

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2009.00131

鸡、鸭甲状腺激素应答基因(*THRSP*)的研究进展

詹凯¹, 杨宁², 徐桂云², 许月英¹, 赵瑞宏¹

1. 安徽省农科院畜牧兽医研究所, 合肥 230031;
2. 中国农业大学动物科技学院, 北京 100193

摘要: 甲状腺激素应答 Spot 14 (Thyroid hormone responsive spot 14, *THRSP*) 是一个参与多种脂肪合成限速酶基因表达的转录调控因子, 在动物肝脏、乳腺和脂肪组织中高度表达。家禽中鸡和鸭 *THRSP* 基因在 cDNA 水平均发现 *THRSP* α 和 *THRSP* β 两种同工型, 其中鸡 *THRSP* α 基因编码区碱基的插入/缺失影响鸡体重和腹脂性状, 与鸡的生长发育和脂肪代谢有关。文章综述了鸡 *THRSP* 基因与鸭同源基因结构特性和表达差异, 以及鸡、鸭 *THRSP* 基因多态性及其遗传效应。

关键词: 鸡; 鸭; *THRSP*; 同工型

Progresses on thyroid hormone responsive spot 14 (*THRSP*) gene in chickens and ducks

ZHAN Kai¹, YANG Ning², XU Gui-Yun², XU Yue-Ying¹, ZHAO Rui-Hong¹

1. Institute of Animal Husbandry and Veterinary, Agricultural Academy of Anhui Province, Hefei 230031, China;
2. College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193, China

Abstract: Thyroid hormone responsive spot 14 (*THRSP*), expressed in lipogenic tissues, is suggested as a transcription factor to regulate gene expression of rate-limiting enzymes in lipogenesis. Two *THRSP* isoforms, *THRSP* α and *THRSP* β , were detected at cDNA levels in chickens and ducks. Chicken *THRSP* α was speculated to be associated with growth development and lipid metabolism because of significant correlation between the indels in the coding region of *THRSP* α and growth, as well as abdominal fat traits of chickens. The differences of *THRSP* structure and expression between chickens and ducks were reviewed. Furthermore, polymorphism and genetic effects of *THRSP* gene in chickens and ducks were analyzed.

Keywords: chickens; ducks; *THRSP*; isoform

甲状腺激素是由甲状腺分泌的胺类激素, 包括四碘甲腺原氨酸(Thyroxine, T_4)和三碘甲腺原氨酸(Triiodothyronine, T_3)两种形式, T_4 转化为有效活性形式 T_3 , 与下丘脑-垂体-肝脏轴中的生长激素(Growth hormone, GH)、胰岛素样生长因子 1(Insulin-

like growth factor, IGF-1)等协同作用, 调节动物体生长发育和物质代谢过程。甲状腺激素不与胞浆受体结合进入核内发挥作用, 直接与核受体结合调节核内基因的表达^[1], 其中甲状腺激素应答 Spot 14 (Thyroid hormone responsive spot 14, *THRSP*)是核内

收稿日期: 2008-05-14; 修回日期: 2008-07-13

基金项目: 国家杰出青年科学基金项目(编号: 30225032), 国家科技支撑计划子项目(编号: 2008BADC1B03), 公益性行业(农业)科研专项(编号: nyhyzx07-039), 安徽省“十一五”科技攻关项目(编号: 07010302132)资助

作者简介: 詹凯(1968-), 博士, 研究员, 研究方向: 家禽分子数量遗传学。E-mail: zhankai633@126.com

通讯作者: 杨宁(1964-), 教授, 博士生导师, 研究方向: 分子数量遗传学及家禽遗传育种。E-mail: nyang@cau.edu.cn

受甲状腺激素诱导表达的基因之一, 该基因启动子区含有 3 个甲状腺素应答元件(Thyroid response elements, TRE), 对甲状腺激素刺激产生快速应答。*THRSP* 基因编码的蛋白又称 Spot 14 或 S 14, 是一种小分子量、酸性的细胞核内蛋白, 最初从小鼠肝脏分离出的 mRNA 中发现^[2], 现已证实 S14 作为一种甲状腺素受体正调控或负调控辅激活转录因子, 在组织特异的脂类代谢调控中起重要作用, 它能够有效调节苹果酸酶等参与调控线粒体三羧酸循环脂肪合成酶系基因的表达^[3]。家禽中鸡和鸭的 *THRSP* 基因 cDNA 序列近年来被相继克隆, 均包含 *THRSP* α 和 *THRSP* β 两种同工型^[4, 5], 并且 *THRSP* α 基因中含有与鸡脂肪和体重性状相关的分子遗传标记^[4, 6]。鉴于 *THRSP* 蛋白参与调控脂肪合成代谢过程的重要作用, 本文综述了鸡、鸭 *THRSP* 基因结构、表达及变异研究进展, 为今后深入研究家禽 *THRSP* 基因的功能提供借鉴。

1 鸡和鸭 *THRSP* 基因结构及同工型

1.1 鸡和鸭 *THRSP* cDNA 序列克隆

家禽 *THRSP* 基因 cDNA 序列首先从鸡肝脏组织中分离出来, 美国特拉华大学 Cogburn 教授领导的研究小组利用微阵列芯片技术研究发现, *THRSP* 基因 EST 在生长速度双向选择肉鸡的肝脏中表达有明显差异^[7], 并将此基因定位于鸡 1 号染色体长臂 41~44 处(GGA1q41-44)^[8], 该区间含有与鸡皮脂^[9]和腹脂^[10]相关的 QTL。Wang 等^[4]利用国际鸡 EST 数据库及 GenBank 中 EST 序列信息, 电子克隆(*in silico*)了 2 个 *THRSP* 同源 cDNA 序列—*THRSP* α (GenBank 登录号: AY568628)和 *THRSP* β (GenBank 登录号: AY568630)。根据鸡 *THRSP* cDNA 序列及其编码区保守性, Zhan 等^[5]采用快速扩增 cDNA 末端技术(RACE)克隆了鸭 *THRSP* α (GenBank 登录号: DQ227766)和

THRSP β cDNA 序列(GenBank 登录号: DQ227767)。

1.2 鸡和鸭 *THRSP* 基因序列特性

哺乳动物如人、鼠等的 *THRSP* 基因属单拷贝基因(图 1), 含有一段较长的 5' 调控区、两个外显子和一个内含子, 外显子 1 包含整个编码区和部分 3' 非翻译区, 外显子 2 为 3' 非翻译区^[11]。将鸡的 *THRSP* cDNA 序列递交美国加州大学圣克鲁斯分校的基因组浏览器作 Blat 比对, 并利用鸭 *THRSP* cDNA 序列设计引物在鸭基因组上扩增, 发现鸡和鸭的 *THRSP* α 基因 2 个外显子间有 1 个内含子, 与哺乳动物单拷贝 *THRSP* 基因结构相同, 鸡和鸭的 *THRSP* β 中均未检测出内含子。

鸡和鸭 *THRSP* β cDNA GC 含量分别高达 74.7% 和 73.1%^[4, 5]。鸡 *THRSP* α mRNA 序列末端有 2 个典型的 poly(A)信号, 而鸡 *THRSP* β 以及鸭 *THRSP* α 和 *THRSP* β 均只含有一个 poly(A)信号。鸭 *THRSP* α 和 *THRSP* β 编码区核酸相似性高达 91%, 比鸡 *THRSP* α 和 *THRSP* β 间核酸相似性(80%)高 11 个百分点^[5]。不同脊椎动物 *THRSP* 蛋白所含氨基酸数量及相似性不同, 人、鼠及斑马鱼 *THRSP* 分别含有 146、150 和 165 个氨基酸。家禽中鸡 *THRSP* α 和 *THRSP* β 基因分别编码 132 和 135 个氨基酸, 鸭 *THRSP* α 和 *THRSP* β 均编码 133 个氨基酸。由表 1 所示, 不同物种间的 *THRSP* 蛋白质氨基酸一致性不高, 鸡与鸭 *THRSP* α 和 *THRSP* β 蛋白的氨基酸一致性在 71%~86% 之间; 鸡、鸭 *THRSP* 蛋白与人和斑马鱼同源蛋白氨基酸一致性仅在 25%~39% 之间。不同物种 *THRSP* 蛋白一级结构中都含有 3 个较保守的结构域, 分别是靠近 N-末端的疏水结构域, 中部的疏水结构域, 以及 C-末端的亮氨酸拉链结构域, 其中两个疏水结构域比亮氨酸拉链结构更保守, 鸡鸭 *THRSP* 蛋白的亮氨酸拉链域所含亮氨酸数量多于哺乳动物, 其亮氨酸拉链基序的特征比哺乳动物更典型^[4, 5]。

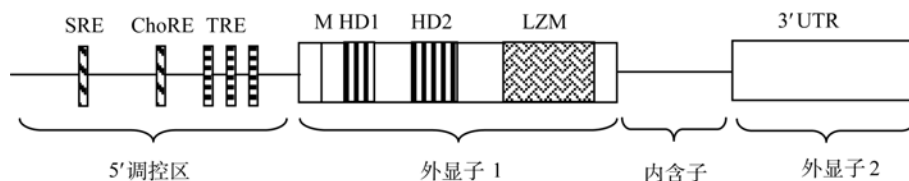


图 1 哺乳动物、鸡、鸭同源 *THRSP* 基因结构

SRE: 固醇应答元件; ChoRE: 碳水化合物应答元件; TRE: 甲状腺激素应答元件; M: 甲硫氨酸; HD1: N-端疏水结构域; HD2: 中部疏水结构域; LZM: C-端亮氨酸拉链基序; 3'UTR: 3'非翻译区。

表 1 鸡、鸭、人及斑马鱼 *THRSP* 蛋白氨基酸一致性(%)及遗传距离(括弧中值)

	鸭 <i>THRSP</i> α	鸭 <i>THRSP</i> β	鸡 <i>THRSP</i> α	鸡 <i>THRSP</i> β	人 <i>THRSP</i>
鸭 <i>THRSP</i> β	86(0.111)				
鸡 <i>THRSP</i> α	79(0.025)	72(0.123)			
鸡 <i>THRSP</i> β	71(0.185)	75(0.086)	74(0.185)		
人 <i>THRSP</i>	32(0.580)	25(0.556)	30(0.593)	32(0.568)	
鱼 <i>THRSP</i>	36(0.580)	39(0.556)	33(0.580)	35(0.568)	33(0.580)

注: 氨基酸一致性用百分率表示, 括弧中数值表示遗传距离, 数据见 Wang 等^[4]和 Zhan 等^[5]。

1.3 鸡、鸭 *THRSP* 同工型

mRNA 选择性剪接和基因重复均能使基因的序列和功能发生改变, 形成蛋白功能多样化的各种同工型^[12, 13]。基因在转录过程中通过选择不同的剪接位点和剪接末端、外显子不同组合及内含子的剪接与否等方式使 mRNA 发生选择性剪接^[14]。基因重复是某个单拷贝基因通过基因不平衡交换、逆转座及染色体(或基因组)重复的方式, 在后代基因组中形成两个或多个基因序列和功能出现分化的基因家族, 使物种在进化过程中获得适应性更强的形态和生理学功能^[13, 15, 16]。鸡和鸭 *THRSP* 基因在转录水平上均发现两种同工型 *THRSP* α 和 *THRSP* β , 分别通过 EST 电子克隆(鸡)或 RACE 技术(鸭)克隆出来^[4, 5]。

Wang 等^[4]首先对鸡 *THRSP* 同工型产生的遗传机制进行了研究, 通过对含有鸡 *THRSP* β 核酸序列的基因组 BAC 克隆进行鸟枪测序, 发现鸡 *THRSP* α 和 *THRSP* β 在基因组相同的方向上转录, 其侧翼区还包含与人类、小鼠和大鼠高度保守的同线性基因群, 分别是烟酰胺腺嘌呤二核苷酸脱氢酶(NADH dehydrogenase, *DUFC2*)、葡萄糖基转移酶(Glucosyltransferase, *ALG8*)基因, 得出基因重复使鸡 *THRSP* 基因产生 *THRSP* α 和 *THRSP* β 二种旁系同源基因(Paralogs)。Zhan 等^[5]利用 Blast 程序在 GenBank 和蛋白质数据库中进行同源核酸及蛋白序列的搜索, 未发现哺乳动物和斑马鱼等脊椎动物 *THRSP* 基因的同工型。鸡基因组 20 000~23 000 个基因中, 发生基因重复的基因数量比哺乳动物明显要少^[17]。

不同物种基因组发生基因重复的基因数量及基因重复后两个旁系同源基因(Paralogs)的进化速率并不相同^[13, 15]。鸡、鸭 *THRSP* 蛋白氨基酸一致性及遗传距离值显示(表 1), *THRSP* α 和 *THRSP* β 旁系同源基因在鸭与鸡基因组中独立进化。与鸡的 *THRSP* 基因

及其编码的蛋白相比, 鸭 *THRSP* α 和 *THRSP* β 蛋白一致性较高(86%)、遗传距离较近(鸭 0.111; 鸡 0.185), 提示 *THRSP* 基因在鸡和鸭基因组上发生基因重复后, *THRSP* 基因在鸭基因组上发生分化的速度应该比在鸡基因组上要慢。

2 *THRSP* 基因的表达调控及表达差异

2.1 *THRSP* 基因的表达调控

有研究表明^[18], 用 *THRSP* 反义寡聚核苷酸探针转染肝细胞后, 细胞表达参与脂肪合成的限速酶系(ATP-柠檬酸裂解酶、脂肪酸合成酶和苹果酸酶等)的 mRNA 水平显著降低。进一步通过给鸡饲喂甲状腺素 T_3 , 可以诱导 *THRSP* mRNA 在肝脏中高度表达, 证实鸡 *THRSP* 基因参与肝脏脂肪的合成^[19]。Beccavin 等^[20]研究了禁食与饲喂对鸡肝脏 *THRSP* 基因表达的影响, 鸡禁食 48 h 下调 *THRSP* α 和 *THRSP* β mRNA 表达, 重新饲喂后 4 h *THRSP* mRNAs 表达水平明显上调, 使 *THRSP* β 基因的表达(升高 8 倍)高于 *THRSP* α (升高 5 倍)。对哺乳动物 *THRSP* 基因表达调控研究表明, *THRSP* 基因 5 调控区含有对甲状腺激素(TRE)^[21]、碳水化合物(ChoRE)^[22]、固醇及 SREBP-1c(SRE)^[23, 24]等多种顺式元件(图 1), 在长链脂肪酸合成刺激因子——甲状腺激素、葡萄糖和胰岛素等反式作用因子的诱导下迅速应答, 提高 *THRSP* mRNA 表达水平, 而饲喂富含不饱和脂肪酸日粮或注射血浆胰高血糖素会降低 *THRSP* mRNA 的表达^[25]。Zhu 等^[26]报道 *THRSP* 敲除小鼠乳腺中的中链脂肪酸合成速率降低, 导致 *THRSP* 敲除鼠乳汁中甘油三酯的含量显著减少。Harvatine 等^[27]研究显示, 牛 *THRSP* 蛋白参与乳腺中乳脂的合成, 在反-10, 顺-12 共轭亚油酸诱导的脂肪合成减少的过程中起较广泛的作用。Cogburn 等^[27]用微阵列检测鸡出雏前后肝脏脂肪代谢基因表

达的变化发现:与发育后期胚胎(16、18和20胚龄)相比,1日龄雏鸡肝脏 *THRSP* 总 mRNA 水平显著升高。由于鸡胚到雏鸡必须经历由鸡胚卵黄囊脂类物质获取营养到直接从肠道消化吸收营养物质的代谢跃迁,1日龄雏鸡 *THRSP α* 和 *THRSP β* mRNA 水平比胚胎期分别提高 13~20 倍,证实鸡日粮碳水化合物有效结合 *THRSP* 基因调控区 ChoRE 元件,激活 *THRSP* 的转录与表达,并进一步级联下游脂肪合成代谢网络中的限速酶,增强脂肪合成能力,增加雏鸡的能量储备,保证雏鸡的正常发育。

2.2 *THRSP* 基因的表达差异

Wang 等^[4]利用实时荧光定量 PCR 系统检测家禽 *THRSP* 基因组织表达谱,结果表明,肝脏 *THRSP* mRNAs 表达量最高,脂肪、胸腺和卵巢表达量较低。5 周龄肉鸡肝脏和腹脂中 *THRSP α* 的表达量为 *THRSP β* 的 2~3 倍。Zhan 等^[5]在克隆出鸭 *THRSP α* 和 *THRSP β* cDNA 序列基础上,同样采用实时荧光定量 PCR 法对鸭 *THRSP* 基因进行组织表达谱分析,比较 *THRSP* 基因在 5 周龄肉鸡和 6 周龄肉鸭脂肪和肝脏组织中的表达结果发现,鸭 *THRSP* 基因在鸭腹脂和皮下脂肪中的表达量比在肝脏的表达量高 1.5 倍~2.0 倍,并且 *THRSP β* 在皮脂和肝脏的表达量显著高于 *THRSP α* ,这与鸡 *THRSP* 基因在腹脂和肝脏中表达特性完全相反。因此,鸡与鸭 *THRSP* 基因在脂肪合成组织中的表达出现一定程度的分化,可能与物种特异的脂肪代谢及沉积特性有关。

3 鸡、鸭 *THRSP* 基因的多态性及其遗传效应

3.1 鸡 *THRSP* 基因多态性及与生长、体组成的相关性

鉴于 *THRSP* 蛋白在肝脏脂肪合成代谢中的重要作用,*THRSP* 基因的多态性及其遗传效应首先在鸡中受到关注。Wang 等^[4]在研究中发现,*THRSP α* 和 *THRSP β* 基因在亮氨酸拉链基序 5' 端附近分别出现 9 bp(ATAGATGGC)和 6 bp(ACGCCG)碱基缺失,导致鸡 *THRSP α* 缺失 Ile80、Asp81 及 Gly82 3 个氨基酸,*THRSP β* 缺失 Ala70 和 Asp71 两个氨基酸。利用肉鸡与来航鸡群体对 *THRSP α* 基因插入/缺失多态与

体组成进行关联分析显示,缺失纯合子个体的腹脂重(率)显著低于非缺失纯合子。在以杏花鸡和隐性白洛克鸡正反交后自繁所得 F_2 全同胞资源群中,*THRSP α* 缺失纯合子腹脂重及脂肪带宽却明显高于非缺失纯合子^[28]。因此,鸡 *THRSP α* 基因可能是影响鸡脂肪代谢的主效基因或与控制该性状的主效基因连锁,能用于鸡脂肪性状的分子标记辅助选择,且具有群体特异性。Cao 等^[6]利用 AA 肉鸡和白耳鸡杂交构建的 F_2 资源群体研究 *THRSP α* 基因多态性与鸡生长和体组成性状的相关性,结果表明鸡 *THRSP α* 基因 9 bp 插入/缺失和 A213C 错义突变(天冬氨酸改变为甘氨酸)与体重相关,反映 *THRSP α* 基因对鸡的生长有重要的遗传效应。

3.2 鸭 *THRSP* 基因变异特性

鸭的体脂沉积能力较强,肉用型鸭皮下脂肪含量接近胴体的 30%,寻找鸭 *THRSP* 基因中与肉鸭脂肪代谢相关的分子标记,用于肉品质性状的分子标记辅助选择有重要意义。詹凯等^[29]对鸭 *THRSP α* 基因变异特性研究表明,鸭 *THRSP α* 基因突变频率远高于鸡,编码区平均突变频率为每千个碱基出现 23 个碱基突变,内含子区每千个碱基出现 28 个碱基突变,编码区的 16 个突变有 3 个为错义突变,其余均为同义突变。对鸡 *THRSP α* 基因插入/缺失位点与鸭同源基因编码区 3 个错义突变位点分析比较发现,鸡的 *THRSP α* 基因编码区 9 个碱基缺失减少的 3 个氨基酸中,其中包含第 81 位的天冬氨酸(Asp)^[4],鸭 *THRSP α* 蛋白在相似位置,即靠近亮氨酸拉链结构域 N 端第 81 位天冬氨酸,错义替换为缬氨酸(Val)^[29]。Cunningham 等^[30]研究表明,Asp81 对于 *THRSP* 蛋白构成同型二聚体、进而发挥对脂肪合成途径限速酶表达的转录调控,起至关重要的作用。*THRSP* 蛋白缺失 Asp 后,可能使 *THRSP* 发生同型二聚化的功能受到影响,进而导致不能有效结合到 L-丙酮酸激酶近端启动子的 Sp1 转录结合位点,无法激活 L-丙酮酸激酶的转录^[31],使缺失型个体的脂肪合成代谢速率下降,最终导致缺失型个体的腹脂含量显著低于非缺失型个体。有关鸭 *THRSP α* 基因 Asp81 位点变异与生长和脂肪性状的相关性,还有待于进一步研究。

4 结 语

THRSP 作为调节脂肪合成代谢的调控因子, 数十年来其基因和蛋白的功能研究一直备受关注。家禽中先后在鸡和鸭的肝脏组织分离出 *THRSP* 基因 cDNA 的两种同工型—*THRSP α* 和 *THRSP β* , 它们均在脂肪合成组织(肝脏、腹脂和皮脂)中表达, 并且在不同的组织中的表达存在差异。现有研究表明基因重复是导致鸡和鸭 *THRSP* 产生两种同工型的主要原因。鸡 *THRSP α* 基因编码区插入/缺失位点及错义突变位点在不同的资源群体中分别表现出与脂肪和生长性状相关的特性。鸭 *THRSP α* 基因中丰富的变异位点, 为进一步构建鸭资源群体, 寻找与鸭脂肪性状相关的分子标记提供了重要参考信息。鸡、鸭 *THRSP* 基因克隆、表达及变异特性研究也为鹅、火鸡、鹌鹑等其他家禽同源基因分子遗传机理研究奠定了基础。

参考文献(References):

- [1] Decuyper E, Van AsP, Van der Geyten S, Darras VM. Thyroid hormone availability and activity in avian species: A review. *Dom Anim En*, 2005, 29(1): 63–77. [\[DOI\]](#)
- [2] Seelig S, Liaw C, Towle HC, Oppenheimer JH. Thyroid hormone attenuates and augments hepatic gene expression at a pretranslational level. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1981, 78(8): 4733–4737. [\[DOI\]](#)
- [3] Chou WY, Cheng YS, Ho CL, Liu ST, Liu PY, Kuo CC, Chang HP, Chen YH, Chang GG, Huang SM. Human spot14 protein interacts physically and functionally with the thyroid receptor. *Biochem Biophys Res Commun*, 2007, 357(1): 133–138. [\[DOI\]](#)
- [4] Wang XF, Carre W, Zhou HJ, Lamont SJ, Cogburn LA. Duplicated Spot 14 genes in the chicken: characterization and identification of polymorphisms associated with abdominal fat traits. *Gene*, 2004, 332(5): 79–88. [\[DOI\]](#)
- [5] Zhan K, Hou ZC, Li HF, Xu GY, Zhao R, Yang N. Molecular cloning and expression of the duplicated thyroid hormone responsive Spot 14 genes in ducks. *Poult Sci*, 2006, 85(10): 1746–1754.
- [6] Cao ZP, Wang SZ, Wang QG, Wang YX, Li H. Association of spot14a gene polymorphisms with body weight in the chicken. *Poult Sci*, 2007, 86(9): 1873–1880.
- [7] Cogburn LA, Wang XF, Carre W, Rejto L, Porter TE, Aggrey SE. Systems-wide chicken DNA microarrays, gene expression profiling and discovery of functional genes. *Poultry Sci*, 2003, 82(6): 6378–6383.
- [8] Carre W, Diot C, Fillon V, Crooijmans RP, Lagarrigue S, Morrisson M, Vignal A, Groenen MA, Douaire M. Development of 112 unique expressed sequence tags from chicken liver using an arbitrarily primed reverse transcriptase-polymerase chain reaction and single strand conformation gel purification method. *Anim Genet*, 2001, 32(6): 289–297. [\[DOI\]](#)
- [9] Ikeobi CO, Woolliams JA, Morrice DR, Law A, Windsor D, Burt DW, Hocking PM. Quantitative trait loci affecting fatness in the chicken. *Anim Genet*, 2002, 33(6): 428–435. [\[DOI\]](#)
- [10] Lagarrigue S, Pitel F, Carre W, Le Roy P, Neau A, Amigues Y, Simon J, Vignal A, Leclercq B, Cogburn LA, Douaire M. An initial QTL scan for abdominal fatness and breast muscle weight in broiler chickens. In: Plant and Animal Genome XI Conference. San Diego, CA (http://www.intlpag.org/11/abstracts/P51_P595_XI.html), 2003.
- [11] Grillasca JP, Gastaldi M, Khiri H, Dace A, Peyrol N, Reynier P, Torresani J, Planells R. Cloning and initial characterization of human and mouse Spot 14 genes. *FEBS Lett*, 1997, 401(1): 38–42. [\[DOI\]](#)
- [12] 林鲁萍, 马飞, 王义权. 基因选择性剪接的生物信息学研究概况. *遗传*, 2005, 27(6): 1001–1006.
- [13] Zhang JZ. Evolution by gene duplication: an update. *Trends Ecol Evol*, 2003, 18(6): 292–298. [\[DOI\]](#)
- [14] 章国卫, 宋怀东, 陈竺. mRNA 选择性剪接的分子机制. *遗传学报*, 2004, 31(1): 102–107.
- [15] 彭贵子, 陈玲玲, 田大成. 基因重复的研究进展. *遗传*, 2006, 28(7): 886–892.
- [16] Tatusov RL, Koonin EV, Lipman DJ. A genomic perspective on protein families. *Science*, 1997, 278(5338): 631–637. [\[DOI\]](#)
- [17] International Chicken Genome Sequencing Consortium. Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. *Nature*, 2004, 432(7018): 695–716.
- [18] Kinlaw WB, Tron P, Witters LA. Thyroid hormone and dietary carbohydrate induce different hepatic zonation of both “spot 14” and acetyl-coenzyme-A carboxylase: a novel mechanism of coregulation. *Endocrinology*, 1993, 133(2): 645–650. [\[DOI\]](#)
- [19] Wang XF, Carre W, Rejto L, Cogburn LA. Global gene expression profiling in liver of thyroid manipulated and/or growth hormone injected broiler chickens. *Poultry Sci*, 2002, 81(Suppl. 1): 63-last page.
- [20] Beccavin C, Chevalier B, Cogburn LA, Simon J, Duclos MJ. Insulin-like growth factors and body growth in chickens divergently selected for high or low growth rate. *J Endocrinol*, 2001, 168(2): 297–306. [\[DOI\]](#)
- [21] Liu HC, Towle HC. Functional synergism between multiple thyroid hormone response elements regulates hepatic

- expression of the rat S14 gene. *Mol Endocrinol*, 1994, 8(8): 1021–1037. [\[DOI\]](#)
- [22] Koo SH, Towle HC. Glucose regulation of mouse S (14) gene expression in hepatocytes. Involvement of a novel transcription factor complex. *J Biol Chem*, 2000, 275(7): 5200–5207. [\[DOI\]](#)
- [23] Mater MK, Thelen AP, Pan DA, Donald BJ. Sterol response element-binding protein 1c (SREBP1c) is involved in the polyunsaturated fatty acid suppression of hepatic S14 gene transcription. *J Biol Chem*, 1999, 274 (46): 32725–32732. [\[DOI\]](#)
- [24] Martel PM, Bingham CM, McGraw CJ. S14 protein in breast cancer cells: direct evidence of regulation by SREBP-1c, superinduction with progestin, and effects on cell growth. *Exp Cell Res*, 2006, 312(3): 278–288.
- [25] Jump DB, Clarke SD, MacDougald O, Thelen A. Polyunsaturated fatty acids inhibit S14 gene transcription in rat liver and cultured hepatocytes. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1993, 90(18): 8454–8458. [\[DOI\]](#)
- [26] Zhu Q, Anderson GW, Mucha GT, Parks EJ, Metkowski JK, Mariash CN. The spot 14 protein is required for *de novo* lipid synthesis in the lactating mammary gland. *Endocrinology*, 2005, 146(8): 3343–3350. [\[DOI\]](#)
- [27] Harvatine KJ, Bauman DE. SREBP1 and thyroid hormone responsive spot 14 (S14) are involved in the regulation of bovine mammary lipid synthesis during diet-induced milk fat depression and treatment with CLA. *J Nutr*, 2006, 136(10): 2468–2474.
- [28] 闫文龙, 何超, 崔建勋, 罗成龙, 杜红丽, 杨关福, 张细权. 鸡 *THRSP* 基因多态性与脂肪性状的相关性研究. *西南大学学报(自然科学版)*, 2007, 29(2): 57–59.
- [29] 詹凯, 徐桂云, 杨宁. 鸭甲状腺激素应答基因(*THRSP*)比较基因组学研究. *畜牧兽医学报*, 2007, 38(6): 521–525.
- [30] Cunningham BA, Maloney M, Kinlaw WB. Spot 14 protein-protein interactions: evidence for both homo- and heterodimer formation *in vivo*. *Endocrinology*, 1997, 138 (12): 5184–5188. [\[DOI\]](#)
- [31] Compe E, de Sousa G, Francois K, Roche R, Rahmani R, Torresani J, Raymondjean M, Planells R. Spot 14 protein interacts and co-operates with chicken ovalbumin upstream promoter-transcription factor 1 in the transcription of the L-type pyruvate kinase gene through a specificity protein 1 (Sp1) binding site. *Biochem J*, 2001, 358 (Pt 1): 175–183. [\[DOI\]](#)

• 综合信息 •

《遗传》杂志入编第五版《中文核心期刊要目总览》

本刊讯: 依据文献计量学的原理和方法, 经研究人员对相关文献的检索、计算和分析, 以及学科专家评审, 《遗传》杂志入编第五版《中文核心期刊要目总览》之生物科学类的核心期刊, 在 25 种生物科学类核心期刊中排名第 5 位。

本版核心期刊定量评价, 采用了被引量、被摘量、被引量、他引量、被摘率、影响因子、获国家奖或被国内外重要检索工具收录、基金论文比、Wob 下载量等 9 个评价指标, 选作评价指标统计源的数据库及文摘刊物达 80 余种, 统计文献量达 32 400 余万篇次(2003–2005 年), 涉及期刊 12 400 余种。5 500 多位学科专家参加了核心期刊评选工作。经过定量评价和定性评审, 从我国正在出版的中文期刊中评选出 1980 余种核心期刊, 分属 7 编 73 个学科类目。并逐一核心期刊进行了著录。著录项目包括: 刊名、主办单位、创刊时间、出版周期、学科分类号、ISSN 号、CN 号、邮发代号、编辑部地址、邮政编码、电话、网址、电子邮箱、内容简介等。本书是图书情报部门和期刊读者的参考工具书, 可供图书情报部门对中文期刊的评估与订购、为读者导读及作者投稿提供参考。

第五版《中文核心期刊要目总览》由北京大学图书馆朱强馆长、戴龙基研究馆员和蔡蓉华研究馆员主编, 北京多所高等院校图书馆以及中国科学院国家科学图书馆、中国社会科学院文献信息中心、中国人民大学书报资料中心、中国学术期刊(光盘版)电子杂志社、中国农业科学院农业信息研究所等 27 个单位的百余名专家和期刊工作者参加了研究。全书约 220 万字, 16 开本, 精装, 于 2008 年 12 月由北京大学出版社出版。定价 360 元, 由北京大学图书馆征订和邮寄。联系人: 史复洋, E-mail: shify@lib.pku.edu.cn。

《遗传》编辑部