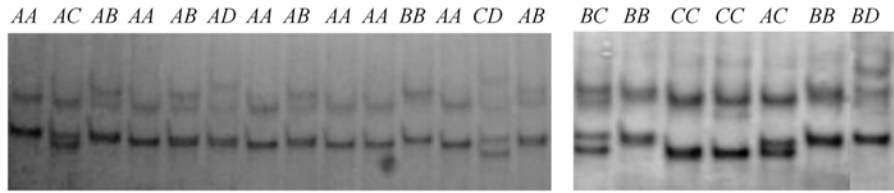


图 1 引物 2 对不同绵羊品种扩增产物的 SSCP 检测结果(12% PAGE)

因型, 3 种纯合基因型分别定义为 AA 型、BB 型和 CC 型, 杂合基因型定义为 AB 型、AC 型、AD 型、BC 型、BD 型、CD 型(图 1); 在引物 4 的扩增片段上发现了 3 种基因型, 分别定义为 HH 型、Hh 型、hh 型(图 2)。但在引物 1 和引物 3 的扩增片段上均没有发现多态。

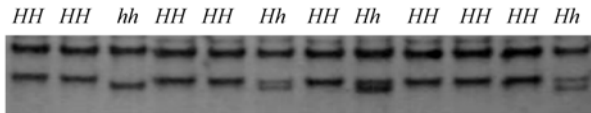


图 2 引物 4 对不同绵羊品种扩增产物的 SSCP 检测结果(12% PAGE)

2.2 序列分析结果

取 AA、BB、CC、HH、hh 5 种纯合基因型的 PCR 产物直接进行测序。将测序结果与 GenBank 上发表的绵羊的 *H-FABP* 基因序列(AY157617)在软件 Bioedit 中进行比对。结果发现 AA 型、BB 型和 CC 型在第 981 处、1019 处和 1014 处分别发生了 G→A、T→C 和 A→C 的单碱基突变, 此外, BB 型还在 1058 处发生了 G 碱基的插入; HH 型与 GenBank(AY157617)中的序列一致; hh 型在 2407 处发生了 T→C 的单碱基突变。具体结果如图 3 和图 4 所示。

2.3 遗传多态性分析

统计引物 2 和引物 4 的扩增产物经 SSCP 分析后产生的基因型数量, 并计算它们的基因型和等位基因频率, 结果见表 2。可以看出, A 等位基因的频率显著高于其他等位基因频率, AA 型为优势基因型, 在所有的品种中均没有检测到 DD 基因型, 这一特点是否预示其在绵羊中存在隐性 DD 型个体早期致死现象还须进一步研究证实。H 等位基因频率显著高于 h 等位基因频率, HH 基因型频率也显著高于 Hh 和 hh 基因型频率。H 等位基因频率和 HH 基因型频率在

小尾寒羊、滩寒杂交羊和萨福克羊中均为 1.0, 没有检测出 Hh 基因型和 hh 基因型, 呈现严重的偏态, 仅在无角陶塞特羊中检测到了 hh 基因型。

PIC、H、Ne 和 Hardy-Weinberg 平衡检验见表 3, 结果表明引物 2 在滩羊、小尾寒羊和无角陶塞特羊 3 个群体中的多态信息含量(PIC)均处于 0.25 和 0.50 之间, 处于中度多态。萨福克羊和滩寒杂交羊为低度多态(PIC<0.25)。经 χ^2 检验, 小尾寒羊、滩寒杂交羊和无角陶塞特羊均达到 Hardy-Weinberg 平衡状态, 而滩羊、萨福克羊在该部位的突变没有达到平衡状态。引物 4 在小尾寒羊、滩寒杂交羊和萨福克羊均没有多态出现, 仅在滩羊和无角陶塞特羊有低度多态(PIC<0.25), 经 χ^2 检验均达到 Hardy-Weinberg 平衡状态。

3 讨论

对绵羊 *H-FABP* 基因第二外显子和第二内含子的部分序列未知的单核苷酸多态位点检测结果发现引物 2 和引物 4 扩增产物存在多态, 共检测到 4 个位点的单碱基突变和 1 处碱基插入。结果表明不同群体基因型频率、等位基因频率分布存在差异, 在该基因的引物 2 中, 所有的品种均没有检测到 DD 基因型, 这一现象可能是由于样本含量较小或在绵羊中存在隐性 DD 型个体早期致死, 还需进一步研究证实。尤其是在引物 4 中, Hh 基因型和 hh 基因型的频率很低, 仅在无角陶塞特羊中检出 hh 型, 其他绵羊品种中均为零, 这可能与样本含量较小有一定关系。

本实验引物 2 中滩羊、萨福克羊偏离了 Hardy-Weinberg 平衡状态, 可能与这两个品种在该基因位点受到了较强的人工选择作用有关。多态信息含量、杂合度和有效等位基因数都可用来衡量群体内遗传变异的大小。Botstein 等^[16]提出了衡量基因变异程度高低的多态信息含量指标: 当 PIC>0.5 时, 为高度

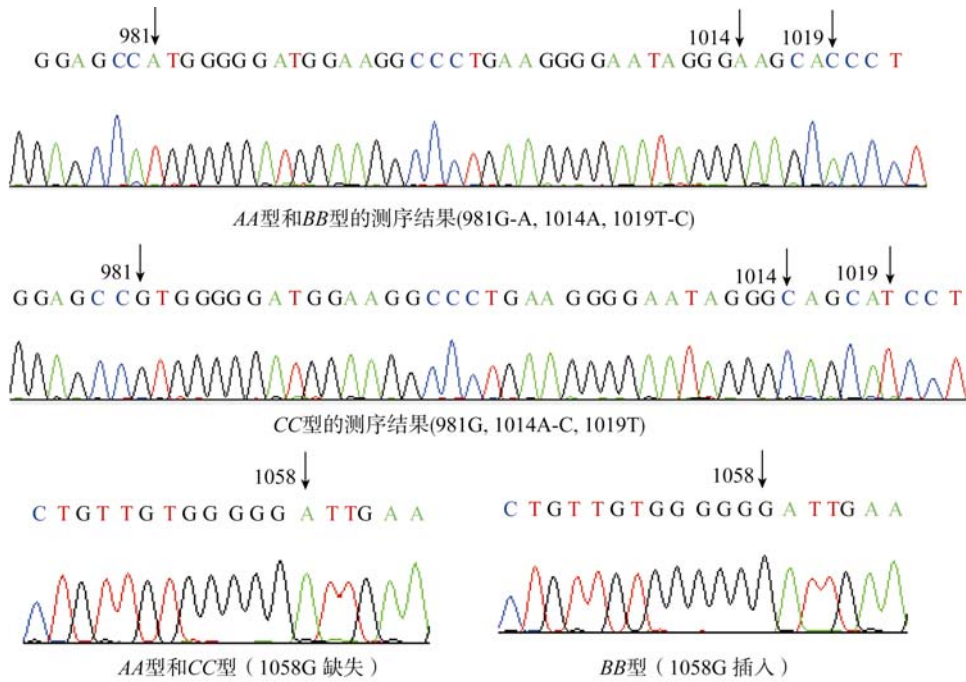


图 3 基因型 AA、BB、CC 的测序结果

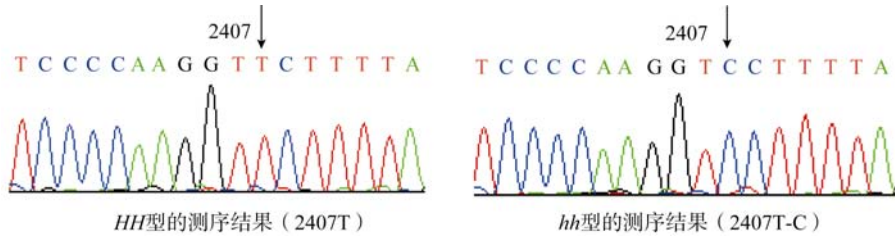


图 4 基因型 HH、hh 的测序结果

表 2 *H-FABP* 基因的等位基因频率和基因型频率

| 引物 | 项目 | 基因型 | 小尾寒羊(48 只) | 滩羊(121 只) | 滩寒杂交羊F ₁ (23 只) | 无角陶塞特(48 只) | 萨福克(24 只) |
|----|--------|--------|------------|-----------|----------------------------|-------------|-----------|
| P2 | 基因型频率 | AA | 0.4167 | 0.3967 | 0.6957 | 0.5208 | 0.8750 |
| | | AB | 0.0208 | 0.0826 | 0.0000 | 0.2708 | 0.0000 |
| | | BB | 0.0000 | 0.0413 | 0.0000 | 0.0417 | 0.0000 |
| | | AC | 0.4583 | 0.2397 | 0.3043 | 0.1042 | 0.0417 |
| | | BC | 0.0417 | 0.0744 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | | CC | 0.0000 | 0.1240 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0833 |
| | | AD | 0.0625 | 0.0165 | 0.0000 | 0.0417 | 0.0000 |
| | | BD | 0.0000 | 0.0083 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | | CD | 0.0000 | 0.0165 | 0.0000 | 0.0208 | 0.0000 |
| | | DD | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| P2 | 等位基因频率 | A | 0.6880 | 0.5660 | 0.8480 | 0.7290 | 0.8960 |
| | | B | 0.0310 | 0.1240 | 0.0000 | 0.1770 | 0.0000 |
| | | C | 0.2500 | 0.2890 | 0.0000 | 0.0630 | 0.1040 |
| | | D | 0.0310 | 0.0210 | 0.1520 | 0.0310 | 0.0000 |
| P4 | 基因型频率 | HH | 1.0000 | 0.8600 | 1.0000 | 0.7080 | 1.0000 |
| | | Hh | 0.0000 | 0.1400 | 0.0000 | 0.2500 | 0.0000 |
| | | hh | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0420 | 0.0000 |
| | | 等位基因频率 | H | 1.0000 | 0.9300 | 1.0000 | 0.8330 |
| | | h | 0.0000 | 0.0700 | 0.0000 | 0.1670 | 0.0000 |

表 3 群体在各基因座位的多态信息含量、杂合度、有效等位基因数及 χ^2 检验

| 群体 | 多态信息含量 (PIC) | | 杂合度 (He) | | 纯合度 (Ho) | | 有效等位基因数 (Ne) | | χ^2 | |
|-------------|------------------|--------|--------------|--------|--------------|--------|------------------|--------|-----------------------|----------------------|
| | 引物 | | 引物 | | 引物 | | 引物 | | 引物 | |
| | P2 | P4 | P2 | P4 | P2 | P4 | P2 | P4 | P2 | P4 |
| 小尾寒羊 | 0.4017 | 0 | 0.4678 | 0 | 0.5322 | 1 | 1.8618 | 1 | 8.8191 ^{ns} | |
| 滩羊 | 0.5136 | 0.1221 | 0.5825 | 0.1312 | 0.4175 | 0.8688 | 2.3812 | 1.1503 | 16.9697 ^{**} | 0.6476 ^{ns} |
| 滩寒杂交羊 F_1 | 0.2247 | 0 | 0.2638 | 0 | 0.7362 | 1 | 1.3478 | 1 | 0.6235 ^{ns} | |
| 无角陶塞特 | 0.3932 | 0.2392 | 0.4366 | 0.2807 | 0.5634 | 0.7193 | 1.7608 | 1.3846 | 5.6137 ^{ns} | 0.6073 ^{ns} |
| 萨福克 | 0.1692 | 0 | 0.1906 | 0 | 0.8094 | 1 | 1.2295 | 1 | 17.9721 ^{**} | |

注: $PIC > 0.5$ 为高度多态, $0.5 > PIC > 0.25$ 为中度多态, $PIC < 0.25$ 为低度多态。 **表示差异极显著 ($P < 0.01$), ns 表示没有显著差异 ($P > 0.05$)。

多态位点; 当 $0.25 < PIC < 0.5$ 时, 为中度多态性位点; $PIC < 0.25$ 时, 为低度多态位点。 PIC 高, 杂合度大, 说明群体在该位点的遗传变异性高。 本实验中滩羊群体的多态信息含量、杂合度、有效等位基因数在引物 2 位点均最高, 表明滩羊群体的遗传多态性丰富, 选择的遗传潜力最大, 其他品种略为逊色。

内含子在基因序列中不编码氨基酸的序列, 现有的研究表明内含子具有以下功能^[17-19]: 在高等生物中, 内含子的长度远大于外显子, 大部分随机突变会发生在内含子中, 内含子的存在使得高等生物对突变的耐受力大大增强; 某些内含子中间碱基的变异影响了剪接, 从而导致疾病; 内含子可能与基因的表达调控有关; 某些编码基因可能位于内含子中。 本实验中PCR-SSCP检测的突变位点全部位于内含子 2 上, 虽然内含子不参与蛋白质的合成, 但是内含子的变异可能会影响 $H-FABP$ 基因外显子的“协调”, 或者发挥出“位置效应”, 也可能是它影响了基因表达过程中的正确剪切进而影响了蛋白质的翻译^[20], 最终影响了该基因对绵羊肉质性状中肌内脂肪的沉积作用, 但具体原因还需要进一步研究。

将纯合基因型的测序结果与GeneBank上的原始序列分别进行比对, 结果发现 $H-FABP$ 基因的多态性是由G 981 A、A 1014 C、T 1019 C、T 2407 C突变及BB基因型 1058 位点G碱基的插入造成的, 其中包括两种类型的变异: 单个碱基的突变和插入。 突变是生物进化的基础, 目前已经广泛认为它是造成基因组差异的主要原因之一^[21]。 而且有研究预见插入/缺失突变对于基因组进化的贡献比碱基突变要大得多^[22]。 本研究在宁夏滩羊和无角陶塞特群体 $H-FABP$ 基因中首次发现了一处单碱基的插入, 这一研究结

果将为绵羊的起源、进化及分子系统发育分析提供一定的理论依据。 也为进一步分析 $H-FABP$ 基因与肌内脂肪性状的相关关系, 从而确定能否用于绵羊肌内脂肪沉积的选择标记奠定了基础。

参考文献(References):

- [1] Urban T, Mikolášová R, Kuciel J, Ernst M, Ingr I. A study of association of the H-FABP genotypes with fat and meat production of pigs. *J Appl Genet*, 2002, 43(4): 505-509.
- [2] Gerbens F, Verburg FJ, Van Moerkerk HT, Engel B, Buist W, Veerkamp JH, te Pas MF. Associations of heart and adipocyte fatty acid-binding protein gene expression with intramuscular fat content in pigs. *J Anim Sci*, 2001, 79(2): 347-354.
- [3] 苏玉虹, 熊远著, 邓昌彦. 猪肉肉质性状基因定位研究进展. *遗传*, 2000, 22(5): 334-338.
- [4] Janss L, van Arendonk J, Brascamp E. Bayesian statistical analysis for presence of single genes affecting meat quality traits in a crossed pig population. *Genetics*, 145: 395-408.
- [5] Veerkamp JH, Maatman RG. Cytoplasmic fatty acid-binding proteins: their structure and genes. *Prog Lipid Res*, 1995, 34(1): 17-52. [\[DOI\]](#)
- [6] Veerkamp JH, van Kuppevelt TH, Maatman RG, Prinsen CF. Structural and functional aspects of cytosolic fatty acid-binding proteins. *Prostaglandins Leukot Essent Fatty Acids*, 1993, 49(6): 887-906. [\[DOI\]](#)
- [7] Ohkaru Y, Asayama K, Ishii H, Nishimura S, Sunahara N, Tanaka T, Kawamura K. Development of a sandwich enzyme linked immunosorbent assay for the determination of human heart type fatty acid-binding protein in plasma and urine by using two different monoclonal antibodies specific for human heart fatty acid-binding protein. *J Immunol Methods*, 1995, 178(1): 99-111. [\[DOI\]](#)
- [8] Glatz JF, van der Vusse GJ. Cellular fatty acid-binding proteins: their function and physiological significance.

- Prog Lipid Res*, 1996, 35(3): 243–282. [DOI]
- [9] Hanhoff T, Lücke C, Spener F. Insights into binding of fatty acids by fatty acid binding proteins. *Mol Cell Biochem*, 2002, 239 (1–2): 45–54. [DOI]
- [10] Schaap FG, van der Vusse GJ, Jan FC. Glatz fattyacid-binding protein in the heart. *Mol Cell Biochem*, 1998, 180: 43–51. [DOI]
- [11] Gerbens F, Jansen A, van Erp AJ, Harders F, Meuwissen TH, Rettenberger G, Veerkamp JH, te Pas MF. The adipocyte fatty acid-binding protein locus: characterization and association with intramuscular fat content in pigs. *Mamm Genome*, 1998, 9(12): 1022–1026. [DOI]
- [12] Gerbens F, van Erp AJ, Harders FL, Verburg FJ, Meuwissen TH, Veerkamp JH, te Pas MF. Effect of genetic variants of the heart fatty acid-binding protein gene on intramuscular fat and performance traits content in pigs. *J Anim Sci*, 1999, 77(4): 846–852.
- [13] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1973, 70(12): 3321–3323. [DOI]
- [14] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 1978, 89(3): 583–590.
- [15] Park SDE. Trypanotolerance in west african cattle and the population genetic effects of selection [Dissertation]. University of Dublin, 2001.
- [16] Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet*, 1980, 32(3): 314–331.
- [17] Sontheimer EJ. Bridging sulfur substitutions in the analysis of pre-RNA splicing. *Methods*, 1999, 18(1): 29–37. [DOI]
- [18] Tosi M. Molecular genetics of C1 inhibitor. *Immunobiology*, 1998, 199(2): 358–365.
- [19] Mallet J, Houhou L, Pajak F, Oda Y, Cervini R, Bejanin S, Berrard S. The cholinergic locus: ChAT and VACHT genes. *J Physiol Paris*, 1998, 92(2): 145–147. [DOI]
- [20] 王宁, 陈润生. 基于内含子和外显子的系统发育分析的比较. *科学通报*, 1999, 19(1): 6–9.
- [21] 陈玲玲, 彭贵子, 张伟丽, 田大成. 突变在基因组进化中的意义. *遗传*, 2006, 28(5): 631–638.
- [22] Edwards JD, Lee VM, McCouch SR. Sources and predictors of resolvable indel polymorphism assessed using the rice as a model. *Mol Genet Genomics*, 2004, 271(3): 298–307. [DOI]

•综合信息•

东北三省遗传学研究进展学术研讨会将在延吉召开

为了交流遗传学领域的新成果、新进展,由吉林省遗传学会、黑龙江省遗传学会、辽宁省遗传学会、延边生物学会联合主办,吉林省遗传学会、延边生物学会和延边大学承办的“东北三省遗传学研究进展学术研讨会”定于2009年8月10–12日在吉林省延吉市延边大学召开。会议将围绕近年来东北地区及国内外遗传学各个领域的新进展进行广泛学术交流。主要采取大会报告、分会报告和壁报交流三种形式。欢迎从事遗传学及其相关学科研究的科研及教学工作者踊跃参加。

1 会议时间:2009年8月10–12日,10日全天报到,全天有接站。

2 报到地点:罗京饭店(地址:延吉市延西街东南路口,电话:0433-5011101,5013333,13904438676,乘车路线:朝阳川机场,乘出租车大约20元左右;延吉火车站:乘6路公交车公园小学站,站台西南20米左右即到罗京饭店,出租车大约5元左右)。

3 会议地点:延边大学综合楼七楼会议室

4 会议费:正式代表600元/人,遗传学会会员或生物学会会员(凭会员证)400元/人,学生代表200元/人。会议统一安排食宿,住宿费自理。

联系人:杨康鹏(13620708625),E-mail: yangkj@ybu.edu.cn

张子波(13624437066),E-mail: zhangzb@ybu.edu.cn