



屠云洁,章明,巨晓军,姬改革,刘一帆,单艳菊,邹剑敏,束婧婷,赵伟东,郑国庆. 丝羽乌骨鸡 *SLC38A11* 基因分型及其与皮肤乌色度关联分析[J]. 中国农业大学学报,2024,29(07):1-11.

TU Yunjie, ZHANG Ming, JU Xiaojun, JI Gaige, LIU Yifan, SHAN Yanju, ZOU Jianmin, SHU Jingting, ZHAO Weidong, ZHENG Guoqing. Genotyping of *SLC38A11* gene in Silky fowls and its association with skin blackness[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2024, 29(07): 1-11.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2024.07.01

## 丝羽乌骨鸡 *SLC38A11* 基因分型及其与皮肤乌色度关联分析

屠云洁<sup>1</sup> 章明<sup>1</sup> 巨晓军<sup>1</sup> 姬改革<sup>1</sup> 刘一帆<sup>1</sup> 单艳菊<sup>1</sup> 邹剑敏<sup>1</sup>  
束婧婷<sup>1\*</sup> 赵伟东<sup>2</sup> 郑国庆<sup>2</sup>

(1. 江苏省家禽科学研究所/江苏省家禽遗传育种重点实验室/农业农村部畜禽资源(家禽)评价利用重点实验室, 江苏扬州 225125;  
2. 泰和凤升农牧科技有限公司, 江西吉安, 343700)

**摘要** 为进一步验证 *SLC38A11* 在丝羽乌骨鸡黑色素沉积中的作用,本研究采用基于飞行时间质谱分析技术对 *SLC38A11* 基因 SNPs 位点进行基因分型,对所有 SNP 位点利用 Hapoview4.1 进行连锁不平衡分析,并检测 SNP 位点是否处于 H-W 平衡状态,分析基因型与皮肤亮度  $L^*$  值关联性,筛选对皮肤乌色度显著相关的 SNP 标记。结果表明:1) *SLC38A11* 基因 4 个多态性位点质谱检出率为 100%,每个位点都有 3 种基因型。*SLC38A11* 基因 SNP1 位点为错义突变,SNP2、SNP3 和 SNP4 3 个 SNPs 位点均为同义突变。2) 卡方检验表明,SNP1 位点偏离 H-W 平衡 ( $P < 0.05$ ),其他 3 个 SNPs 位点均处于 H-W 平衡状态 ( $P > 0.05$ )。SNP1 位点遗传多样性较低,其他 3 个 SNPs 位点为中度多态。3) 单标记关联分析表明,SNP1 位点 TC 基因型的胸部皮肤亮度  $L^*$  值显著低于 CC 和 TT 基因型 ( $P < 0.05$ ); SNP2 位点 AA 基因型的胸部皮肤亮度  $L^*$  值显著低于 GG 与 GA 基因型 ( $P < 0.05$ ); SNP3 位点 TT 基因型的胸部皮肤亮度  $L^*$  值显著低于 CC 与 CT 基因型 ( $P < 0.05$ )。4) SNP2、SNP3 和 SNP4 之间的强连锁产生了 3 种单倍型, H3H3 单倍型 (AATTAA 基因型) 胸部皮肤亮度  $L^*$  值显著低于单倍型 H2H3 (GACTAG) 和 H2H1 (GGCCAA)。SNP1~SNP4 4 个位点基因型合并后, TCAATTAA 胸部皮肤亮度  $L^*$  值显著低于 CCGGCCAA、TTGACTAG 和 CCGACTAG。综上, *SLC38A11* 基因与丝羽乌骨鸡胸部皮肤乌色度密切相关, TCAATTAA 基因型可作为研究丝羽乌骨鸡胸部皮肤乌色度的候选分子标记,为下一步利用分子标记辅助育种加快培育乌色度高的丝羽乌骨鸡新品种提供参考。

**关键词** 乌骨鸡; *SLC38A11*; 乌色度; SNP 位点; 连锁不平衡

中图分类号 S831

文章编号 1007-4333(2024)07-0001-11

文献标志码 A

## Genotyping of *SLC38A11* gene in Silky fowls and its association with skin blackness

TU Yunjie<sup>1</sup>, ZHANG Ming<sup>1</sup>, JU Xiaojun<sup>1</sup>, JI Gaige<sup>1</sup>, LIU Yifan<sup>1</sup>, SHAN Yanju<sup>1</sup>, ZOU Jianmin<sup>1</sup>,  
SHU Jingting<sup>1\*</sup>, ZHAO Weidong<sup>2</sup>, ZHENG Guoqing<sup>2</sup>

(1. Jiangsu Institute of Poultry Sciences/Key Lab of Poultry Genetics and Breeding of Jiangsu Province/Key Lab for Evaluation and Utilization of Livestock and Poultry Resources (Poultry) of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Yangzhou 225125, China;

2. Taihe Fengsheng Agriculture and Animal Husbandry Technology Co., Ltd., Ji'an 343700, China)

收稿日期: 2023-12-20

基金项目: 江苏省农业自主创新基金项目(CX(21)2011-1); 江苏省种业振兴揭榜挂帅项目(JBGS[2021]107); 现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS-41); 扬州市现代农业项目(YZ2021029); 江苏省现代农业产业技术体系(JATS[2023]396)

第一作者: 屠云洁(ORCID:0000-0003-4737-4993), 研究员, 主要从事动物遗传育种研究, E-mail: tyj3030@126.com

通讯作者: 束婧婷(ORCID:0000-0002-8994-9671), 研究员, 主要从事动物遗传育种研究, E-mail: shujingting@163.com

**Abstract** To further verify the role of *SLC38A11* in melanin deposition in black bone chickens, this study genotyped the SNPs loci of the *SLC38A11* gene based on time-of-flight mass spectrometry analysis technology. Hapoview 4.1 was used to analyze the linkage disequilibrium of all SNP sites, and detected whether the SNP sites were in an H-W equilibrium state, and analyzed the correlation between genotype and skin brightness  $L^*$  value, and screened SNP markers that were significantly correlated with skin blackness. The results were as follows: 1) The mass spectrometry detection rate of four polymorphic loci in the *SLC38A11* gene was 100%, and each locus had three genotypes. The SNP1 of *SLC38A11* gene was a missense mutation, the SNP2, SNP3 and SNP4 were all synonymous mutations. 2) Chi-squared test showed that SNP1 deviated from Hardy-Weinberg equilibrium balance ( $P < 0.05$ ) and the other three SNPs were in Hardy-Weinberg equilibrium balance ( $P > 0.05$ ). The genetic diversity of SNP1 locus was lower, and the other three SNPs loci were moderately polymorphic. 3) Single marker association analysis showed that the breast skin brightness  $L^*$  value of the TC genotype at the SNP1 locus was significantly lower than that of the CC and TT genotypes ( $P < 0.05$ ). The breast skin brightness  $L^*$  value of the AA genotype at the SNP2 locus was significantly lower than that of the GG and GA genotypes ( $P < 0.05$ ). The breast skin brightness  $L^*$  value of the TT genotype at the SNP3 locus was significantly lower than that of the CC and CT genotypes ( $P < 0.05$ ). 4) The Linkage disequilibrium analysis of four SNPs showed that the strong linkage among SNP2, SNP3 and SNP4 produced three Haplotypes. Association analysis found that the breast skin color brightness  $L^*$  value of H3H3 Haplotype (AATTAA genotype) was significantly lower than that of Haplotype H2H3 (GACTAG) and H2H1 (GGCCAA). After the combination of SNP1-SNP4 genotypes, the breast skin color brightness  $L^*$  value of TCAATTAA was significantly lower than that of CCGGCCAA, TTGACTAG and CCGACTAG. the TCAATTAA genotype had a lower  $L^*$  value for breast skin brightness and a higher blackness. In summary, the *SLC38A11* gene is closely related to the breast skin blackness, and the TCAATTAA genotype can be used as a candidate molecular marker for studying the breast skin blackness in Silky fowls. It will provide a theoretical reference for using molecular marker assisted breeding to accelerate the cultivation of new Silky fowls with higher blackness.

**Keywords** black-bone chickens; *SLC38A11*; blackness; SNP sites; linkage disequilibrium

丝羽乌骨鸡具有药用和食用价值,具有乌皮、乌肉等特点,深受广大消费者的喜爱<sup>[1-2]</sup>。黑色素沉积是造成乌色形成的主要原因<sup>[3-4]</sup>,人们在消费中惯于以其乌色度的深浅来评判品质的优劣<sup>[5-6]</sup>。在丝羽乌骨鸡的研究和开发利用过程中,“乌肤、乌肉、乌骨”为主要研究目标,其中“乌肤”是丝羽乌骨鸡最显著的特点<sup>[7]</sup>。在育种过程中通常以肉眼观察皮肤乌色度进行选育,世代遗传进展缓慢,利用分子标记辅助选育十分必要。寻找影响丝羽乌骨鸡黑色素沉积的主效基因或分子标记物,并在生产中利用分子标记物对乌色度进行早期选择,对于提高皮肤乌色度世代选育进展具有重要意义。黑色素沉积是一个复杂的调控系统,经历成黑色素细胞的分化及迁移、黑色素的合成及转运等过程,受到多种基因和信号通路等因子调控<sup>[8-9]</sup>。溶质载体(Solute carrier family, SLC)家族是一类重要的跨膜蛋白,负责神经递质、氨基酸等多种物质的跨膜运输和吸收<sup>[10]</sup>。SLC共有395个成员,分为52个家族,其中

氨基酸转运蛋白家族 *SLC38* 由11个成员组成,称为 *SLC38A1-SLC38A11*,它们介导Na<sup>+</sup>依赖性氨基酸净摄取和流出的转运,在神经元或星形胶质细胞之间的谷氨酸/谷氨酰胺循环中发挥重要作用<sup>[11-12]</sup>。Chan等<sup>[13]</sup>研究了 *SLC38A3* 的重要性及其运输谷氨酰胺的能力,并被证明在小鼠氨基酸代谢中具有关键作用。另外, *SLC38A6*、*Slc38A8* 等家族成员等在代谢、稳态和神经传递中发挥不同作用<sup>[14-16]</sup>。 *SLC38A11* 仍然是 *SLC38* 家族的孤儿成员,其功能尚未得到深入研究, Aggarwal等<sup>[17]</sup> 研究发现 *SLC38A11* 主要在果蝇唾液腺和大脑中表达。 *SLC* 的一些其他家族成员 *SLC24A5* 基因 SNP(G482C) 位点与他留乌骨鸡肤色显著相关<sup>[18-19]</sup>。 *SLC7A11*、*SLC25A4* 和 *SLC17A8* 对兔毛和乌骨绵羊乌色度产生重要影响<sup>[20-21]</sup>,但 *SLC38A11* 基因是否对丝羽乌骨鸡肤色也有影响,值得探究。

课题组前期通过对丝羽乌骨鸡和非乌骨鸡转录组测序发现, *SLC38A11* 在丝羽乌骨鸡皮肤和肌肉

中高度表达,推测 *SLC38A11* 基因可能是影响丝羽乌色度的重要候选基因。为进一步验证 *SLC38A11* 在丝羽乌骨鸡黑色素沉积中的作用,本研究采用基于飞行时间质谱分析技术的 MassARRAY 平台对 *SLC38A11* 基因多个 SNPs 位点进行基因分型,旨在分析多态位点与皮肤乌色度的关联性,筛选对皮肤乌色度有显著效应的 SNP 标记,为培育乌色度更高的丝羽乌骨鸡品种提供科学理论参考依据。

## 1 材料与方 法

### 1.1 试验时间与地点

2022年7—2023年11月在泰和凤升农牧科技有限公司饲养丝羽乌骨鸡,翅静脉采血,活体测定背部皮肤  $L^*$  值、大腿部皮肤  $L^*$  值和胸部  $L^*$  值。2023年3月由江苏省家禽科学研究所家禽遗传育种重点实验室科研人员开展丝羽乌骨鸡 DNA 提取,2023年4月委托北京康普森农业科技有限公司开展丝羽乌骨鸡黑色素相关基因 MassARRAY 质谱基因分型。

### 1.2 试验动物及样品采集

丝羽乌骨鸡来自泰和凤升农牧科技有限公司,从800只丝羽乌骨鸡群,随机选母鸡192只,记录脚号,并进行翅下静脉采血1 mL,ACD抗凝,混匀后放入-20℃保存备用。

### 1.3 皮肤亮度 $L^*$ 值的测定

背部皮肤亮度  $L^*$  值、大腿部皮肤亮度  $L^*$  值和胸部皮肤亮度  $L^*$  值测定方法:将活鸡背部、大腿部和胸部3个部位的羽毛拔掉1 cm<sup>2</sup>左右的片区,用75%酒精棉球擦拭一下,再用TC-PIIG型全自动测色色差计测定背部皮肤、大腿部皮肤和翅根下的胸部皮肤亮度  $L^*$  值。所有皮肤测定均由同一人测量,所测部位基本一致。

### 1.4 引物设计

根据 *SLC38A11* 基因 SNP 位点的物理位置,基于红色原鸡参考基因组序列(Galgal5)和 SNP 位点序列信息,使用Sequenom公司的引物设计软件 Assay design3.1,设计PCR反应和单碱基扩展引物,并由金唯智生物科技(北京)有限公司合成。4个具有多态性的 SNPs 位点质谱分型引物相关信息见表1。

表1 *SLC38A11* 基因4个多态性位点引物相关信息

Table 1 Primer related information for four polymorphic loci of *SLC38A11* gene

SNP 位点 SNP locus	基因 Gene	染色体 Chr.	SNP_ID	上下游引物 Upstream and downstream primer	基因 长度/bp Gene length	单碱基延伸 引物方向 Direction of single base extension primers	单碱基延伸 引序列 Sequence of single base extension primers
SNP1	<i>SLC38A11</i> - 第11外显子	7	rs740324212	F:ACGTTGGATGGAGC CTCTCAGCAGTTTTC R:ACGTTGGATGATTCC AAGGCAGTCATACAC	110	R	tcatcCACTAAT GATACACCAG TC
SNP2	<i>SLC38A11</i> - 第10外显子	7	rs313490398	F:ACGTTGGATGCTACT GTAGAGATGACAACC R:ACGTTGGATGCATTC AAGAGGAAAGGTCAG	101	R	atcccTAACAAA ACCTTCCAAA
SNP3	<i>SLC38A11</i> - 第12外显子	7	rs313831938	F:ACGTTGGATGGACA ACAGTTAAAAGCAGAG R:ACGTTGGATGGAAG AGAGCTTTTCAGCAG	106	F	tggtTTTTCTTC TATAGGTATC
SNP4	<i>SLC38A11</i> - 第7外显子	7	rs16594209	F:ACGTTGGATGGCAG AGATTGGAGCATTACC R:ACGTTGGATGGGAA TGTAGCCATGGAAAAG	118	F	TCTACTGCTT TGCTAG

## 1.5 PCR扩增、SAP消化、单碱基延伸

### 1.5.1 PCR扩增

采用苯酚-氯仿法提取全血基因组DNA,提取的DNA溶于超纯水中。针对SNP位点的DNA片段进行引物设计,扩增获得PCR产物。384孔PCR板的PCR反应体系:dNTP mix(2 mmol/L)53  $\mu$ L, MgCl<sub>2</sub>(25 mmol/L)172.25  $\mu$ L, 1 $\times$ PCR反应缓冲液5  $\mu$ L,引物 mix(0.5  $\mu$ mol/L)530  $\mu$ L, Taq聚合酶(5 U/ $\mu$ L)106  $\mu$ L,超纯水927.5  $\mu$ L,上述试剂混合后加入384孔PCR板,4  $\mu$ L混合物/孔,DNA(10 ng/ $\mu$ L)1  $\mu$ L/孔。

PCR反应程序:94  $^{\circ}$ C预变性2 min;94  $^{\circ}$ C变性20 s,56  $^{\circ}$ C退火30 s,72  $^{\circ}$ C延伸60 s,共45个循环;72  $^{\circ}$ C延伸3 min。PCR扩增目的片段用1.5%的琼脂糖凝胶电泳检测。PCR产物送生工生物工程(上海)股份有限公司进行测序。

### 1.5.2 SAP消化

利用虾碱性磷酸酶(SAP)处理PCR产物去除dNTP。384孔PCR板SAP消化反应体系:超纯水810.9  $\mu$ L,10倍SAP buffer 90.1  $\mu$ L,SAP(1.7 U/ $\mu$ L)159  $\mu$ L,合计1 060  $\mu$ L。SAP消化程序:37  $^{\circ}$ C 40 min,85  $^{\circ}$ C 5 min,4  $^{\circ}$ C保存。

### 1.5.3 单碱基延伸反应

单碱基延伸反应体系:超纯水400.2  $\mu$ L,10 $\times$ buffer 106  $\mu$ L,终止液106  $\mu$ L,引物混合物426.1  $\mu$ L,酶21.7  $\mu$ L,上述试剂混合后,加入384孔PCR板,2  $\mu$ L/孔。单碱基延伸反应程序:94  $^{\circ}$ C预变性30 s;94  $^{\circ}$ C变性5 s,52  $^{\circ}$ C退火5 s,80  $^{\circ}$ C延伸5 s,退火延伸5个循环,变性退火延伸共40个循环;72  $^{\circ}$ C延伸3 min,4  $^{\circ}$ C保存。PCR扩增、SAP消化、单碱基延伸相关试剂都是由Agena公司提供。

## 1.6 SNP位点基因分型和遗传多态性分析

稀释、点样,用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(MALDI-TOF-MS)检测延伸产物与未延伸引物间的分子量差异,确定该点处碱基,从而确定SNP基因型。

上机检测:将反应产物(共9  $\mu$ L)稀释3倍,使用树脂进行脱盐;将脱盐处理后的样品点在样品靶上,自然结晶;基于飞行时间质谱MassARRAY平台上机进行质谱检测,并收集数据,进行SNP位点基因分型。

利用PopGene(version 1.31)统计各个SNP位

点基因型频率、基因频率、杂合度(He)和多态信息含量(PIC)。对所有SNP位点利用Hapoview4.1进行连锁不平衡分析,利用卡方检验( $\chi^2$ )检测SNP位点是否处H-W平衡状态。

## 1.7 基因型与皮肤亮度L\*值相关性分析

以SPSS 16.0软件中的一般线性模型中的单变量方差分析进行基因型与皮肤亮度L\*值关联分析,结果用平均值 $\pm$ 标准差表示。固定因子:SNP标记的不同基因型,因变量:皮肤亮度L\*值,采用LSD法多重比较不同标记基因型之间的皮肤亮度L\*值的差异显著性, $P < 0.05$ 表示差异显著。

## 2 结果与分析

### 2.1 SNP位点的质谱分析

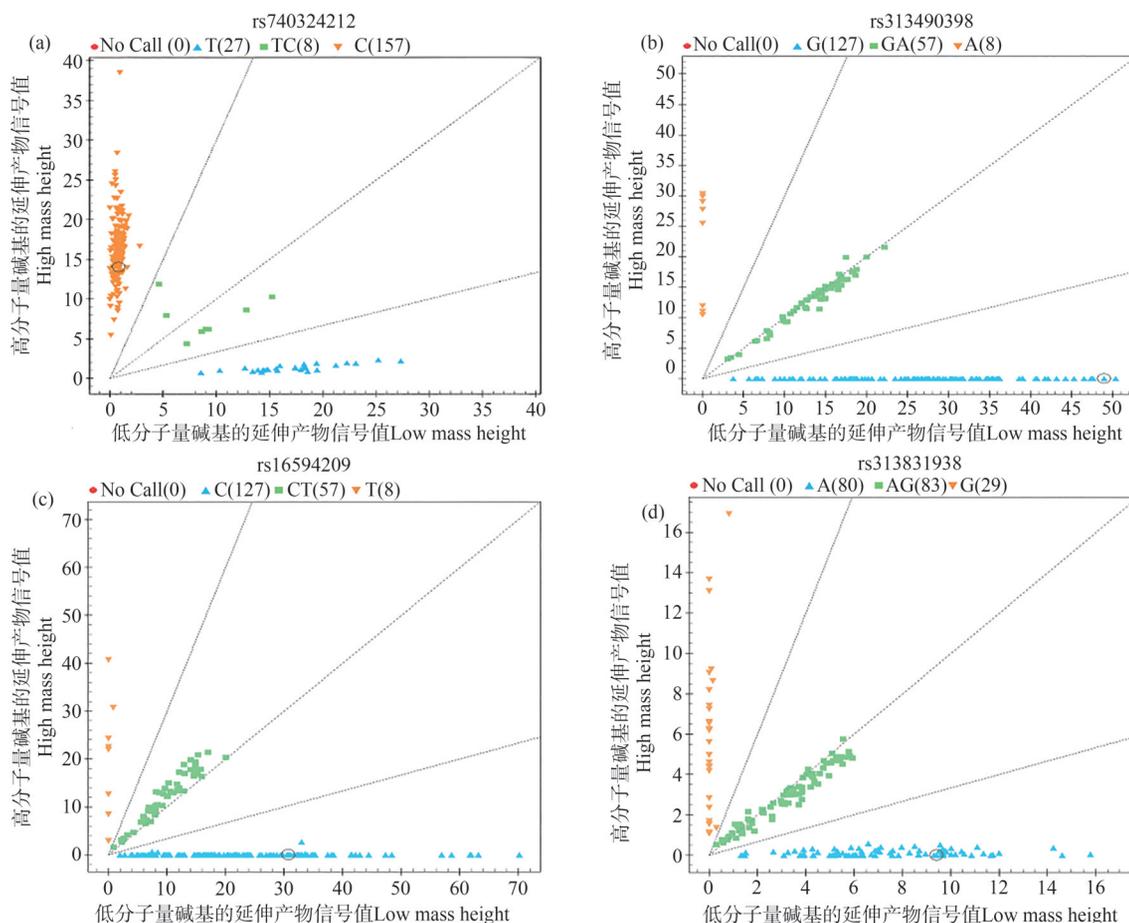
*SLC38A11*基因SNP位点的相应位置通过“<http://asia.ensembl.org/index.html?redirect=no>”查找(SNP1染色体7:19643427,SNP2染色体7:19642671,SNP3染色体7:19645928,SNP4染色体7:19633704)。4个SNPs位点不同基因型的质谱分析图(图1)。4个位点检出率为100%,每个位点都有3种基因型。*SLC38A11*基因第11外显子的突变位点(SNP1)C>T为错义突变,其他位点均为同义突变。

### 2.2 SLC38A11 SNP位点的遗传多态性分析

由表2可知,每个SNP位点不同基因型频率不同。经H-W平衡检测,SNP1(第11外显子rs740324212)偏离H-W平衡( $P < 0.05$ ),SNP2(第10外显子rs313490398)、SNP3(第12外显子rs16594209)和SNP4(第7外显子rs313831938)均处于H-W平衡状态( $P > 0.05$ )。SNP1位点遗传多样性较低( $PIC < 0.25$ )。其他3个突变位点 $0.25 < PIC < 0.5$ ,为中度多态。

### 2.3 单标记与皮肤亮度L\*值性状的关联分析

*SLC38A11*基因4个SNPs位点与背部、胸部和大腿部皮肤亮度L\*值的关联性分析结果表明(表3),4个SNPs位点不同基因型间背部皮肤和大腿部皮肤亮度L\*值均差异不显著。3个位点(SNP1~SNP3)不同基因型胸部皮肤亮度L\*值差异显著,SNP4位点不同基因型间胸部皮肤亮度L\*值无显著差异。SNP1(rs 740324212)位点在TC基因型的皮肤亮度L\*值显著低于CC和TT基因型( $P < 0.05$ );SNP2(rs313490398)位点AA基



(a)SNP1, rs740324212 C>T,NO call (0), T(27), TC(8), C(157), TT=0.14, TC=0.04, CC=0.82; (b)SNP2, rs313490398 G>A, NO call (0), G(127), GA(57), A(8), GG=0.66, GA=0.30, AA=0.04; (c)SNP3,rs16594209 C>T, NO call (0), C(127), CT(57), T(8), CC=0.66, CT=0.30, TT=0.04; (d) SNP4, rs313831938 A>G,NO call (0),A(80), AG(83),G(29),AA=0.42,AG=0.43, GG=0.1.

图 1 *SLC38A11* 基因 4 个突变位点质谱分析图

Fig. 1 Sequencing peak map of different genotypes at 4 mutation sites of *SLC38A11*

表 2 *SLC38A11* 基因 4 个位点遗传多态性与哈代-温伯格平衡检验

Table 2 The genetic diversity of 14 loci of *SLC38A11* and the Hardy-Weinberg equilibrium test

SNP 位点 SNP locus	基因型 Gene type	基因型频率 Frequency of gene type	等位基因 Allele	等位基因频率 Allele frequency	期望杂合度 (He) Expected heterozygosity	观察杂合度 (Ho) Observe heterozygosity	多态信息含量 (PIC) Polymorphic information content	哈温平衡 (P 值) H-W (P value)
SNP1	CC	0.82	C	0.84	0.04	0.27	0.23	$1.21 \times 10^{-24}$
	TT	0.14	T	0.16				
	TC	0.04						
SNP2	AA	0.04	A	0.19	0.30	0.31	0.26	0.743
	GA	0.30	G	0.81				
SNP3	CC	0.66	C	0.81	0.30	0.31	0.26	0.743
	TT	0.04	T	0.19				
	CT	0.30						
SNP4	AA	0.42	A	0.63	0.43	0.47	0.35	0.395 2
	GG	0.15	G	0.37				
	AG	0.43						

表3 基因位点与皮肤亮度 $L^*$ 值性状的关联分析(平均值±标准差)Table3 Correlation analysis between gene loci and skin brightness  $L^*$  value traits (Mean±SD)

突变位点 Mutational site	突变类型 Mutation type	基因型 Gene type	胸部皮肤 $L^*$ 值 Breast skin $L^*$ value	数量 Number
SNP1 rs740324212 C>T	错义突变 Missense mutation	CC	51.68±5.54 a	157
		TC	46.39±7.61 b	8
		TT	52.63±5.78 a	27
SNP2 rs313490398 A>G	同义突变 Synonymous mutation	AA	46.94±7.71 b	8
		GA	52.02±5.47 a	57
		GG	51.70±5.66 a	127
SNP3 rs16594209 T>C	同义突变 Synonymous mutation	CC	51.70±5.66 a	127
		CT	52.02±5.47 a	57
		TT	46.94±7.71 b	8
SNP4 rs313831938 G>A	同义突变 Synonymous mutation	AA	51.89±5.79	80
		AG	51.63±5.52	83
		GG	50.70±6.35	29

注:同一位点中同列不同小写字母表示不同基因型皮肤亮度 $L^*$ 值差异显著( $P<0.05$ )。

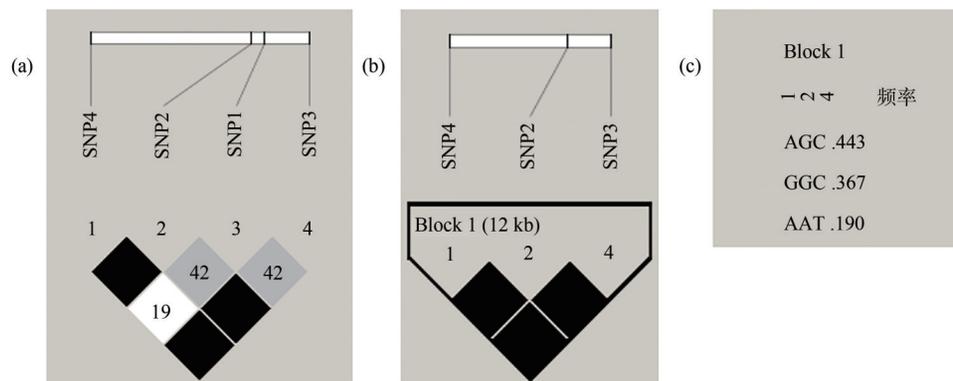
Note: Different lowercase letters in the same column in the same site indicate that the skin brightness  $L^*$  values of different genotypes are significantly different( $P<0.05$ ).

因型的皮肤亮度 $L^*$ 值显著低于GG与GA基因型( $P<0.05$ );SNP3(rs16594209)位点TT基因型的皮肤亮度 $L^*$ 值显著高于CC与CT基因型( $P<0.05$ )。

#### 2.4 连锁不平衡分析

连锁不平衡分析结果见图2。图2(a)方框中的数值为 $D'$ 值乘以100后得到。由图2(b)可见,

丝羽乌骨鸡 $SLC38A11$ 的4个SNPs位点构建了1个连锁不平衡(LD)Block(单倍型区块)。Block1由3个SNPs位点(SNP2、SNP3和SNP4)构成,SNP2~SNP4存在强连锁关系, $D'$ 值均为1。SNP2、SNP3和SNP4之间的连锁产生了3种单倍型:H1(AGC)、H2(GGC)和H3(AAT),单倍型频率分别为0.443、0.367和0.190。



(a)SNP1~SNP4连锁图;(b)SNP2~SNP4连锁图;(c)SNP2~SNP4连锁后产生的单倍型。方块颜色由浅至深表示连锁程度由低到高;数值代表位点间连锁不平衡的强弱(数值= $D'$ 值 $\times 100$ )。

(a)Linkage disequilibrium plot of SNP1-SNP4; (b)Linkage disequilibrium plot of SNP2-SNP4; (c) The haplotype produced after SNP2-SNP4 linkage. The color of the square ranges from light to deep indicates that the degree of linkage from low to high. The value represents the strength of the linkage disequilibrium between the sites (Numerical value =  $D'$  value  $\times 100$ ).

图2  $SLC38A11$  4个SNPs位点连锁不平衡分析Fig. 2 The linkage disequilibrium analysis among 4 SNPs loci of  $SLC38A11$

## 2.5 *SLC38A11* 单倍型与皮肤亮度 $L^*$ 值性状关联分析

SNP2、SNP3和SNP4连锁产生的3种单倍型组合后产生了6种基因型(表4)。由表4可见,关联分析

发现,H3H3单倍型(AATTAA基因型)胸部皮肤亮度  $L^*$  值较低,显著低于单倍型H2H3(GACTAG)和H2H1(GGCCAA),但6种单倍型组合个体间的背部和大腿部皮肤亮度  $L^*$  值均差异不显著。

表4 *SLC38A11* 基因SNP2、SNP3、SNP4位点单倍型组合与皮肤亮度  $L^*$  值性状关联分析(平均值±标准差)

Table4 Association analysis of *SLC38A11* gene Haplotype combination at SNP2, SNP3, SNP4 loci and skin brightness  $L^*$  value traits(Mean±SD)

测定部位 Measurement site	单倍型组合 Haplotype combination	基因型 Gene type	皮肤亮度 $L^*$ 值 $L^*$ value of skin brightness	数量 Number
背部 $L^*$ $L^*$ value of back	H3H3	AATTAA	55.80±5.73	8
	H1H3	GACTAA	54.79±3.44	22
	H2H3	GACTAG	54.01±4.53	35
	H2H1	GGCCAA	54.34±3.39	50
	H2H1	GGCCAG	54.13±5.11	48
	H2H2	GGCCGG	53.68±3.25	29
胸部 $L^*$ $L^*$ value of breast	H3H3	AATTAA	46.94±7.71 b	8
	H1H3	GACTAA	51.07±3.44 ab	22
	H2H3	GACTAG	52.62±6.40 a	35
	H2H1	GGCCAA	53.04±5.90 a	50
	H2H1	GGCCAG	50.90±4.72 ab	48
	H2H2	GGCCGG	50.70±6.35 ab	29
大腿部 $L^*$ $L^*$ value of thighs	H3H3	AATTAA	50.92±2.54	8
	H1H3	GACTAA	54.20±7.07	22
	H2H3	GACTAG	54.00±7.77	35
	H2H1	GGCCAA	54.46±6.33	50
	H2H1	GGCCAG	52.78±4.12	48
	H2H2	GGCCGG	56.75±11.26	29

注:相同部位同列不同小写字母表示不同基因型皮肤亮度  $L^*$  值差异显著( $P<0.05$ )。下同。

Note: Different lowercase letters in the same column at the same position indicate significant differences in skin brightness  $L^*$  values of different genotypes( $P<0.05$ ). The same below.

SNP1~SNP4 4个位点处的基因型合并后,基因型与皮肤亮度  $L^*$  值相关性分析结果见表5。由表5可见,将 SNP1~SNP4 处的基因型组合后,个体数小于3的单倍型组合不参与统计与比较,所以有8种基因型组合,其中TCAATTAA胸部皮肤亮度  $L^*$  值较低,显著低于CCGGCCAA、TTGACTAG和CCGACTAG,但8种基因型的个体间背部皮肤和腿部皮肤亮度  $L^*$  值均差异不显著。

## 3 讨论

*SLC38A11* 第11外显子 rs740324212 C>T (SNP1)为错义突变,由疏水性的丙氨酸(GCG)变成了亲水性的组氨酸(GTG)。氨基酸及其特性的改变会导致蛋白质的结构与功能发生变化,进而影响相关基因的表达调控<sup>[22]</sup>。错义突变的结果通常能使多肽链丧失原有功能,引起蛋白质功能改变,

表5 *SLC38A11* 基因SNP1~SNP4位点合并基因型与皮肤亮度 $L^*$ 值性状关联分析(平均值±标准差)Table5 Association analysis between combined genotypes at SNP1-SNP4 locus of *SLC38A11* gene and skin brightness  $L^*$  value traits(Mean±SD)

性状 Trait	基因型 Gene type	亮度 $L^*$ 值 $L^*$ value	数量 Number
背部 $L^*$ $L^*$ value of back	CCGACTAA	54.49±3.79	13
	CCGACTAG	54.41±4.51	17
	CCGGCCAA	54.39±3.41	49
	CCGGCCAG	54.08±5.15	47
	CCGGCCGG	53.68±3.25	29
	TCAATTAA	56.46±6.60	6
	TTGACTAA	55.22±3.01	9
	TTGACTAG	53.64±4.65	18
胸部 $L^*$ $L^*$ value of breast	CCGACTAA	51.13±4.27 ab	13
	CCGACTAG	51.73±5.94 a	17
	CCGGCCAA	53.20±5.86 a	49
	CCGGCCAG	50.96±4.75 ab	47
	CCGGCCGG	50.70±6.35 ab	29
	TCAATTAA	46.26±8.95 b	6
	TTGACTAA	50.98±1.93 ab	9
	TTGACTAG	53.46±6.87 a	18
大腿部 $L^*$ $L^*$ value of thighs	CCGACTAA	52.98±4.13	13
	CCGACTAG	52.54±6.33	17
	CCGGCCAA	54.50±6.39	49
	CCGGCCAG	52.78±4.16	47
	CCGGCCGG	56.75±11.26	29
	TCAATTAA	50.59±1.54	6
	TTGACTAA	55.96±9.98	9
	TTGACTAG	55.38±8.89	18

进而引起表型变化<sup>[23]</sup>。岳舟等<sup>[21]</sup>研究发现兰坪乌骨绵羊 *SLC17A8* 基因有 11 个 SNPs, 其中 2 个位点为错义突变, 可能影响机体内部糖蛋白的构象, 从而影响其乌质性状。本研究发现 *SLC38A11* 基因 rs740324212 C>T 位点的突变后, 丝羽乌骨鸡群体 TC 基因型个体乌色度较高, 说明该 SNP 位点为有益突变, 该位点影响胸部皮肤乌色度的关键致因突变以及作用机制, 需要扩大群体在细胞和蛋白水平进一步研究和验证。

通常用杂合度(He、Ho)和 PIC 用衡量群体遗传多样性的 大小, 多样性越高, 则遗传丰富度也越高<sup>[24]</sup>。*SLC38A11* 基因 4 个 SNPs 位点, SNP1 位点 PIC=0.23(PIC<0.25), 期望杂合度 He=0.04 和观察杂合度 Ho=0.30 均较低, 说明群体内遗传变

异较小。SNP2、SNP3 和 SNP4 3 个突变位点具有中度多态性(0.25<PIC<0.5), He 和 Ho>0.30, 说明这 3 个位点具有较高遗传多样性, 遗传丰富度较高, 能提供的选择效果更加丰富<sup>[25]</sup>。H-W 平衡假设的条件有群体足够大、随机交配、没有突变和迁移、没有基因型选择优势等<sup>[26]</sup>。李青等<sup>[25]</sup>研究结果表明由于人工配种、群体数量不够大等因素而出现一些基因位点偏离 H-W 平衡状态。本研究 H-W 平衡检验结果也显示, rs740324212 C>T(SNP1) 偏离 H-W 平衡状态, 这可能是由于公司对丝羽乌骨鸡非自然交配, 而是进行人工选种选配, 并对乌色度进行了多个世代的定向选育, 导致部分 SNP 位点(SNP1)基因型的个体数量偏少所致, 且偏离 H-W 平衡状态。另一方面, 试验群体数量没有足够大,

下一步将扩大群体进一步验证。

动物黑色素细胞源自于神经嵴,在胚胎发育早期成黑色素细胞由神经嵴细胞分化、迁移至体节中胚层,进入外胚层,通过胸侧途径迁向皮肤,最终形成表皮黑色素细胞。神经嵴细胞的迁移途径、分化趋势会受到多种因子的调控,继而影响黑色素细胞的生成和分布<sup>[27-28]</sup>。本研究发现,SLC38A11基因单标记不同基因型、SNP2~SNP4强连锁后单倍型组合和SNP1~SNP4位点组合基因型与丝羽乌骨鸡胸部皮肤亮度L\*值显著相关,而与背部皮肤和大腿部皮肤亮度L\*值不相关。上述结果说明SLC38A11对黑色素沉积过程产生重要影响,可能对神经嵴细胞通过胸侧途径迁向胸部皮肤过程中发挥重要作用,从而对胸部皮肤黑色素沉积产生重要影响,后期将在细胞和蛋白水平进一步验证。诸多研究表明,皮肤和肌肉亮度L\*值反映皮肤、肌肉表面的亮度,L\*值越低,皮肤、肌肉颜色越暗,乌色度越高,黑色素含量越高,确立了亮度L\*值可作为乌色度性状选育的参考指标<sup>[29-31]</sup>。本研究也通过测定皮肤亮度L\*值来反应皮肤乌色度。

单标记与皮肤亮度L\*值相关性分析时,SLC38A11第7外显子rs313831938(SNP4 A>G)突变位点与皮肤乌色度不相关,但在连锁不平衡分析时发现该位点与SNP2和SNP3、SNP4位点存在强连锁状态,D'值均为1,且连锁后产生的AATTAA基因型胸部皮肤乌色度显著高于其他基因型个体。多个位点连锁后产生了优势基因型,对一些性状产生重要影响,与李青等<sup>[25]</sup>、李王钰等<sup>[32]</sup>研究结果相似。这也进一步证明表型的变化可能由单位点突变引起,也可能由多个突变位点连锁作用造成,连锁不平衡分析能够鉴别连锁的SNP位点,分析非等位基因间更多位点的相互作用,更深入的综合析表型变化原因<sup>[33-34]</sup>。交配模式、群体混合和选择都将影响群体的SNP位点间出现连锁不平衡水平<sup>[25,35]</sup>。本研究的试验材料丝羽乌骨鸡经历多个世代的人工选择,且为人工输精交配,这可能是SLC38A11基因多个SNPs位点间存在强连锁水平的重要原因。

SNP1~SNP4 4个SNPs位点基因型合并后,TCAATTAA基因型胸部皮肤亮度L\*值较低,乌色度较高,后期将扩大群体进一步验证,以更快地推动乌色度高的丝羽乌骨鸡分子标记辅助育种进展,

为定向培育乌色度高的屠宰型乌骨鸡新品种或专门化品系提供一定的参考依据。

## 4 结 论

SLC38A11基因与丝羽乌骨鸡胸部皮肤乌色度密切相关,TCAATTAA基因型可作为研究丝羽乌骨鸡胸部皮肤乌色度的候选分子标记,本研究为下一步利用分子标记辅助育种加快培育乌色度高的丝羽乌骨鸡新品种提供参考。

## 参考文献

- [1] Tu Y G, Sun Y Z, Tian Y G, Xie M Y, Chen J. Physicochemical characterisation and antioxidant activity of melanin from the muscles of Taihe Black-bone silky fowl (*Gallus gallus domesticus* Brisson)[J]. *Food Chemistry*, 2009, 114(4): 1345-1350
- [2] 徐幸莲, 庄苏, 陈伯祥. 乌骨鸡黑色素对延缓果蝇衰老的作用[J]. *南京农业大学学报*, 1999, 22(2): 105-108  
Xu X L, Zhuang S, Chen B X. The effect of melanin from White Silky Fowl on antiageing in *Drosophila melanogaster* [J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 1999, 22(2): 105-108 (in Chinese)
- [3] 赵艳平, 黄小红, 李建喜, 武帅. 乌骨鸡黑色素的研究进展[J]. *广东畜牧兽医科技*, 2008, 33(1): 12-13  
Zhao Y P, Huang X H, Li J X, Wu S. Research progress on melanins from white silkie bantams[J]. *Guangdong Journal of Animal Husbandry and Veterinary Science*, 2008, 33(1): 12-13 (in Chinese)
- [4] Nishimura S, Oshima I, Ono Y, Tabata S, Ishibashi A, Iwamoto H. Age-related changes in the intramuscular distribution of melanocytes in the Silky fowl[J]. *British Poultry Science*. 2006, 47(4): 426-432
- [5] 屠云洁, 章明, 巨晓军, 刘一帆, 姬改革, 单艳菊, 邹剑敏, 束婧婷. 3种乌骨鸡早期生长发育规律、屠宰性能和肉品质比较研究[J]. *中国畜牧杂志*, 2023, 59(1): 168-173  
Tu Y J, Zhang M, Ju X J, Liu Y F, Ji G G, Shan Y J, Zou J M, Shu J T. Comparative study on early growth and development law, slaughter performance and meat quality of three kinds of black-bone chicken breeds [J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2023, 59(1): 168-174 (in Chinese)
- [6] 江彦, 袁丹丹, 刘青, 王玮韦华. 浅谈泰和乌骨鸡及其营养成分研究进展[J]. *江西畜牧兽医杂志*, 2018, (2): 8-11  
Jiang Y, Yuan D D, Liu Q, Wang Z W H. Research progress of Taihe silky fowl and its nutritional components[J]. *Jiangxi Journal of Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2018(2): 8-11 (in Chinese)
- [7] 廖娟, 王钢, 喻世刚. 乌骨鸡肤色性状的遗传研究进展[J]. *当代畜牧*, 2017(6): 33-36  
Liao J, Wang G, Yu S G. Advances in genetic research of skin color traits in black-bone chickens [J]. *Contemporary Animal Husbandry*, 2017, 6: 33-36 (in Chinese)
- [8] Dorshorst B, Molin A M, Rubin C J, Johansson A M, Jo A M, Strömstedt L, Pham M H, Chen C F, Hallböök F, Ashwell C, Andersson L. A complex genomic rearrangement involving the endothelin 3 locus causes dermal hyperpigmentation in the chicken [J]. *PLoS Genetics*, 2011, 7(12): e1002412

- [9] 彭灿阳, 郭松长, 柳序, 徐明明, 曲湘勇. 乌骨鸡黑色素沉积机理及相关候选基因[J]. 动物营养学报, 2018, 30(1): 30-36  
Peng C Y, Guo S C, Liu X, Xu M M, Qu X Y. Melanin deposition mechanism and related candidate genes in Silky fowls [J]. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2018, 30(1): 30-36 (in Chinese)
- [10] Bai X Y, Moraes T F, Reithmeier R A F. Structural biology of solute carrier (SLC) membrane transport proteins [J]. *Molecular Membrane Biology*, 2017, 34(1/2): 1-32
- [11] Watanabe Y, Araki S, Sudo T, Yoshikawa S, Shibata M, Yamamuro A, Ishimaru Y, Yoshioka Y, Kinjyo T, Kuramoto N, Yoneda Y, Maeda S. Inhibition of cell proliferation by L-theanine transported into cells via an L-glutamine transporter Slc38a1 [J]. *Proceedings for Annual Meeting of the Japanese Pharmacological Society*, 2019, 92: 1-P-104
- [12] Bröer S. The SLC38 family of sodium-amino acid co-transporters [J]. *Pflugers Archiv: European Journal of Physiology*, 2014, 466(1): 155-172
- [13] Chan K, Busque S M, Sailer M, Stoeger C, Bröer S, Daniel H, Rubio-Aliaga I, Wagner C A. Loss of function mutation of the Slc38a3 glutamine transporter reveals its critical role for amino acid metabolism in the liver, brain, and kidney [J]. *Pflugers Archiv: European Journal of Physiology*, 2016, 468(2): 213-227
- [14] Bagchi S, Baomar H A, Al-Walal S, Al-Sadi S, Fredriksson R. Histological analysis of SLC38A6 (SNAT6) expression in mouse brain shows selective expression in excitatory neurons with high expression in the synapses [J]. *PLoS One*, 2014, 9(4): e95438
- [15] Hägglund M G A, Hellsten S V, Bagchi S, Philippot G, Löfqvist E, Nilsson V C O, Almkvist I, Karlsson E, Sreedharan S, Tafreshiha A, Fredriksson R. Transport of L-glutamine, L-Alanine, L-arginine and L-histidine by the neuron-specific Slc38a8 (SNAT8) in CNS [J]. *Journal of Molecular Biology*, 2015, 427(6): 1495-1512
- [16] Hellsten S V, Tripathi R, Ceder M M, Fredriksson R. Nutritional stress induced by amino acid starvation results in changes for Slc38 transporters in immortalized hypothalamic neuronal cells and primary cortex cells [J]. *Frontiers in Molecular Biosciences*, 2018, 5: 45
- [17] Aggarwal T, Patil S, Ceder M, Hayder M, Fredriksson R. Knockdown of SLC38 transporter ortholog-CG13743 reveals a metabolic relevance in *Drosophila*. *Frontiers in Physiology*, 2020, 10: 1592
- [18] 滕召纯, 孙利民, 陆晓屏, 李庆华, 王玉祥, 黄英, 张斌, 史宏伟. 他留乌骨鸡 SLC24A5 基因 Nhe I mismatch PCR-RFLP 标记与羽色及肤色相关性研究 [J]. 中国家禽, 2014, 36(15): 6-9, 13  
Teng Z C, Sun L M, Lu X P, Li Q H, Wang Y X, Huang Y, Zhang B, Shi X W. Association of SLC24A5 gene Nhe I mismatch PCR-RFLP with plumage and skin color in Taliu black bone chicken [J]. *China Poultry*, 2014, 36(15): 6-9, 13 (in Chinese)
- [19] Luo J, Zhang W, Yu B, Hu X X, Li N. cDNA cloning, expression analysis of Slc24a5 and its relationship with melanin deposition in chicken [J]. *Progress Biochemistry Biophysics*, 2008, 35(1): 69-76
- [20] 卢婷婷, 戴莹莹, 刘禹飞, 刘永琪, 白少成, 赵博昊, 吴信生, 陈阳. 獭兔 (*Oryctolagus cuniculus*) SLC7A11 基因在黑色素细胞中应答基因的筛选及分析 [J]. 基因组学与应用生物学, 2023, 42(4): 384-392  
Lu T T, Dai Y Y, Liu Y F, Liu Y Q, Bai S C, Zhao B H, Wu X S, Chen Y. Screening and analysis of response genes of SLC7A11 in melanocytes of Rex rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) [J]. *Genomics and Applied Biology*, 2023, 42(4): 384-392 (in Chinese)
- [21] 岳丹, 和晓明, 任洪辉, 刘兴能, 朱俊红, 邓卫东. 兰坪乌骨绵羊 SLC17A8 基因多态性与其肉质性状关联性研究 [J]. 家畜生态学报, 2022, 43(10): 15-22  
Yue D, He X M, Ren H H, Liu X N, Zhu J H, Deng W D. Research on SLC17A8 gene polymorphism association with melanin characteristics in Lanping black bone sheep (*Ovis aries*) [J]. *Journal of Domestic Animal Ecology*, 2022, 43(10): 15-22 (in Chinese)
- [22] 邢凤, 李培培, 李珏, 李成渤, 王建民. 山羊 GOLA-DQBI 基因外显子 2 多态性与免疫性状的相关分析 [J]. 遗传, 2008, 30(7): 870-876  
Xing F, Li P P, Li J, Li C B, Wang J M. Association of polymorphisms of exon 2 of GOLA-DQBI gene with immune traits in goats [J]. *Hereditas*, 2008, 30(7): 870-876 (in Chinese)
- [23] 白皓. 北京油鸡喙畸形性状候选基因的转录水平研究及 SNPs 分析 [D]. 扬州: 扬州大学, 2013  
Bai H. The mRNA expression and snps analysis of candidate genes associated with beak deformity trait in Beijing-You chickens [D]. Yangzhou University, 2013 (in Chinese)
- [24] Zanetti E, De Marchi M, Abbadi M, Cassandro M. Variation of genetic diversity over time in local Italian chicken breeds undergoing in *situ* conservation [J]. *Poultry Science*, 2011, 90(10): 2195-2201
- [25] 李青, 卢曾奎, 金美林, 权凯, 储明星, 魏彩虹. 绵羊 BMP2 基因型与尾性状的关联分析 [J]. 农业生物技术学报, 2019, 27(11): 1985-1995  
Li Q, Lu Z K, Jin M L, Quan K, Chu M X, Wei C H. Association analysis of the BMP2 genotype with sheep (*Ovis aries*) tail traits [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2019, 27(11): 1985-1995 (in Chinese)
- [26] Zou G Y, Donner A. The merits of testing Hardy-weinberg equilibrium in the analysis of unmatched case-control data: A cautionary note [J]. *Annals of Human Genetics*, 2006, 70(6): 923-933
- [27] Motohashi T, Kunisada T. Extended multiotency of neural crest cells and neural crest-derived cells [J]. *Current Topics in Developmental Biology*. 2015, 111: 69-95
- [28] Tadokoro R, Shikaya Y, Takahashi Y. Wide coverage of the body surface by melanocyte-mediated skin pigmentation [J]. *Developmental Biology*, 2019, 449(2): 83-89
- [29] 邹剑敏, 屠云洁, 束婧婷, 章明, 许盛海, 吴俊锋, 单艳菊, 姬改革, 盛中伟. 不同杂交组合优质冷鲜鸡屠宰性能和肉质比较 [J]. 中国畜牧杂志, 2017, 53(3): 49-52  
Zou J M, Tu Y J, Shu J T, Zhang M, Xu S H, Wu J F, Shan Y J, Ji G G, Sheng Z W. Comparison on slaughter performance and meat quality of different crossing high-quality chilled chicken [J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2017, 53(3): 49-52 (in Chinese)
- [30] 李鹏, 高巧琴, 曲湘勇, 肖冰, 郭松长. 120 日龄雪峰乌骨鸡乌色度与肌肉黑色素含量的相关性分析 [J]. 经济动物学报, 2019, 23(4): 219-222  
Li P, Gao Q Q, Qu X Y, Xiao B, Guo S C. Correlation analysis between blackness and muscle melanin content of 120-day-old Xuefeng black-bone chicken [J]. *Journal of Economic Animal*, 2019, 23(4): 219-222 (in Chinese)
- [31] 章明, 屠云洁, 邹剑敏, 姬改革, 刘一帆, 巨晓军, 单艳菊, 束婧婷. 黑色素沉积相关基因在丝羽乌骨鸡和余干乌骨鸡胸肌和腿肌中的表达分析 [J]. 中国家禽, 2023, 45(1): 9-15  
Zhang M, Tu Y J, Zou J M, Ji G G, Liu Y F, Ju X J, Shan Y J, Shu J T. Expression of melanin deposition-related gene in breast muscle and leg muscle of Silky fowls and Yugan black-bone chickens [J]. *China Poultry*, 2023, 45(1): 9-15 (in Chinese)
- [32] 李王钰, 任团辉, 林武坚, 张梓豪, 梁佳莹, 莫国东, 张细权. 鸡 GSTA2 基因 5' UTR 区域变异及其与重要经济性状关联性 [J]. 中国家禽, 2021, 43(4): 8-14  
Li W Y, Ren T H, Lin W J, Zhang Z H, Liang M Y, Mo G D, Zhang X Q. Variation of GSTA2 gene in 5' UTR region and its correlation with

- important economic characters[J]. *China Poultry*, 2021, 43(4): 8-14 (in Chinese)
- [33] Orozco G, Hinks A, Eyre S, Ke X Y, Gibbons L J, Bowes J, Flynn E, Martin P, P, Consortium W T C C, Consortium Y E A R, Wilson A G, Bax D E, Morgan A W, Emery P, Steer S, Hocking L, Reid D M, Wordsworth P, Harrison P, Thomson W, Barton A, Worthington J. Combined effects of three independent SNPs greatly increase the risk estimate for RA at 6q23[J]. *Human Molecular Genetics*, 2009, 18(14): 2693-2699
- [34] Horne B D, Camp N J. Principal component analysis for selection of optimal SNP-sets that capture intragenic genetic variation [J]. *Genetic Epidemiology*, 2004, 26(1): 11-21
- [35] Akey J, Jin L, Xiong M. Haplotypes vs single marker linkage disequilibrium tests: What do we gain [J] *European Journal of Human Genetics: EJHG*, 2001, 9(4): 291-300

责任编辑: 秦梅



**第一作者简介:**屠云洁, 博士, 研究员。主要从事家禽遗传资源保护、评价及开发利用研究工作。分别于2012年和2010年至美国弗吉尼亚理工大学和美国德州农工大学做访问学者。兼任中国优质禽育种与生产研究会理事;担任 *British Science*, 《东北农业大学学报》等杂志审稿专家。主持国家自然科学基金、江苏省自然科学基金等项目多项。入选“六大人才高峰”高层次人才培养对象。荣获江苏省科技进步奖二等奖、中华农业科技奖一等奖等奖项6项。以第一发明人授权发明专利6件, 实用新型专利5件, 软件著作权2件。以第一作者发表国内外核心期刊论文40余篇。



**通讯作者简介:**束婧婷, 博士, 研究员。主要从事中国地方家禽品种资源评价、评价及开发利用等研究工作。现任江苏省家禽科学研究所公共基础部主任, 兼任第九届中国优质禽育种与生产研究会副秘书长;担任 *Plos ONE*, 《畜牧兽医学报》等杂志审稿专家。主持国家自然科学基金、江苏省揭榜挂帅项目10余项;入选农业农村部“神农青年英才”、江苏省“333高层次人才培养工程”培养对象和“六大人才高峰”高层次人才选拔培养对象。获江苏省科技进步一等奖等科技奖励6项;参与培育新品种2个, 主持或参与制定标准5个;获授权专利10件, 软件著作权6项;第一作者或通讯作者发表国内外核心期刊论文50余篇。