

鸭 A-FABP 基因多态性在品种和世代间的比较分析

董 魏^{1,2},秦豪荣^{1,2},王 健¹,孙国波^{1,2},纪荣超²

(1. 江苏农牧科技职业学院,江苏 泰州 225300; 2. 国家级水禽基因库,江苏 泰州 225300)

摘要:为了解脂肪型脂肪酸结合蛋白(adipocyte fatty-acid binding protein, *A-FABP*)基因在不同鸭品种、世代间的突变情况,以山麻鸭、巢湖鸭、金定鸭(3个世代群体)等9个鸭品种为材料,设计2对引物,用SSCP方法检测*A-FABP*基因多态性,比较不同鸭品种之间、金定鸭3个世代群体之间基因型、等位基因频率、群体遗传参数。结果显示,9个鸭品种中共形成A、B、C、D4个等位基因,对不同基因型序列进行比较发现,在内含子1中有6个单核苷酸突变。在9个鸭品种中,B等位基因频率均明显高于A、C、D。大部分鸭品种之间基因型频率存在显著性差异,金定鸭3个世代群体之间基因型频率无明显差异。所有鸭品种的群体杂合度都在0.4以上,山麻鸭、攸县麻鸭、广西小麻鸭、金定鸭3个世代群体均为中度多态,其他鸭品种为高度多态。除山麻鸭和临武鸭外,其他鸭品种均处于Hardy-Weinberg平衡状态。可见,鸭不同品种中*A-FABP*基因具有丰富的单核苷酸多态性,采用小群保种方式,金定鸭*A-FABP*基因多态位点形成的基因型频率在世代间无显著性变化。

关键词:鸭;*A-FABP*基因;单链构象多态性;单核苷酸多态性;遗传分析

中图分类号:S834 **文献标志码:**A **文章编号:**1004-3268(2016)08-0131-05

Comparative Study of Polymorphism in Breeds and Generations Based on Duck *A-FABP* Gene

DONG Biao^{1,2}, QIN Haorong^{1,2}, WANG Jian¹, SUN Guobo^{1,2}, JI Rongchao²

(1. Jiangsu Agri-animal Husbandry Vocational College, Taizhou 225300, China;

2. National Gene Bank of Waterfowl Resources, Taizhou 225300, China)

Abstract: The purpose was to understand the information about mutations of *A-FABP* gene among different breeds and generation. Nine duck breeds(Shan Partridge duck, Chaohu duck, three generational populations of Jinding duck, and so on) were used, two pairs of primers were designed to detect polymorphism of *A-FABP* gene by the technique of SSCP. The genotype frequency, allele frequency, population genetic parameter were compared among different duck breeds and three generational populations of Jinding duck. Allele A, B, C and D were found in nine duck breeds. Six mutations were found in the first intron through comparison of the sequence among different genotypes. The frequency of allele B was significantly higher than allele A, C and D among nine duck breeds. The genotype frequency was significantly different among many duck breeds, but the genotype frequency was not significantly different among Jinding duck's three generational populations. The heterozygosity was higher than 0.4 in all duck breeds. The data of PIC indicated that Shan Partridge duck, Youxian duck, Guangxi Small Partridge duck and Jinding duck three generational populations belonged to the middle level of polymorphism, and other duck breeds belonged to the high level of polymorphism. Except for Shanma duck and Linwu duck, other duck breeds accorded with Hardy-Weinberg's equilibrium law. Different duck

收稿日期:2016-02-09

基金项目:江苏省农业三新工程项目(SXGC[2015]304);江苏省农业自主创新资金项目[CX(14)2072]

作者简介:董 魏(1982-),男,江苏盐城人,讲师,硕士,主要从事水禽种质资源保护与开发利用研究。

E-mail:dongbiao8201@126.com

breeds had affluent mononucleotide polymorphism in *A-FABP* gene, and the genotype frequency was significantly different in many breeds. The genotype frequency of *A-FABP* gene was not significantly different in the generations of Jinding duck, which was conservancy by small population.

Key words: duck; *A-FABP* gene; SSCP; SNP; genetic analyses

畜禽品种资源调查报告显示,我国目前拥有地方鸭品种资源 32 个^[1],随着社会经济的发展、人们消费习惯的改变,一些特性不明显的鸭品种饲养量急剧减少;同时受国外一些优良品种的引入冲击和杂交影响,地方鸭品种资源受到了严重的威胁。品种资源是育种的重要素材,保护好这些鸭品种具有重要的意义。国家和地方政府已经探索采用基因库、保种场和保护区的形式对鸭品种资源进行保护,且每年均投入一定量的资金。但是,鸭品种的保护工作所需投入资金一直大于产出,这将会对保种工作带来巨大压力。只有加大对鸭品种资源的开发利用,才能增强鸭产业的竞争力,将保护和开发两者相结合,在开发过程中加强保护,才能使品种资源真正得到保护。我国鸭品种数量较多,这些鸭品种在体型外貌和生产性能方面存在明显差异,如有些鸭品种生长速度快、产蛋多或脂肪沉积能力强,这些差异都是由遗传基因控制的。

脂肪型脂肪酸结合蛋白 (adipocyte fatty-acid binding protein, A - FABP) 是脂肪酸结合蛋白中的一种,属于细胞内蛋白质,可以与脂肪酸结合,将脂肪酸运输到脂肪酸氧化和甘油三酯及磷脂的合成位置,调节细胞内脂肪合成^[2]。研究报道显示, *A - FABP* 基因点突变可以显著影响腹脂质量、腹脂率、皮脂率和肌肉肌内脂肪含量,影响肌肉的品质^[3-6]。*A - FABP* 基因作为鸭品种资源脂肪沉积和肉品质的影响因素之一,其序列在不同的鸭品种之间存在突变差异,这些突变形成的基因型在不同的鸭品种中所占的比例,以及在继代繁育过程中每个品种的基因型频率是否发生变化均不明确。鉴于此,以 9 个地方鸭品种为研究对象,采用单链构象多态性 (single strand conformation polymorphism, SSCP) 检测鸭 *A - FABP* 基因多态性,统计基因型和等位基因频率,分析品种之间的分布差异和群体遗传参数,并比较金定鸭不同世代群体之间基因型、等位基因频率和遗传参数,以期为地方鸭品种保护和开发利用提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 供试鸭群及基因组提取

供试鸭品种包括山麻鸭、攸县麻鸭、巢湖鸭、靖

西大麻鸭、广西小麻鸭、金定鸭、临武鸭、荆江麻鸭、高邮鸭品种,其中金定鸭包含 3 个世代群体,分别标记为 0 世代、2 世代、4 世代。金定鸭采用 4 个多父本家系等量留种,轮回交配的方法进行继代繁育,每个家系包括公鸭 10 只、母鸭 60 只。在 10 周龄时,每个鸭品种随机挑选 60 只,公母各半,每只鸭翅静脉采血 2 mL,肝素钠抗凝,离心留取红细胞,冷冻保存。采用常规酚/氯仿法抽提和乙醇沉淀法获取基因组 DNA,测定 DNA 质量浓度后将其调整为 50 ~ 100 ng/μL 备用。

1.2 *A - FABP* 基因引物设计

根据 *A - FABP* 基因序列在第 1、2 内含子上分别设计 1 对引物(表 1),用于 9 个供试鸭品种和金定鸭不同世代群体多态性分析,引物由上海桑尼生物科技有限公司合成。

表 1 引物基本信息

引物名称	引物序列 (5'-3')	产物长度/bp	扩增区域	退火温度/℃
A1	F:GGTTGGTTTGCTGCGCTAGA R:CCAAGTGGATGCATAAGG	210	内含子 1	56
A2	F:GGGTGAAGAGTTGATGAGAC R:CCTTTGATTGGGTGCTATG	238	内含子 2	56

1.3 *A - FABP* 基因 PCR 扩增反应

PCR 反应体系:反应总体积为 25 μL,包括 10 × PCR Buffer (含 Mg²⁺) 2.5 μL、10 mmol/L dNTPs 2 μL、10 μmol/L 上下游引物各 1 μL、5 U/μL rTaq 酶 0.16 μL、50 ~ 100 ng/μL DNA 模板 1 μL,用双蒸水补至 25 μL。

PCR 反应程序为:95 ℃ 预变性 5 min;94 ℃ 变性 30 s,56 ℃ 退火 30 s,72 ℃ 延伸 30 s,共 35 个循环;72 ℃ 延伸 10 min。温度降至室温,即可从 PCR 仪中取出,采用 1% 琼脂糖凝胶进行电泳,凝胶成像系统分析条带清晰,与预期片段大小一致,方可用于 SSCP 检测。

1.4 *A - FABP* 基因 SSCP 分析及测序

5 μL PCR 产物和 4 μL 加样缓冲液(主要成分为去离子甲酰胺)混匀,98 ℃ 变性 10 min,然后冰水浴 5 min,变性后 PCR 产物用 12% 聚丙烯酰胺凝胶电泳过夜,电压根据条带位置进行调整,银染显色,判别基因型。

将每种纯合子基因型的个体各挑选 2 ~ 3 个进

行 PCR 扩增, 将 PCR 产物进行回收纯化, 对不同基因型进行测序, 通过比对 DNA 序列研究不同基因型之间核苷酸变化情况。

1.5 数据处理

运用公式计算基因型频率、等位基因频率、纯合度、杂合度和多态信息含量等遗传参数, 并卡方检验(χ^2)各品种群体是否处于 Hardy-Weinberg 平衡以及基因型频率在各品种、世代间差异程度。

2 结果与分析

2.1 A-FABP 基因 PCR-SSCP 检测结果

通过预试验, 最终获得了 2 对引物用于扩增 A-FABP 基因部分内含子序列, 采用 SSCP 方法分析了 9 个地方鸭品种 A-FABP 基因的多态性, 引物 A1 扩增产物出现了多态, 引物 A2 扩增产物没有出现多态。引物 A1 扩增结果显示, 不同鸭品种中有 10 种基因型, 4 种纯合型分别定义为 AA、BB、CC 和 DD 型, 杂合型定义为 AB、AC、AD、BC、BD 和 CD 型(图 1)。

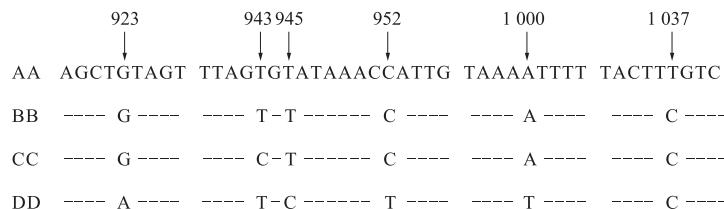


图 1 引物 A1 对不同品种鸭扩增片段的 SSCP 分析

2.3 A-FABP 基因不同基因型(等位基因)频率在各鸭群中的分布

由表 2 可知, 不同鸭品种 A-FABP 基因多态性形成的优势基因型并不完全相同, 在山麻鸭、攸县麻鸭、广西小麻鸭、高邮鸭、金定鸭 3 个世代群体中均以 BB 基因型频率比其他基因型高, 巢湖鸭以 AB 基

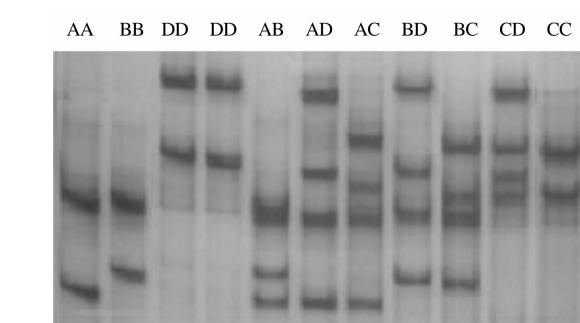


图 2 不同基因型间核苷酸序列比对

2.2 A-FABP 基因多态性片段的克隆和测序

取 AA、BB、CC 和 DD 基因型的 PCR 产物片段进行克隆、测序。运用生物学软件 DNAMAN 分析测序结果, 发现 4 种基因型间共有 6 个位点发生了单核苷酸突变, 其中 DD 型与 GenBank (HQ640428.1) 中的序列一致, 不同基因型之间的序列差异位点分别是内含子 1 第 923 位点处的 A→G、第 943 位点处的 T→C、第 945 位点处的 C→T、第 952 位点处的 T→C、第 1 000 位点处的 T→A 和第 1 037 位点处的 C→T 突变(图 2)。

因型频率最高, 靖西大麻鸭、临武鸭以 BD 基因型频率最高, 荆江麻鸭以 AB 基因型频率最高。9 个鸭品种均以 B 等位基因频率最高, 超过了 0.5, 明显高于 A、C、D 等位基因频率。金定鸭不同基因型和等位基因频率在世代之间发生了微小的变化, 但是变化不大。

表 2 不同鸭品种基因型频率及等位基因频率分布情况

项目	类型	山麻鸭	攸县麻鸭	巢湖鸭	靖西大麻鸭	广西小麻鸭	临武鸭	荆江麻鸭	高邮鸭	金定鸭		
										0 世代	2 世代	4 世代
基 因 型	AA	0	0.033 3	0.033 3	0	0	0.066 7	0.016 7	0.050 0	0.016 7	0	0
	AB	0.366 7	0.266 7	0.300 0	0.033 3	0.216 7	0.100 0	0.266 7	0.300 0	0.150 0	0.116 7	0.133 3
	AC	0.016 7	0	0	0	0	0.016 7	0.100 0	0.066 7	0	0.033 3	0.016 7
	AD	0.033 3	0	0.083 3	0.050 0	0.066 7	0.116 7	0.050 0	0.016 7	0.033 3	0.016 7	0
	BB	0.500 0	0.483 3	0.283 3	0.283 3	0.516 7	0.300 0	0.200 0	0.333 3	0.533 3	0.500 0	0.533 3
	BC	0.033 3	0.116 7	0.116 7	0.066 7	0.033 3	0	0.150 0	0.100 0	0.200 0	0.183 3	0.133 3
	BD	0.016 7	0.083 3	0.100 0	0.350 0	0.150 0	0.333 3	0.183 3	0.116 7	0.066 7	0.133 3	0.166 7
	CC	0	0.016 7	0.016 7	0.033 3	0	0	0.016 7	0.016 7	0	0.016 7	0.016 7
	CD	0.033 3	0	0.050 0	0.100 0	0.016 7	0	0	0	0	0	0
	DD	0	0	0.016 7	0.083 3	0	0.066 7	0.016 7	0	0	0	0
等 位 基 因	A	0.208 3	0.166 7	0.225 0	0.041 7	0.141 7	0.183 3	0.225 0	0.241 7	0.108 3	0.083 3	0.075 0
	B	0.708 3	0.716 7	0.541 7	0.508 3	0.716 7	0.516 7	0.500 0	0.591 7	0.741 7	0.716 7	0.750 0
	C	0.041 7	0.075 0	0.100 0	0.116 7	0.025 0	0.008 3	0.141 7	0.100 0	0.100 0	0.125 0	0.091 7
	D	0.041 7	0.041 7	0.133 3	0.333 3	0.116 7	0.291 7	0.133 3	0.066 7	0.050 0	0.075 0	0.083 3

由表 3 可知, 山麻鸭和高邮鸭、攸县麻鸭和荆江麻鸭、巢湖鸭和金定鸭、靖西大麻鸭和临武鸭、广西小麻鸭和高邮鸭之间基因型频率存在显著差异; 靖西大麻鸭与山麻鸭、攸县麻鸭、巢湖鸭、广西小麻鸭、金定鸭、荆江麻鸭、高邮鸭之间基因型频率存在极显著差异, 金定鸭与山麻鸭、临武鸭、荆江麻鸭之间基

因型频率存在极显著差异, 临武鸭与山麻鸭、攸县麻鸭、巢湖鸭、广西小麻鸭、荆江麻鸭、高邮鸭之间基因型频率存在极显著差异, 荆江麻鸭与山麻鸭、广西小麻鸭之间基因型频率存在极显著差异; 其他品种两两之间基因型频率无显著性差异。由表 4 可知, 金定鸭不同世代群体之间基因型频率无显著性差异。

表 3 χ^2 检验不同鸭品种 A-FABP 基因型频率差异

品种	攸县麻鸭	巢湖鸭	靖西 大麻鸭	广西 小麻鸭	金定鸭 (4 世代)	临武鸭	荆江 麻鸭	高邮鸭
山麻鸭	14.41(8)	16.83(9)	49.31(8) **	10.73(6)	22.56(7) **	44.11(8) **	30.22(9) **	17.03(8) *
攸县麻鸭		12.34(8)	41.02(8) **	12.30(7)	7.55(6)	36.79(8) **	19.88(8) *	7.38(8)
巢湖鸭			28.45(8) **	13.38(8)	21.50(9) *	28.37(9) **	12.53(9)	11.26(9)
靖西大麻鸭				28.33(7) **	28.76(8) **	20.76(9) *	32.80(9) **	39.78(9) **
广西小麻鸭					11.86(7)	23.02(8) **	23.50(9) **	16.23(8) *
金定鸭(4 世代)						31.54(8) **	20.44(8) **	13.23(7)
临武鸭							27.13(8) **	29.81(8) **
荆江麻鸭								7.01(8)

注: $\chi^2_{(6)0.05} = 12.592$, $\chi^2_{(6)0.01} = 16.812$, $\chi^2_{(7)0.05} = 14.067$, $\chi^2_{(7)0.01} = 18.475$, $\chi^2_{(8)0.05} = 15.507$, $\chi^2_{(8)0.01} = 20.090$, $\chi^2_{(9)0.05} = 16.919$, $\chi^2_{(9)0.01} = 21.666$, 下同。* 表示差异显著, ** 表示差异极显著。

表 4 χ^2 检验金定鸭不同世代群体间 A-FABP 基因型频率差异

群体	2 世代	4 世代
0 世代	6.02(7)	8.43(7)
2 世代		2.16(6)

2.4 群体遗传信息分析

从表 5 可以看出, 山麻鸭、攸县麻鸭、广西小麻鸭、金定鸭 3 个世代群体的纯合度均超过 0.5; 高邮

鸭的纯合度为 0.422 9; 巢湖鸭、靖西大麻鸭、临武鸭、荆江麻鸭的纯合度在 0.4 以下。山麻鸭、攸县麻鸭、广西小麻鸭、金定鸭 3 个世代群体的多态信息含量值介于 0.25 ~ 0.50, 为中度多态; 其他鸭的多态信息含量值大于 0.50, 为高度多态。除山麻鸭和临武鸭外, 其他鸭品种均处于 Hardy - Weinberg 平衡状态。

表 5 不同鸭品种 A-FABP 基因多态位点遗传参数

品种	纯合度	杂合度	多态信息含量	Hardy - Weinberg 平衡
山麻鸭	0.548 6	0.451 4	0.404 0	22.639 7(3)
攸县麻鸭	0.548 8	0.451 3	0.414 7	5.087 5(2)
巢湖鸭	0.371 8	0.628 2	0.579 0	6.753 2(5)
靖西大麻鸭	0.384 9	0.615 1	0.546 3	5.912 9(5)
广西小麻鸭	0.547 9	0.452 1	0.416 3	5.913 8(2)
临武鸭	0.385 7	0.614 3	0.545 2	9.675 4(3)
荆江麻鸭	0.338 5	0.661 5	0.612 7	7.226 3(6)
高邮鸭	0.422 9	0.577 1	0.524 3	3.618 8(4)
金定鸭 0 世代	0.574 3	0.425 7	0.398 7	—
金定鸭 2 世代	0.541 8	0.458 2	0.428 8	—
金定鸭 4 世代	0.583 5	0.416 5	0.392 6	4.108 7(2)

注: $\chi^2_{(2)0.05} = 5.991$, $\chi^2_{(3)0.05} = 7.815$, $\chi^2_{(4)0.05} = 9.488$, $\chi^2_{(5)0.05} = 11.071$, $\chi^2_{(6)0.05} = 12.592$ 。

3 结论与讨论

研究发现, 具有编码蛋白质的序列只占了整个基因组序列的很少部分, 而绝大部分序列都在转录拼接过程中被切除, 切除部分序列的长度与生物的复杂程度呈正比^[7]。内含子也在序列拼接过程中被切除, 这是断裂基因固有的一种转录模式。目前内含子的作用尚未明确, 但很多人认为其在转录和翻译水平上对基因的表达具有调控作用, 还可以降低或减缓点突变对生物体的影响, 提高生物的生存

能力^[8]。对于内含子的潜在作用研究尚有很多工作需要开展。本试验根据鸭 A-FABP 基因序列设计了 2 对引物, 分别位于内含子 1、2, 采用 SSCP 方法检测了 9 个地方鸭品种, 其中金定鸭为小群保种方式继代繁育的 3 个世代群体。发现了 A→G、T→C、C→T、T→C、T→A 和 C→T 6 个点突变, 聚丙烯酰胺凝胶电泳中共出现了 A、B、C、D 4 种等位基因型。所有检测品种均以 B 等位基因频率最高(超过 0.5), 其他 3 个等位基因频率都比较低, 这可能是鸭品种在进化过程中 A、C、D 等位基因由 B 等位基

因突变产生,也可能是进化过程中 B 等位基因受到了自然和人为选择而使得频率上升。 χ^2 检验分析发现,大部分品种之间基因型频率差异达到了显著性水平,这也说明了我国大部分地方鸭品种拥有独特的 A-FABP 基因多态性产生的基因型频率和等位基因频率。

群体杂合度和多态信息含量用于衡量基因多态性是否丰富和群体遗传变异程度的高低。本试验所有鸭品种的杂合度都在 0.4 以上。山麻鸭、攸县麻鸭、广西小麻鸭、金定鸭 3 个世代群体的多态信息含量值在 0.25~0.50,为中度多态;其他鸭品种的多态信息含量值高于 0.50,为高度多态。杂合度和多态信息含量分析结果表明,供试鸭品种在 A-FABP 基因位点具有较高的多态信息含量,每个鸭群体内遗传变异大,保持了良好的遗传信息,群体作为育种素材可用范围较为广泛,可供选择利用的范围大,尤其是基因型频率差异不同的代表性品种更具有保种的价值。本试验通过 χ^2 检验发现,山麻鸭和临武鸭偏离了 Hardy-Weinberg 平衡,山麻鸭可能是在保种过程群体数量较小引起了基因漂变,需要通过适当提高群体规模以产生较好的保种效果;临武鸭可能是保种群体组建时间较短,由于引种的原因引起了不平衡。

目前,鸭品种资源的保护方式主要为活体保存,其他方式如 DNA 保存、体细胞保存都处于起始阶段,其效果尚不明确。品种资源活体保护方式是采用适当的群体规模进行继代繁殖,通过不同的配种方法尽量缩小近交系数,其保种效果一直备受关注。目前保种效果主要是通过比较不同世代间体型外貌、生产性能,结合微卫星标记技术等方法进行评估^[9-10]。鉴于保种最终目的是保护好功能基因在品种间特有的基因型及其频率,而 A-FABP 基因在禽类脂肪沉积和肉质方面起着重要的作用^[11-12],本试验以 A-FABP 基因内含子中存在的多态性为基础,对小群保种方式下金定鸭不同世代间的基因型频率和群体遗传参数进行比较,发现不同世代群体基因型频率发生了微小的变化,大致保持在一定的平衡状态, χ^2 检验不同世代间基因型频率无显著性差异。不同鸭品种有其相对固定的 A-FABP 多态性形成的基因型频率,这些频率决定了鸭品种脂肪沉积固有的特性,所以在品种保护工作中不仅需要从外貌和生产性能上保护好品种的特性,还需要从遗传本质上保护好品种,尤其是一些功能基因。在保种工作中可以尝试检测大量功能基因的突变位点,通过比较突变位点的频率在品种世代繁育中的变化

程度来衡量保种效果,其首要工作就是寻找出大量代表性功能基因的突变位点,采取有效、简单的大规模检测方法。

综上,在鸭 A-FABP 基因内含子 1 中发现了 6 个单核苷酸突变,形成了 10 种基因型,不同鸭品种具有丰富的多态性,大部分品种之间基因型频率存在显著性差异,部分达到了极显著性差异。采用小群保种方式,金定鸭 A-FABP 基因多态位点形成的基因型频率在世代间无显著性变化,具有良好的保种效果。

参考文献:

- [1] 国家畜禽遗传资源委员会. 中国畜禽遗传资源志·家禽志 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2011: 2.
- [2] Zimmerman A W, Veerkamp J H. New insights into the structure and function of fatty acid binding proteins [J]. Cellular and Molecular Life Sciences, 2002, 58 (7): 1096-1116.
- [3] 赵旭庭, 段修军, 董鹏, 等. 鸭 A-FABP 基因单核苷酸多态性分析及其与体脂性状相关的研究 [J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版), 2009, 30(1): 38-41.
- [4] 张海波, 徐琪, 张依裕, 等. 番鸭 A-FABP 基因部分序列多态性与屠宰、肉质性状和血清甘油三酯含量关系 [J]. 中国兽医学报, 2010, 30(3): 419-423.
- [5] 王启贵. 鸡 FABP 基因克隆、表达特性及功能研究 [D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2004: 96-97.
- [6] 李文娟, 李宏宾, 文杰, 等. 鸡 H-FABP 和 A-FABP 基因表达与肌内脂肪含量相关研究 [J]. 畜牧兽医学报, 2006, 37(5): 417-423.
- [7] Mattick. The hidden genetic program of complex organisms [J]. Sci Am, 2004, 291(4): 60-67.
- [8] Sontheimer E J. Bridging sulfur substitutions in the analysis of pre-mRNA splicing [J]. Methods, 1999, 18(1): 29-37.
- [9] 王丽华, 段修军, 董鹏, 等. 金定鸭在小群保种方式下不同世代生长及生产性能的比较研究 [J]. 中国畜牧兽医, 2008, 35(6): 121-124.
- [10] 段修军, 王丽华, 龚道清, 等. 利用微卫星标记检测金定鸭小群保种效果 [J]. 畜牧兽医学报, 2008, 39(9): 1159-1164.
- [11] Bennaars-Eiden A, Higgins L, Hertzel A V, et al. Covalent modification of epithelial fatty acid-binding protein by 4-hydroxynonenal *in vitro* and *in vivo*. Evidence for a role in antioxidant biology [J]. The Journal of Biological Chemistry, 2002, 277(52): 50693-50702.
- [12] Boord J B, Maeda K, Makowski L, et al. Adipocyte fatty acid-binding protein, aP2, alters late atherosclerotic lesion formation in severe hypercholesterolemia [J]. Arterioscler Thromb Vasc Biol, 2002, 22(10): 1686-1691.