

朱 森, 李欣燃. 鸡 *HSP70* 家族基因鉴定及功能分析[J]. 江苏农业学报, 2023, 39(3): 770-776.

doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2023.03.018

## 鸡 *HSP70* 家族基因鉴定及功能分析

朱 森, 李欣燃

(六盘水师范学院生物科学与技术学院, 贵州 六盘水 553004)

**摘要:** 热激蛋白 70(*HSP70*) 是一类广泛存在于动植物体内的分子伴侣, 并在各类生物或非生物胁迫过程中发挥重要作用。目前多种动植物体内的 *HSP70* 已经得到系统鉴定, 但对于鸡 *HSP70* 尚缺乏全面分析, 鉴于此, 本研究采用生物信息学方法对鸡基因组进行挖掘、鉴定和分析。结果表明, 在鸡基因组中鉴定出 17 个 *HSP70* 基因家族成员, 它们分散在 7 条染色体上, 出现 6 次串联重复, 且无共线性。*HSP70* 家族蛋白质理化性质差异较大, 氨基酸序列长度为 472~998 aa, 包含 15 个酸性蛋白质和 2 个碱性蛋白质, 仅 *HSPA13*(*rna-NM\_001030793.4*) 出现 1 次跨膜。同一进化分支上, 各成员的保守结构域具有一定相似性, 且所有成员均具有 Motif1。进化树分析结果表明, 鸡、人、鼠 3 个物种 *HSP70* 中相同亚家族成员聚集在一起, 表明 *HSP70* 家族在不同物种间具有一定的保守性。新城疫病毒感染鸡的转录组数据分析结果表明, 在新城疫病毒感染过程中, 多数 *HSP70* 基因家族成员表达量发生不同程度下调, 其中 *HSPA8*(*rna-NM\_205003.3*) 和 *HSPA2*(*rna-NM\_001006685.1*) 表达量下调明显, 二者有望成为新城疫防治的新靶点。本研究结果不仅为鸡 *HSP70* 生物学功能研究奠定基础, 还为其他物种相关研究提供理论参考。

**关键词:** 鸡; *HSP70* 家族基因; 生物信息学; 功能分析

**中图分类号:** S831 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2023)03-0770-07

## Identification and functional analysis of the chicken *HSP70* family genes

ZHU Miao, LI Xin-ran

(School of Biological Sciences and Technology, Liupanshui Normal University, Liupanshui 553004, China)

**Abstract:** Heat shock protein 70 (*HSP70*) is a kind of molecular chaperone widely found in animals and plants, and plays an important role in various biotic or abiotic stress processes. At present, *HSP70* has been systematically identified in various plants and animals, but there is still a lack of comprehensive analysis of chicken *HSP70*. In view of this, this study adopted bioinformatics methods to excavate, identify and analyze the chicken genome. The results showed that a total of 17 *HSP70* gene family members were identified in the chicken genome, which were scattered on seven chromosomes, with six tandem duplications and no collinearity. The physical and chemical properties of *HSP70* family proteins were quite different. The amino acid sequence length was between 472 aa and 998 aa, and there were 15 acidic proteins and two basic proteins. *HSPA13* (*rna-NM\_001030793.4*) was the only transmembrane protein. The conserved domains of members on the same evolutionary branch were similar to each other, and all members had Motif1. The results of phylogenetic tree analysis showed that the same subfamily members of *HSP70* in chicken, human and mouse were clustered together, indicating that *HSP70* family was conservative among different species. The results of transcriptome data analysis of chickens infected with Newcastle disease virus showed that the expression levels of most members were down-regulated in different degrees during the infection of Newcastle disease virus. The expression levels of *HSPA8* (*rna-NM\_205003.3*) and *HSPA2* (*rna-NM\_001006685.1*) were

收稿日期: 2022-09-07

基金项目: 贵州省高校青年科技人才成长项目[黔教合 KY 字 (2022)060]; 六盘水师范学院高层次人才引进计划项目 (LPSSYKJJ201803)

作者简介: 朱 森 (1987-), 女, 辽宁本溪人, 硕士, 实验师, 主要从事生化与分子生物学研究。(E-mail) 331628524@qq.com

通讯作者: 李欣燃, (E-mail) lixr1219@126.com

indicating that *HSP70* family was conservative among different species. The results of transcriptome data analysis of chickens infected with Newcastle disease virus showed that the expression levels of most members were down-regulated in different degrees during the infection of Newcastle disease virus. The expression levels of *HSPA8* (*rna-NM\_205003.3*) and *HSPA2* (*rna-NM\_001006685.1*) were

significantly down-regulated, and they were expected to become new targets for Newcastle disease prevention and treatment. The results of this study not only lay a foundation for the study of the biological function of chicken HSP70, but also provide a theoretical reference for the related research of other species.

**Key words:** chicken; HSP70 family genes; bioinformatics; function analysis

热激蛋白 70(Heat shock protein 70, HSP70), 又名热休克蛋白 70, 是动植物体内结构保守的一类分子伴侣, 具有促进多肽折叠与去折叠、组装、降解等多种功能, 并在细胞稳态中发挥重要作用<sup>[1-2]</sup>。从结构上看, HSP70 家族蛋白质含有 3 个主要的功能域, 即 N-末端三磷酸腺苷(ATP)酶结构域(NBD)、C 端底物结合域(SBD)以及可变 C 端形成的“lid”结构<sup>[3-4]</sup>。HSP70 家族成员可在多种生命进程中发挥重要调节功能<sup>[5-6]</sup>, 当生物体遭受外界胁迫时, 会促发 HSP70 在体内大量合成, 并通过与靶蛋白结合的方式稳定生物大分子结构, 保护生物体免受危害<sup>[7-8]</sup>。

鸡作为世界上饲养数量最多的禽类动物<sup>[9]</sup>, 每年出栏量约超过 $6.00 \times 10^{10}$ 羽, 已成为人类重要的动物蛋白质来源<sup>[10]</sup>。新城疫(Newcastle disease, ND)是危害禽类养殖业的主要疫病之一, 具有传播迅速、致死率高的特点, 已被中国列为二类传染病<sup>[11]</sup>, 对 ND 的防治具有重要意义。随着科学技术的完善和发展, 鸡全基因组测序已经完成, 但目前关于鸡 HSP70 家族基因研究的相关报道较少。本研究拟通过对鸡 HSP70 进行鉴定和分析, 全面解析该家族基因的结构特征、进化关系及其功能等信息, 并进一步揭示鸡 HSP70 在新城疫病毒(NDV)感染过程的调节机理, 以期为新城疫的防治提供理论指导。

## 1 材料与方法

### 1.1 鸡 HSP70 家族蛋白质鉴定

鸡基因组(版本号: bGalGal1. mat. broiler. GRCg7b, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=chicken>)、注释信息及新城疫感染的转录组数据(PRJNA675698)均来自 NCBI 数据库, 通过比对 HSP70 隐马尔可夫模型(<http://pfam.xfam.org/>)获取鸡 HSP70 氨基酸序列信息, 并进一步利用保守结构域数据库(CDD, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/cdd/?term=>)筛查其是否含有特征结构域, 最终确定鸡 HSP70 家族成员。

### 1.2 鸡 HSP70 家族生物信息学分析

采用 ExPASy ([http://web.expasy.org/prot-](http://web.expasy.org/prot-param/)

[param/](http://web.expasy.org/prot-param/))对鸡 HSP70 家族蛋白质的等电点和相对分子质量进行分析; 通过 WoLF PORST(<https://wolfp-sort.hgc.jp/>)预测亚细胞定位; 利用 TMHMM-2.0 网站(<https://services.healthtech.dtu.dk/service.php?TMHMM-2.0>)获取鸡 HSP70 家族蛋白质氨基酸序列长度和跨膜次数; 使用 MEME (<http://meme-suite.org/tools/meme>)预测鸡 HSP70 保守基序; 利用注释文件获取 HSP70 家族基因编码区(CDS)和非编码区(UTR)信息; 采用 GSDS 实现基因结构可视化<sup>[12]</sup>; 使用 MEGA X 邻接法(NJ)构建鸡、人、鼠的系统发育树<sup>[13]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 鸡 HSP70 家族蛋白质鉴定及其特性分析

本研究共鉴定出 17 个 HSP70 家族成员, 氨基酸长度为 472~998 aa, 相对分子质量为 52 133.88~112 040.80, 包含 2 个碱性蛋白质(HSPA12A.3 和 HSPA12A.4, 等电点为 8.51)和 15 个酸性蛋白质(等电点为 5.01~6.32)。亚细胞定位结果(表 1)表明, 有 11 个成员定位于细胞质, 占比最多, 有 4 个成员定位于内质网, 而位于线粒体和胞外的成员相对较少。此外, 除 HSPA13 有 1 次跨膜外, 其余成员跨膜次数均为 0 次。

### 2.2 鸡 HSP70 家族成员结构分析

为了更好地了解鸡 HSP70 家族蛋白质结构特征, 利用 MEME (<http://meme-suite.org/tools/meme>)对蛋白质保守基序进行分析, 结果(图 1a)表明, 同一分支上的保守基序在数量和顺序上的相似性较高, 不同分支间差异较大, 且所有成员均含有 Motif1, 表明该家族成员间可能具有相同的功能位点。Motif1~Motif10 组成见图 1c。对于基因结构而言, 在同一分支上, 除了极个别成员相对其他成员的结构有较大差异外, 从整体上看, CDS 和 UTR 的构成基本相似(图 1b)。

### 2.3 鸡 HSP70 家族成员系统发育分析

基于鸡 HSP70 氨基酸序列, 构建其与人、鼠 HSP70 家族成员的系统进化树。图 2 显示, 3 个物

种间均含有 HSPH1、HSPA2、HSPA4、HSPA4L、HSPA5、HSPA8、HSPA9、HSPA12A、HSPA13、HSPA14 以及 HYOU1。但鸡的 HSP70 家族中未发现

HSPH1A、HSPH1B、HSPH1L、HSPA6 (仅存在于鼠中) 和 HSPA7 (仅存在于人中)。

表 1 鸡 HSP70 家族蛋白质特征

Table 1 Characteristics of chicken HSP70 family proteins

基因识别号	蛋白质名称	等电点	相对分子量	亚细胞定位	氨基酸序列长度(aa)	跨膜次数(次)	对应基因染色体位置		
							所在染色体	起始位点(bp)	终止位点(bp)
rna-NM_205491.2	HSPA5.1	5.12	72 018.51	内质网	652	0	染色体 17	10 199 762	10 203 826
rna-XM_040648980.2	HSPA5.2	5.12	72 018.51	内质网	652	0	染色体 17	10 199 762	10 203 834
rna-NM_001006147.2	HSPA9	6.09	73 162.29	线粒体	675	0	染色体 13	2 405 305	2 426 690
rna-NM_205003.3	HSPA8	5.37	70 871.01	细胞质	646	0	染色体 24	3 128 643	3 133 770
rna-NM_001006685.1	HSPA2	5.65	69 913.10	细胞质	634	0	染色体 5	52 384 623	52 386 942
rna-XM_046900417.1	HSPA4.2	5.25	94 240.25	细胞质	840	0	染色体 13	16 753 154	16 770 121
rna-XM_414655.8	HSPA4.1	5.25	94 240.25	细胞质	840	0	染色体 13	16 753 154	16 770 121
rna-NM_001012576.2	HSPA4L	5.37	94 751.38	细胞质	843	0	染色体 4	33 877 697	33 904 752
rna-XM_015277924.4	HSPH1.1	5.05	91 319.85	细胞质	812	0	染色体 1	174 847 379	174 869 372
rna-NM_001159698.2	HSPH1.2	5.01	96 084.81	细胞质	856	0	染色体 1	174 847 379	174 869 372
rna-NM_001030793.4	HSPA13	6.30	52 133.88	内质网	472	1	染色体 1	98 217 176	98 224 856
rna-NM_001396431.1	HSPA14	5.19	54 024.75	胞外	505	0	染色体 1	8 026 709	8 037 636
rna-NM_001395984.1	HYOU1	5.18	112 040.80	内质网	998	0	染色体 24	5 703 400	5 717 271
rna-XM_025151747.3	HSPA12A.4	8.51	66 554.31	细胞质	591	0	染色体 6	29 659 686	29 748 406
rna-XM_046943274.1	HSPA12A.3	8.51	66 554.31	细胞质	591	0	染色体 6	29 659 686	29 711 290
rna-XM_046943273.1	HSPA12A.1	6.21	74 548.03	细胞质	669	0	染色体 6	29 659 686	29 710 649
rna-XM_015288922.4	HSPA12A.2	6.32	74 676.20	细胞质	670	0	染色体 6	29 659 686	29 710 649

## 2.4 鸡 HSP70 家族基因染色体定位及共线性分析

根据基因定位信息绘制鸡 HSP70 基因家族成员在染色体上的分布模式图,图 3 显示,17 个家族成员无规律分散在 7 条染色体上,其中 1 号染色体和 6 号染色体上基因分布较多,各有 4 个,4 号染色体和 5 号染色体上基因分布较少,各有 1 个,此外,17 个成员间共出现 6 次串联重复。由图 3b 可知,基因间未发现共线性,表明串联重复可能是鸡 HSP70 基因家族的主要扩张因素之一。

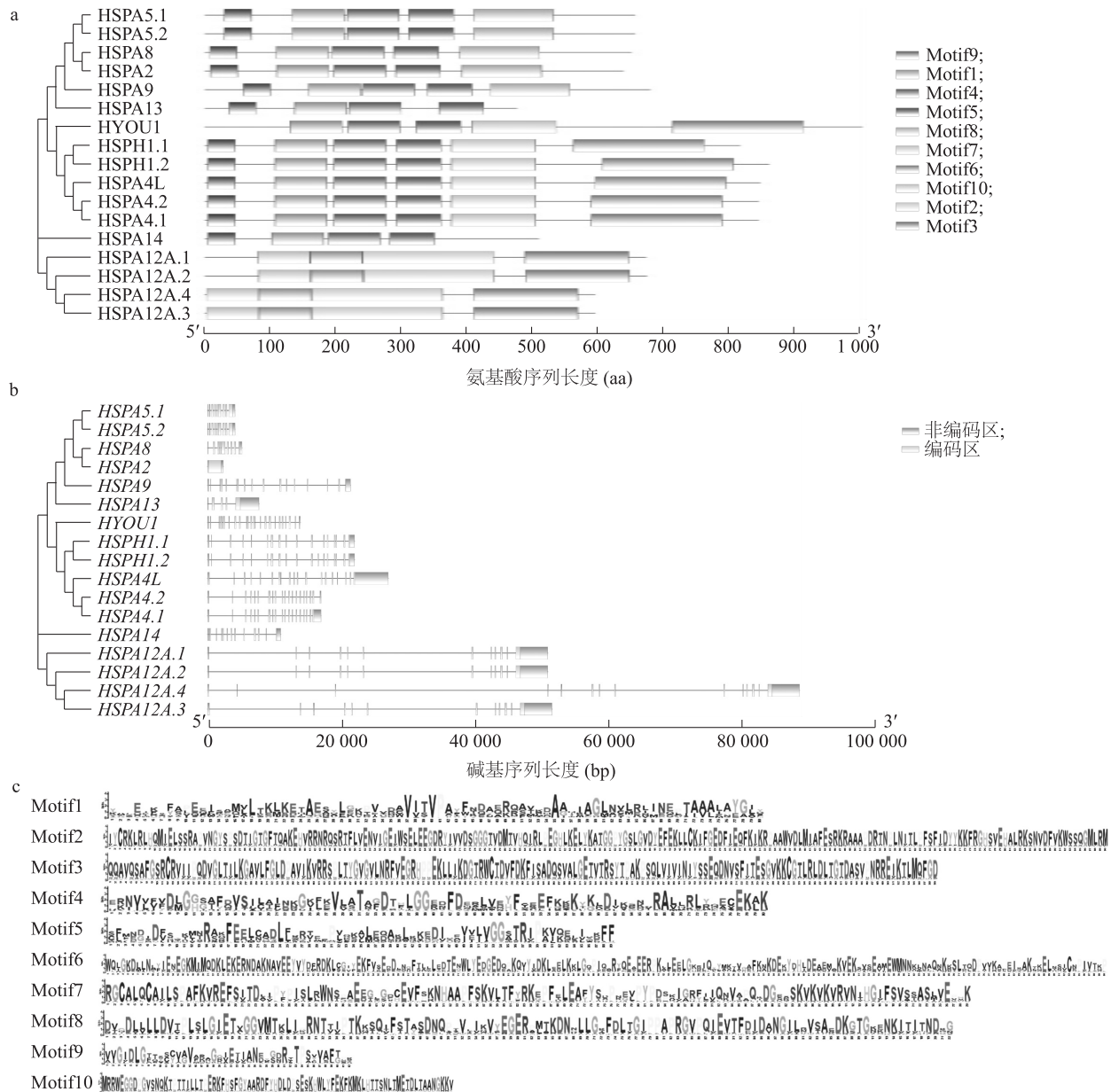
## 2.5 鸡 HSP70 基因家族成员在新城疫病毒感染条件下的表达特性

为了解鸡 HSP70 基因家族成员在生物胁迫环境中的调节机制,本研究分析了该家族成员在正常情况和新城疫病毒 (NDV) 感染情况下的基因表达量。图 4 显示,17 个鸡 HSP70 基因家族成员中有 10 个基因在 NDV 感染后表达量下调,1 个基因表达

量上调,其中 HSPA8 (rna-NM\_205003.3) 和 HSPA2 (rna-NM\_001006685.1) 的表达量下调明显,表明二者可能在鸡抵御 NDV 感染过程中发挥重要作用,有望成为新城疫治疗的新靶点。

## 3 讨论

HSP70 作为热激蛋白重要成员之一,在生物的抗逆胁迫和生长发育过程中发挥重要调节作用<sup>[14]</sup>,因此对鸡 HSP70 家族成员的全面鉴定和分析具有重要意义。本研究通过生物信息学的方法共鉴定出 17 个 HSP70 家族成员,其在氨基酸序列长度、等电点、相对分子量等方面均存在一定差异。亚细胞定位结果表明,鸡 HSP70 主要分布在细胞质、内质网,推测 HSP70 家族成员可能在鸡的整个生命活动过程中均发挥重要调节作用<sup>[15]</sup>。HSP70 家族大多数成员定位于细胞质内,这与已报道的牛<sup>[16]</sup>以及绿



a: 鸡 HSP70 家族蛋白质序列分布模式; b: 鸡 HSP70 家族基因结构; c: 鸡 HSP70 家族蛋白质保守基序序列。

图 1 鸡 HSP70 家族成员结构特征

Fig.1 Structural characteristics of the chicken HSP70 family members

豆<sup>[6]</sup>等动植物中 HSP70 家族成员的定位情况相一致。在福寿螺鉴定出的 13 个 HSP70 家族成员中有 6 个定位于细胞质中,其中有 4 个 (*PcaHSP70-1*、*PcaHSP70-4*、*PcaHSP70-8*、*PcaHSP70-9*) 在热应激中表达量显著变化<sup>[17]</sup>; 而三疣梭子蟹的 9 个 HSP70 家族成员中有 5 个定位在细胞质中,其中 HSC70L.2 参与了低盐胁迫反应<sup>[18]</sup>。在本研究中,定位于细胞质中的鸡 HSPA2 和 HSPA8 参与了新城疫病毒感染

宿主的过程,说明 HSP70 在细胞质中发挥功能是其应对各种生物和非生物胁迫的重要作用方式。保守基序和基因结构分析结果表明,同一分支上基因构成相近,不同分支间差异较大,这可能是导致基因功能发生分化或进化的原因之一<sup>[19]</sup>。通过构建鸡、人和鼠的进化树,发现 3 个物种中相同类型的 HSP70 家族成员各自聚集,表明 HSP70 家族成员在不同物种间具有一定稳定性,但同时鸡中又缺少人和鼠



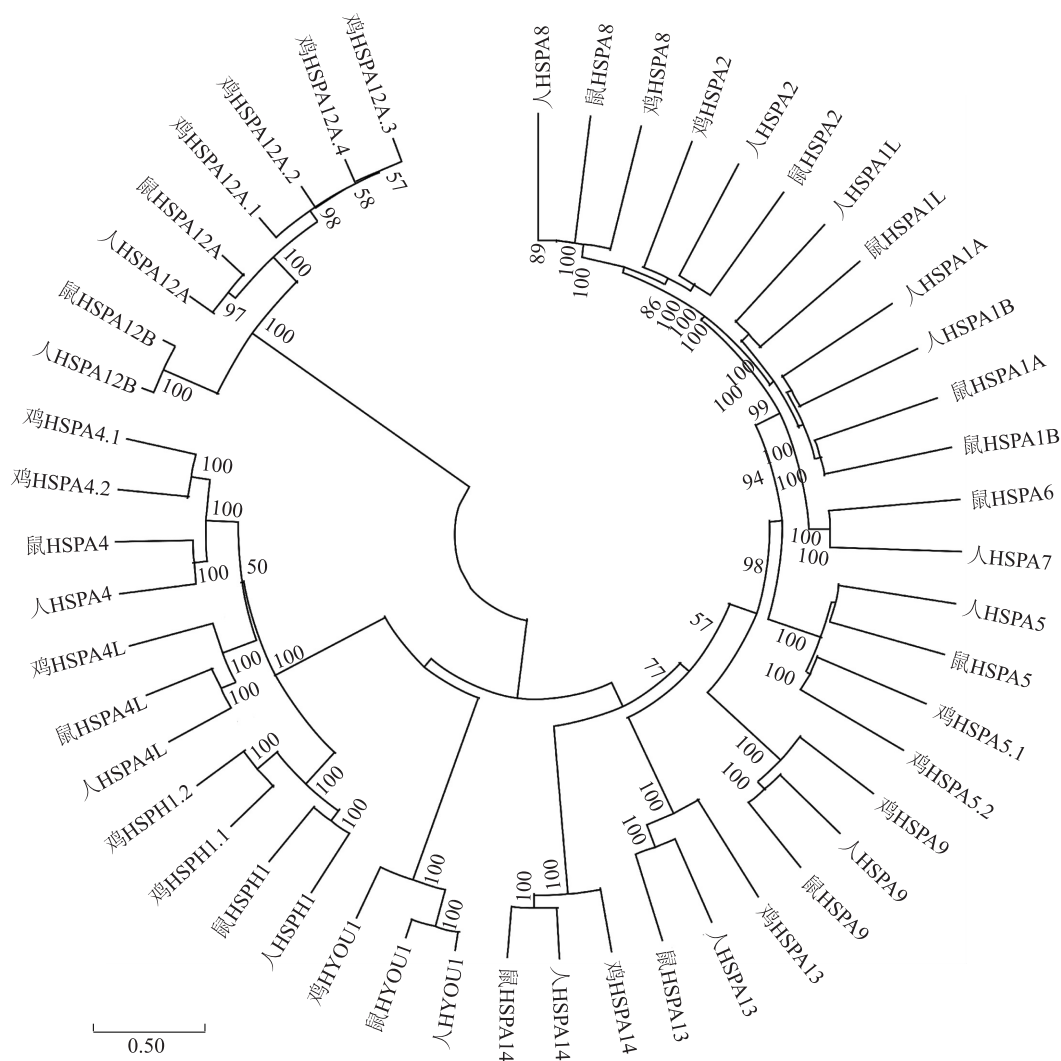


图2 HSP70 家族成员进化树分析

Fig.2 Phylogenetic tree analysis of HSP70 family members

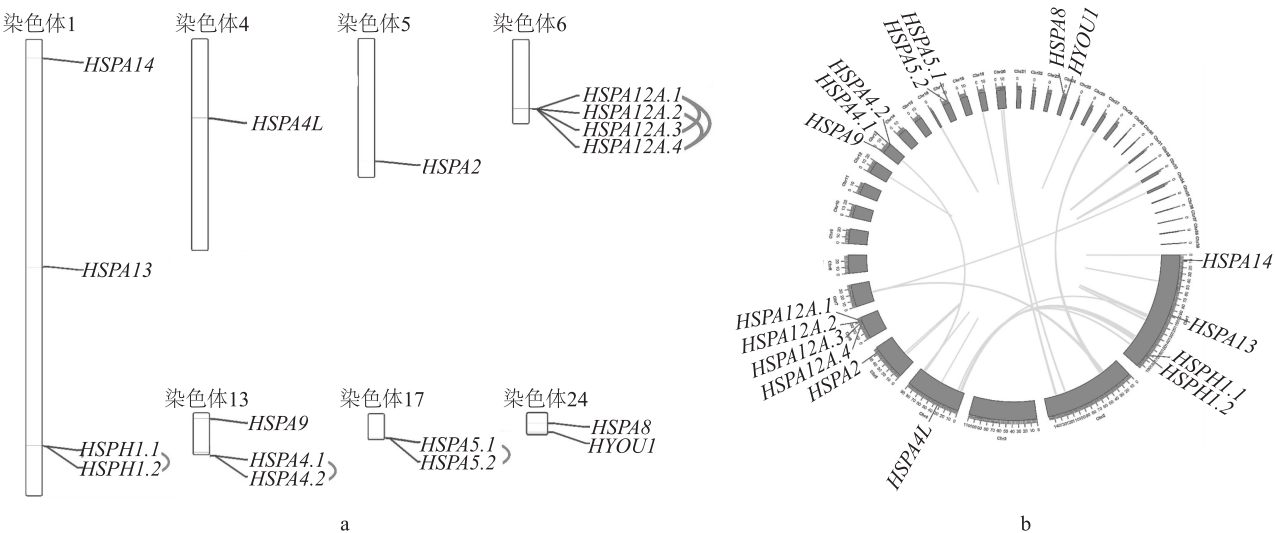
个别家族成员,该差异的产生可能是由于不同纲(鸡属于鸟纲,人和鼠属于哺乳纲)物种间的亲缘关系较远。对鸡 HSP70 家族成员进行进化树分析,有助于根据其他物种中已验证的基因功能推测鸡中相近基因的功能,为后续对鸡 HSP70 基因家族成员功能探索提供参考。

HSP70 与病毒、细菌感染密切相关<sup>[20]</sup>。对鸡转录组数据进行分析,发现在 NDV 感染过程中 HSPA8 (rna-NM\_205003.3) 和 HSPA2 (rna-NM\_001006685.1) 的表达量明显下调,表明二者可能参与调控宿主体内病毒复制过程。HSPA8 和 HSPA2 对体内病毒进行调控的作用机制已有相关报道,如 HSPA8 可调节鸡巨噬细胞增殖、凋亡及其免疫功能,与巨噬细胞耐受性和自身稳定性相关<sup>[21]</sup>;HSPA2 可通过与猪

传染性胃肠炎病毒非结构蛋白质发生互作,进而促进该病毒的复制<sup>[22]</sup>;乙肝病毒通过上调 miR-382/19a 可靶向抑制 HSPA2 表达,使 HSPA2 在 Hep G2.215 细胞系中表达下调<sup>[23]</sup>;HSPA8 作为禽传染性支气管炎病毒的黏附分子,可以通过与该病毒发生互作的方式抑制此病毒在细胞中的复制<sup>[24]</sup>;此外,HSPA8 还可通过与糖蛋白发生互作抑制埃博拉病毒颗粒复制<sup>[25]</sup>。综上可知,HSPA2 和 HSPA8 可能是抑制宿主体内病毒复制的潜在靶基因,但具体的靶向作用位点及作用机制有待于后续深入探究,本研究结果可为 ND 防治奠定理论基础。

## 4 结论

关于 HSP70 在多种动植物体内的功能及其相



a;HSP70 基因家族成员染色体定位,其中弧线代表基因间存在串联复制;b;HSP70 基因家族成员共线性分析。

图 3 HSP70 基因家族成员染色体定位及其共线性分析

Fig.3 Chromosomal location and collinearity analysis of HSP70 gene family members

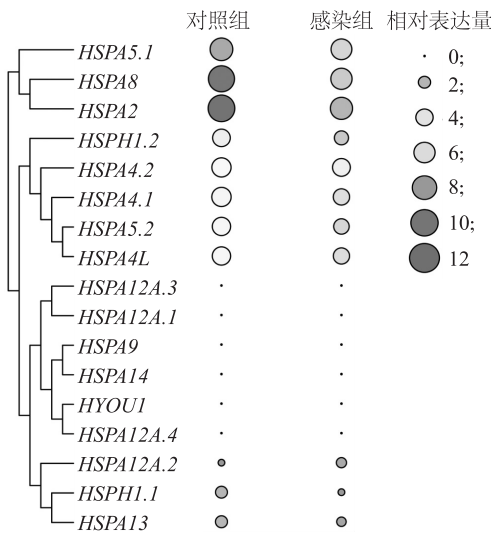


图 4 正常鸡和新城疫病毒感染鸡中 HSP70 基因家族成员表达模式

Fig.4 Expression pattern of HSP70 gene family members in normal and Newcastle disease virus (NDV)-infected chickens

关机制已得到广泛研究<sup>[26-29]</sup>,但对鸡 HSP70 家族成员的研究还远远不够。本研究通过对鸡 HSP70 基因家族成员进行鉴定及生物信息学分析,发现 HSPA2 和 HSPA8 可能是抑制 NDV 感染鸡的潜在靶点,这一结果可为后续研究 HSP70 功能奠定理论基础。

参考文献:

[1] 宋晋辉,马海莲,瓮巧云,等.玉米 HSP70 基因家族的全基因组鉴定与分析[J]. 核农学报,2017,31(7): 1245-1254.

[2] ZUIDERWEG E R, HIGHTOWER L E, GESTWICKI J E. The remarkable multivalency of the HSP70 chaperones [J]. Cell Stress & Chaperones, 2017, 22(2): 173-189.

[3] ROSENZWEIG R, NILLEGODA N B, MAYER M P, et al. The HSP70 chaperone network [J]. Nature Reviews: Molecular Cell Biology, 2019, 20(11):665-680.

[4] SARKAR N K, KUNDNANI P, GROVER A. Functional analysis of HSP70 superfamily proteins of rice (*Oryza sativa*) [J]. Cell Stress and Chaperones, 2013,18(4):427-437.

[5] JIANG S S, LU Y W, LI K F, et al. Heat shock protein 70 is necessary for rice stripe virus infection in plants [J]. Molecular Plant Pathology, 2014, 15(9):907-917.

[6] SINGH J R, SARIKA J, KUMAR Y P, et al. Genome-wide analysis of HSP70 family protein in *vigna radiata* and coexpression analysis under abiotic and biotic stress[J]. Journal of Computational Biology: A Journal of Computational Molecular Cell Biology, 2020, 27(5): 738-754.

[7] ZINN K E, TUNC-OZDEMIR M, HARPER J F. Temperature stress and plant sexual reproduction: uncovering the weakest links [J]. Journal of Experimental Botany, 2010,61(7):1959-1968.

[8] REHMAN A, ATIF R M, QAYYUM A, et al. Genome-wide identification and characterization of HSP70 gene family in four species of cotton [J]. Genomics, 2020, 112(6): 4442-4453.

[9] 郭苗苗,杨理凯,杜伟立,等.CRISPR/Cas9 介导的外源基因靶向插入鸡 EAV-HP 基因组[J]. 生物工程学报, 2019,35(2): 236-243.

- [10] 乐雅馨. 固始鸡基因组致死位点遗传规律分析及其候选基因鉴定[D]. 郑州:河南农业大学,2021.
- [11] 刘 浩. 陕西省鸡新城疫流行情况的病原学检测及其免疫效果分析[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2014.
- [12] CHEN C, CHEN H, ZHANG Y, et al. TBtools: an integrative toolkit developed for interactive analyses of big biological data [J]. *Molecular Plant*, 2020, 13(8): 1194-1202.
- [13] KUMAR S, STECHER G, LI M, et al. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2018, 35(6): 1547-1549.
- [14] 陈湘瑜,徐日荣,熊发前,等.野生花生 *HSP70* 基因家族的全基因组鉴定及生物信息学分析[J]. *中国油料作物学报*,2016,38(5):572-581.
- [15] 丁亚东,舒黄英,高崇伦,等.中国辣椒热激蛋白 *HSP70* 基因家族分析[J]. *植物科学学报*,2021,39(2):152-162.
- [16] TRIPATHY K, SODHI M, KATARIA R S, et al. In silico analysis of HSP70 gene family in bovine genome [J]. *Biochemical Genetics*, 2021, 59(1):134-158.
- [17] GAO Y, LI J N, PU J J, et al. Genome-wide identification and characterization of the HSP gene superfamily in apple snails (Gastropoda: Ampullariidae) and expression analysis under temperature stress [J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2022, 222: 2545-2555.
- [18] JIN S H, DENG Z C, XU S Y, et al. Genome-wide identification and low-salinity stress analysis of the HSP70 gene family in swimming crab (*Portunus trituberculatus*) [J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2022, 208:126-135.
- [19] 孟 婕,张 贝,杨 晴,等.鸡 *NLRs* 基因家族鉴定、系统进化及表达分析 [J]. *中国家禽*,2022,44(3):1-8.
- [20] 李桂林,张新怡,夏文丽,等.热激蛋白的研究进展及应用前景 [J]. *曲阜师范大学学报(自然科学版)*, 2023, 49(1):73-80.
- [21] TIAN H H, DING M X, GUO Y J, et al. Effect of *HSPA8* gene on the proliferation, apoptosis and immune function of HD11 cells [J]. *Developmental & Comparative Immunology*, 2023, 142: 104666.
- [22] 王亚楠,韩露露,孙傲颖,等.宿主细胞蛋白 *HSPA2* 与 TGEV Nsp2 的相互作用及其对病毒复制的影响 [J]. *黑龙江畜牧兽医*,2020(21):1-6,14,175.
- [23] 马思旻. HBV 上调 miR-181a/362/382/19a 对 *PTEN/HSPA5/HSPA2* 表达和肝癌细胞生物学行为影响的研究 [D]. 武汉:华中科技大学,2018.
- [24] 朱朋朋. 禽传染性支气管炎病毒 S1 蛋白与宿主细胞膜蛋白的互作研究及 *HSPA8* 在病毒感染过程中功能的初探 [D]. 杭州:浙江大学,2020.
- [25] 余东山. 埃博拉病毒生命周期相关重要宿主因子及抗病毒中和性抗体的研究 [D]. 杭州:浙江大学,2019.
- [26] 孙旋辉,邴旭文,丁炜东,等. 高温应激对鳊鱼血清生化指标及肝脏 *sod* 基因和热休克蛋白基因表达的影响 [J]. *南方农业学报*,2022,53(12):3539-3547.
- [27] 楚宗丽,李亮杰,姬 虹,等. 小麦 *Hsp70* 基因家族鉴定及蛋白互作网络分析 [J]. *江苏农业科学*,2022,50(10):37-44.
- [28] 汤玉燕,姚 顺,濮黎萍,等. 水牛热休克蛋白 70 基因克隆及其表达分析 [J]. *南方农业学报*,2021,52(9):2599-2607.
- [29] 张晨光,丁炜东,曹哲明,等. 急性高温胁迫对翘嘴鳊鱼抗氧化酶和消化酶活性及热休克蛋白基因表达的影响 [J]. *南方农业学报*,2021,52(3):815-826.

(责任编辑:王 妮)