

# 我国不同品种黑羽鸡 *MC1R* 基因多态性研究

贾晓旭, 陆俊贤, 唐修君, 樊艳凤, 高玉时\*

(江苏省家禽科学研究所, 扬州 225125)

**摘要:** 为了研究我国地方黑羽鸡品种 *MC1R* 基因的多态性, 采用 PCR 的方法扩增了我国 7 个黑羽鸡品种(狼山鸡、寿光鸡、东乡绿壳蛋鸡、盐津乌骨鸡、余干乌骨鸡、鸿光黑鸡和新杨黑鸡)的 *MC1R* 基因, 并对不同品种鸡 *MC1R* 基因序列的多态性进行生物信息学分析。结果显示: 7 个品种 *MC1R* 基因编码区全长均为 945 bp, 共编码 315 个氨基酸。7 个品种 210 条序列, 总计发现 10 个多态位点, 位于编码区的有 9 个, 其中有 7 个导致编码氨基酸发生变化, 共界定了 14 种单倍型, 定义为 Hap1—Hap14, 其中东乡绿壳蛋鸡和寿光鸡有 2 种单倍型, 其他品种单倍型数都在 2 个以上。系统发育树分化为两个分支, 分支 I 仅包含新杨黑鸡, 分支 II 包含其他 6 个黑羽鸡品种。我国黑羽鸡 *MC1R* 基因表现出丰富的多态性, 中国本土黑羽鸡品种和国外血缘黑羽品种存在 *MC1R* 基因多态位点上存在差别。该研究结果为我国黑羽地方鸡遗传资源的种质保护、品种选育和鉴定工作提供了参考。

**关键词:** 黑羽鸡; *MC1R* 基因; 多态性; 羽色

中图分类号: S831.2

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X (2023)05-0823-05

## *MC1R* gene polymorphism in Chinese black-plumage chicken breeds

JIA Xiaoxu, LU Junxian, TANG Xiujun, FAN Yanfeng, GAO Yushi

(Jiangsu Institute of Poultry Science, Yangzhou 225125)

**Abstract:** This research aimed to characterize the *MC1R* gene polymorphism of Chinese black-plumage chicken breeds. Seven black plumage chicken breeds (Langshan, Shouguang, Dongxiang Blue-eggshell, Yanjin Black-bone, Yugan Black-bone, Hongguang black, and Xinyang black) were collected, the sequence of the *MC1R* gene was PCR amplified, sequenced and analyzed by bioinformatics. The complete CDS of the *MC1R* gene of seven breeds were all 945 by in length encoding a predicted polypeptide of 315 amino acids. A total of 10 polymorphic sites were found in 210 sequences of seven chicken breeds, including 9 polymorphic loci in the coding region, of which seven were non-synonymous mutations that cause amino acid changes. The 14 haplotypes were observed based on 10 polymorphic sites. Dongxiang Blue-eggshell and Shouguang had two haplotypes, the other breeds all had two more haplotypes. The phylogenetic analysis revealed two groups, Group I consisted of Xinyang black chicken, and the other six black plumage chicken breeds were distributed in Group II. Our data suggested abundant genetic polymorphism in the chicken *MC1R* gene, which could be regarded as markers for the Chinese native breed and foreign blood breed of chicken. Therefore, this work will provide the theoretical basis for further evaluation studies, preservation, and utilization of Chinese black-plumage chicken breeds.

**Key words:** black plumage chicken; *MC1R* gene; polymorphism; plumage colour

在畜禽漫长的进化和驯化历史中, 通过人工和自然选择形成了许多性状。一些外观性状是区分不同品种的主要特征, 形成一般与当地人们的消费习

惯和人文环境有关。羽色或毛色作为畜禽最重要的外观性状, 是育种工作中主要的选育指标之一<sup>[1]</sup>。在鸟类和哺乳动物中, 一般有几个不同的基因座控制

收稿日期: 2022-09-15

基金项目: 江苏省自然科学基金(BK20221412), 江苏省种业振兴“揭榜挂帅”(JBGS[2021]029), 国家重点研发计划(2021YFD1200302), 江苏现代农业产业技术体系建设专项资金(JATS[2021]399)和国家自然科学基金(31501917, 31672382, 31702079, 31372277)共同资助。

作者简介: 贾晓旭, 副研究员。E-mail: 596374801@qq.com

\* 通信作者: 高玉时, 博士, 研究员。E-mail: gaoy100@sina.com

着羽色或毛色, 调控的生物学机制比较复杂。黑素皮质素受体 1(melanocortin 1-receptor, *MC1R*)是 G 蛋白耦合受体家族成员, 是控制动物黑色素合成的重要基因, 该基因只有 1 个外显子, 编码氨基酸一般在 310~320 个之间, 编码的蛋白有 7 个跨膜结构域, 为最小的 G 蛋白耦合受体<sup>[2]</sup>。*MC1R* 在黑色素生成过程中起着十分关键的作用, *MC1R* 与促肾上腺皮质激素(adreno-cortico tropic hormone, ACTH)和  $\alpha$ -促黑素细胞激素(alpha-melanocyte-stimulating hormone,  $\alpha$ -MSH)结合, 促进环腺苷酸(cyclic adenosine monophosphate, cAMP)生成, cAMP 进一步激活酪氨酸激酶, 催化黑色素细胞内的酪氨酸生成多巴, 多巴在黑素体内聚积到一定的量后, 释放黑色素<sup>[3]</sup>。

*MC1R* 基因存在着大量的(single nucleotide polymorphism, SNP), 并且有些 SNP 在不同物种之间有相似的功能。例如: *MC1R* 基因突变引起的第 92 位氨基酸 Glu-Lys 变化, 不仅与鹌鹑<sup>[4]</sup>、蕉森莺<sup>[5]</sup>等鸟类的羽色相关, 还跟猪<sup>[6]</sup>和羊<sup>[7]</sup>等哺乳动物的毛色相关。近年来, 我国黑羽优质肉鸡销量逐年增

加, 育成适合市场需求且能带来养殖效益的黑羽鸡品种是产业发展的重要需求。目前还没有对我国黑羽地方鸡 *MC1R* 基因多态性系统研究的报道, 检测并发现出不同类型的 SNP, 对鸡黑羽性状选育具有重要意义。为此, 本研究选择我国 5 个代表性的黑羽地方鸡品种(狼山鸡、寿光鸡、东乡绿壳蛋鸡、盐津乌骨鸡和余干乌骨鸡)和 2 个黑羽培育品种(鸿光黑鸡和新杨黑鸡), 通过 PCR 扩增和直接测序的方法对其 *MC1R* 基因的多态性进行了研究, 旨在摸清黑羽色鸡的 *MC1R* 基因变异规律。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验动物

东乡绿壳蛋鸡、寿光鸡采自国家级地方鸡种基因库(江苏), 狼山鸡采自江苏南通狼山鸡保种场, 余干乌骨鸡采自江西余干乌骨鸡保种场, 盐津乌骨鸡采自云南昭通盐津乌骨鸡保种场。鸿光黑鸡采集广西鸿光农牧有限公司。新杨黑鸡采集采自上海新杨家禽育种中心。每个品种采集 30 只。

表 1 本研究鸡品种和性状相关信息

Table 1 List of chicken breeds and characters used in this study

品种	数量/只	羽色
狼山鸡(狼山) Langshan Chicken (LS)	30	黑羽, 母鸡偶见第 9~10 根主翼羽白色
寿光鸡(寿光) Shouguang Chicken (SG)	30	纯黑, 无杂毛
东乡绿壳蛋鸡(东乡) Dongxiang Blue-eggshell Chicken (DX)	30	黑色, 少数个体其他颜色
盐津乌骨鸡(盐津) Yanjin Black-bone Chicken (YJ)	30	黑色, 少数个体其他颜色
余干乌骨鸡(余干) Yugan Black-bone Chicken (YG)	30	全身羽乌黑色
新杨黑鸡(新杨) Xinyang Black Chicken (XY)	30	黑羽, 部分夹带黑黄麻羽或黑白麻羽
鸿光黑鸡(鸿光) Hongguang Black Chicken (HG)	30	黑羽, 公鸡头部、颈部及背部金黄色羽分布; 母鸡部分个体颈羽呈金黄色

### 1.2 试验方法

根据鸡已知 DNA 序列(GenBank: D78272)作为参考序列, 用 Primer Premier 5.0 和 Oligo 6.0 软件设计引物扩增 *MC1R* 基因。正向: 5'-ATCCCAAGGTACACAGTGAC -3'; 反向: 5'-CCATCCATCCATCCTCCTGTCTGT -3', 由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。PCR 反应体系 25  $\mu$ L: 2 $\times$ PCR Master Mix 12.5  $\mu$ L, 10  $\mu$ mol $\cdot$ L<sup>-1</sup> 上下游引物各 1  $\mu$ L, 模板 DNA 50 ng, 最后用灭菌水补齐 25  $\mu$ L。PCR 扩增条件如下: 95  $^{\circ}$ C 预变性 3 min; 95  $^{\circ}$ C 变性 30 s, 59  $^{\circ}$ C 复性 30 s, 72  $^{\circ}$ C 延伸 2 min,

35 个循环; 72  $^{\circ}$ C 延伸 10 min; 12  $^{\circ}$ C 保存。取 5  $\mu$ L 扩增好的 PCR 产物在 1.5% 琼脂糖上凝胶电泳检测, 选择条带亮并且无非特异性扩增的样本交由上海生工生物(上海)股份有限公司双向测序。

### 1.3 数据处理和分析

所获序列根据峰图进行人工校对后, 以 .seq 格式输出, 通过 NCBI 网站的 Blast 进行相似性检测, 确定获得序列为鸡的 *MC1R* 基因序列。利用 Clustal-X 软件进行序列比对<sup>[8]</sup>。用 DnaSP 5.10.1 软件统计变异位点数、单倍型数、核苷酸多样性、单倍型多样性和平均核苷酸差异<sup>[9]</sup>。用 MEGA 6.0 软件采用邻接

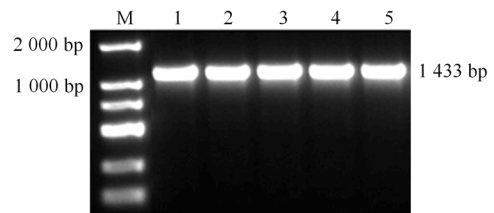
法 (neighbor-joining, NJ) 构建系统发育树<sup>[10]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 *MC1R* 基因多态位点

本研究扩增片段长度为 1 433 bp, 设计的引物在试验鸡群得到了较好的扩增, PCR 产物经琼脂糖凝胶电泳检测, 特异性良好, 与目的片段大小一致 (图 1)。与参考序列 D78272 比对发现, 序列包含 488 bp 的 5'侧翼区和完整的编码区 945 bp, 编码区共编码 315 个氨基酸。用 DnaSP 软件分析 7 个品种 210 条序列的变异情况, 共发现 10 处多态位点 (表 2), 其中, 位于 5'侧翼区变异有 1 处, 为 420 (C/T);

位于编码区的 9 个, 其中同义突变 2 处, 分别为 525 (C/T) 和 1 092 (A/G), 7 处为错义突变, 分别为 668 (C/T)、730 (A/G)、790 (C/T)、832 (A/G)、883 (A/G)、11 093 (C/T) 和 1 100 (A/C)。



M: DL2000; 1~5: PCR 产物。

图 1 PCR 扩增结果

Figure 1 PCR amplification results

表 2 *MC1R* 基因突变位点与对应的氨基酸变化情况

Table 2 *MC1R* gene mutation sites and corresponding amino acids

编号	突变	序列位置	氨基酸位置	区域	氨基酸变异
1	C/T	420		5'侧翼区	
2	C/T	525	23	exon	Asn/Asn
3	C/T	668	71	exon	Thr/Met
4	A/G	730	92	exon	Lys/Glu
5	C/T	790	112	exon	Arg/Cys
6	A/G	832	126	exon	Ile/Val
7	A/G	883	143	exon	Thr/Ala
8	A/G	1 092	212	exon	Ala/Ala
9	C/T	1 093	213	exon	Arg/Cys
10	A/C	1 100	215	exon	His/Pro

表 3 基于 *MC1R* 基因序列变异信息的黑羽鸡品种单倍型分类

Table 3 The haplotype classification of black-plumage chicken breeds based on *MC1R* gene sequence variation information

单倍型	变异位点										数量
	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	
	4	5	6	7	7	8	8	0	0	1	
	2	2	6	3	9	3	8	9	9	0	
	0	5	8	0	0	2	3	2	3	0	
Hap1	T	T	C	A	C	G	A	G	T	A	92
Hap2	T	T	C	A	C	G	A	A	C	A	18
Hap3	T	T	C	A	C	G	A	G	T	C	17
Hap4	T	T	C	A	C	G	A	A	T	A	22
Hap5	T	C	C	A	C	G	A	G	T	A	18
Hap6	C	T	C	A	C	G	A	G	T	C	2
Hap7	T	T	C	G	T	G	A	A	C	A	2
Hap8	T	T	T	G	C	G	A	A	C	A	2
Hap9	T	T	T	A	C	G	A	G	T	A	4
Hap10	T	T	C	A	C	G	A	G	C	A	3
Hap11	C	C	T	G	C	G	A	A	C	A	14
Hap12	C	C	T	G	C	A	G	A	C	A	6
Hap13	C	C	T	A	C	A	A	A	C	A	6
Hap14	C	C	T	G	C	A	A	A	C	A	4

### 2.2 单倍型数量及分布

基于本研究发现的 10 个多态位点, 用 DnaSP 软件界定了 14 个单倍型 (Hap1—14)。由表 3 和表 4 可以看出, *MC1R* 基因表现出丰富的单倍型多态性, Hap1 为黑羽鸡优势单倍型, 占 43.8%(92/210), 除新杨黑鸡外, 其他品种均可以

检测到。鸿光黑鸡和盐津乌骨鸡共享 Hap2; 东乡绿壳蛋鸡、寿光鸡和鸿光黑鸡共享 Hap3; Hap4 为鸿光黑鸡独有单倍型; Hap5 为狼山鸡独有单倍型; Hap6—8 为余干乌骨鸡独有单倍型; Hap9 为盐津乌骨鸡独有单倍型; Hap10 为狼山鸡独有单倍型; Hap11—14 为新杨黑鸡独有单倍型。余干

乌骨鸡、新杨黑鸡和鸿光黑鸡有 4 种单倍型；狼山鸡和盐津乌骨鸡有 3 种单倍型；寿光鸡和东乡绿壳蛋鸡单倍型最少，只有 2 种单倍型。

### 2.3 遗传多样性分析和系统发育

基于 *MC1R* 基因分析 7 个黑羽鸡品种遗传多样性见表 5。单倍型多样性在 0.381~0.696 之间，其中新杨黑鸡最高，余干乌骨鸡最低。核苷酸多样

性在 0.000 28~0.000 94，余干乌骨鸡最高，寿光鸡最低。平均核苷酸差异 0.389~1.312，余干乌骨鸡最高，寿光鸡最低。采用 NJ 法构建 7 个品种的 *MC1R* 基因的系统发育树（图 2），发育树分成 2 个大支。新杨黑鸡单独聚为分支 I，狼山鸡、寿光鸡、东乡绿壳蛋鸡、余干乌骨鸡、盐津乌骨鸡和鸿光黑鸡聚成分支 II。

表 4 7 个黑羽鸡品种单倍型分布  
Table 4 Haplotype distribution of seven black-plumage chicken breeds

单倍型	品种							数量
	狼山 LS	寿光 SG	东乡 DX	盐津 YJ	余干 YG	新杨 XY	鸿光 HG	
Hap1	9	24	21	10	24		4	92
Hap2				16			2	18
Hap3		6	9				2	17
Hap4							22	22
Hap5	18							18
Hap6					2			2
Hap7					2			2
Hap8					2			2
Hap9				4				4
Hap10	3							3
Hap11						14		14
Hap12						6		6
Hap13						6		6
Hap14						4		4

表 5 7 个黑羽鸡品种的遗传多样性  
Table 5 Genetic diversity of 7 black-plumage chicken breeds

品种	样本量	单倍型数	单倍型多样性	核苷酸多样性	平均核苷酸差异
狼山	30	3	0.673 (0.123)	0.000 75 (0.000 42)	1.055
寿光	30	2	0.389(0.164)	0.000 28 (0.000 26)	0.389
东乡	30	2	0.434(0.070)	0.000 31(0.000 18)	0.434
盐津	30	3	0.561(0.060)	0.000 82(0.000 35)	1.153
余干	30	4	0.381(0.111)	0.000 94( 0.000 61)	1.312
新杨	30	4	0.696(0.072)	0.000 79(0.000 36)	1.101
鸿光	30	4	0.619(0.120)	0.000 57(0.000 38)	0.800

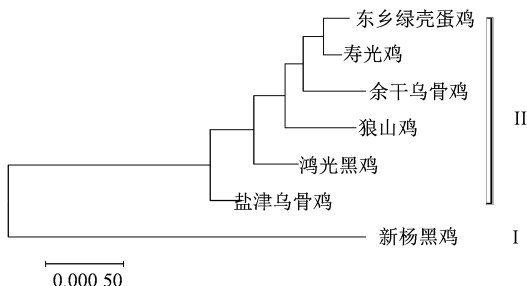


图 2 基于 *MC1R* 基因序列采用 NJ 法构建的系统发育树  
Figure 2 Phylogenetic tree established by NJ method based on *MC1R* gene sequences

## 3 讨论与结论

### 3.1 *MC1R* 基因多态位与羽色形成的关系

*MC1R* 基因在鸟类黑色素形成和扩散过程中发挥着重要的作用，*MC1R* 基因丰富的多态性是造成

鸟类羽色以及肤色、胫色等差异的主要原因之一<sup>[2]</sup>。杨永升等<sup>[11]</sup>在由丝羽乌骨鸡与明星肉鸡为亲本建立的资源家系群体鸡群中检测到 *MC1R* 基因 SNP 位点与鸡的肤色、活体胫色、肉色性状显著相关。郭秀丽<sup>[12]</sup>研究发现 *MC1R* 基因 SNP 位点与羽色和胫色显著相关。刘骐嘉<sup>[13]</sup>的研究结果表明，*MC1R* 基因不同单倍型在鸡的羽色和胫色表型中存在着明显差异。Shi 等<sup>[14]</sup>研究发现 *MC1R* 基因 SNP 位点与瓦灰色羽毛显著相关。Kabir 等<sup>[15]</sup>比较了 30 种日本地方鸡种和 8 个其他国家鸡种的 *MC1R* 基因单倍型与羽色的关联性，发现 G274A、A427G 和 A644C 的变异分别有助于黑羽、黄褐羽和小麦色羽的形成。

Glu92Lys 的替换是众所周知的导致黑色羽毛形成的因素。Kerje 等研究发现鸡 *MC1R* 基因中的

两个突变位点(Glu92Lys 和 Met71Thr)同时替换时, 其个体的羽色为纯黑色<sup>[16]</sup>。本研究发现新杨黑鸡和 2 个我国地方品种(余干乌骨鸡和盐津乌骨鸡)不表现出此规律, 可能跟实验材料选择有关。同时 Kabir 等<sup>[15]</sup>研究也发现 Glu92Lys 和 Met71Thr 的替换也不能导致部分日本本土地方鸡品种羽色呈黑色。表明 *MC1R* 基因对不同鸡品种羽色的影响可能并不是某一单个位点所决定的, 而是多个突变位点以及上下游调控基因共同作用的结果, 具体的遗传机理有待进一步深入研究。

### 3.2 *MC1R* 基因多态性与人工选择的关系

本研究发现相同羽色鸡中, *MC1R* 基因仍然是一个多态性较高的基因, 7 个品种总计发现了 14 种单倍型, 每个品种至少有 2 种单倍型。单倍型多样性是衡量一个群体遗传多样性高低的参数, 数值越大, 遗传多样性越高, 可开发利用潜力越大<sup>[17]</sup>。狼山鸡、鸿光黑鸡和新杨黑鸡单倍型多样性都在 0.6 以上, 高于其他品种。鸿光黑鸡和新杨黑鸡虽然为培育品种, 单倍型多样性却高于地方品种, 与用线粒体 DNA 的研究结果不一致<sup>[18]</sup>, 可能在选择过程中, 生长和产蛋性状作为主要选择性状, 而羽色选择压相对较低有关。群体羽色观察发现, 鸿光黑鸡公鸡头部、颈部及背部金黄色羽分布; 母鸡部分个体颈羽呈金黄色。新杨黑鸡虽然主要为黑色, 部分仍然夹带黑黄麻羽或黑白麻羽, 表明 2 个培育品种的在羽色上面还有选育的空间。寿光鸡和余干乌骨鸡单倍型多样性较低, 都在 0.3~0.4 之间, 与本品种没有杂色的品种特征相符。

Li 等<sup>[19]</sup>通过对中国家猪与野猪的 *MC1R* 基因研究, 认为 *MC1R* 基因是中国家猪的一个人工驯化基因, 黑毛色的猪符合古代中国人的文化偏好, 使得猪的毛色发生基因突变。本研究中鸿光黑鸡虽然为培育品种, 但没有国外鸡的血缘, 是由狼山鸡和广西麻鸡杂交培育而成。新杨黑鸡是由贵妃鸡和洛岛红鸡杂交培育而成, 父系和母系均为国外血缘。系统发育树显示, 新杨黑鸡和我国地方品种以及培育品种的黑鸡归属不同的分支, *MC1R* 基因能否作为中国家鸡的一个人工驯化基因, 还有待进一步研究。

本研究通过对 7 个黑羽鸡种 *MC1R* 基因序列分析, 共检测到 10 个多态位点, 其中有 7 个可以导致编码氨基酸发生变化。中国本土黑羽鸡品种和国外血缘黑羽品种存在 *MC1R* 基因多态位点上存在差别, 能够很好的区分我国黑羽地方品种(地方品种之间杂交)和国外杂交品种。该研究结果为我国黑羽地方鸡遗传资源的种质保护、品种选育和鉴定工作提

供了参考。

### 参考文献:

- [1] 国家畜禽遗传资源委员会组. 中国畜禽遗传资源志-家禽志[M]. 北京: 中国农业出版社, 2011.
- [2] 任刚, 李恩, 赵世焯, 等. 棕背伯劳羽色多态与 *MC1R* 基因的相关性[J]. 生物多样性, 2020, 28(6): 688-694.
- [3] DERELLE R, KONDRASHOV F A, ARKHIPOV V Y, et al. Color differences among feral pigeons (*Columba livia*) are not attributable to sequence variation in the coding region of the melanocortin-1 receptor gene (*MC1R*)[J]. BMC Res Notes, 2013, 6: 310.
- [4] NADEAU N J, MINVIELLE F, MUNDY N I. Association of a Glu92Lys substitution in *MC1R* with extended brown in Japanese quail (*Coturnix japonica*)[J]. Animal Genet, 2006, 37(3): 287-289.
- [5] THERON E, HAWKINS K, BERMINGHAM E, et al. The molecular basis of an avian plumage polymorphism in the wild[J]. Curr Biol, 2001, 11(8): 550-557.
- [6] KIJAS J M, WALES R, TÖRNSTEN A, et al. Melanocortin receptor 1 (*MC1R*) mutations and coat color in pigs[J]. Genetics, 1998, 150(3): 1177-1185.
- [7] VÅGE D I, KLUNGLAND H, LU D S, et al. Molecular and pharmacological characterization of dominant black coat color in sheep[J]. Mamm Genome, 1999, 10(1): 39-43.
- [8] THOMPSON J D, GIBSON T J, PLEWNIK F, et al. The CLUSTAL\_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools[J]. Nucleic Acids Res, 1997, 25(24): 4876-4882.
- [9] ROZAS J, SÁNCHEZ-DELBARRIO J C, MESSEGUER X, et al. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods[J]. Bioinformatics, 2003, 19(18): 2496-2497.
- [10] TAMURA K, STECHER G, PETERSON D, et al. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0[J]. Mol Biol Evol, 2013, 30(12): 2725-2729.
- [11] 杨永升, 邓学梅, 李宁, 等. *MC1R* 是控制鸡黑色素形成的候选主效基因[J]. 生物化学与生物物理进展, 2004, 31(6): 500-505.
- [12] 郭秀丽. 河北柴鸡 *MC1R* 基因变异研究[D]. 保定: 河北农业大学, 2009.
- [13] 刘骥嘉. 不同肤色优质鸡生产性能比较及其与 *MC1R* 基因多态性的相关分析[D]. 雅安: 四川农业大学, 2015.
- [14] ZHANG L Y, HUANG M Y, LI Y, et al. Molecular characteristics of *MC1R* gene in tile-grey plumage of domestic chicken[J]. Br Poult Sci, 2020, 61(4): 382-389.
- [15] KABIR M H, TAKENOUCI A, HAQANI M I, et al. Discovery of a new nucleotide substitution in the *MC1R* gene and haplotype distribution in native and non- Japanese chicken breeds[J]. Anim Genet, 2020, 51(2): 235-248.
- [16] KERJE S, LIND J, SCHÜTZ K, et al. Melanocortin 1-receptor (*MC1R*) mutations are associated with plumage colour in chicken[J]. Animal Genet, 2003, 34(4): 241-248.
- [17] 徐文娟, 朱文奇, 束婧婷, 等. 我国主要乌骨鸡品种遗传多样性和系统进化研究[J]. 中国畜牧杂志, 2014, 50(23): 10-14.
- [18] 贾晓旭, 陆俊贤, 唐修君, 等. 我国乌骨鸡品种遗传多样性和品种鉴定[J]. 农业生物技术学报, 2021, 29(12): 2312-2319.
- [19] LI J, YANG H, LI J R, et al. Artificial selection of the melanocortin receptor 1 gene in Chinese domestic pigs during domestication[J]. Heredity, 2010, 105(3): 274-281.