

吴 芸, 欧正森, 殴小嫚, 等. 赤水乌骨鸡 *PTGDS* 基因克隆、序列特征及组织表达分析[J]. 江苏农业科学, 2023, 51(23): 22–27.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.23.004

赤水乌骨鸡 *PTGDS* 基因克隆、序列特征及组织表达分析

吴 芸¹, 欧正森², 殴小嫚², 陈粉粉², 闫吉美¹, 李盼盼¹

(1. 遵义师范学院生物与农业科技学院, 贵州遵义 563006; 2. 西南林业大学生命科学学院, 云南昆明 650224)

摘要:为研究赤水乌骨鸡 *PTGDS* 基因的结构和功能, 检测其在赤水乌骨鸡不同组织、胸肌和腿肌中的表达情况, 探究 *PTGDS* 基因对赤水乌骨鸡肉质性能的影响。运用 RT-PCR 获得 *PTGDS* 基因 CDS 序列, 对其氨基酸序列进行生物信息学分析, 揭示其结构特征和亲缘关系, 同时通过 qPCR 检测赤水乌骨鸡 *PTGDS* 基因在同一时期不同组织中的表达特性。结果显示, 赤水乌骨鸡 *PTGDS* 基因编码区长 558 bp, 编码 186 个氨基酸, 保守性分析发现赤水乌骨鸡 *PTGDS* 基因与原鸡的同源性最高, 核酸和氨基酸序列比对同源性分别为 100%; 系统进化分析发现, 赤水乌骨鸡与原鸡的亲缘关系最近, 与黑天鹅和鸿雁的亲缘关系最远。*PTGDS* 基因在各组织中均有表达, 在肾中的表达量最高, 显著高于其他组织 ($P < 0.05$); 肌肉中腿肌的表达量高于胸肌, 但差异不显著 ($P > 0.05$)。研究结果可为进一步揭示 *PTGDS* 基因的功能和调控机制提供参考。

关键词: 赤水乌骨鸡; *PTGDS* 基因; 生物信息学分析; 组织 mRNA 表达

中图分类号: S831.2 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2023)23-0022-06

前列腺素 D 合成酶 (prostaglandin D synthase, *PTGDS*) 是一种最早发现在人的脑脊液中大量表达的低分子量糖蛋白^[1], 后来又相继在大脑、肝脏、心脏、骨骼肌、肺、胰腺和脂肪等多种组织中检测到 *PTGDS* 的存在。*PTGDS* 是脂质运载蛋白超家族成员之一, 是该家族中唯一具有酶功能的成员, 具有前列腺素代谢和脂质转运双重功能, 既可以合成前列腺素, 又可以作为亲脂性小分子的载体参与诸如视黄醇、视黄酸、胆红素、胆绿素和类维生素 A 等一些亲脂性分子的运输, 还可以作为一种高度糖基化的蛋白质参与花生四稀酸的代谢, *PTGDS* 在脂质代谢中起调节作用^[2-4]。

赤水乌骨鸡是贵州优良的地方鸡品种, 属于肉蛋兼用型鸡, 羽毛、皮肤和肌肉均呈现黑色, 具有耐粗饲、肉质好、适应性强等特性, 是优良的育种素材。目前, 对赤水乌骨鸡肉质和风味方面的研究较少。本试验以赤水乌骨鸡为研究对象, 通过 RT-qPCR 方法克隆得到 *PTGDS* 基因序列, 进行生物信

息学分析, 同时采用 qPCR 检测了 *PTGDS* 基因在不同组织和肌肉中的表达差异, 为进一步探究 *PTGDS* 基因对赤水乌骨鸡肉质风味相关的调控机制和鸡机体上的生物学功能提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验样品采集及总 RNA 提取

试验选用的同批次孵化、体质量相近的 35 日龄赤水乌骨鸡, 由贵州竹香鸡养殖合作社提供。所有试验用鸡均在相同饲养管理和营养水平条件下饲养。随机选取 10 羽公鸡, 屠宰后采集各羽公鸡的心脏、肝脏、脾脏、肺、肾脏、腿肌和胸肌 7 个组织样品, 将采集的组织样品迅速置于组织 RNA 保存液中 4 ℃ 过夜, 随后置于 -80 ℃ 超低温冰箱中保存待用。采用 TRIzol 法提取各组织总 RNA, 超微量紫外分光光度计测定提取 RNA 的浓度和纯度, 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 RNA 的完整性。使用 PrimeScript™ RT 试剂盒对检测合格的 RNA 进行反转录, 合成 cDNA 第 1 链。

1.2 主要仪器和试剂

全自动快速研磨仪 (JXFSTPRP-64, 上海净信实业发展有限公司), 高速冷冻离心机 (TGL-16G, 上海安亭科学仪器厂), 多功能成像系统 [ChemIDOC MP, 伯乐生命医学产品 (上海) 有限公司], 荧光定量 PCR 仪 [CFXconnect, 伯乐生命医学

收稿日期: 2023-02-03

基金项目: 贵州省教育厅特色领域项目 (编号: 黔教合 KY 字 [2019] 076); 遵义师范学院服务地方产业革命项目 (编号: 遵师合地方产业字 [2020] 05 号); 遵义师范学院博士启动基金 (编号: 遵师 BS [2017] 15 号)。

作者简介: 吴 芸 (1982—), 女, 重庆人, 博士, 副教授, 主要从事家禽遗传育种研究。E-mail: kyzywy002@163.com。

产品(上海)有限公司],微量核酸蛋白检测仪(UVS-99,艾文思生物技术公司);RNAiso Plus、TB Green® Premix Ex Taq™ II 和 PrimeScript™ RT 试剂盒,均购自宝日生物技术(北京)有限公司;质粒小提试剂盒、胶回收试剂盒,购自 Omega Bio-Tek 公司;DH5 α 感受态细胞、T 载体 PCR 产物克隆试剂盒,购自生工生物工程(上海)股份有限公司;RNAwait 购自北京索莱宝科技有限公司。

1.3 赤水乌骨鸡 *PTGDS* 基因克隆

参照 GenBank 原鸡 *PTGDS* 基因序列(NM_204259.2),采用 Primer Premier 6.0 软件设计扩增赤水乌骨鸡 *PTGDS* 基因 CDS 序列的特异性引物(表1),引物由生工生物工程(上海)有限公司合成。以赤水乌骨鸡胸肌组织的 cDNA 为模板进行 PCR 扩增。扩增体系为:cDNA 3 μ L,上、下游引物各 2 μ L,2 \times TransStart® FastPfu PCR Super Mix 20 μ L,ddH₂O 13 μ L。反应条件为:94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min;94 $^{\circ}$ C 变性 30 s,52 $^{\circ}$ C 退火 30 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min,共 35 个循环;72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min,10 $^{\circ}$ C 保存。扩增产物用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测,将检测正确的条带切胶回收产物连接到 T 载体,转化感受态细胞,挑阳性克隆提质粒送生工生物工程(上海)股份有限公司测序。

1.4 生物信息学分析

通过使用 DNAMAN 9.0 软件对测序得到的赤水乌骨鸡 *PTGDS* 基因 CDS 区序列与原鸡序列进行序列比对,采用 NCBI 的 BLAST 在线软件对其进行同源性搜索,将搜索得到的原鸡、日本鹌鹑、雉鸡、盔珠鸡、艾草松鸡等的 *PTGDS* 基因用 MegAlign 软件进行同源和变异分析。采用 MEGA 11.0 软件构建 *PTGDS* 基因的遗传进化树。采用 STRING 在线软件(<https://string-db.org/>)预测可能与 *PTGDS* 蛋白发生相互作用的蛋白。采用 ProtParam 在线软件(<http://web.expasy.org/protparam/>)分析 *PTGDS* 蛋白质的理化性质。采用 ProtScale (<https://web.expasy.org/protscale/>)在线软件计算 *PTGDS* 蛋白质的疏水性。TMHMM 在线软件(<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>)预测 *PTGDS* 蛋白质的跨膜结构域。采用 Signal P 5.0 (<https://services.healthtech.dtu.dk/service.php?SignalP-5.0>)预测 *PTGDS* 蛋白的信号肽。用 Phyre2(<http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/phyre2/html/page.cgi?id=index>)和 SWISS-MODEL 在线软件([https://www.](https://www.expasy.org/resources/swiss-model)

[expasy.org/resources/swiss-model](https://www.expasy.org/resources/swiss-model))分别预测分析 *PTGDS* 蛋白的二级结构和三级结构。运用 Net-Phos 3.1 (<https://services.healthtech.dtu.dk/service.php>)预测 *PTGDS* 蛋白的磷酸化位点。用在线软件 PSORT (<https://www.genscript.com/tools/psort>)进行蛋白的亚细胞定位。

1.5 赤水乌骨鸡 *PTGDS* 基因在不同组织的表达分析

以赤水乌骨鸡的心脏、肝脏、脾脏、肺、肾、腿肌和胸肌 7 种组织的 cDNA 为模板,*GAPDH* 为内参,进行 RT-qPCR 检测目的基因表达量,并分析 *PTGDS* 基因在各组织的表达量。RT-qPCR 反应体系:TB Green Premix Ex Taq™ II (2 \times) 12.5 μ L,模板 2.0 μ L,上下游引物各 1.0 μ L,ddH₂O 8.5 μ L。RT-qPCR 的扩增条件为:95 $^{\circ}$ C 预变性 30 s;95 $^{\circ}$ C 变性 5 s,60 $^{\circ}$ C 退火 30 s 并采集荧光信号,72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s,40 个循环。每个样品 3 次重复,扩增反应完成后分析溶解曲线。

1.6 生物统计学分析

利用 Excel 对试验数据进行整理,采用 $2^{-\Delta\Delta C_T}$ 法计算 *PTGDS* 基因相对内参基因 *GAPDH* 的表达差异量, $\Delta C_T = C_{T_{PTGDS}} - C_{T_{GAPDH}}$, $\Delta\Delta C_T = \Delta C_{T_{组织}} - \Delta C_{T_{心脏}}$ 。采用 SPSS 26.0 软件对计算数据进行单因素方差分析及显著性检验。用 GraphPad Prism 6.0 绘制图表。结果以“平均值 \pm 标准误”表示, $P < 0.05$ 表示差异显著。

2 结果与分析

2.1 *PTGDS* 基因 CDS 特征及序列比对

以 cDNA 为模板进行 PCR 扩增 *PTGDS* 基因,用 1% 琼脂糖凝胶进行电泳检测,结果见图 1。由图 1 可知,扩增产物条带单一,与目的片段 618 bp 大小一致。胶回收产物克隆转化,菌液 PCR 检测得到的片段大小与预期相符,结果见图 2。

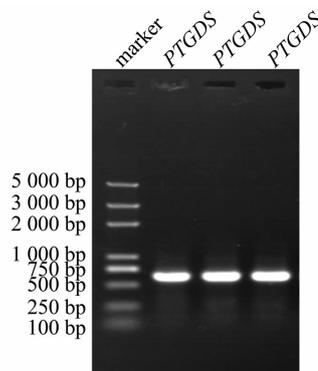


图1 赤水乌骨鸡 *PTGDS* 基因 PCR 产物检测

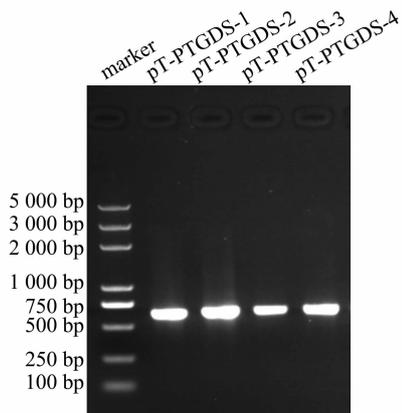


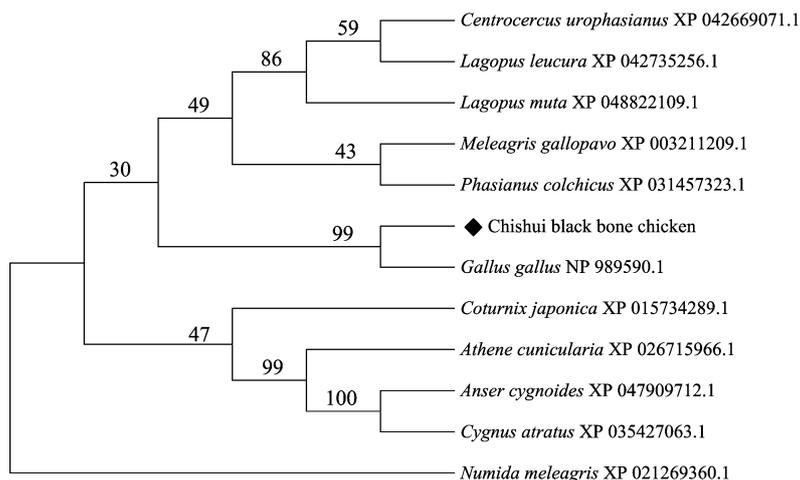
图2 质粒 pT-PTGDS PCR 扩增产物检测

2.2 PTGDS 基因的生物信息学分析

测序获得的赤水乌骨鸡的 *PTGDS* 基因的编码区长 558 bp, 编码 185 个氨基酸。测序序列与原鸡

序列比对显示, CDS 的第 105 位发生 A > G 突变, 不过编码的氨基酸未发生改变。测序结果与 NCBI 发表的基因序列的氨基酸同源性比对分析结果见图 3。由图 3 可知, 赤水乌骨鸡的 *PTGDS* 基因与原鸡氨基酸序列同源性是 100%, 与火鸡的同源性为 97.3%, 与鸡日本鹌鹑的同源性为 96.8%, 雉鸡、艾草松鸡和盔珠鸡同源性均为 96.2%, 与岩雷鸟、白尾雷鸟和穴小鸮的同源性分别为 95.7%、95.1% 和 87.6%, 与黑天鹅和鸿雁的同源性为 86.5%。用邻接 (neighbor joining, NJ) 法构建 *PTGDS* 蛋白的系统进化树, 由图 4 可知, 赤水乌骨鸡与原鸡聚为一类, 与雉鸡、火鸡、艾草松鸡、雷鸟同在一个分支。赤水乌骨鸡与原鸡的亲缘关系最近, 与黑天鹅和鸿雁的亲缘关系最远。

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12		
1	100.0	97.3	96.8	96.2	96.2	96.2	96.2	95.7	95.1	87.6	86.5	86.5	1	Chishui black bone chicken
2	0.0	100.0	97.3	96.8	96.2	96.2	96.2	95.7	95.1	87.6	86.5	86.5	2	<i>Gallus gallus</i> NP_989590.1
3	2.8	2.8	100.0	98.4	98.9	98.9	97.8	98.4	97.8	89.7	88.1	88.1	3	<i>Meleagris gallopavo</i> XP_003211209.1
4	3.3	3.3	1.6	100.0	97.3	97.3	97.3	96.8	96.2	90.3	88.6	88.6	4	<i>Coturnix japonica</i> XP_015734289.1
5	3.9	3.9	1.1	2.8	100.0	97.8	96.8	97.3	96.8	89.2	87.0	87.0	5	<i>Phasianus colchicus</i> XP_031457323.1
6	3.9	3.9	1.1	2.8	2.2	100.0	97.8	99.5	98.9	89.7	87.6	87.6	6	<i>Centrocercus urophasianus</i> XP_042669071
7	3.9	3.9	2.2	2.8	3.3	2.2	100.0	97.3	96.8	89.7	88.6	88.6	7	<i>Numida meleagris</i> XP_021269360.1
8	4.5	4.5	1.6	3.3	2.8	0.5	2.8	100.0	98.4	89.2	87.6	87.6	8	<i>Lagopus muta</i> XP_048822109.1
9	5.0	5.0	2.2	3.9	3.3	1.1	3.3	1.6	100.0	88.6	86.5	86.5	9	<i>Lagopus leucura</i> XP_042735256.1
10	13.6	13.6	11.1	10.4	11.7	11.1	11.1	11.7	12.3	100.0	90.8	90.3	10	<i>Athene cucularia</i> XP_026715966.1
11	14.9	14.9	13.0	12.3	14.3	13.6	12.3	13.6	14.9	9.8	100.0	98.9	11	<i>Anser cygnoides</i> XP_047909712.1
12	14.9	14.9	13.0	12.3	14.3	13.6	12.3	13.6	14.9	10.4	1.1	100.0	12	<i>Cygnus atratus</i> XP_035427063.1
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12		

图3 不同物种间 *PTGDS* 基因编码氨基酸同源性分析图4 赤水乌骨鸡 *PTGDS* 系统进化树

采用 ProtParam 在线软件对赤水乌骨鸡 *PTGDS* 基因编码区的氨基酸序列进行分析, 预测蛋白分子式是 $C_{914}H_{1448}N_{254}O_{285}S_9$, 分子量为 20 843.62 u, 理论等电点为 6.3, 脂溶性指数为 79.68, 不稳定指数

为 35.86, 提示此蛋白为稳定蛋白。用 ExPASy 的 ProtScale 在线软件计算 *PTGDS* 的编码氨基酸序列的疏水性, 结果见图 5。由图 5 可知, 其计算结果推测该蛋白是亲水性蛋白。运用 TMHMM - 2.0 对

PTGDS 蛋白的跨膜区进行预测分析,结果见图 6。结果(图 6)显示,该蛋白不属于跨膜蛋白,无跨膜结构。使用在线软件 SignalP 5.0 预测,结果见图 7,PTGDS 蛋白潜在信号肽及切割位点,经分析,其存在 Sec/SPI 类型信号肽的概率为 99.738%,说明 PTGDS 蛋白存在 Sec 信号肽,切割位点为 19~20 之间的 LHA-QN,切割概率为 75.400%,其信号肽序列为 MQATLLSILGLLALLGALHA。

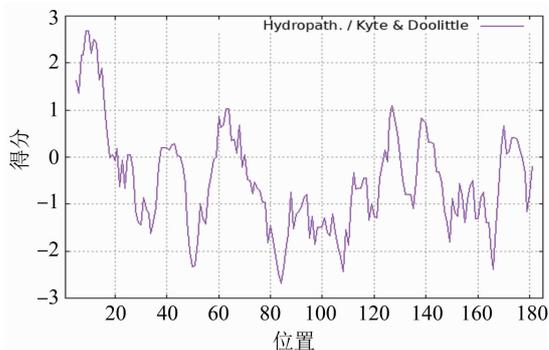


图5 赤水乌骨鸡 PTGDS 蛋白疏水性分析

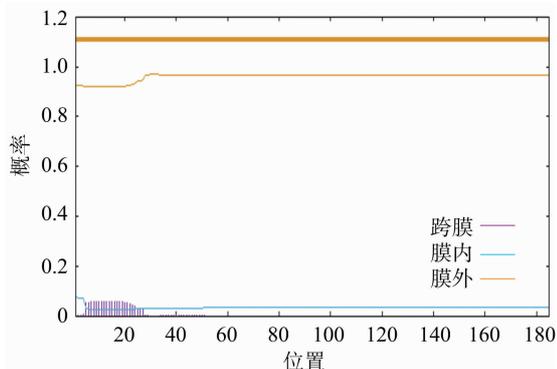


图6 赤水乌骨鸡 PTGDS 跨膜结构预测

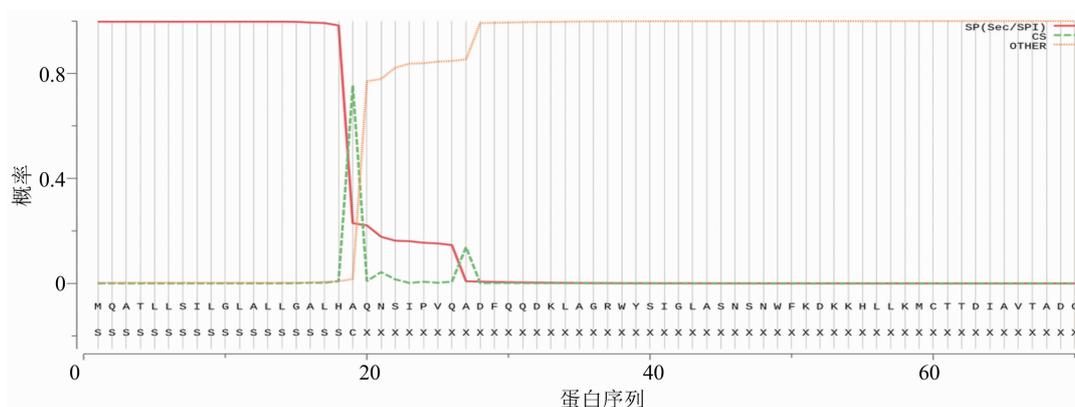


图7 赤水乌骨鸡 PTGDS 信号肽预测

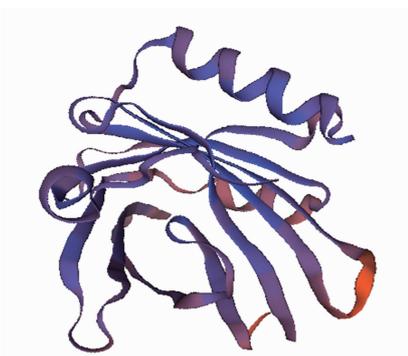


图8 赤水乌骨鸡PTGDS蛋白三级结构预测

经 NetPhos 3.1 在线软件预测 PTGDS 蛋白可能的磷酸化位点,结果见图 9。由图 9 可知,PTGDS 蛋白含有丝氨酸(ser)磷酸化位点 16 个,苏氨酸(thr)

Phyre2 在线软件对赤水乌骨鸡 PTGDS 蛋白的二级结构分析结果显示,PTGDS 蛋白中无规则卷曲、 α -螺旋和 β -折叠结构分别占 20%、12% 和 49%。采用在线软件 SWISS-MODEL 的自动建模功能预测赤水乌骨鸡 PTGDS 蛋白的三级结构,由图 8 可知,用于建立三维模型的氨基酸残基范围为 24~181 位,模型以 4orw.1.A 蛋白为模板,序列同源率为 43.17%。

磷酸化位点 8 个,酪氨酸(tyr)磷酸化位点 7 个,无 *N*-糖基化位点。在线软件 PSORT 亚细胞定位分析显示,PTGDS 蛋白主要定位于包括细胞壁的细胞外(77.8%),其他定位于细胞核(11.1%)和线粒体(11.1%)上。由图 10 可知,根据 STING 在线软件预测到 PTGDS 蛋白与 APOD、PNAT3、TBXAS1、PTGES、AMH 及 HPGDS 等共 10 个蛋白质之间可能存在相互作用,推测这些蛋白可能会影响 PTGDS 的表达水平。

2.3 赤水乌骨鸡 PTGDS 基因在不同组织中的表达

PTGDS 基因在赤水乌骨鸡不同组织中的表达情况,由图 11 可知,PTGDS 基因在各赤水乌骨鸡的心脏、肝脏、脾脏、肺、肾脏、腿肌及胸肌中均有表

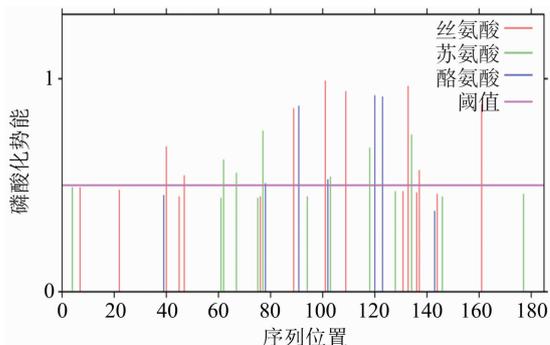


图9 赤水乌骨鸡 PTGDS 蛋白磷酸化位点

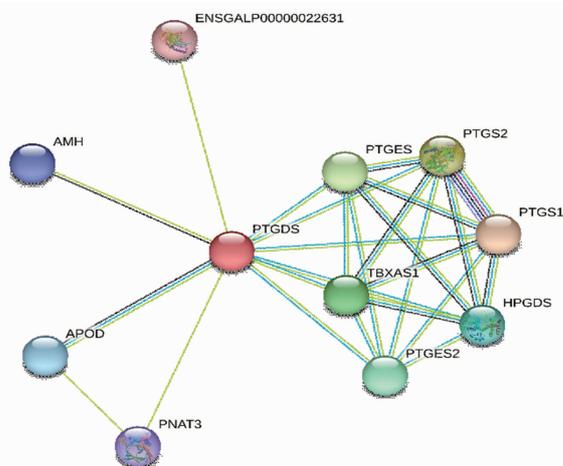
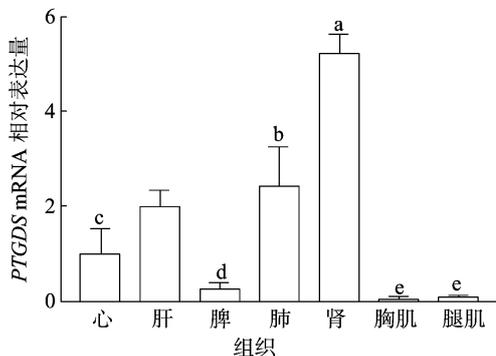


图10 预测与 PTGDS 可能存在互作的蛋白

达。*PTGDS* 在肾脏中的相对表达量最高,显著高于其他各组织中的表达量($P < 0.05$),其次是肺,接下来分别是肝脏、心脏、脾脏和腿肌,胸肌中 *PTGDS* 的表达量最低。*PTGDS* 在各组织中的表达量均达显著差异($P < 0.05$),但在肝脏和肺中这 2 个组织中的表达量无显著差异($P > 0.05$),胸肌和腿肌中两者间 *PTGDS* 的表达量也无显著差异($P > 0.05$)。

图11 *PTGDS* 基因 mRNA 在不同组织中的相对表达量

3 讨论与结论

克隆得到的赤水乌骨鸡 *PTGDS* 基因的 CDS 区

序列经生物信息学分析,得到 *PTGDS* 基因 CDS 区片段长度为 558 bp,编码 186 个氨基酸,结果与 Fujimori 等从鸡脑组织中提取的总 RNA 反转后克隆得到的 *PTGDS* 基因部分序列^[5]高度相似。与火鸡的同源性为 97.3%,与日本鹌鹑的同源性为 96.8%,说明该基因在鸟类中应该是高度保守的,可能具有相似的生物学功能。穆松银等对 *PTGDS* 基因在犏牛各组织和睾丸不同发育阶段的表达检测发现,*PTGDS* 基因在犏牛睾丸、胃、肝和肺中均有表达^[6],而 *PTGDS* 基因在鼠的胰腺、心脏、骨骼、肌肉、肾脏和肺中均有检测到^[7-12],本试验在赤水乌骨鸡的心脏、肝、脾、肺、肾和肌肉中 *PTGDS* 基因 mRNA 均有表达。推测可能是由于物种不同导致 *PTGDS* 基因在不同组织中的表达情况存在差异。李欣对肉鸡胫骨软骨发育不良模型中前列腺素合成相关基因的表达进行研究,提出前列腺素 E_2 和或其他类型的前列腺素可能参与了生长板细胞增殖、分化过程^[13]。肌肉收缩是一个能量的消耗过程,骨骼肌中的代谢无疑需要大量的能量,除了由提供能量速度较慢的长链脂肪酸的 β 氧化外,还有速度快速的葡萄糖氧化来供能^[14]。有研究表明,采用 L-PGDS 处理对胰岛素敏感的大鼠大腿骨骼肌细胞,可使葡萄糖转运增加约 2 倍^[15]。L-PGDS 在机体内调节葡萄糖利用中起重要作用^[15]。本试验腿肌中的 *PTGDS* 基因表达量比胸肌中的高,可能在鸡运动中腿肌需要大量的能量,*PTGDS* 的多表达可能会增加葡萄糖的利用,为肌肉收缩提供更多的能量。Virtue 等对 *PTGDS* 在棕色脂肪组织中的研究显示,L-PGDS 可以调控脂质和碳水化合物利用之间的平衡^[2]。

脂肪形成是一个复杂的过程,已经证实 C/EBPs、PPAR γ 、SREBP-1c 等许多的转录因子通过调节多种脂肪形成蛋白基因的表达参与调控^[16-17]。前列腺素作为脂质介质参与脂肪生成的一些调节^[18]。PGD₂ 促进脂肪及其代谢产物的生成,PGD₂ 是由 L-PGDS 催化 PGH₂ 转化的,PGD₂ 再进一步代谢得到 Δ^{12} -PGJ₂,而 Δ^{12} -PGJ₂ 是 PPAR γ 的激动剂^[19-21]。脂肪细胞的基本功能之一是以甘油三酯形式合成和储存游离脂肪酸,脂肪细胞中 PPAR γ 可诱导分泌脂联素,脂联素通过增加胰岛素敏感性和脂肪酸氧化来影响脂质的摄取、脂肪组织的分化^[21]。敲除 L-PGDS 导致脂联素表达降低,AMPK 磷酸化降低,导致脂肪生成增加,L-PGDS

可能是脂肪细胞中脂联素分泌的上游调节因子^[8]。同时,将 *PPAR γ 2* 和 *L - PGDS* 等 2 个基因都敲除小鼠(DKO 小鼠)皮下及腹腔内白色脂肪组织产热基因、脂酶和蛋白标记物等的研究发现,皮下白色脂肪功能的维持需要 *L - PGDS*,DKO 小鼠可能更加依赖腹腔内白色脂肪组织供应脂肪进行氧化^[2],提示 *L - PGDS* 和 *PPAR γ 2* 可能协同调节脂质代谢。因此,结合 *PTGDS* 基因在赤水乌骨鸡腿肌、胸肌上的表达,推测 *PTGDS* 基因可能参与鸡肌肉和脂肪的发育及能量代谢。

参考文献:

- [1] Shiki Y, Shimoya K, Tokugawa Y, et al. Changes of lipocalin - type prostaglandin D synthase level during pregnancy [J]. *Journal of Obstetrics and Gynaecology Research*, 2004, 30(1): 65 - 70.
- [2] Virtue S, Feldmann H, Christian M, et al. A new role for lipocalin prostaglandin d synthase in the regulation of brown adipose tissue substrate utilization [J]. *Diabetes*, 2012, 61(12): 3139 - 3147.
- [3] Eguchi Y, Eguchi N, Oda H, et al. Expression of lipocalin - type prostaglandin D synthase (β - trace) in human heart and its accumulation in the coronary circulation of angina patients [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1997, 94(26): 14689 - 14694.
- [4] Kumar S, Srivastava A, Palaia T, et al. Lipocalin - type prostaglandin D2 synthase deletion induces dyslipidemia and non - alcoholic fatty liver disease [J]. *Prostaglandins & Other Lipid Mediators*, 2020, 149: 106429.
- [5] Fujimori K, Inui T, Uodome N, et al. Zebrafish and chicken lipocalin - type prostaglandin D synthase homologues: conservation of mammalian gene structure and binding ability for lipophilic molecules, and difference in expression profile and enzyme activity [J]. *Gene*, 2006, 375: 14 - 25.
- [6] 穆松银,熊显荣,马鸿程,等. 犏牛 *L - PGDS* 基因克隆及其在各组织和睾丸不同发育阶段的表达研究 [J]. *中国畜牧兽医*, 2020, 47(12): 3985 - 3992.
- [7] Kumar S, Palaia T, Hall C E, et al. Role of lipocalin - type prostaglandin D2 synthase (*L - PGDS*) and its metabolite, prostaglandin D2, in preterm birth [J]. *Prostaglandins & Other Lipid Mediators*, 2015, 118/119: 28 - 33.
- [8] Ankita S, Thomas P, Christopher H, et al. Lipocalin - type prostaglandin D2 synthase appears to function as a novel adipokine preventing adipose dysfunction in response to a high fat diet [J]. *Prostaglandins and Other Lipid Mediators*, 2021, 157: 106585.
- [9] Zayed N, Li X F, Chabane N, et al. Increased expression of lipocalin - type prostaglandin D2 synthase in osteoarthritic cartilage [J]. *Arthritis Research & Therapy*, 2008, 10(6): R146.
- [10] Korotkova M, Lundberg I E. The skeletal muscle arachidonic acid cascade in health and inflammatory disease [J]. *Nature Reviews Rheumatology*, 2014, 10(5): 295 - 303.
- [11] Ito H, Yan X X, Nagata N, et al. PGD2 - CRTH2 pathway promotes tubulointerstitial fibrosis [J]. *Journal of the American Society of Nephrology*, 2012, 23(11): 1797 - 1809.
- [12] Daiki H, Wataru F, Kosuke A, et al. L - PGDS attenuates acute lung injury by prostaglandin D2 in both dependent and independent ways [J]. *Journal of Immunology*, 2021, 207(10): 2545 - 2550.
- [13] 李欣. 重组鸡 GSTA3 蛋白对福美双诱导肉鸡 TD 中前列腺素相关基因的影响 [D]. 太谷:山西农业大学, 2017.
- [14] Rose A J, Richter E A. Skeletal muscle glucose uptake during exercise: how is it regulated? [J]. *Physiology*, 2005, 20(4): 260 - 270.
- [15] Ragolia L, Hall C E, Palaia T. Lipocalin - type prostaglandin D2 synthase stimulates glucose transport via enhanced *GLUT4* translocation [J]. *Prostaglandins & Other Lipid Mediators*, 2008, 87(1/2/3/4): 34 - 41.
- [16] Fujimori K, Aritake K, Oishi Y, et al. L - PGDS - produced *PGD2* in premature, but not in mature, adipocytes increases obesity and insulin resistance [J]. *Scientific Reports*, 2019, 9: 1931.
- [17] White U A, Stephens J M. Transcriptional factors that promote formation of white adipose tissue [J]. *Molecular and Cellular Endocrinology*, 2010, 318(1/2): 10 - 14.
- [18] Masoodi M, Kuda O, Rossmeisl M, et al. Lipid signaling in adipose tissue: connecting inflammation & metabolism [J]. *Biochimica et Biophysica Acta (Molecular and Cell Biology of Lipids)*, 2015, 1851(4): 503 - 518.
- [19] Yanai H, Yoshida H. Beneficial effects of adiponectin on glucose and lipid metabolism and atherosclerotic progression: mechanisms and perspectives [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2019, 20(5): 1190.
- [20] Fujimori K, Maruyama T, Kamauchi S, et al. Activation of adipogenesis by lipocalin - type prostaglandin D synthase - generated Δ^{12} - PGJ₂ acting through PPAR γ - dependent and independent pathways [J]. *Gene*, 2012, 505(1): 46 - 52.
- [21] Álvarez - Almázn S, Bello M, Tamay - Cach F, et al. Study of new interactions of glitazone's stereoisomers and the endogenous ligand 15d - PGJ₂ on six different PPAR γ proteins [J]. *Biochemical Pharmacology*, 2017, 142: 168 - 193.