

豬經濟性狀遺傳標記 開發與應用

撰文/顏念慈·廖仁寶·張秀鑾·吳明哲

前言

豬經濟性狀包括繁殖、生長及屠體性狀，其遺傳標記定義為可作為動物遺傳狀況識別的 DNA 序列，如：用於分析因遺傳所產生的表現型差異或連鎖重組之基因，或已知其定位和效應的等位基因，即可作為遺傳標記，可用以增進對遺傳特性上的了解。「遺傳標記輔助選拔」廣受全世界畜禽育種研究組織之應用，其可用於畜禽重要經濟性狀的基因定位，以加速畜禽品種之改良效率。利用遺傳標記輔助選拔可加速提升台灣豬隻生長、屠體與繁殖性能，增加養豬產業的競爭力。結合傳統遺傳育種與現代分子遺傳技術篩檢畜禽重要基因型，以進行種畜禽早期選優汰劣，提升選育效率，將能更正確且有效的加速改善台灣經濟動物之經濟性狀。目前英、美、法、日諸國除投入技術研發外，亦早已建立所需之參考族群為試驗平台，行政院農業委員會畜產試驗所具有完善的種豬育種軟體設備及技術，為目前國內專一具有遺傳標記選拔所需之試驗規劃、實作與驗證之試驗場所，故推動豬經濟性狀遺傳標記開發與應用之計劃，亦可充實國家豬種改良研究之完備性。本文謹就近年來行政院農業委員會畜產試驗所（以下簡稱畜試所）在豬經濟性狀遺傳標記開發與應用之研究作一介紹，期能提供國家豬種改良研究者有價值的參考資料。

已開發應用之豬經濟性狀遺傳標記

（一）緊迫基因遺傳標記

豬的緊迫敏感綜合症候群 (Porcine stress syndrome, PSS) 是豬隻受外界環境緊迫而導致猝死的一種症狀，帶有緊迫基因之豬隻其屠體容易發生蒼白、柔軟與滲水的水滲肉 (Pale, soft and exudative, PSE)，進而影響屠肉品質，另緊迫敏感基因對豬隻生長及繁殖性能亦有負面之影響，會造成養豬業極大之經濟損失。緊迫敏感綜合症候群發生的原因係控制骨骼肌鈣離子釋放管道接受體基因 (Calcium release channel or Ryanodine receptor, RYR or CRC) 的 cDNA 第 1843 鹼基產生點突變 (Point mutation)，其鹼基由 C 轉變為 T，當此突變為純合子 T/T 時，即導致豬緊迫敏感陽性反應。為了讓種豬業者瞭解基因型並運用篩選結果作為選種之參考，除將 CRC 基因 DNA 標記命名為緊迫基因遺傳標記外，亦將緊迫基因型作統一代號，如緊迫基因型為 AA 者，即表示不具猝死的緊迫基因之正常豬；而緊迫基因型為 BB 者，則表示具有猝死之緊迫基因；AB 型者為緊迫基因的攜帶者。緊迫敏感豬 (BB 型) 較耐緊迫豬 (AA 型) 易遭緊迫猝死，另亦有窩仔數少 (出生時少 1.2 頭 / 窩，離乳時少 1.8 頭 / 窩)、生長慢及易產生水滲肉等缺點，而利用 CRC 基因 DNA 標記之檢測可篩除豬隻緊迫敏感基因，進而提高豬肉品質與養豬場經營效率。

初步應用研究顯示緊迫基因型為 AA 之正常型種母豬的初產日齡為 438 天，而 AB 雜合型的初產日齡為 498 天，顯示緊迫基因影響到種母豬的初產日齡。因為民間種豬業者極力重視與配合緊迫基因之篩除，分析 2008 年中央畜產會檢定站完檢合格公豬的緊迫基因型頻率，藍瑞斯、約克夏及杜洛克公豬具有 AA 正常型者之百分率，分別為 99.0%、100% 及 86.0%，已達國際上抗緊迫豬群選育的完成階段。

(二) 多產基因遺傳標記

種豬多產基因係指豬動情素接受器 (Estrogen receptor locus, ESR) 基因座上之 B 對偶基因，而 ESR 基因座位於第一對染色體短臂上，並具有兩個對偶基因 A 和 B；文獻指出，具 BB 型之母豬較 AA 型者每胎可多生 1.5-2.3 頭仔豬，故將 B 對偶基因稱做多產基因。ESR 基因可以增加窩仔數，改善繁殖成績，因此應用多產基因的篩檢技術做為輔助豬群改良的工具，實為改善母豬繁殖性能快速之方法。而畜試所現已開發出 ESR 基因檢測法，並用來篩選台灣多產之豬種，成果如下。

1. 應用限制酶分切片段長度多態性 (Restriction fragment length polymorphism, RFLP) 與單點核苷酸突變點拆離式聚合酶連鎖反應 (Mutagenically separated polymerase chain reaction, MS-PCR) 檢測交叉比對法，進行 ESR 基因座檢測。MS-PCR 檢測法已獲專利，為台灣之豬繁殖多產基因最佳檢測法。
2. 應用上述多產基因遺傳標記 MS-PCR 檢測法，篩檢 136 頭梅山與杜洛克雜交選育之 F2 世代種豬 (101 頭母豬與 35 頭公豬) 之 ESR 基因型，並評估其產仔性能。結果顯示：AA 與 AB 型母豬與配 BB 型公豬者，較與配 AB 型公豬者，可生產較多的窩仔數。
3. 應用 2008 年中央畜產會檢定種豬進行多產基因檢測，蒐集包括藍瑞斯 260 頭、約克夏 109 頭、杜洛克 520 頭之資料，其多產基因 B 交替基因頻率分



圖一 具多產基因之約克夏

析結果，藍瑞斯、約克夏及杜洛克分別為 0.03、0.49 及 0.001，顯示在台灣約克夏種豬是具有多產基因較多的豬種 (如圖一)。

(三) 高肉質基因遺傳標記

有一影響肉質之基因為心臟脂肪酸結合蛋白基因 (Heart fatty acid-binding protein, H-FABP)，此基因位於豬的第六對染色體上，與肌肉內脂肪 (intramuscular fat) 之含量有關。此基因與肉之柔嫩度、多汁性與良好風味為正相關，尤其是背最長肌之脂肪含量不隨著選拔精肉型豬而下降，因此利用聚合酵素連鎖反應 (polymerase chain reaction, PCR) 方法在種豬群中篩選此基因對提高豬肉品質有相當大之助益。

高肉質基因的判定方法是以三種限制酶 *HaeIII*、*MspI* 及 *HinfI* 進行豬基因組 DNA 片段切割，切割出 Hh、Aa 及 Dd 等三對對偶基因，形成 27 種基因型。畜試所研究團隊再將其歸類為 HH6、HL5、HL4、HL3、LL2、LL1 及 LL0 等 7 個外表型，並判定 HH6 為肉質基因最佳等級，HL5、HL4、HL3 為次佳等級，而 LL2、LL1 為較差等級，其 LL0 則為最差之等級。最後分析 2008 年中央畜產會檢定公豬各品種肉質基因之頻率 (表一) 顯示，杜洛克高肉質基因 HH6 頻率已達 70.4%，屬高肉質豬種 (如圖二)。

表一 2008年中央畜產會檢定公豬各品種肉質基因頻率

品種	肉質基因	頭數	累計頭數	累計百分比
杜洛克(D)	HH6	347	347	70.4
杜洛克(D)	HL5	23	370	75.1
杜洛克(D)	HL4	50	420	85.2
杜洛克(D)	HL3	65	485	98.4
杜洛克(D)	LL2	2	487	98.8
杜洛克(D)	LL1	4	491	99.6
杜洛克(D)	LL0	2	493	100.0
藍瑞斯(L)	HH6	1	1	0.5
藍瑞斯(L)	HL5	7	8	3.8
藍瑞斯(L)	HL4	149	157	75.1
藍瑞斯(L)	HL3	14	171	81.8
藍瑞斯(L)	LL2	35	206	98.6
藍瑞斯(L)	LL0	3	209	100.0
約克夏(Y)	HL4	13	13	14.0
約克夏(Y)	HL3	26	39	41.9
約克夏(Y)	LL2	34	73	78.5
約克夏(Y)	LL1	13	86	92.5
約克夏(Y)	LL0	7	93	100.0

(四) 造骨蛋白基因遺傳標記

豬隻造骨蛋白 (Osteopontin, OPN) 基因位於第八號染色體的長臂末端。豬造骨蛋白基因的啟動區存在有變異的 TG 雙核苷酸重複序列，可能參與調控造骨蛋白基因之轉錄，亦與母豬產仔性能有關。以造骨蛋白基因 (OPN) 微衛星型遺傳標記檢測 180 頭經產種母豬啟動子區域之 [TG] 序列重複數對偶基因 (allele)，其對偶基因類型依所具 [TG] 雙核苷酸重複數區分，計發現九種對偶基因，28 種基因型。進一步分析種母豬具不同 OPN 對偶基因對產仔性能之影響，結果顯示：具 [TG]14 對偶基因之約克夏種母豬所分娩活仔數顯著地較未具該對偶基因者為佳；具 [TG]21 或 [TG]24 對偶基因之杜洛克種母豬所分娩仔豬之存活率亦顯著地較未具該對偶基因者為佳。



圖二 具高肉質基因之杜洛克

(五) 微衛星型遺傳標記

微衛星序列是指在 DNA 序列中，含有短的串聯重複的核苷酸，其重複的單位有單、雙、三或四個核苷酸，例如分別為 TTTTTT、TGTGTGTG、GTCGTCGTC 或 GATCGATCGATC，在這些組合中，以雙重複者最多見。這些串聯重複的核苷酸序列通常位於未編碼區域，此區域含有大量的遺傳變異度。畜試所研究團隊遂利用微衛星型遺傳標記，檢定各豬種間之產仔性能，結果如下所述。

1. 以最小平方方法分析各品種母豬的第一號染色體微衛星型遺傳標記對偶基因與其產仔性能之結果顯示：杜洛克母豬具 SW1514 的對偶基因 B3 和 SW1301 的對偶基因 B1，其總產仔數比未具有該對偶基因者顯著得高。而藍瑞斯母豬具 SW373 對偶基因 B5 與杜洛克母豬具 SW1514 對偶基因 B3，其產仔活仔數亦顯著得比未具有該對偶基因者高。
2. 以九種豬微衛星型遺傳標記篩檢 78 頭蘭嶼豬與 60 頭桃園豬之基因組 DNA，再將所得到的遺傳標記對偶基因分布頻率以套裝軟體 DISPAN 分析，其結果為蘭嶼豬的平均異質性為 0.49 ± 0.08 ，桃園豬則為 0.44 ± 0.08 。
3. 選擇在第八號染色體上的 15 個微衛星型遺傳標記，用以篩檢 242 頭種母豬 DNA 基因型。其基因型檢測結果顯示每個遺傳標記之對偶基因分布，皆有品種間的差異。以一般線性模式和最小平方方法分析母豬個別遺傳標記對偶基因與其產仔性能之結果顯示：KS188-B8 對藍瑞斯母豬具有正效應，同時，KS141-B2 與 KS168-B3 對約克夏母豬和 KS148-B2、-B5、-B8、KS192-B5、KS141-B1、KS140-B3 對杜洛克母豬及 SW1843-B1、-B9、SW61-B15 對盤克夏母豬具有正效應。同樣地，不同品種母豬具有某些對偶基因時，其產仔性能則會比未具有該對偶基因者差。
4. 在第六號染色體上平均選擇十個微衛星型遺傳標記，用以篩檢 242 頭種母豬 DNA 基因型。以一

般線性模式和最小平方方法分析母豬個別遺傳標記對偶基因與其產仔性能之結果顯示：一些標記對偶基因與三個品種母豬的產仔性能極顯著相關並具有正效應。例如 S0099-B7 與 SW1881-B15 對藍瑞斯母豬具有正效應、SW1129-B1 對約克夏母豬及 SW2406-B1、SW1881-B6 及 S0099-B5 對杜洛克母豬具有正效應。

開發中的豬經濟性狀遺傳標記

(一) 增肌基因遺傳標記

類胰島素生長因子第二型 (Insulin-like-growth factor 2, IGF2) 蛋白質會促進動物細胞生長，IGF2 基因定位在豬第 2 號染色體上的 2p1.7 位置，基因全長有 23, 821 個鹼基，有 4 個啟動子，會表現 7 種信息單股核酸序列 (mRNA)，轉譯出有 181 個氨基酸序列之類胰島素生長因子第二型蛋白質先軀物 (IGF2 preproprotein)，經激活後去掉那有 24 個氨基酸序列之前套，活化型 157 個氨基酸序列之類胰島素生長因子第二型蛋白質會讓肌肉增生，因此我們稱 IGF2 基因為「增肌基因」。增肌基因是一種源自父親的基因，也就是讓胎兒成長發育的基因，確保仔豬出生外觀健全及有活力。台灣種豬的增肌基因定序上，已在藍瑞斯種豬、約克夏種豬及杜洛克種豬之 IGF2 基因第七個內含子 (Intron 7) 發現有基因突變點 (IGF27)。增肌基因雖來自父親及母親兩方，不過，母親增肌基因在母親卵子成熟期間會被限制表現，當精卵結合後，必須由父親增肌基因來表現，使受精卵發育成仔豬。因此選育種公豬的增肌基因時，通常要純合型，所以終端用杜洛克公豬須為純合型增肌基因。

將中央畜產會檢定站完檢的 200507、200509、200510 及 200511 期等四期合格公豬，依基因選種的緊迫基因型和增肌基因型 (FF、FG、GG) 分類下，檢定指數 100 以上之種公豬性能平均有差異。代表冠軍豬的指數最大值在各品種，均以 FF 型機率最高。GG 型公豬的背脂厚度平均較厚，顯示瘦肉率

低。增肌基因之檢測結果顯示 FF 型公豬之檢定合格率高且排名在前，GG 型豬之名次在後，故 FF 型為有利基因。

(二) 產精基因遺傳標記

畜產種原網站 www.angrin.tlri.gov.tw 正在建構種公豬產精子達一兆隻總數之資料庫，將可協助種豬場育出產精強的高產精公豬。種豬基因選種團隊進一步追蹤其後代公豬送到新化種豬檢定站，並取得產肉能力登錄公豬 595 頭，再檢測其位於第 16 號體染色體上的產精基因型 (PP、LP、LL) 及比較拍賣成交價的平均 (表二)，顯示有利產精的基因型 PP 與 LP，在藍瑞斯 (L) 和約克夏 (Y) 種公豬價格皆較好，而杜洛克 (D) 種公豬則因緊迫基因為 AA 或 AB 型會有不同的產精基因型價差。因此，種豬協會會員場持續送豬檢定，畜試所網路養豬會議研擬種公豬的第六個基因—產精基因型篩選技術應用範圍；短程上，產精基因型篩選工作之執行可提升

種公豬的精液品質，也預期會影響到種母豬的每胎仔豬活頭數。

(三) 飼效基因遺傳標記

種豬成長以日增重、飼料效率及背部脂肪厚度等三項性狀作為種豬性能檢定指數，而飼料效率 (飼料量 / 增重) 的高低影響到養豬戶的直接收益。如進口玉米到岸價格自 10 年前至今，由每公斤 4.7 元增加為 6.1 元，大豬飼料價格則由每公斤 8.4 元增加為 10.3 元，而拍賣市場毛豬每公斤價格依舊在 50 元上下波動。因此，飼料效率為 3.00 時，毛豬每公斤的飼料成本將高達 62%，這樣一來，養豬的利潤就降低很多。台灣產肉能力登錄種公豬的飼效逐年降至 2.00 以內，動科所檢定站的種公豬飼效 (1.95) 比中央畜產會檢定站新化站種公豬飼效 (2.05) 還佳，而其飼效值在 2.00 以內的種豬則稱為「高飼效種豬」。因此使用這種高飼效種豬於肉豬生產上，可降低飼料使用量，讓每頭肉豬少吃 50 公斤飼料，可

表二 新化種豬檢定站種豬產精基因型之檢定合格及拍賣價差

品種	緊迫基因	產精基因	公豬						女豬					
			完檢頭數	登錄頭數	合格率(%)	成交頭數	成交價平均(元)	最高價(元)	完檢頭數	登錄頭數	合格率(%)	成交頭數	成交價平均(元)	最高價(元)
D	AA	LL	343	218	63	192	39,526	283,000	29	29	100	26	19,038	52,000
D	AA	LP	233	153	65	127	39,007	264,000	17	17	100	15	21,266	56,000
D	AA	PP	43	33	76	24	36,833	132,000	2	2	100	2	55,500	85,000
D	AB	LL	65	38	58	27	29,481	81,000	5	5	100	3	20,666	38,000
D	AB	LP	45	35	77	27	25,370	56,000	0	-	-	-	-	-
D	AB	PP	5	4	80	2	32,500	39,000	0	-	-	-	-	-
L	AA	LL	196	118	60	84	34,107	93,000	47	46	97	41	17,512	51,000
L	AA	LP	134	85	63	66	39,030	162,000	41	41	100	38	18,342	39,000
L	AA	PP	19	12	63	9	60,444	121,000	8	8	100	7	21,428	50,000
Y	AA	LL	13	9	69	6	19,500	36,000	6	5	83	4	13,000	16,000
Y	AA	LP	46	24	52	15	23,600	40,000	10	9	90	7	14,857	22,000
Y	AA	PP	34	21	61	13	52,230	151,000	8	8	100	5	13,000	17,000
小計			1176	750	65	592			173	170	97	148		

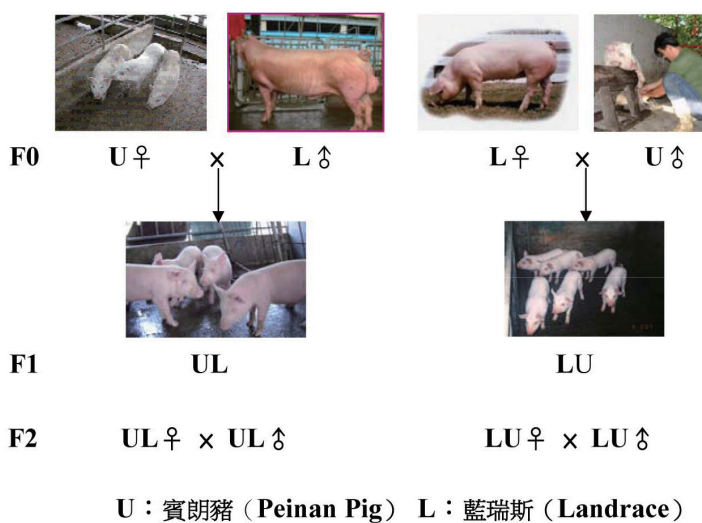
備註：D：杜洛克；L：藍瑞斯；Y：約克夏。

節省 515 元，年產 700 萬頭肉豬的養豬業，可節省 36 億元的飼料費。

豬經濟性狀遺傳標記開發在建立參考族群時，親本的選擇往往具有關鍵地位。在親本的選擇上會盡量選擇親緣關係較遠，且性狀值差異較大者為親本。所以在進行豬飼效遺傳標記開發時，我們以親緣關係較遠的洋種豬藍瑞斯與本地豬賓朗豬為親本，參考族群之建立如圖三。藍瑞斯 (L) 之 F0 基礎族群，以選留動科所藍瑞斯公豬之 L727-11 (FE=1.48)。參試之藍瑞斯女豬 31 頭，平均日增重、飼料效率及背脂厚度分別為 0.85，2.76 及 1.67 cm。參試之藍瑞斯女豬飼料效率最低為 2.26，最高達 3.22，若依百分比來比較，顯示參試之藍瑞斯女豬之飼料效率大部分介 2.51~2.60，2.81~2.90 這二個範圍。賓朗豬 (U) 之 F0 基礎族群，以 286-04 ♂ (FE=3.29)，286-05 ♀ (FE=3.46)，286-06 ♀ (FE=4.12)，359-03 ♀ (FE=4.77)，359-04 ♀ (FE=3.87) 為主，其平均日增重為 0.34 kg/day，平均飼料效率為 3.60，平均背脂厚度為 2.26 cm。

應用上述賓朗豬 (U) 與藍瑞斯豬 (L) F0 基礎族群，產生一代雜交種 (LU 與 UL)，然後將一代雜交種自交，產生第二代 (F2) 族群。F2 個體的每個基因座上有三種可能的基因型，即含藍瑞斯豬同質結合體 (LL)，異質結合體 (LU) 和含賓朗豬同質結合體 (UU)。此三種基因型的期望比例為 1:2:1，且各性狀表現型會分離開來，我們可用已知其定位和效應的等位基因或微衛星型 DNA 片段進行檢測，分析因遺傳所產生的表現型差異或連鎖重組之基因，作為飼效基因等生長性能的遺傳標記之開發。

應用上述之 F0 藍瑞斯種豬，所具有之個別的微衛星型遺傳標記對偶基因型與其生長性能，包括平均日增重、飼料效率及背脂厚度之資料，以 SAS 軟體 GLM 程式及最小平方平均法進行分析與比較，結果顯示可能與平均日增重；飼料效率；背脂厚度有關之染色體對 (微衛星型遺傳標記) 分別為第三 (SWR2096)、四 (SW839)、六 (SW607)、七 (SWR1343)、八 (SW1980) 及十三 (SWR950) 號染色體；第四 (SW2404)、六 (SW973)、及 X (SW2470) 號染色體；第二 (SWR2157) 與三 (SW1327) 號染色體。依據目前豬基因組體學之研究，學者認為第二號染色體上有與生長、背脂、肉質與嫩度有關之基因，其中包括與瘦肉生長有關之類胰島素生長因子。第四號染色體上之基因對出生至 70 公斤之生長速率、小腸長度及平均背脂與腹脂百分率有相當大的作用。第六號染色體上之基因與仔豬離乳重、離乳後增重較快、較高肌肉堅實度及較低腿肉之評分有關。第十三號染色體上之基因與仔豬出生重及出生至 30 公斤重間之日增重有關。豬肉品質特性對多數消費大眾而言，通常是指豬肉的顏色、硬度、組織性、肌間脂肪量、肉質口感、瘀血與貯存期限等範疇 (<http://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/SS/browse>)。本試驗初步結果顯示藍瑞斯生長性狀亦與第二、四、六、十三號染色體上的微衛星序列有關。飼效基因遺傳標記仍開發中，期望近期內能尋找到可用的遺傳標記供農民使用。



圖三 參考族群建立流程

結語

利用生物技術開發產品，獲得創新價值，是畜牧產業之利基。應用遺傳標記輔助選拔是目前被廣為應用的育種策略，可以縮短育種選拔之時間，透過分生技術之運用，篩檢家畜之遺傳缺陷，已經成為種畜育種場必備之條件。應用遺傳標記來輔助傳統育種與選拔為一世界趨勢，我國傳統豬種改良策

略配合遺傳標記輔助選拔系統的應用，以基因化之選育技術來選留適合台灣環境基因組，方可迅速掌控不同環境間遺傳的最佳組合，達到性狀改良基因化的最適表現。

AgBIO

顏念慈 行政院農業委員會畜產試驗所 育種遺傳組 研究員
 廖仁寶 行政院農業委員會畜產試驗所 育種遺傳組 副研究員
 張秀變 國立屏東科技大學 動物科學與畜產系 副教授
 吳明哲 行政院農業委員會畜產試驗所 育種遺傳組 研究員兼組長

參考文獻

1. 廖仁寶、張秀變、賴永裕、劉錦條、吳明哲（1999）母豬造骨蛋白遺傳型對新生仔豬存活率之影響。中畜會誌，28(1)：33-39。
2. 廖仁寶、張秀變、賴永裕、劉錦條、呂宜瑾、劉英明、吳明哲（2000）利用MS-PCR及DNA定序檢驗盤克夏豬種的緊迫基因。中畜會誌，29(4)：321-328。
3. 廖仁寶、吳明哲、張秀變（2001）盤克夏豬造骨蛋白基因啟動子區域之TG重複區定序。中華農學會報，2(3)：217-225。
4. 廖仁寶、張秀變、賴永裕、劉錦條、吳明哲（2000）母豬造骨蛋白交替基因對產仔性能之影響。中畜會誌，29(增刊)：131。
5. 廖仁寶、黃鈺嘉、張秀變、賴永裕、顏念慈、吳明哲（2002）第一號染色體微衛星型遺傳標記與經產母豬產仔性能之相關性研究。中畜會誌，31(4)：135。
6. 廖仁寶、賴永裕、吳明哲、黃鈺嘉、張秀變（2003）豬隻第六號染色體微衛星型遺傳標記與經產母豬產仔性能相關性研究。中畜會誌，32(4)：133。
7. 廖仁寶、賴永裕、吳明哲、黃鈺嘉、張秀變（2004）豬第八號染色體微衛星型遺傳標記與經產母豬產仔性能之相關性研究。中畜會誌，33(增刊)：95。
8. 廖仁寶、黃鈺嘉、賴永裕、顏念慈、吳明哲、張秀變（2005）以豬第一號染色體微衛星型遺傳標記交替基因頻率與序列比較經產母豬產仔性能。中畜會誌，39(2)：99-109。
9. 陳佳萱、賴永裕、劉桂柱、李世昌、廖仁寶、吳明哲、張秀變（2003）台灣種豬動情素受體多產基因頻率。中畜會誌，36(1)：19-25。
10. 張秀變、高瑞娟、賴永裕、吳明哲（1995）豬基選：II.第六對染色體上 CRC 突變基因對母豬繁殖之影響。中畜會誌，24(增刊)：120。
11. 張秀變、倪靜華、林德育、高瑞娟、賴永裕、吳明哲（1995）豬基選：V.母豬第一對染色體上 SW373 遺傳型及初產仔豬數。中畜會誌，24(增刊)：122。
12. 張秀變、吳明哲、廖仁寶、劉錦條、賴永裕（1997）造骨蛋白基因雜合型母豬之新生仔豬存活率。中畜會誌，26(增刊)：116。
13. Brandstetter, A. M., H. Sauerwein, J. H. Veerkamp, Y. Geay and J. F. Hocquette (2002) *Effects of muscle type, castration, age and growth rate on H-FABP expression in bovine skeletal muscle*. Livestock Prod. Sci. 75: 199-208.
14. Gerbens, F., A. J. M. van Erp, F. L. Harders, F. J. Verburg, T. H. E. Meuwissen, J. H. Veerkamp and M. F. W. te Pas (1999) *Effect of genetic variants of the heart fatty acid-binding protein gene on intramuscular fat and performance traits in pigs*. J. Anim. Sci. 77: 846-852.
15. Hittle, D. and K. B. Storey (2001) *Differential expression of adipose- and heart-type fatty acid binding proteins in hibernating ground squirrels*. Biochim. Biophys. Acta 1522: 238-243.
16. Schaap, F. G., B. Binas, H. Danneberg, G. J. van der Vusse and J. F. C. Glatz (1999) *Impaired long-chain fatty acid utilization by cardiac myocytes isolated from mice lacking the heart-type fatty acid binding protein gene*. Circ. Res. 85: 329-337.
17. Switonski, M., A. Chmurzynska and M. Mackowski (2003) *Searching for genes controlling fatness traits in pigs*. Anim. Sci. Papers and Reports. 21: no.2, 73-86.