

编者按 国家肉鸡产业技术体系作为行业科技的创新者、集大成者和推广者,日前权威发布了2014年度肉鸡产业技术发展报告,全面展示了国内外科研热点、技术发展趋势及所取得的重要成果。为系统报道各领域科研及技术进展,在国家肉鸡产业技术体系办公室及各功能研究室的大力支持下,本刊重磅推出五大功能研究室及产业经济岗位本领域全球年度发展报告。本期先行推出三篇,下期再刊发三篇。

# 2014 世界肉鸡遗传育种与资源研究 和技术发展报告\*

舒鼎铭<sup>1,2</sup> 文杰<sup>1,3</sup> 陈宽维<sup>1,4</sup> 蒋小松<sup>1,5</sup> 张细权<sup>1,6</sup> 李辉<sup>1,7</sup>

(1.国家肉鸡产业技术体系 遗传育种与繁殖研究室;

2.广东省农业科学院动物科学研究所,广东广州 510640;

3.中国农业科学院北京畜牧兽医研究所,北京 100193;

4.江苏省家禽科学研究所,江苏扬州 225125;

5.四川省畜牧科学研究院,四川成都 610066 6.华南农业大学,广东广州 510642;

7.东北农业大学,黑龙江哈尔滨 150030)

**摘要** 2014年,世界家禽遗传资源保存和利用仍然以活体原位保种为主,而评价方法继续推行分子标记方法。传统遗传育种技术与信息技术、统计学手段以及分子遗传等多学科的结合则越来越密切。大规模高通量的SNP检测技术相继建立和应用,全基因组选择已成为肉鸡遗传育种技术的研究热点之一,其研究主要集中于基因组选择的计算方法和基因组育种值估计准确性方面。而在我国国内,分子遗传育种仍是肉鸡遗传育种技术研究开发的主题之一。

**关键词** 2014;肉鸡;遗传资源;育种技术;研究;开发

中图分类号 S831.2 文献标识码 A 文章编号 :1004-6364(2015)10-01-04

2014年,肉鸡产业又经历了机遇与挑战并存的一年,肉鸡遗传育种与资源技术的研究仍然保持良好的发展势头,公开发表的关于肉鸡遗传育种领域的研究论文共130篇,其中关于肉鸡重要经济性状遗传基础的研究报告85篇,关于肉鸡资源多样性调查研究、保护利用的相关报道28篇,另外还有17篇文献关注肉鸡育种生产管理方法和育种技术方法方面的研究;免疫抗逆性状研究

成为专家学者的研究热点,共发表论文17篇。2014年申请与肉鸡遗传育种相关的国家发明专利共48件,新增授权发明专利31件。2014年度世界肉鸡遗传育种与资源研究和技术发展动态如下:

## 1 世界肉鸡遗传育种与资源研究和技术发展动态 1.1 遗传资源保存、评价与利用的发展动态

在亚洲,我国学者通过使用改进的痕量DNA扩增技术提取了世界上最古老的两个遗址鸡骨DNA,证明生活在一万年前我国北方地区的家鸡原始群体是现代家鸡的祖先群体之一,



收稿日期 2015-04-27

\*基金项目 现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS-42)

提出我国北方地区是除南亚、东南亚地区之外的另一个重要家鸡起源地<sup>[1]</sup>;Chen等<sup>[2]</sup>利用禽白血病毒内源病毒插入特征展示了鸡基因组的选择性印迹;Aizimut等<sup>[3]</sup>利用20个微卫星标记对中国新疆南部城市和静、拜城、阿合奇县和塔什库尔干四个当地鸡群遗传多样性进行了分析;另外,Yi等<sup>[4]</sup>还利用12个鸡群基于全基因组测序技术进行了全基因组拷贝数变异分析,绘制了第一份鸡全基因组拷贝数变异图谱;Tao等<sup>[5]</sup>发现KRT75基因上的3个SNP位点可用作区分卷毛和直毛的分子遗传标记。而韩国学者利用27个微卫星标记对韩国当地20个鸡群进行遗传多样性评估<sup>[6]</sup>。

在欧洲,瑞典学者利用线粒体DNA分析了9个瑞典地方鸡种的多样性和亲缘关系,发现了1个在家鸡中都非常普遍的单倍型,并发现Ölandshöna品种与大陆品种存在明显差异<sup>[7]</sup>。

在非洲,阿尔及利亚学者通过表型观察和相关基因分析提示了欧雷斯山地区鸡种群特征<sup>[8]</sup>;对埃塞俄比亚747只地方鸡和375 213个SNP的研究证实,使用更多的遗传标记及遗传群体能有效揭示鸡群间的遗传多样性<sup>[9]</sup>。

## 1.2 肉鸡遗传育种技术发展动态

2014年度,随着大规模高通量的SNP检测技术相继建立和应用,全基因组选择成为了肉鸡遗传育种技术开发的研究热点之一。现有研究报道主要集中于基因组选择的计算方法和基因组育种值(GEBV)估计准确性方面。Wang等<sup>[10]</sup>针对ssGWAS、CGWAS和BayesB等三种方法的优缺点进行对比分析,发现ssGWAS综合了系谱、基因和表型信息,建模和计算方法更加可行。Liu等<sup>[11,12]</sup>利用GBLUP、BayesLASSO、Bayesian混合模型3种方法估计了中国黄羽肉鸡的生长、屠体和免疫性状的GEBV,评价了GEBV估计准确性。结果表明,与传统的选择相比,基因组选择方法可提高选择的准确性。

2014年度,尽管传统遗传育种技术与信息技术、统计学手段以及分子遗传等多学科的结合越来越密切,但常规的遗传力估计、遗传评估、关联性分析等研究论文在育种实践中应用依然广泛。采用F<sub>2</sub>设计,利用线性混合模型对产蛋期啄羽和打斗行为进行了遗传参数估计,发现啄羽和打斗行为的遗传力为0.1,与食羽癖间的遗传相关为

0.73<sup>[13]</sup>。对肉质性状的遗传参数进行估计和分析发现,直接选择肌肉U-PH可以提高加工品质,但不会影响肉鸡的生产性能<sup>[14]</sup>。

## 2 我国肉鸡遗传育种与资源研究、技术最新进展

### 2.1 肉鸡遗传资源研究最新进展

2014年国家畜禽遗传资源委员会在扬州召开了家禽遗传资源保护与利用培训暨保种方案讨论会。会议主要讨论了各品种保种方案、当前保种工作面临的问题与困难、今后加强保种工作的意见和建议等内容。通过讨论,总结出当前家禽遗传资源保种工作面临的问题与困难主要有以下几个方面:①保种场建设、扩建及改迁土地使用面临困难。②保种技术力量薄弱,人才队伍不稳定现象普遍存在。由于待遇低、条件差、无保障,基层保种专业技术人员流失严重,影响了保种工作的持续性。③缺乏技术支撑。保种技术方法培训、保种政策和法律法规培训及相关项目申报培训缺乏。缺乏专家与保种场之间的对接指导机制。④经费不足,难以为继。大部分品种的开发利用前景受限,效益低下,仅靠上级拨款维持,造成设备维修、更新无法正常实施。⑤重大疫情应对不力。需健全重大疫情处置机制,对列入国家级保护名录的品种应享受同等补贴待遇,疫区保种场建立备份,经费补贴建议由资源处直接下发到各级保种场。

2014年度国家畜禽遗传资源委员会新审定通过了4个肉鸡新品种(配套系)。截至2014年12月,我国利用各种素材育成的国家级审定肉鸡新品种(配套系)数量达46个。同时农业部印发了《全国肉鸡遗传改良计划(2014-2025)》。到2025年,我国将培育肉鸡新品种40个以上,自主培育品种商品代市场占有率超过60%。

另外,国内学者还从分子遗传的角度对国内肉鸡进行了遗传多样性分析。张剑等<sup>[15]</sup>利用29个微卫星标记分析北京油鸡群体内的遗传参数,表明北京油鸡保种群具有丰富的遗传多样性和较高的保种价值。王文涛等<sup>[16]</sup>测定了6个贵州地方鸡种的90个个体线粒体DNA控制区部分序列。其他学者也开展了遗传多样性的研究<sup>[17-21]</sup>。

### 2.2 肉鸡遗传育种技术研究最新进展

2014年度,分子遗传育种研究仍是国内肉鸡遗传育种技术研究与开发的主题之一。国内研究者利用芯片(SNP芯片、表达谱芯片)技术、候选基

因功能研究等策略方法在肉鸡生长、肉质、繁殖和抗病等性状的研究中取得了可喜的进展。

### 2.2.1 生长和饲料报酬性状

樊庆灿等<sup>[22]</sup>利用SNP芯片分型技术,发现20个与京海黄鸡上市体重关联显著的SNPs,它们主要分布于1、4、19、25和Z染色体上,其中,1号染色体50.6~53.6 Mb和Z染色体33.6~44.8 Mb区域是显著SNPs分布较为集中的区域。田文霞等<sup>[23]</sup>应用cDNA芯片技术筛选福美双诱导的肉鸡胫骨软骨发育不良(TD)相关基因。王佩佩等<sup>[24]</sup>发现影响鸡骨骼性状生长发育和6~12周龄体重的QTL可能位于g.115463T>C、g.123900G>A和g.130936T>C多态位点所组成单倍型块内或处于与此单倍型块紧密连锁的下游区域。采用候选基因方法研究与生长性状的相关,其中候选基因有*MyoG*、*Myf3*<sup>[25,26]</sup>、*A-FABP*<sup>[27]</sup>、*Myf5*<sup>[28]</sup>、*Spot14α*<sup>[29]</sup>和*MSTN*<sup>[30]</sup>。

饲料转化率是衡量获得经济效益的重要指标,与生长性状一样受多种遗传因素影响。EL等<sup>[31]</sup>发现9个基因(*LEPR*、*PRKAB1*、*PRKAG2*、*PRKAG3*、*MTOR*、*PDPK1*、*NPY6R*、*INS*与*GH*)的多态性与鸡的体重、体增重、采食量和饲料转化率存在相关。Xu等<sup>[32]</sup>发现*TAF15*的rs15047274位点与N301品系的增重、11周体重、采食量显著相关,而rs15869967位点与N414品系的剩余采食量显著相关。

### 2.2.2 肉质和脂肪性状

脂肪与肌肉发育的分子基础研究深入开展。Fu等<sup>[33]</sup>发现5个参与脂代谢的关键转录因子(*C/EBPα*、*C/EBPβ*、*SREBP1*、*PPARα*、*PPARγ*)在鸡的脂代谢过程中均发挥重要作用,武春艳等也对脂代谢的这5个关键转录因子进行了研究。Sun等<sup>[34]</sup>发现*PPARγ*启动子的甲基化作用在肝脏和脂肪组织中随着日龄而减少,在脂肪组织发育过程中*PPARγ*基因受DNA甲基化控制。Luo等<sup>[35]</sup>发现一个皮肤特异表达的miR-203可能参与鸡骨骼肌的发育;顾海娟等<sup>[36]</sup>研究生长早期肉鸡*IGF-I*基因mRNA的时空表达模式;张榕婧等<sup>[37]</sup>分析了鸡*PDK4*基因的组织表达;王启贵等<sup>[38]</sup>发现鸡*L-BABP*基因受多种转录因子和上游序列的调控。于莹莹等<sup>[39]</sup>发现*IGFBP2*基因是gga-miR-456-3p的靶基因,牟彦双等<sup>[40]</sup>也研究了*IGFBP2*基因。另外还研究了*ACOX3*<sup>[41]</sup>、*THRSPα*<sup>[42]</sup>、*PLIN*<sup>[43]</sup>和*A-FABP*<sup>[44]</sup>的基因变异与肉质和脂肪沉积性状

的相关性。

### 2.2.3 繁殖性状

主要研究影响卵泡发育的调控基因和与产蛋性能相关的基因。朱桂玉<sup>[45]</sup>通过数字基因表达谱检测鸡卵巢内等级前小白卵泡(SWF)和发育到最大期的等级卵泡(F1)中的差异表达基因;李建超等<sup>[46]</sup>在家禽PGCs建立*Piwi*基因干扰模型,并发现其干扰后影响生殖特异性标记基因和干性转录因子的表达;李金龙等<sup>[47]</sup>发现北京油鸡肌肉和卵巢组织基因组DNA甲基化水平差异显著。另外还研究了与繁殖性状相关的其他候选基因:*NGF*<sup>[48]</sup>、*NPY*<sup>[49]</sup>、*MTNR1B*<sup>[50]</sup>、*GDF9*<sup>[51]</sup>、*MyoG*<sup>[52]</sup>、*POU1F1*和*FSHR*<sup>[53]</sup>、*BMP4*<sup>[54]</sup>、*OVR*<sup>[55]</sup>和*CCT6A*<sup>[56]</sup>。

### 2.2.4 免疫抗逆性状

鸡的抗病性和免疫是2014年的研究热点,研究的内容有鸡法氏囊发育、鸡传染性支气管炎病毒、禽流感病毒、细菌性疾病、免疫性状等。杭柏林等<sup>[57,58]</sup>应用鸡基因表达谱芯片分析发现法氏囊发育是多基因参与的复杂的生物学过程,其中*TLR15*、*LY86*和*TRIM39*在鸡法氏囊发育过程中发挥着重要作用;Luo等<sup>[59]</sup>应用全基因组关联分析发现超过10个与传染性支气管炎病毒免疫应答相关的主效QTL;郭将<sup>[60]</sup>研究表明在禽流感病毒感染鸡时,*TLR7*的表达量发生了明显增加,miR107-3p、miR27b-3p与*TLR7*的表达存在靶标关系;张之宣等<sup>[61]</sup>发现*TLR1*和*TLR2*基因突变可能与地方鸡种抗病性有关;Chen等<sup>[62]</sup>发现鸡*NHE1*基因的表达量在ALV-J感染中显著上调。

热应激是受多基因影响和调控的复杂生理过程。Luo等<sup>[63]</sup>和宋小燕等<sup>[64]</sup>都通过基因表达谱方法研究了在热应激条件下肉鸡的变化。张文武等<sup>[65]</sup>发现矮脚黄羽肉鸡*hspA9*基因5'侧翼区有3个SNP位点与T3和CD4<sup>+</sup>T细胞数显著相关;Zhang等<sup>[66]</sup>发现灵山鸡的*HSP3*和*HSP70* mRNA的表达量变化显著高于隐性白洛克鸡。

### 2.2.5 外观性状

Feng等<sup>[67]</sup>发现3号染色体70486623 bp处C→G的突变与丝羽性状完全关联。Bai等<sup>[68]</sup>应用数字基因表达技术发现*MUC*、*LOC426217*、*BMP4*、*ACAA1*、*LPL*、*ALDH7A1*、*GLA*、*RETSAT*、*SDR16C5*、*WVWX*和*MOGAT1*等11个基因可能与北京油鸡鸡喙畸形有关。



### 3 问题与建议

畜禽遗传资源是今后畜牧业可持续发展的基础物质,是今后育种工作中不可缺少的育种素材,近年来的研究已经发现,优质肉和抗病性能可能为畜牧业发展做出较大贡献。但是,地方品种大多数生产性能差,饲养成本高和生产效益较差,造成资源保护成本增加。建议建立畜禽遗传资源标准化的生产性能测定体系和遗传评估体系,系统开展我国地方遗传资源性能的标准化测定,同时在分子水平上开展重要经济性状和特色性状形成的遗传机制研究,建立囊括形态学标记、蛋白多态性标记、免疫遗传标记、基因组DNA和线粒体DNA分子标记的评价体系,建立国家畜禽遗传资源评价平台,提升我国地方资源性能测定工作的制度化、标准化和科学化,全面了解各个资源的遗传多样性,明确资源的重点保护性状和利用方向,为科学保护和利用畜禽遗传资源提供技术支撑。

#### 参考文献:

- 1 Xiang H ,Gao J ,Yu B *et al.* Early Holocene chicken domestication in northern China[J]. *Proc Natl Acad Sci* ,2014 ,111 : 17564-17569.
- 2 Chen W ,Qu H ,Li C *et al.* Polymorphism of avian leukosis virus subgroup *E.loxi* showing selective footprints in chicken[J]. *Biochem Genet* 2014 ,52 :524-537.
- 3 Aizimu W ,Muhatai G ,Qi A *et al.* Genetic diversity of four domestic chicken breeds in southern part of Xinjian based on microsatellite DNA analyses[J]. In :The 34th International Society of Animal Genetics ,Xi'an ,China 2014.
- 4 Yi G ,Qu L ,Liu J *et al.* Copy number variant analysis in the chicken genome using next-generation sequencing[C]. In :The 34th International Society of Animal Genetics Xi'an ,China 2014.
- 5 Tao L ,Du W ,Zhang L. The development of frizzled follicle and genetic characteristics of candidate gene KRT75 in frizzled feather chicken[C]. In :The 34th International Society of Animal Genetics ,Xi'an ,China 2014.
- 6 Seo J ,Kim J J ,Kong H S. Genetic diversity of Korean native chicken using microsatellite marker[C]. In :The 34th International Society of Animal Genetics ,Xi'an ,China 2014.
- 7 Englund T ,Stromstedt L ,Johansson A M. Relatedness and diversity of nine Swedish local chicken breeds as indicated by the mtDNA D-loop[J]. *Hereditas* 2014 ,151 :229-233.
- 8 Mehdaoui A ,Bouhadad R. Avian populations in Algeria

- (Aures) :phenotypic characterization of local breeds[C]. In :The 34th International Society of Animal Genetics ,Xi'an ,China 2014.
- 9 Desta T ,Wragg D ,Bettridge J *et al.* Analysis of dense genome-wide single nucleotide polymorphisms unlocks the genetic structure of nondescript Ethiopian village chickens[C]. In :The 34th International Society of Animal Genetics ,Xi'an ,China 2014.
- 10 Wang H ,Misztal I ,Aguilar I *et al.* Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes in a single-step (ssGWAS) for 6-week body weight in broiler chickens[J]. *Front Genet* 2014 ,5 :134.
- 11 Liu T ,Qu H ,Luo C *et al.* Genomic selection for the improvement of antibody response to newcastle disease and avian influenza virus in chickens[J]. *PLoS One* 2014 ,9 :e112685.
- 12 Liu T ,Qu H ,Luo C *et al.* Accuracy of genomic prediction for growth and carcass traits in Chinese triple-yellow chickens[J]. *BMC Genet* 2014 ,15 :110.
- 13 Bennewitz J ,Bogelein S ,Stratz P *et al.* Genetic parameters for feather pecking and aggressive behavior in a large F2-cross of laying hens using generalized linear mixed models[J]. *Poult Sci* 2014 ,93 :810-817.
- 14 Alnahhas N ,Berri C ,Boulay M *et al.* Selecting broiler chickens for ultimate pH of breast muscle :analysis of divergent selection experiment and phenotypic consequences on meat quality growth , and body composition traits[J]. *J Anim Sci* 2014 ,92 :3816-3824.
- 15 张剑 ,初芹 ,张尧 ,等. 利用微卫星标记分析北京油鸡遗传多样性的研究[J]. *中国家禽* ,2014 ,36(7) :47-49.
- 16 王文涛 ,林家栋 ,陈眷华 ,等. 贵州地方鸡种的遗传变异研究[J]. *中国畜牧兽医* 2014 ,41(4) :185-188.
- 17 王春光 ,相德才 ,叶绍辉. 云南4个地方鸡种PRL外显子5基因多态性研究[J]. *安徽农业科学* 2014 ,42(17) :5374-5376 ,5395.
- 18 任康 ,张权 ,侯卓成 ,等. 利用微卫星标记分析不同保种场的保种效果[J]. *黑龙江动物繁殖* 2014 ,22(3) :8-14.
- 19 季金龙 ,唐韶青 ,赵萌 ,等. 北京油鸡肌肉和卵巢组织基因组DNA甲基化状态检测与分析[J]. *畜牧兽医学报* 2014 ,45(1) :1784-1792.
- 20 路宏朝 ,张涛 ,江海 ,等. 略阳乌鸡酪氨酸酶基因(TYR)遗传变异分析[J]. *湖北农业科学* 2014 ,53(5) :1123-1127.
- 21 富国文 ,王绍卿 ,樊月圆 ,等. 大围山微型鸡 *POU1F1* 基因编码区的克隆及序列分析[J]. *家畜生态学报* 2014 ,35(6) :21-25.
- 22 樊庆灿 ,王金玉 ,张跟喜 ,等. 京海黄鸡生长性状与15个单核苷酸多态(SNP)位点的关联分析[J]. *农业生物技术学报* ,2014 , 22(8) :1009-1017.

(23-68略 需要者请扫描文章首页二维码或与编辑部联系索取。) 