

Ex-FABP 作为鸡腹脂性状主要候选基因的研究*

仇雪梅^{1, 2)} 李 宁^{1)**} 邓学梅³⁾ 连正兴³⁾ 王启贵¹⁾ 王秀丽²⁾ 吴常信³⁾

(¹⁾中国农业大学农业生物技术国家重点实验室, 北京 100094; ²⁾大连水产学院生命科学与技术学院, 大连 116023;

³⁾中国农业大学动物科技学院, 北京 100094)

摘要 细胞外脂肪酸结合蛋白 (extracellular fatty acid-binding protein, Ex-FABP) 基因是脂肪酸结合蛋白 (fatty acid-binding protein, FABP) 家族的另一成员, 参与鸡的脂肪酸、肌纤维、骨骼等调控过程. 利用 PCR-SSCP (single strand conformation polymorphism) 和 DNA 测序的方法, 对不同品种的杂交鸡进行了 Ex-FABP 基因 5'调控区部分序列的多态性分析, 发现了 3 个单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphisms, SNPs) 位点. 其中, 此片段中的碱基 C (-1000) 的插入和碱基 T→C (-1011) 的突变, 导致此处比野生型基因少了 1 个 cap, 多了 1 个 Nkx-2、1 个 AhR/Ar 和 2 个 CF1 等转录因子结合位点的产生. 利用 SAS 软件对 Ex-FABP 基因 5'调控区的 SNPs 与屠体性状的最小二乘分析, 发现基因型 BB (突变型) 与腹脂重存在极显著相关 ($P < 0.01$). 研究结果表明, 细胞外脂肪酸结合蛋白 (Ex-FABP) 基因是影响脂肪沉积、控制腹脂性状的主要候选基因.

关键词 细胞外脂肪酸结合蛋白 (Ex-FABP), PCR-SSCP, 鸡, 肉质性状

学科分类号 Q38

脂肪酸结合蛋白 (fatty acid-binding protein, FABP) 是细胞内蛋白质, 它在参与脂肪酸的运输时, 优先结合长链脂肪酸, 促进甘油三酯的重新合成^[1]. 许多研究报道: 哺乳动物细胞中有两种脂肪酸结合蛋白被作为肉质性状的候选基因, 一种是心脏脂肪酸结合蛋白 (heart fatty acid-binding protein, H-FABP), 另一种是脂肪组织脂肪酸结合蛋白 (adipocyte fatty acid-binding protein, A-FABP)^[2-7]. 这些研究结果表明, H-FABP 基因主要在心脏、骨骼肌和乳腺细胞中表达, A-FABP 基因主要在脂肪细胞中表达. H-FABP 的多态性与猪的肌内脂肪 (intramuscular fat, IMF) 含量、背膘厚 (backfat thickness, BFT) 以及与人、鼠等体重存在显著相关. 随后, 人们又发现了 FABP 的另一成员——细胞外脂肪酸结合蛋白 (extracellular fatty acid-binding protein, Ex-FABP) 也参与脂肪酸的代谢过程^[8]. Giannoni 等^[9] (1999 年) 成功地克隆并测序了鸡的 Ex-FABP 基因, 其核苷酸序列全长 5 148 bp, 包括 2 696 bp 的 5'调控区、6 个外显子、5 个内含子和 157 bp 的 3'非翻译区, 共编码 178 个氨基酸. 随后的研究初步表明, Ex-FABP 基因与脂肪沉积、肌纤维、骨骼等性状有相关性^[10-15]. 王启贵等^[16,17]利用鸡的资源家系 F2 代研究 Ex-FABP 基因, 发现此基因存在多态, 且与腹脂存在极显著的相关. 本研究利用 PCR 扩增鸡的 Ex-FABP 基因部分序列片段, 对杂交鸡群进行单链构象多态性 (single strand

conformation polymorphism, SSCP) 分析, 并对突变位点进行测序鉴定. 本文在李宁课题组^[16,17]前期工作的基础上进一步研究 Ex-FABP 基因与屠体性状的相关关系, 以及此座位在鸡的不同杂种间存在遗传变异, 为 Ex-FABP 基因作为腹脂性状的主要候选基因, 在家禽分子育种中的应用提供理论依据.

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 实验鸡群. 从中国农业大学昌平试验站种鸡场、山东寿光和日照等畜禽良种场选取明星鸡、丝毛鸡、罗曼鸡、海兰鸡、日照鸡等品种之间的杂交鸡 747 只, 用于鸡血的采集和屠体性状 (体重、胸肌重、腿肌、腹脂) 的测定.

1.1.2 主要试剂. TaqDNA 聚合酶、dNTPs、pMD-18T Vector 购自 Promega 公司, 引物由上海生物工程公司合成, DNA 片段回收纯化试剂盒与质粒提取纯化回收试剂盒购自基因有限公司, 测序

*国家重点基础研究发展规划项目(973)(G20000161) 和国家高技术“863”计划资助项目(2001AA222191).

** 通讯联系人.

Tel: 010-62893323, E-mail: ninglbau@public3.bta.net.cn

收稿日期: 2004-11-12, 接受日期: 2005-01-31

反应在中国农业大学农业生物技术国家重点实验室完成。

1.2 方法

1.2.1 鸡的基因组 DNA 的提取. 从血液中提取 DNA, 方法见《分子克隆实验指南》(第二版)^[8].

1.2.2 鸡屠体性状的测定. 将鸡放血、去毛、去内脏(留胃、心、肝)后所称量的重量为屠体重; 肌肉脂肪是取胸内肌肉用乙醚浸提法测得; 腹脂是腹部脂肪的重量. 屠体性状测定的具体方法见文献[16].

1.2.3 PCR 扩增. 根据 GenBank 上鸡 Ex-FABP 基因序列, 用 Oligo6.0 软件设计引物, 引物序列为: 上游(F), 5' CCGTCTGTC CATCCATCCTG 3'; 下游(R), 5' CAGCCCTGACAACAAAAGCA 3'. 扩增的 PCR 产物是 Ex-FABP 基因 5' 调控区近端 1.6 kb 中 204 bp 的 DNA 片段. PCR 扩增反应体系均为 25 μ l, 其中 10 $\times$ PCR 缓冲液 2.5 μ l, dNTPs 2 μ l, 上游引物和下游引物各 25 pmol, Taq 酶 1.5 U, 模板 DNA 约 50 ng. PCR 反应条件为: 预变性 94 $^{\circ}$ C 5 min 后, 进入如下循环: 94 $^{\circ}$ C 30 s, 56 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 30 s, 35 个循环; 72 $^{\circ}$ C 延伸 7 min. PCR 产物在 2.5% 琼脂糖凝胶中电泳, 检测 PCR 产物的质量, 决定下一步在 SSCP 中的用量.

1.2.4 SSCP 分析. 1 μ l 的 PCR 产物和 5 μ l 的上样缓冲液 (98% 甲酰胺, 0.025% 酚蓝, 0.025% 二甲苯酚, 10 mmol/L EDTA pH 8.0, 2% 甘油) 于 98 $^{\circ}$ C 变性 10 min 后, 迅速置于冰上, 并冰浴 10 min 保持变性状态. 变性后的 PCR 产物进行非变性聚丙烯酰胺凝胶 (PAGE 30%, Acr:Bis=29:1) 电泳, 10 V/cm 电压降, 电泳 14~16 h 后, 银染显色.

1.2.5 克隆测序. 对 SSCP 分析后的纯合基因型, 各取其 3 个个体的 PCR 扩增产物进行回收纯化, T-载体连接后转化大肠杆菌 DH5 α 菌株, 提取重组质粒作为测序模板进行测序. 测序反应体系 10 μ l, 其中有混合缓冲液 2 μ l, 测序引物 1 μ l, 模板 DNA 300~500 ng. 反应条件为 96 $^{\circ}$ C 2 min, 96 $^{\circ}$ C 10 s, 50 $^{\circ}$ C 55 s, 60 $^{\circ}$ C 4 min, 25 个循环. 做好的测序反应在 ABI377 (PE 公司) 上进行 DNA 序列测定.

1.2.6 5' 非翻译区潜在的调控元件及蛋白质结合位点的预测网站. <http://www.cbrc.jp/research/db/TFSEARCH.html>

1.2.7 统计分析. 序列分析采用 DNAMAN 软件, 然后根据 SSCP 得到的 SNPs 划分基因型, 将 GenBank 上的 Ex-FABP 基因序列规定为野生型基因型, 突变个体的基因型为突变型基因型. 使用

SAS (8.2 版) 软件进行基因型与鸡屠体性状的最小二乘分析.

2 结果与分析

2.1 PCR-SSCP 结果

EX-FABP 基因 PCR 产物的琼脂糖凝胶电泳图谱见图 1. 从图 1 可见扩增效果非常好, 得到了长度为 204 bp 的 DNA 片段, 与实验预期结果相吻合, 可以进行 SSCP 分析.

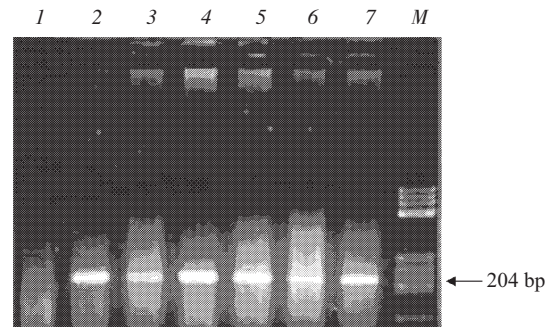


Fig.1 Agarose gel image of PCR product of Ex-FABP in chicken

1: control; 2~7: PCR product; M: 1 kb DNA marker.

将扩增的 PCR 产物进行 PAGE 电泳, 发现存在多态. 部分鸡只的 SSCP 分析结果及其不同基因型所显示的带型见图 2. 经后续的测序结果, 规定野生型的基因型为 AA, 有不同突变的基因型相应地分别表示为 BB、CC、AB、AC 和 BC.

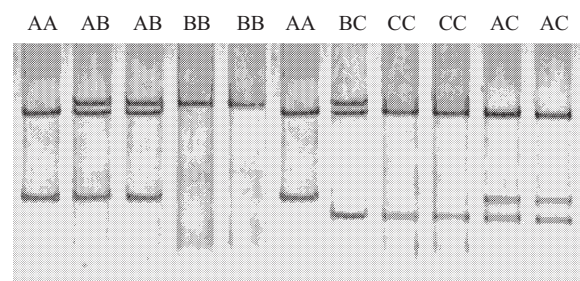


Fig.2 PAGE image of SSCP of chicken Ex-FABP partial sequence

AA, BB, CC, AB, AC, BC are different genotypes.

2.2 测序结果

将具有不同基因型个体的克隆测序, 经 DNAMAN 软件与 GenBank 上的 Ex-FABP 基因序列进行同源性分析, 与其序列完全一致的规定为野生型, 即 AA 型, 而存在不同 SNPs 位点的, 分别规定为 BB 和 CC 等. 纯合型和杂合型基因型及其

SSCP带型一一对应地标在图 2 上. 3 种纯合基因型序列的差别分别为: 野生型个体基因型为 AA 与 GenBank 序列相同, 基因型为 BB 的纯合体在 Ex-FABP 基因的-1011 处有一个 T→C 的转换突变, 且在-1000 处有 C 的插入突变, 同时本研究在

随机群体的鸡群发现一新的突变, 即在-1000 有 G 的插入, 将这一突变基因型规定为 CC. 3 种纯合基因型的序列和 2 种突变个体纯合基因型的测序峰图分别见图 3 和图 4.

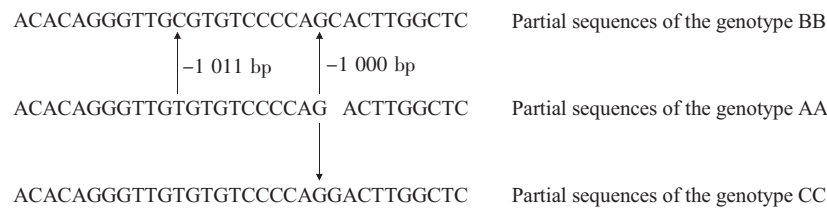


Fig.3 Mutations in 5'-regulatory region of chicken Ex-FABP gene

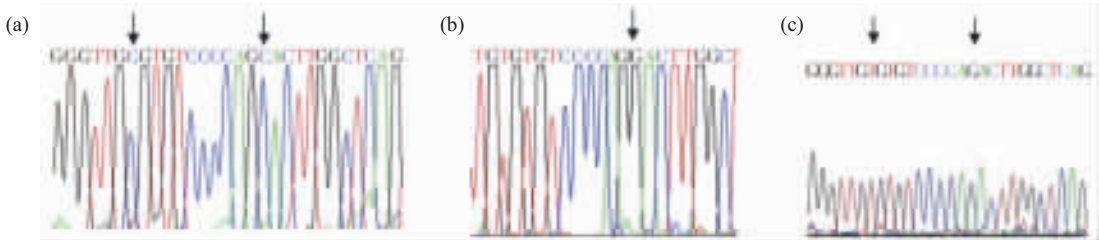


Fig.4 Sequence image of the genotype AA, BB and genotype CC
(a) genotype BB; (b) genotype CC; (c) genotype AA.

2.3 5'非翻译区潜在的调控元件及蛋白质结合位点的预测

本文所分析的片段是脂肪酸结合蛋白基因 5' 非翻译区部分, 使用网站 (<http://www.cbrc.jp/research/db/TFSEARCH.html>) 上的 TFSEARCH (ver 1.3) 软件, 预测鸡的 ExX-FABP 3 种基因型 5' 调控区 (-1125~-922) 上的调控元件及蛋白质结合位点预测结果见表 1. 由表 1 可知, BB 基因型比野生型的 AA 基因型少了 1 个 cap 位点, 但多了 1 个 Nkx-2、1 个 AhR/Ar 和 2 个 CF1 计 4 个转录因子结合位点, 而 CC 基因型比 AA 基因型仅少了 1 个 cap 位点.

2.4 EX-FABP 基因的 5'调控区不同基因型与鸡屠体性状的最小二乘分析

为了研究 Ex-FABP 基因 5'调控区的不同基因型对鸡屠体性状的影响, 本实验对 747 只杂交鸡进行 PCR-SSCP 分析, 分别得到了具有不同基因型的个体数. 同时对杂交鸡群中的 598 只屠体测定数据的个体作了生物学统计分析, 它们的一些屠体性状(体重、胸肌重、腿肌重、腹脂重、胸肌率、腿

肌率、腹脂率) 与不同基因型之间的最小二乘分析结果见表 2.

Table 1 The predication of the binding mode of transcription factors with the 5' region of chicken EX-FABP gene

Site of genetic type AA	Site of genetic type BB	Site of genetic type CC
ADR1	ADR1	ADR1
cap	cap	cap
ADR1	ADR1	ADR1
STRE	STRE	STRE
MZF1	MZF1	MZF1
ADR1	ADR1	ADR1
cap	Nkx-2.	AP-1
AP-1	AhR/Ar	AP-1
AP-1	CF1	AP-1
AP-1	CF1	
	AP-1	
	AP-1	
	AP-1	

Table 2 Effects of the different genotypes of Ex-FABP on meat traits in chicken

Types	No. of chicken	<i>M</i> of BW/g	<i>M</i> of BMW/g	<i>M</i> of LMW/g	<i>M</i> of AFW/g	<i>M</i> of BMR/%	<i>M</i> of LMR/%	<i>M</i> of AFR/%
AB	221	1659.90 ^a	104.18 ^a	139.74 ^a	40.98 ^b	0.073 ^c	0.098 ^a	0.028 ^b
CC	24	1590.00 ^a	99.67 ^a	125.93 ^b	36.04 ^b	0.084 ^b	0.106 ^a	0.030 ^b
BC	19	1520.58 ^a	96.71 ^a	120.48 ^b	29.66 ^b	0.086 ^{ab}	0.107 ^a	0.026 ^b
BB	52	1516.00 ^a	95.63 ^a	131.28 ^{ab}	63.56 ^a	0.068 ^c	0.093 ^b	0.042 ^a
AA	265	1488.00 ^a	94.56 ^a	131.32 ^{ab}	46.22 ^b	0.063 ^c	0.088 ^b	0.030 ^b
AC	11	1464.09 ^a	99.05 ^a	117.46 ^b	36.88 ^b	0.091 ^a	0.107 ^a	0.033 ^{ab}

The difference is not significant for the mean with the same letter. The difference is significant for the mean with the different letter. *M* of BW: mean of body weight; BMW: breast muscle weight; LMW: leg muscle weight; AFW: abdominal fat weight; BMR: breast muscle ratio; LMR: leg muscle ratio; AFR: abdominal fat ratio.

从表 2 中可以看出: 鸡的体重、胸肌重等这 2 个性状在各基因型之间差异不显著 ($P > 0.05$); 基因型 AB 对个体的腿肌重显著高于具有基因型 CC、BC、AC 个体的腿肌重 ($P < 0.05$); 而对腹脂重来说, 各基因型之间有明显的差异, 尤其是基因型 BB 个体的腹脂重明显高于具有基因型 AA、CC、BC、AC、AB 个体的腹脂重, 统计结果显示差异极显著 ($P < 0.01$), 但基因型 AA 与基因型 CC 的个体腹脂重之间差异不显著; 基因型 CC 对胸肌率有显著影响, 明显高于基因型 AA、BB 的个体的胸肌率 ($P < 0.05$), 但基因型 AA 和基因型 BB 个体之间的胸肌率差异不显著; 基因型 CC 对个体的腿肌率有显著影响, 高于基因型 AA、BB 的个体 ($P < 0.05$); 基因型 BB 对鸡的腹脂率有显著的影响 ($P < 0.05$).

3 讨 论

近几十年家禽育种工作的进展, 使鸡的生长速度和饲料转化率等生产性能得到了大幅度的提高, 但同时也带来了肉用品质下降等不利方面. 鸡的肉用品质是屠体性状尤其是腹脂性状优劣的体现. 根据鸡的生长发育和生理生化特点及 Ex-FABP 基因的表达, 可以将 EX-FABP 作为鸡肉肉质性状候选基因进行深入的研究.

本研究将不同的基因型与鸡的屠体表型性状进行了统计分析, 基因型 BB 比基因型 AA、CC 对腹脂重有显著的影响 ($P < 0.01$). 而屠体重、胸肌重在这些基因型间没有显著的差异 ($P > 0.05$), 这与王启贵等^[6] (2001 年) 的研究结果相吻合. 基因型 CC 个体的腿肌率、胸肌率显著高于基因型 AA 和

基因型 BB 个体的腿肌率、胸肌率. 但基因型 CC 这一结果还需扩大群体进一步研究和验证. 本研究的结果表明, 在杂交鸡群体存在 Ex-FABP 基因的 SNPs, 而且证实了这个基因 5' 端调控区的 BB 基因型与屠体性状之间存在极显著的相关关系. 同一课题组王启贵等 (2002 年)^[7] 的研究表明, 鸡 Ex-FABP 基因的编码区存在 SNP, 并且对鸡的腹脂性状有显著的影响.

Ex-FABP 基因的 5' 调控区是细胞外脂肪酸结合蛋白基因功能调控区, 本研究检测到的 SSCP 多态有 C 插入和 G 插入两种突变情况: a. 此片段中 C 碱基的插入和 T→C 的突变, 在缺少一个转录起始 cap 信号位点, 同时导致此处多了一个 AhR/Ar、一个 Nkx-2 和 2 个 CF1 共 4 个结合因子. 因此, BB 基因型转录因子结合位点的增加或减少可能导致 Ex-FABP 基因表达的量^[19-21], 从而使细胞外脂肪酸结合蛋白的量有所差异, 进而影响脂肪的沉积. 本课题组的王启贵等 (2001 年)^[6] 用丝毛鸡和明星鸡构建的资源家系 F2 代为实验材料, 在研究 Ex-FABP 基因时发现的 SNP 与本研究结果一致, 即在 -1000 处有碱基 C 的插入, 结果可导致此处多了一个转录起始 cap 信号位点. 本研究的结果是除了在 -1000 处有碱基 C 的插入, 同时又有在 -1011 处有一个 T→C 的转换突变, 但都导致了在此调控区转录因子结合位点的改变, 从而导致了 BB 基因型对腹脂性状影响的结论是一致的. b. 本研究新发现的 SNP, 即在 -1000 处有 G 的插入. 导致了在此调控区只缺少一个转录起始信号 cap 位点, 也导致了对鸡屠体性状的影响. 关于鸡的 Ex-FABP 基因结构, 尤其 3 种不同基因型 5' 调控区的转录因子及

其结合位点是如何影响和调节基因等方面有待于进一步研究。

本研究的结果与同一课题组的前期研究结果表明^[16,17], 鸡 Ex-FABP 的 5'调控区和编码区都存在与对腹脂性状显著相关的 SNPs 基因位点。因此, 鸡的 Ex-FABP 基因可以作为影响脂肪沉积等腹脂性状的主要候选基因, 为蛋鸡和肉鸡的分子育种和生产奠定了坚实的理论基础, 同时对人类的肥胖研究具有参考作用。

参 考 文 献

- 1 Veerkamp J H, Peeters R A, Maatman R G, *et al.* Structural and functional features of different types of cytoplasmic fatty acid-binding proteins. *Biochim Biophys Acta*, 1991, **1081** (1): 1~24
- 2 Clamp P A, Beever J E, Fernando R L, *et al.* Detection of linkage between genetic markers and genes that affect growth and carcass traits in pigs. *J Anim Sci*, 1992, **70** (9): 2695~2706
- 3 Gerbens F, Jansen A, van Erp A J, *et al.* The adipocyte fatty acid-binding protein locus: characterization and association with intramuscular fat content in pigs. *Mamm Genome*, 1998, **9** (12): 1022~1026
- 4 Gerbens F, van Erp A J, Harders F L, *et al.* Effect of genetic variants of the heart fatty acid-binding protein gene on intramuscular fat and performance traits in pigs. *J Anim Sci*, 1999, **77** (4): 846~852
- 5 Gerbens F, de Koning D J, Harders F L, *et al.* The effect of adipocyte and heart fatty acid-binding protein genes on intramuscular fat and backfat content in Meishan crossbred pigs. *J Anim Sci*, 2000, **78** (3): 552~559
- 6 仇雪梅, 李 宁, 邓学梅, 等. 影响动物肉质性状主要候选基因的研究进展. *遗传*, 2002, **24** (5): 571~574
Qiu X M, Li N, Deng X M, *et al.* *Hereditas*(Beijing), 2002, **24** (5): 571~574
- 7 李 桢, 曹红鹤, 储明星, 等. 中外 11 个猪种 H-FABP 基因 PCR-RFLP 的研究. *畜牧兽医学报*, 2003, **34** (4): 313~317
Li Z, Cao H H, Chu M X, *et al.* *Veta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2003, **34** (4): 313~317
- 8 Cancedda F D, Malpeli M, Gentili C, *et al.* The developmentally regulated avian Ch21 lipocalin is an extracellular fatty acid-binding protein. *J Biol Chem*, 1996, **271**(33): 20163~20169
- 9 Giannoni P, Dozin B, Zambotti A, *et al.* Gallus gallus extracellular fatty acid binding protein (Ex-FABP) gene, complete cds. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi>. 2004/04/10
- 10 Gentili C, Cermelli S, Tacchetti C, *et al.* Expression of the extracellular fatty acid binding protein (Ex-FABP) during muscle fiber formation *in vivo* and *in vitro*. *Exp Cell Res*, 1998, **242** (2): 410~418
- 11 Giannoni P, Zambotti A, Pagano A, *et al.* Differentiation-dependent activation of the extracellular fatty acid binding protein (Ex-FABP) gene during chondrogenesis. *J Cell Physiol*, 2004, **198** (1): 144~154
- 12 Di Marco E, Sessarego N, Zerega B, *et al.* Inhibition of cell proliferation and induction of apoptosis by ExFABP gene targeting. *J Cell Physiol*, 2003, **196** (3): 464~473
- 13 Descalzi Cancedda F, Dozin B, Zerega B, *et al.* Ex-FABP, extracellular fatty acid binding protein, is a stress lipocalin expressed during chicken embryo development. *Mol Cell Biochem*, 2002, **239** (1-2): 221~225
- 14 Descalzi Cancedda F, Dozin B, Zerega B, *et al.* Extracellular fatty acid binding protein (ex-FABP) is a stress protein expressed during chondrocyte and myoblast differentiation. *Osteoarthritis Cartilage*. 2001, Suppl A: S118~122
- 15 Descalzi Cancedda F, Dozin B, Zerega B, *et al.* Ex-FABP: a fatty acid binding lipocalin developmentally regulated in chicken endochondral bone formation and myogenesis. *Biochim Biophys Acta*, 2000, **1482** (1-2): 127~135
- 16 王启贵, 李 宁, 邓学梅, 等. 细胞外脂肪酸结合蛋白基因单核苷酸多态性与腹脂性状关系的研究. *中国科学(C)*, 2001, **44** (4): 429~434
Wang Q G, Li N, Deng X M, *et al.* *Science in China (series C)*, 2001, **44** (4): 429~434
- 17 王启贵, 李 宁, 邓学梅, 等. 鸡细胞外脂肪酸结合蛋白基因编码区的单核苷酸多态性与腹脂性状的相关研究. *自然科学进展*, 2002, **12** (4): 420~422
Wang Q G, Li N, Deng X M, *et al.* *Progress in Natural Science*, 2002, **12** (2): 420~422
- 18 萨姆布鲁克丁, 弗里奇 E F, 曼尼阿蒂斯 T. 金冬雁, 黎孟枫, 等译. 分子克隆实验指南. 第二版. 北京: 科学出版社, 1998. 483~484
Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T. Translated by Jin D Y, Li M F *et al.* *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 2nd. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1998. 483~484
- 19 Doevendans P A, van Bilsen M. Transcription factors and the cardiac gene programme. *Int J Biochem Cell Biol*, 1996, **28** (4): 387~403
- 20 Ray M K, Chen C Y, Schwartz R J, *et al.* Transcriptional regulation of a mouse Clara cell-specific protein (mCC10) gene by the NKx transcription factor family members thyroid transcription factor 1 and cardiac muscle-specific homeobox protein (CSX). *Mol Cell Biol*, 1996, **16** (5): 2056~2064
- 21 Cormier P, Pyronnet S, Salaun P, *et al.* Cap-dependent translation and control of the cell cycle. *Prog Cell Cycle Res*, 2003, **5**: 469~475

Study of Ex-FABP as a Main Candidate Gene on Abdominal Fat Traits in Chicken *

Qiu Xue-Mei^{1,2)}, Li Ning^{1)**}, Deng Xue-Mei³⁾, LIAN Zheng-Xing³⁾,

Wang Qi-Gui¹⁾, Wang Xiu-Li²⁾, Wu Chang-Xin³⁾

¹⁾The National Laboratories for Agrobiotechnology, China Agricultural University, Beijing 100094, China;

²⁾College of Life Science and Biotechnology, Dalian Fisheries University, Dalian 116023, China;

³⁾College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100094, China)

Abstract Extracellular fatty acid-binding protein (Ex-FABP) is another family member of fatty acid-binding protein, it regulates the metabolism of fatty acid, muscle fiber, bone and so on in chicken. Three single nucleotide polymorphisms (SNPs) were detected in 5' regulatory region of Ex-FABP gene using PCR-SSCP and DNA sequencing in crossbreed chickens. The changes of the bonding-sites of transcription factor are due to a single point mutation T→C(−1011) and a C insertion mutation in genotype BB based on genotype AA, then results in a cap site lack, and increase four sites of a Nkx-2, a AhR/Ar and tow CF1. The relationship between SNPs and chicken meat traits was analyzed, the results showed that there was significant correlation ($P < 0.01$) between genotype BB mutant and abdominal fat weight. The results of this study indicated that Ex-FABP gene is the main candidate gene that regulates abdominal fat traits in chicken.

Key words extracellular fatty acid-binding protein (Ex-FABP) gene, PCR-SSCP, chicken, meat quality traits

*This work was supported by grants from The Special Funds for Major State Basic Research of China(G20000161), State 863 High Technology R&D Project of China (2001AA222191).

**Corresponding author . Tel: 86-10-62893323, E-mail: ninglbau@public3.bta.net.cn

Received: November 12, 2004 Accepted: January 31, 2005