

陆艳凤, 张蕾, 孙国波, 等. 番鸭羽色遗传差异基因筛选及验证 [J]. 畜牧与兽医, 2024, 56 (12): 16-22.

LU Y F, ZHANG L, SUN G B, et al. The screening and validation of genes differentially expressed in feather color inheritance of Muscovy duck [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2024, 56 (12): 16-22.

## 番鸭羽色遗传差异基因筛选及验证研究

陆艳凤, 张蕾, 孙国波, 段修军, 陈佳乐

(江苏农牧科技职业学院, 江苏 泰州 225300)

**摘要:** 为探究番鸭羽色调控机制, 本试验以黑羽及白羽番鸭为研究素材, 运用 Illumina Hiseq 高通量测序技术, 对不同羽色部位毛囊组织进行转录组测序, 经基因本体论 (GO) 富集分析对差异表达基因功能进行解析, 实时荧光定量逆转录 PCR (RT-qPCR) 验证初步获得的上调差异基因, 并开展选育后代羽色性状验证筛选研究。结果: 以  $|\log_2FC| \geq 6$  ( $P < 0.05$ ) 为筛选条件, 获得显著差异表达基因 112 个 (上调基因 63 个, 下调基因 49 个); 进一步分析获得番鸭羽色性状相关候选差异表达基因 10 个, 胶原肌丝生成相关基因可能参与番鸭黑白羽色性状遗传的调控过程, 并初步筛选肌节蛋白 (MYOT)、肌红蛋白 (MB)、5'核苷酸酶 1 型 (NT5DC1) 等 3 个上调基因; 开展选育后代番鸭羽色性状表达, 筛选的 MYOT、MB 可作为番鸭羽色遗传的标记候选基因。研究结果丰富了番鸭羽色性状遗传方面的基础性研究, 对开展黑羽型番鸭育种具有积极的促进意义和研究支撑。

**关键词:** 番鸭; 羽色遗传; 上调基因; 筛选与验证

中图分类号: S834 文献标志码: A 文章编号: 0529-5130(2024)12-0016-07

## The screening and validation of genes differentially expressed in feather color inheritance of Muscovy duck

LU Yanfeng, ZHANG Lei, SUN Guobo, DUAN Xiujun, CHEN Jiale

(Jiangsu Agri-animal Husbandry Vocational College, Taizhou 225300, China)

**Abstract:** In order to further explore the regulation mechanism of feather color of Muscovy ducks, the experiment used black feathered and white feathered Muscovy ducks as research subjects. The transcriptome sequencing of feather follicle tissues of black and white Muscovy ducks of different feather color positions were performed by the Illumina Hiseq high throughput sequencing technique. The functions of differentially expressed genes were determined by GO enrichment analysis. RT-qPCR was used to verify the up-regulated genes obtained initially; and the verification and screening research was conducted on feather color traits of selective breeding of Muscovy duck offspring. The results showed that the study obtained 112 significantly differentially expressed genes (63 up-regulated genes, and 49 down-regulated genes), with the absolute value of  $|\log_2FC| \geq 6$  ( $P < 0.05$ ) as the screening condition. The further analysis obtained 10 candidate differentially expressed genes related to the feather color trait of Muscovy ducks. The genes related to collagen myofilament production might be involved in the genetic regulation of black or white plumage traits of Muscovy ducks; and three up-regulated genes, MYOT, MB, NT5DC1, were initially screened here. In the expression of feather color traits of Muscovy ducks, MYOT and MB were screened as marker candidate genes for Muscovy ducks feather color inheritance. The present research results enriched the basic research on the inheritance of plumage traits of Muscovy ducks, were of positive promotion significance, and would serve as support for research on the breeding of black feathered Muscovy ducks.

**Keywords:** Muscovy duck; feather color inheritance; up-regulated gene; screening and validation

羽色是家禽重要的品种特征, 也与生长速度存在一定的相关性, 在家禽育种中, 部分质量性状 (如羽色、冠型、肤色) 已成为现代家禽育种的重要经济性状和表型标志<sup>[1]</sup>。有研究表明, 鸟类羽色存在结构色与色素色两种, 其中结构色的形成与羽毛细微

结构和光照有关, 色素色的形成与黑色素表达有关<sup>[2-4]</sup>, 家禽羽色主要是受黑色素种类、分布和数量等方面调控, 涉及黑色素合成、转运及分布机制等方面的基因 (酶) 水平研究较多, 如酪氨酸酶 (TYR)、黑色素皮质受体 1 (MC1R)、肌节蛋白 (MYOT)、5'核苷酸酶 1 型 (NT5DC1)、肌红蛋白 (MB) 等<sup>[5-8]</sup>。羽色是受多效微基因调控的复杂遗传调控系统, 目前已经完成了家禽全基因组测序分析, 但影响家禽羽色形成的遗传机制仍不清楚, 还需深入

收稿日期: 2024-03-10; 修回日期: 2024-09-14

基金项目: 泰州市种业研发攻关项目 (TZZYGC202304)

第一作者: 陆艳凤, 女, 硕士, 讲师, 主要从事水禽育种研究,

E-mail: sgb1981@126.com。

研究<sup>[9]</sup>。

番鸭因肉质鲜美、生长较快等特点而符合现代优质肉鸭发展方向，其产业规模和市场认可度得到快速提升。番鸭因羽色差异主要分为黑羽型、白羽型以及花羽型3种，不同羽色的番鸭生产性能也有所差异<sup>[10]</sup>。国内对番鸭羽色遗传的复杂性和不稳定性，主要在番鸭羽色遗传类型分析、番鸭羽色遗传相关基因表达分析等方面开展研究，针对番鸭羽色遗传机理的深入研究较少<sup>[11-13]</sup>。转录组测序(RNA-seq)技术作为研究基因表达的主要手段之一，在揭示或挖掘复杂性状遗传方面具有很大的技术优势<sup>[14-15]</sup>，可作为番鸭羽色形成机制研究的重要手段。因此，本研究通过RNA-Seq技术，对不同羽色番鸭毛囊组织进行转录组数据测序分析，开展基因本体论(gene ontology, GO)富集分析等生物信息学解析，挖掘影响番鸭羽色遗传表达的候选基因，为后期开展相关基础研究及番鸭选育工作提供技术资料。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验动物来源及分组

本试验素材涉及4个番鸭群体，分别为黑羽番鸭(黑蹼，购自国家水禽基因库)，黑羽番鸭(白蹼，购自国家水禽基因库)，白羽番鸭(购自泰州丰达农牧科技有限公司)，白羽番鸭(购自望江温氏畜牧有限公司)，在饲养至成年(300日龄)的4个番鸭群体中随机选取每个群体母鸭3只，用于RNA-seq分析；另随机选择验证试验用的黑羽番鸭(黑蹼，购自国家水禽基因库)雏鸭500只(公番鸭150只，母番鸭350只)，成年(300日龄)白羽番鸭(购自泰州丰达农牧科技有限公司)8只，其中500只雏鸭饲养至300日龄，在此群体中随机选择黑羽、花羽番鸭各8只，与购自泰州丰达农牧科技有限公司白羽番鸭一并进行候选基因的表达。

### 1.2 饲养管理

4个番鸭试验类群群体采用地面平养的方式进行规范饲养，自由采食与饮水，具体饲养管理参照DB3212/T 137—2016《黑羽番鸭繁育技术规程》的相关要求执行。

### 1.3 样本采集

在4个番鸭类群群体中随机选择3只母番鸭，采集母番鸭个体翅中部区域毛囊组织样，分别编号为B1~3(黑蹼型黑羽番鸭)、B4~6(白蹼型黑羽番鸭)、W1~3(从泰州丰达农牧科技有限公司引种的白羽番鸭)、W4~6(从望江温氏畜牧有限公司引种的白羽番鸭)，经液氮速冻后于-80℃保存，转录组测序备用；验证样本单独编号，按要求采集。

### 1.4 主要仪器与试剂

总RNA提取试剂盒、反转录试剂盒、荧光定量试剂盒、荧光定量引物均购自生工生物工程(上海)股份有限公司。核酸电泳仪(DYY-6C)购自北京六一生物科技有限公司，低温组织研磨仪(JXFSTPRP-CL-24L)购自上海净信实业发展有限公司，Qubit核酸蛋白定量仪(Qubit 4)购自Thermo Fisher公司，Agilent 2100生物分析仪购自安捷伦科技(中国)有限公司，荧光定量PCR仪(CFX Duet 12016265)购自BIO-RAD公司，凝胶成像系统(BIOTOP 850)购自上海胡珀生物科技有限公司。

### 1.5 样本RNA提取

采用TRIzol试剂提取黑羽、白羽羽色类型母番鸭个体毛囊组织RNA，其中测序用的B1~3混样编为Black1，测序用的B4~6混样编为Black2，测序用的W1~3混样编为White1，测序用的W4~6混样编为White2；其余样本按常规要求单独提取标记备用。琼脂糖凝胶电泳检测RNA含量，Qubit核酸蛋白定量仪检测RNA浓度，Agilent 2100生物分析仪检测RNA完整性。

### 1.6 测序分析

用Illumina HiSeq高通量测序平台，对测序获得的有效数据进行参考基因组序列比对。为消除同一羽色个体差异，以白羽番鸭毛囊组织个体混样为参照组(测定值设定为1)，黑羽番鸭毛囊组织个体混样为试验组，FC为差异倍数，以 $|\log_2 FC| \geq 2$  ( $P < 0.05$ )为阈值进行基因显著差异表达筛选，并结合GO数据库，最终筛选出羽色性状相关的上调差异表达基因(以白羽番鸭为参照组，黑羽番鸭为试验组，高表达基因为上调基因，下同)。

### 1.7 实时荧光定量逆转录PCR(RT-qPCR)验证

选取1.6中获得的3个显著差异表达的上调基因，设计RT-qPCR引物(表1)，引物委托生工生物工程(上海)股份有限公司合成。以反转录得到的番鸭毛囊样本组织cDNA为模版，进行RT-qPCR检测。总反应体系为20 μL：2×RT-qPCR Master Mix(SYBR Green) 10 μL，上、下游引物(10 μmol/L)各1 μL，DNA模板(<100 ng) 1 μL，0.1% DEPC水7 μL。反应条件：95℃预变性5 min；90℃变性15 s，60℃退火20 s，共40个循环。

### 1.8 数据分析

转录组数据采用皮尔逊相关分析方法。RT-qPCR结果采用 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 相对定量法表示目的基因表达量，应用单因素数据间的t检验分析， $P < 0.05$ 为差异显著，试验结果以“平均数±标准差”表示。

表 1 RT-qPCR 引物信息

相关基因	引物序列 (5'→3')	退火温度/℃
MYOT	F: TGACACTGGTGTAGGCAGGA	60
	R: TGGATTTTCCCTACAGCCTAGAAG	
NT5DC1	F: CGTGGACAGACTACCAGGTC	60
	R: ATCCAGCGGTAATCTGCAA	
MB	F: GCCATAGGCAGCACTTGAGA	60
	R: GGTGTCATGGAAAAGTCTCATC	
β-actin	F: CTCTGACTGACCGCTTACT	60
	R: TACCAACCATCACACCCTGAT	

## 2 结果与分析

### 2.1 不同羽色番鸭毛囊组织转录组文库数据分析

表 2 可知, 经过筛选后 (去除接头污染的、低质量的、含 N 比例大于 5% 的) 获得了 29 337 803 ~ 42 414 658 条有效数据, 其比例在 95.57% ~ 95.85% 之间, 准确率在 99.9% 以上的碱基数比例 (Q30 值) 为 93.37% ~ 93.96%。此外, 对样本经皮尔逊相关分析后, 表明测序结果良好, 重复性良好 (图 1)。表明, 构建的番鸭毛囊组织样本符合要求, 转录组文库质量较好, 可用于后续测序研究。

表 2 样本数据质量评价分析

样本组别	原始数据/条	有效数据/条	有效数据比例/%	Q30 值/%
Black1	44 251 079	42 414 658	95.85	93.68
Black2	31 166 344	29 863 292	95.82	93.96
White1	30 698 657	29 337 803	95.57	93.37
White2	36 983 571	35 358 995	95.61	93.67

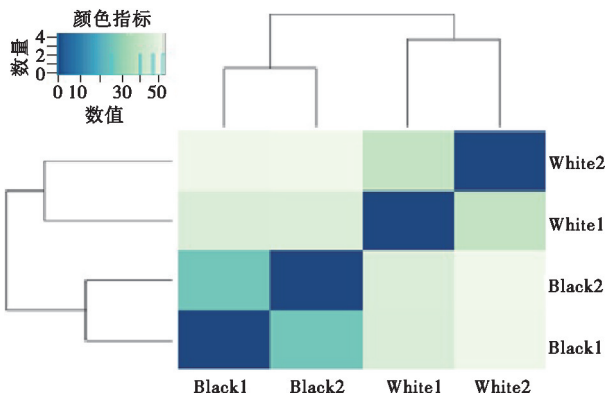
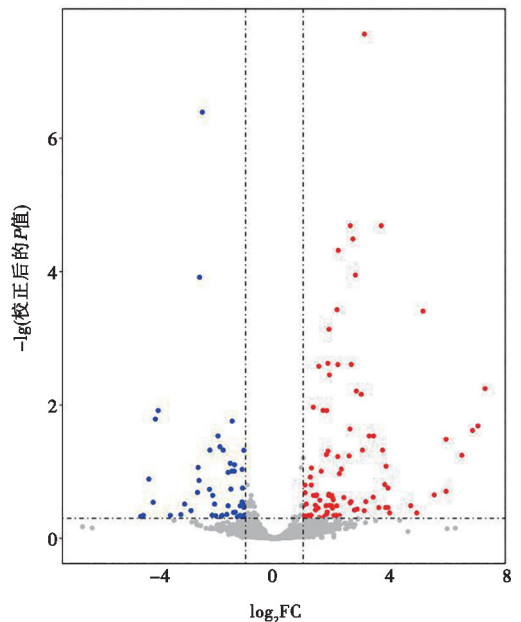


图 1 番鸭毛囊组织样皮尔逊相关分析

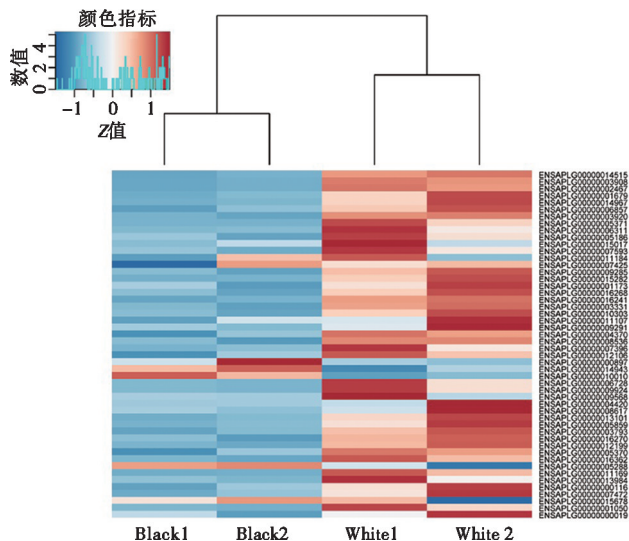
### 2.2 不同羽色番鸭毛囊组织差异基因筛选

将黑羽、白羽羽色类型母番鸭个体的毛囊组织样本混合, 进行不同羽色番鸭的 RNA-seq 分析, 在火山图的分析结果中, 初步筛选出不同羽色番鸭毛囊组织显著差异表达基因 16 450 个; 以  $|\log_2 FC| \geq 2$  ( $P < 0.05$ ) 为阈值, 获得 2 224 个差异基因 (图 2), 以  $|\log_2 FC| \geq 6$  ( $P < 0.05$ ) 为阈值, 获得 112 个差异基因, 其中上调基因 63 个, 下调基因 49 个 (图 3), 并以每千个碱基的转录每百万映射读取的片段 (FPKM 值) 为表达水平, 进行差异基因层次聚类。



注: 火山图中每一个点表示一个基因, 蓝点代表下调差异表达基因, 红点代表上调差异表达基因, 灰点表示无显著性差异表达基因。

图 2 不同羽色番鸭毛囊组织差异表达基因火山图



注：红色表示高表达基因，蓝色表示低表达基因，颜色从蓝到红，表示基因表达量越高。

图3 112个差异基因层次聚类分析

### 2.3 差异表达基因的功能富集分析

结合 GO 数据库对获取的 112 个差异表达基因进行基因功能富集分类，包括生物过程 (biological process)、细胞组分 (cellular component) 和分子功能 (molecular function) 这 3 个方面，本研究挑选了富集最显著的 9 个 GO 功能注释进行 GO 富集基因空间位

置制图 (图 4)，发现细胞外区 (extracellular region)、细胞外区域部分 (extracellular region part)、细胞外液 (extracellular space) 等富含的差异基因最多。在此基础上，又进行了 GO 富集分析空间位置与功能图绘制 (图 5)，进一步揭示其内在相关性。结合 GO 数据库，进一步开展 GO 富集功能柱状图分析 (图 6)，提示胶原肌丝生成相关基因 (collagen fibril organization) 可能与番鸭羽毛颜色相关，并从其富含的 10 个差异基因中，选择了表达差异显著的 3 个上调差异基因 *MYOT*、*NT5DC1*、*MB*。

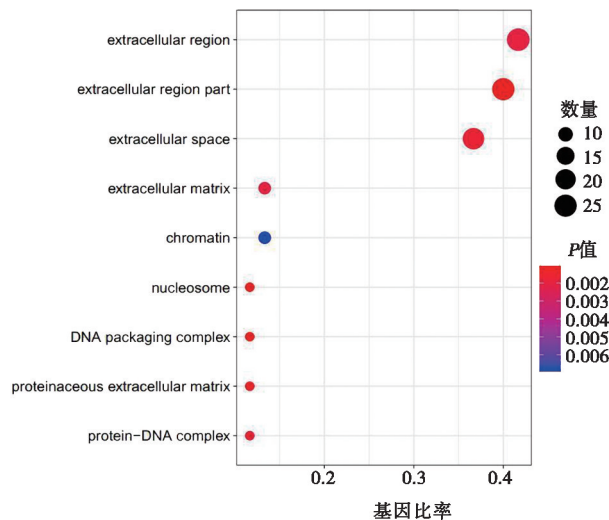


图4 差异基因 GO 富集基因空间位置

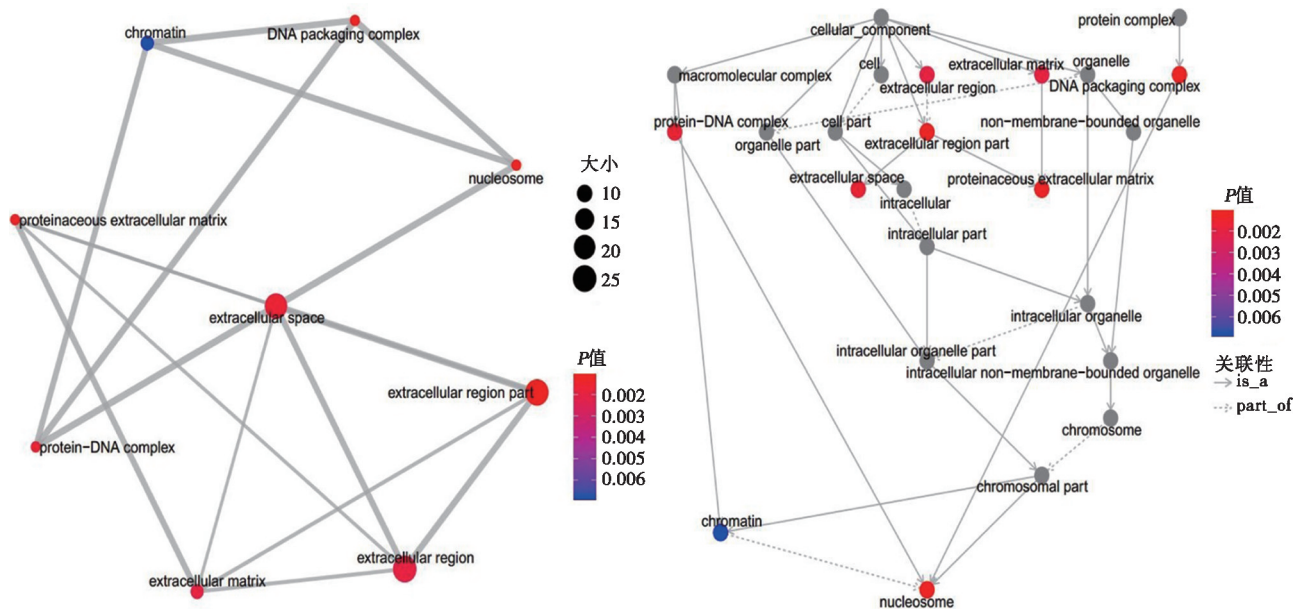


图5 差异基因 GO 富集分析空间位置与功能

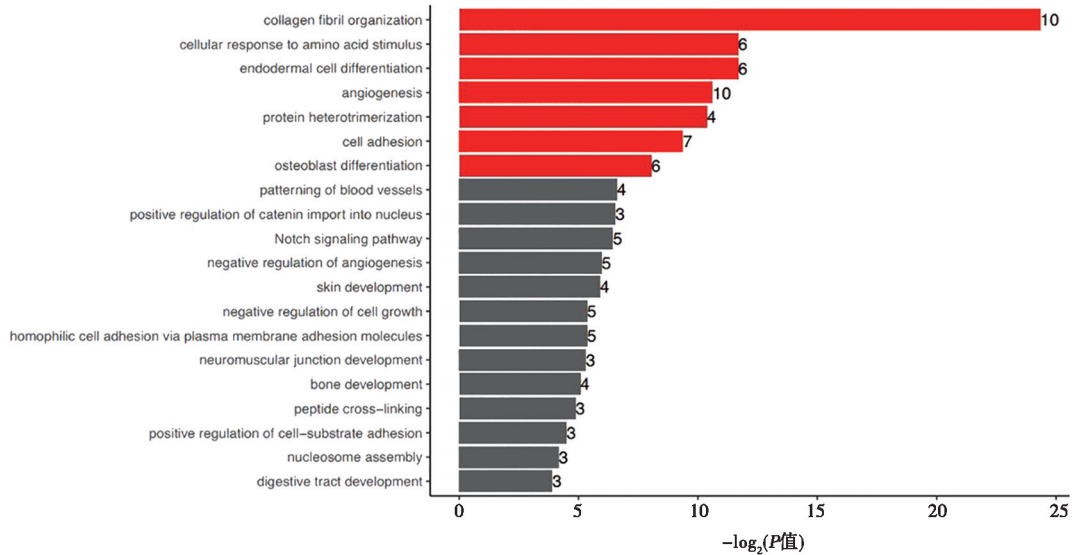


图 6 差异基因 GO 富集功能

### 2.4 候选差异基因验证分析

表 3 可知，3 个上调基因均存在羽色间的显著差异 ( $P < 0.05$ )；差异基因表达情况与其转录组分析结果存在一定偏差，仅 *NT5DC1* 基因不同羽色间差异不显著 ( $P > 0.05$ )，但下调趋势一致，表明 RNA-seq 分析结果具有一定的准确性和可靠性，这与段修军等<sup>[11]</sup>的研究结果相类似。

表 3 筛选出的上调基因 RT-qPCR 检测分析

差异基因	基因类型	样本数/只	黑羽番鸭	白羽番鸭
<i>MYOT</i>	上调基因	30	3.67±0.45 *	1
<i>NT5DC1</i>	上调基因	30	1.23±0.24	1
<i>MB</i>	上调基因	30	2.75±0.33 *	1

注：样本公母均各半，\* 表示相同基因不同羽色间差异显著 ( $P < 0.05$ )，下同。

试验验证用的黑羽番鸭（黑蹼）雏鸭在第一次换羽前期（90 日龄），按相同方法采集毛囊组织，检测 *MYOT*、*NT5DC1*、*MB* 等 3 个候选差异基因的 mRNA 相对表达情况，公番鸭选留 3 个候选差异基因 mRNA 表达最高个体（按占群体总数的 20% 的比例选留），母番鸭按 3 个候选差异基因 mRNA 表达最低个体选留（数量要求同公番鸭），分组（群）后观测饲养全过程（90~300 日龄）的羽毛变化情况（表 4）。

由表 4 可知，黑羽番鸭羽色存在黑羽白化现象（主要在颈部、翅部出现白羽），且发生较多白羽化现象的主要集中于第二次换羽期（产蛋期）；在 3 个候选差异基因中，*MB* 基因选留组两次换羽后黑羽率最高，其中公番鸭组黑羽率最理想，两次换羽后分别

达到 95.88% 和 83.33%，*MYOT* 基因选留组黑羽率次之，*NT5DC1* 基因选留组两次换羽后黑羽率最低，并结合 RT-qPCR 检测分析（表 5），发现 *MYOT*、*MB* 验证效果较好。

表 4 选留后黑羽番鸭羽色变化情况统计

基因	性别	数量/只	第一次换羽期		第二次换羽期	
			花羽/%	黑羽/%	花羽/%	黑羽/%
<i>MYOT</i>	♂	24	8.33	91.67	20.83	79.17
	♀	62	4.84	95.16	16.13	83.87
<i>NT5DC1</i>	♂	24	25.00	75.00	33.33	66.67
	♀	62	17.74	82.26	30.65	69.35
<i>MB</i>	♂	24	4.12	95.88	16.67	83.33
	♀	62	6.45	93.55	12.90	81.10

表 5 番鸭选留群体候选差异基因 RT-qPCR 检测分析

基因	类型	数量/只	测定值
<i>MYOT</i>	黑羽番鸭	8	3.83±0.45 *
	花羽番鸭	8	1.77±0.21
	白羽番鸭	8	1.00
<i>NT5DC1</i>	黑羽番鸭	8	1.44±0.30
	花羽番鸭	8	1.35±0.27
	白羽番鸭	8	1.00
<i>MB</i>	黑羽番鸭	8	2.95±0.36 *
	花羽番鸭	8	1.58±0.17
	白羽番鸭	8	1.00

注：黑羽番鸭、花羽番鸭检测样本来源于表 4 中的番鸭群体，白羽番鸭来自于表 3 中的番鸭群体，检测数量以表 4 中 300 日龄番鸭最低样本数为准（公母各半）。

### 3 讨论

禽类羽毛由皮肤毛囊发育形成,具有保暖、求偶、信息传递、环境拟合等方面的作用<sup>[16-17]</sup>。家禽品种有种种多羽色,其羽色遗传较为复杂,控制羽色的基因也较多,如已报道确认的鸡羽色性状调控基因座有8个<sup>[7]</sup>,番鸭羽色相关基因座有10个<sup>[18]</sup>。在家禽羽色表观遗传中,作为酪氨酸衍生物的黑色素在羽色形成过程中发挥重要作用<sup>[19]</sup>。由于黑色素存在羽毛所覆盖的皮肤角质细胞中,因此家禽的皮肤或毛囊组织是羽色遗传研究的理想材料<sup>[20-21]</sup>。

RNA-seq技术是基于第二代高通量测序开展生物信息学视域下的生物细胞或组织转录组水平的大数据分析,具有测序的快速、准确、便捷、全面等特点,为研究基因遗传多样性和生物信息功能提供了强大技术支撑<sup>[22]</sup>。段修军等<sup>[11]</sup>利用RNA-seq技术分析番鸭不同羽色的遗传机制和在黑羽番鸭与白羽番鸭皮肤中获得番鸭羽色性状相关候选差异表达基因20个,进一步分析后发现溶质载体家族24成员4(*SLC24A4*)、溶质载体家族24成员5(*SLC24A5*)、酪氨酸酶相关蛋白1(*TYRP1*)、多巴色素异构酶(*DCT*)、溶质载体家族7成员11(*SLC7A11*)和小眼畸形相关转录因子(*MITF*)这6个功能基因可能参与调控番鸭羽色遗传。王乾昆等<sup>[23]</sup>以北京白羽鹤鹑(♂)和朝鲜栗羽鹤鹑(♀)为素材,通过RNA-seq技术分析鹤鹑羽色与性别调控间的内在关联,经GO富集分析、KEGG通路注释分析后,筛选得到了*DCT*、细胞毒性T淋巴细胞识别黑色素抗原(*MLANA*)、溶质载体家族45成员2(*SLC45A2*)、*TYRP1*、瞬时受体式基因1(*TRPM1*)和干细胞因子(*KIT*)等关联候选基因。Li等<sup>[20]</sup>针对地方鸭黑、白羽形成机理,运用RNA-seq技术筛选不同羽色毛囊组织的差异表达基因,揭示了干细胞因子受体(*C-Kit*)和*MITF*基因可能是导致地方鸭白羽的关键基因。蒋兵兵等<sup>[24]</sup>构建连城白鸭和樱桃谷鸭的正反交F<sub>1</sub>代资源群体,借助RNA-seq技术分析手段,获得231个差异表达基因(上调差异基因175个,下调差异基因56个),进一步地分析发现*TYRP1*、*TYR*、*KIT*、*DCT*、*SLC45A2*、*TRPM1*、*MLANA*、鹅黑素亲和素(*MLPH*)、性别决定区Y框蛋白10基因(*SOX10*)、II型眼皮肤白化病基因(*OCA2*)等可能是鸭白羽的潜在关键基因,且酪氨酸代谢和黑色素合成信号通路对鸭羽色表达产生了重要作用。为进一步探究番鸭羽色调控机制,本研究对白羽番鸭和江苏农牧科技职业学院自主培育的黑羽番鸭的翅中部区域毛囊组织采样,进行转录组测序分析,共筛选到112个差异基

因,其中上调差异基因63个,下调差异基因49个,经过GO分析等最终获得了*MYOT*、*NT5DC1*、*MB*这3个上调差异基因。

现有关于家禽羽色研究主要是围绕黑色素合成、转移、沉积等方面的相关基因<sup>[3,24]</sup>,如段修军等<sup>[11]</sup>筛选出了*SLC24A4*、*SLC24A5*、*TYRP1*、*DCT*、*SLC7A11*和*MITF*这6个可能参与番鸭羽色遗传调控的关键基因;Wu等<sup>[12]</sup>探究了内皮素受体B2基因(*EDNRB2*)在4种番鸭羽色类型中的遗传差异,揭示*EDNRB2*基因影响番鸭羽色调控;郑嫩珠等<sup>[13]</sup>发现*TYR*和*MC1R*在不同羽色番鸭中表达的显著差异;李华等<sup>[25]</sup>发现0~28日龄的樱桃谷鸭羽毛颜色和换羽与*TYR*基因和血管内皮生长因子(*VEGFA*)的抑制表达有关。此外,针对*MC1R*<sup>[7,8,26-27]</sup>、刺鼠信号蛋白(*ASIP*)<sup>[28]</sup>、*TYRP1*<sup>[29-30]</sup>、*MITF*<sup>[31-32]</sup>等也开展了较多的家禽羽色遗传研究,而本研究并未发现上述基因存在显著表达差异,筛查出的*MYOT*、*NT5DC1*、*MB*这3个上调差异基因,也未见有与家禽羽色表达相关的文献报道。

本研究采集黑、白羽色番鸭的毛囊组织,借助RNA-seq技术,开展转录组对比分析,提示胶原肌丝生成相关基因可能与番鸭羽毛颜色相关,并在此基础上获得了3个上调差异表达基因。*MYOT*基因具有在畜禽肌肉发育中调节和改良肉质的作用,Adoligbe等<sup>[33]</sup>、Mahougnon<sup>[34]</sup>、朱志明等<sup>[35]</sup>认为*MYOT*基因在成肌分化中有着重要的作用;*MB*基因在家禽育种中也主要用于肉质选育<sup>[36-37]</sup>; *NT5DC1*基因多应用于肺功能疾病方面的研究,发现*NT5DC1*基因可作为慢性阻塞性肺病(COPD)易感性和肺功能调控有关的关键基因之一<sup>[38]</sup>。但上述3个功能基因均未见有与家禽羽色表达相关的文献报道,其在番鸭羽色性状遗传调控中的作用机制需进一步挖掘。

### 4 结论

本研究基于Illumina HiSeq高通量测序,分析番鸭不同羽色在分子遗传学的差异,结合GO数据库,发现有112个高表达差异基因,其中上调差异基因63个,下调差异基因49个,在此基础上进一步分析,筛选出可能与番鸭羽色遗传相关的3个上调差异基因*MYOT*、*NT5DC1*、*MB*,经RT-qPCR检验和个体羽色表观性状分析,确定了*MYOT*、*MB*基因可作为番鸭羽色分子辅助选育的候选功能基因。

### 参考文献:

[1] ROULIN A, DUCREST A L. Genetics of colouration in birds [J].

- Semin Cell Dev Biol, 2013, 24 (6/7): 594-608.
- [2] 聂昌盛, 曲鲁江. 鸡色素沉积相关性状遗传基础的研究进展 [J]. 中国畜牧杂志, 2018, 54 (6): 6-12.
- [3] 周泽宇, 张夕霏, 孟婕, 等. 鸡羽色研究现状及发展 [J]. 河北科技师范学院学报, 2022, 36 (3): 68-72.
- [4] 何洋, 杜彦丽, 王坤, 等. 乌骨鸡黑色素合成、转运及分布机制的研究进展 [J]. 中国家禽, 2020, 42 (9): 89-95.
- [5] 于文华, 于光辉, 李世军, 等. 鸭 TYRP-2 基因的克隆、SNP 检测及其与羽色、生产性状的关联分析 [C]. 杨凌: 中国畜牧兽医学动物遗传育种学分会, 2009.
- [6] 张建勤, 陈宏, 孙兆军, 等. 不同鸡品种 TYR 基因遗传变异分析 [J]. 畜牧兽医学报, 2008 (9): 1153-1158.
- [7] 王安静. 鸭 MC1R 基因的克隆测序与半番鸭羽色 AFLP 分子标记 [D]. 福州: 福建农林大学, 2008.
- [8] 夏波. 鸭 MC1R 基因突变与羽毛颜色差异相关性研究 [D]. 雅安: 四川农业大学, 2008.
- [9] 吴日富, 瞿浩, 严霞, 等. 家鸡羽色性状遗传调控机制研究进展 [J]. 中国畜牧兽医, 2022, 49 (5): 1806-1816.
- [10] 孙国波, 王健, 陆艳凤, 等. 番鸭羽色与产肉性状的观测研究 [J]. 江苏农业科学, 2019, 47 (2): 173-176.
- [11] 段修军, 孙国波, 张蕾, 等. 番鸭羽色性状相关差异表达基因的转录组对比分析 [J]. 畜牧与兽医, 2022, 54 (10): 12-18.
- [12] WU N, QIN H, WANG M, et al. Variations in endothelin receptor B subtype 2 (EDNRB2) coding sequences and mRNA expression levels in 4 Muscovy duck plumage color phenotypes [J]. Br Poult Sci, 2017, 58 (2): 116-121.
- [13] 郑敏珠, 辛清武, 缪中纬, 等. 黑色素基因在半番鸭及番鸭不同羽色中的差异表达研究 [J]. 福建农业学报, 2013, 28 (5): 427-431.
- [14] KULIKOVA I V. Molecular mechanisms and gene regulation of melanic plumage coloration in birds [J]. Russ J Genet, 2021, 57 (8): 893-911.
- [15] 程颖, 魏全伟, 王喆, 等. 母猪健康和闭锁卵巢有腔卵泡的转录组测序比较分析 [J]. 南京农业大学学报, 2023, 46 (3): 555-563.
- [16] HUBBARD J K, UY J A, HAUBER M E, et al. Vertebrate pigmentation: from underlying genes to adaptive function [J]. Trends Genet, 2010, 26 (5): 231-239.
- [17] 高广琦, 左永春, 白春玲, 等. 鸟类羽毛色素的合成机理与调控机制 [J]. 动物学杂志, 2016, 51 (2): 323-335.
- [18] 高鑫凤, 许继国, 叶峭, 等. 影响番鸭羽色性状的候选基因研究现状 [J]. 中国家禽, 2015, 37 (10): 43-47.
- [19] GALVÁN I, RODRÍGUEZ-MARTÍNEZ S. A negative association between melanin-based plumage color heterogeneity and intensity in birds [J]. Physiol Biochem Zool, 2019, 92 (3): 266-273.
- [20] LI S, WANG C, YU W, et al. Identification of genes related to white and black plumage formation by RNA-Seq from white and black feather bulbs in ducks [J]. PLoS One, 2012, 7 (5): e36592.
- [21] 梁正翠, 王志跃, 陈宽维, 等. 应用非伤害性取样提取番鸭毛囊组织总 RNA [J]. 生物技术通讯, 2010, 21 (1): 86-89.
- [22] 张易. 鸭羽色性状拷贝数变异和全基因组关联分析 [D]. 扬州: 扬州大学, 2021.
- [23] 王乾昆, 张小辉, 庞有志, 等. 基于 RNA-seq 技术挖掘鹌鹑羽色目别雌雄相关基因 [J]. 浙江农业学报, 2022, 34 (3): 498-506.
- [24] 蒋兵兵, 黄曼曼, 白天, 等. 鸭不同羽色毛囊组织差异表达基因转录组测序分析 [J]. 农业生物技术学报, 2020, 28 (9): 1623-1634.
- [25] 李华, 谭淑雯, 叶定泽, 等. 樱桃谷鸭 TYR 和 VEGFA 基因的表达研究 [J]. 中国畜牧杂志, 2015, 51 (23): 21-24.
- [26] 冉金山. 鸡羽色相关基因 MC1R、TYR 和 ASIP 的多态性及组织表达研究 [D]. 雅安: 四川农业大学, 2017.
- [27] 董飏, 秦豪荣, 徐琪, 等. 番鸭 MC1R 基因多态性与羽毛相关性分析 [J]. 江苏农业科学, 2017, 45 (10): 24-27.
- [28] YANG C W, RAN J S, YU C L, et al. Polymorphism in MC1R, TYR and ASIP genes in different colored feather chickens [J]. 3 Biotech, 2019, 9 (5): 203.
- [29] LI J Y, BED'HO B, MARTEY S, et al. A missense mutation in TYRP1 causes the chocolat plumage color in chicken and alters melanosome structure [J]. Pigment Cell Melanoma Res, 2019, 32 (3): 381-390.
- [30] 陈黎, 沈军达, 李国勤, 等. 不同羽色斑嘴野鸭毛囊中 Tyr、Tyrt1 及 C-kit 基因的表达及调控分析 [J]. 浙江农业学报, 2015, 27 (5): 729-733.
- [31] 辛清武, 李丽, 缪中纬, 等. 莆田黑鸭 MITF 基因表达特性及其与黑色素沉积的关联分析 [J]. 农业生物技术学报, 2018, 26 (11): 1928-1937.
- [32] SULTANA H, SEO D, CHOIN R, et al. Identification of polymorphisms in MITF and DCT genes and their associations with plumage colors in Asian duck breeds [J]. Asian-Australas J Anim Sci, 2018, 32 (2): 180-188.
- [33] ADOLIGBE C, ZAN L, FAROUGOU S. Functional analysis and association studies of bovine MYOT gene with meat quality [J]. J Anim Sci, 2016, 94 (4): 59-60.
- [34] MAHOUGNON C A (康慕思). MYOT 基因与牛肉质性状关联分析及其基因功能学研究 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2014.
- [35] 朱志明, 陈国宏, 强巴央宗, 等. 鸡 MyoT 基因组织表达谱分析、SNP 检测及其与胴体和肉质性状的关联分析 [J]. 畜牧兽医学报, 2009, 40 (2): 161-165.
- [36] TUGIYANTI E, YUWANTA T, ZUPRIZAL Z, et al. Supplementation of vitamin E and C in feed on meat quality, thiobarbituric acid reactive substance (TBARS) and myoglobin level of muscovy duck meat [J]. Agric Food Sci, 2014, 39 (1): 37-44.
- [37] SAUD S, LI G, SUN Y, et al. A facile isoelectric focusing of myoglobin and hemoglobin used as markers for screening of chicken meat quality in China [J]. Electrophoresis, 2019, 40 (20): 2767-2774.
- [38] GUO Y, GONG Y, SHI G, et al. Single-nucleotide polymorphisms in the TSPYL-4 and NT5DC1 genes are associated with susceptibility to chronic obstructive pulmonary disease [J]. Mol Med Report, 2012, 6 (3): 631-638.