

腾冲雪鸡 mtDNA D-loop 区遗传多样性分析*

王荣琼^{1#}, 张自芳^{1#}, 黄 静², 钱林东¹, 滕晓红², 苗永旺^{2**}

(1. 云南农业职业技术学院 畜牧兽医学院, 云南 昆明 650212;

2. 云南农业大学 动物科学技术学院, 云南 昆明 650201)

摘要:【目的】阐明腾冲雪鸡群体遗传背景信息。【方法】采用 PCR 产物直接测序技术对 144 只腾冲雪鸡样品的 mtDNA D-loop 区序列变异进行检测, 在此基础上结合已发表的云南其他地方鸡数据进行群体遗传学分析。【结果】在所检测的腾冲雪鸡序列中, 碱基 T、C、A 和 G 平均含量分别为 30.2%、29.8%、27.3% 和 12.6%, 序列 A+T 平均含量为 57.6%; 共检测到 33 个核苷酸多态位点, 占检测核苷酸位点总数的 6.35%, 其中 4 个为单一信息位点, 29 个为简约信息位点, 数据突变形式主要为转换。在该群体中共发现 21 种单倍型, 单倍型多样性 (H) 为 0.890 ± 0.011 , 核苷酸多样性 (π 值) 为 0.01641 ± 0.00028 , 序列间平均核苷酸差异数和整个群体平均遗传多样性分别为 8.534 和 0.017 ± 0.004 。系统发育分析显示: 腾冲雪鸡包含 A、B、E、F 和 G 5 个母系世系, 各世系所占的比例分别为 25.00%、20.83%、15.28%、30.56% 和 8.33%。【结论】揭示腾冲雪鸡遗传多样性丰富, 在世系组成比例上有别于云南其他地方鸡, 且与它们有一定遗传分化。

关键词: 腾冲雪鸡; mtDNA D-loop; 遗传多样性; 母系世系; 遗传分化

中图分类号: S 831.2

文献标志码: A

文章编号: 1004-390X (2021) 01-0075-07

Genetic Diversity of mtDNA D-loop Region in Tengchong White Chicken

WANG Rongqiong¹, ZHANG Zifang¹, HUANG Jing², QIAN Lindong¹,

TENG Xiaohong², MIAO Yongwang²

(1. Department of Animal Husbandry & Veterinary Medicine, Yunnan Agricultural College of Vocational Education, Kunming 650212, China; 2. College of Animal Science and Technology, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China)

Abstract: [Purpose] In order to clarify the genetic background information of Tengchong White Chicken. [Method] The sequence variation of mtDNA D-loop region of 144 samples collected from Tengchong White Chicken was detected by direct sequencing of PCR products. On this basis, combined with published data from other indigenous chickens in Yunnan, the population genetic analysis was carried out. [Results] In the sequences of Tengchong White Chicken, the average contents of T, C, A and G were 30.2%, 29.8%, 27.3% and 12.6%, respectively. The average A+T content of the sequences was 57.6%. A total of 33 variable sites were detected, accounting for 6.35% of the total number of nucleotides detected, of which 29 were parsimonious information sites and 4 were single in-

收稿日期: 2019-08-29

修回日期: 2019-10-16

网络首发时间: 2021-01-05 15:02:18

*基金项目: 国家自然科学基金项目 (31760659); 云南省应用基础研究重点项目 (2014FA032)。

作者简介: #对本文贡献等同, 为并列第一作者。王荣琼 (1978—), 云南泸西人, 硕士, 副教授, 主要从事畜牧兽医领域的教学、科研工作。E-mail: 1425190597@qq.com; 张自芳 (1970—), 女, 云南泸西人, 硕士, 副教授, 主要从事动物遗传学领域的研究。E-mail: qld721213@126.com

**通信作者 Corresponding author: 苗永旺 (1964—), 男, 内蒙古通辽人, 博士, 教授, 主要从事动物遗传学领域的科研工作。E-mail: yongwangmiao1@126.com

网络首发地址: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/53.1044.s.20210102.1052.001.html>



formation sites. The main form of data mutation was transition. A total of 21 haplotypes were found in this population. Haplotype diversity (H), nucleotide diversity (π), average nucleotide difference between sequences and mean diversity in entire population were 0.890 ± 0.011 , 0.01641 ± 0.00028 , 8.534 and 0.017 ± 0.004 , respectively. The phylogenetic analysis showed that Tengchong White Chicken included 5 maternal lineages A, B, E, F and G, and the proportion of each lineage was 25.00%, 20.83%, 15.28%, 30.56% and 8.33%, respectively. [Conclusion] Tengchong White Chicken is rich in genetic diversity, which is different from other Yunnan indigenous chickens in the proportion of lineage composition, and has certain genetic differentiation with them.

Keywords: Tengchong White Chicken; mtDNA D-loop; genetic diversity; maternal lineage; genetic differentiation

腾冲雪鸡 (Tengchong White Chicken) 因主产于云南西部的腾冲市且全身羽毛雪白而得名, 属肉蛋兼用型地方鸡种^[1-2]。该鸡分布于腾冲市高黎贡山西麓的界头、曲石、五合、芒棒、明光和滇滩等乡镇, 中心产区在界头和曲石 2 个乡镇^[1]。产地与缅甸北部接壤, 属高黎贡山西麓的丘陵和山区地带, 地形地貌复杂, 海拔在 1 400~2 500 m 之间; 当地受孟加拉湾西南暖湿气流影响, 呈现典型的立体气候特征。腾冲雪鸡产地森林覆盖率 70% 以上, 草地、草山和林地甚多, 农副产品和饲料资源丰富^[1-2], 为腾冲雪鸡遗传资源的形成和养殖提供了必要条件。据考证, 腾冲雪鸡在当地饲养已有几百年的历史; 该鸡是在当地高黎贡山西麓独特的自然环境和生态条件下, 与外界长期隔离和闭锁繁育, 经当地人民长期的选育形成的^[1]。

腾冲雪鸡以放养为主, 体型中等, 结实紧凑; 羽色洁白如雪; 皮肤、肌肉和骨骼均为乌色; 冠多为单冠, 少数玫瑰冠^[1-2]。该鸡对当地自然生态条件有良好的适应性, 具有耐粗饲、肉和蛋品质佳、抗病力强等优良种质特性, 是发展云南养鸡业的宝贵遗传资源^[1-2]。腾冲雪鸡是在 1995—1997 年全国畜禽遗传资源补充调查时发现的^[2-3], 于 2011 年列入《中国畜禽遗传资源志·家禽志》^[1], 2015 年列入《云南省畜禽遗传资源志》^[1]。

近年对腾冲雪鸡的种质特性已有研究报道, 已对该鸡的产地和分布、体型外貌特征、血液生化指标和屠宰性能等有所描述^[1-5]。过去采用微卫星 DNA 标记对该鸡进行了群体遗传多样性研究^[6-7], 但距今已有 10 余年的时间, 现在该鸡的群体遗传结构如何? 外来鸡种对其有无基因渗入?

急需进一步对其进行分子水平的遗传评估和遗传监测。本研究利用适合进行种下水水平遗传多样性分析的 mtDNA D-loop 区序列为遗传标记^[8-13], 采用 PCR 产物直接测序技术, 并以云南本地其他地方鸡种为对照, 对腾冲雪鸡样品进行群体变异检测和群体遗传学分析, 阐明了该鸡的群体遗传结构和血统组成, 揭示该鸡群体与云南其他本地鸡种存在一定遗传差异。本研究结果可为腾冲雪鸡资源的保种和育种提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究材料

在云南省腾冲市的界头、曲石、五合和芒棒等乡镇采集了 144 只腾冲雪鸡 (♂: 60, ♀: 84) 的血液样品, 每只鸡采静脉血 1 mL。由当地畜牧部门专家带领采样, 要求具备腾冲雪鸡典型的品种特征、无血缘关系且在分布上具有代表性。

为了更好地评价腾冲雪鸡的遗传多样性状况, 本实验室已发表的 11 个云南地方鸡群体的 647 条 mtDNA D-loop 区序列用于与本研究数据进行比较分析^[14-19]。

1.2 基因组 DNA 的提取

采用酚—氯仿提取法提取基因组 DNA, 具体方法参照 LIU 等^[11]的方法。然后, 使用 Nano-Drop 2000UV-VIS 分光光度计 (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) 测定其质量浓度和纯度, 稀释成 100 ng/μL。

1.3 目的片段扩增及序列测定

目的片段扩增及测序所需引物相同, 参照 FUMIHITO 等^[9]的方法, 由生工生物工程 (上海) 股份有限公司合成。PCR 体系及操作程序参照

进行联合分析，获得云南各地方鸡群体遗传多样性结果 (表 1)。在整个云南地方鸡数据集中共发现 62 个变异位点，其中单一信息位点 8 个，简约信息位点 54 个，共确定 87 个单倍型。腾冲雪鸡与已检测的云南其他地方鸡相比，群体遗传多样性水平相对较高。

表 1 云南 12 个地方鸡群体的遗传多样性
Tab. 1 Genetic diversity in 12 indigenous chickens in Yunnan

群体 population	样本量 sample size	单倍型数 number of haplotypes	单倍型多样性 haplotype diversity	核苷酸多样性 nucleotide diversity	群体内遗传距离 within mean group distance
TLB	53	16	0.855±0.036	0.017 15±0.000 58	0.018±0.004
DWS	139	13	0.083±0.018	0.014 67±0.000 45	0.015±0.003
LPS	47	7	0.545±0.079	0.004 65±0.001 29	0.005±0.001
XCB	36	12	0.884±0.027	0.014 52±0.000 98	0.015±0.004
WD	72	26	0.922±0.018	0.015 34±0.000 80	0.016±0.003
MJB	48	12	0.829±0.039	0.015 59±0.000 68	0.016±0.003
PJ	50	13	0.883±0.028	0.015 03±0.000 99	0.016±0.004
Lver	48	13	0.907±0.018	0.015 90±0.000 56	0.016±0.003
YLS	68	12	0.851±0.029	0.013 42±0.000 80	0.014±0.003
HPB	36	12	0.867±0.038	0.015 47±0.000 85	0.016±0.004
LBG	50	9	0.784±0.039	0.011 66±0.001 55	0.012±0.003
TCW	144	21	0.890±0.011	0.016 41±0.000 28	0.017±0.004

注：TLB. 他留乌骨鸡；DWS. 大围山微型鸡；LPS. 兰坪绒毛鸡；XCB. 西畴乌骨鸡；WD. 武定鸡；MJB. 普洱毛脚乌鸡；PJ. 瓢鸡；Lver. 南涧绿耳乌鸡；YLS. 云龙矮脚鸡；HPB. 华坪乌骨鸡；LBG. 拉伯高脚鸡；TCW. 腾冲雪鸡；下同。
Note: TLB. Taliu Black-bone Chicken; DWS. Daweishan Mini Chicken; LPS. Lanping Silky Chicken; XCB. Xichou Black-bone Chicken; WD. Wuding Chicken; MJB. Pu'er Feathered Feet Chicken; PJ. Piao Chicken; Lver. Nanjian Green Ear and Black-bone Chicken; YLS. Yunlong Short leg; HPB. Huaping Black-bone Chicken; LBG. La-Bai High Leg Chicken; TCW. Tengchong White Chicken; the same as below.

2.2 群体遗传分化

将本研究数据与已发表的 11 个云南地方鸡数据合并，估算出云南地方鸡平均遗传分化指数 (F_{st}) 为 0.148 05，群体间基因流 $N_m=2.88$ 。云南 12 个地方鸡群体间的 F_{st} 在 0.000 0~0.587 4 之间；其中，兰坪绒毛鸡与其他云南地方鸡群体间遗传分化最大，而武定鸡与西畴乌骨鸡、华坪乌骨鸡与他留乌骨鸡和普洱毛脚乌鸡、他留乌骨鸡与普洱毛脚乌鸡间遗传分化最小。腾冲雪鸡与其他 11 个地方鸡群体间的 F_{st} 在 0.018 1~0.341 2 之间，其中，腾冲雪鸡与他留乌骨鸡遗传分化最小，与兰坪绒毛鸡遗传分化最大。基于云南 12 个地方鸡群体间的遗传分化指数构建的聚类树见图 2。

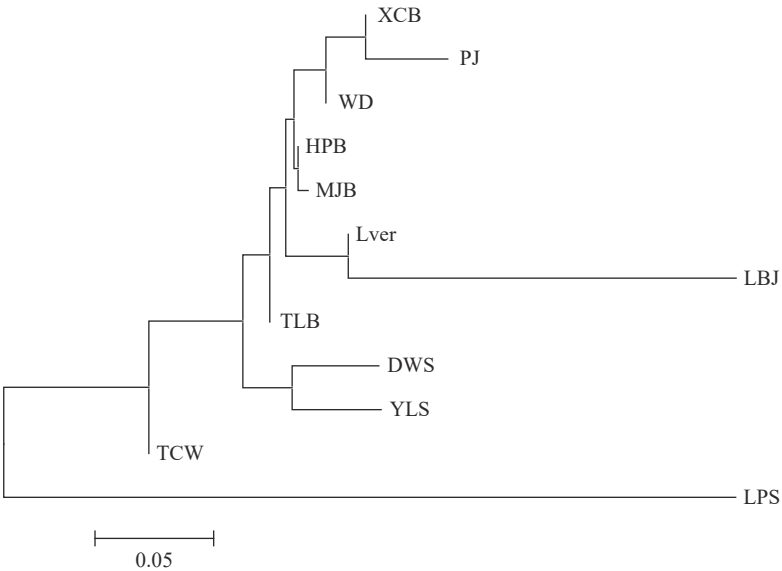
2.3 系统发育关系与世系组成

用腾冲雪鸡所有样品的 mtDNA D-Loop 区序列构建 NJ 无根系统树。由图 3 所示：在系统树上，所有腾冲雪鸡样品聚为支持率较高 (>85%) 的 5 个分化世系，分别与 LIU 等^[11]和 MIAO 等^[12]定义的家鸡 mtDNA 母系世系 A、B、E、F 和 G 相对应。腾冲雪鸡中发现的 21 个单倍型 (H01~H21) 都可以划分到已知的母系世系中，其中

H03~H05 属于 A 世系，H01 和 H02 属于 B 世系，H06~H09 属于 E 世系，H10~H18 属于 F 世系，H19~H21 属于 G 世系。本研究及已发表数据的单倍型世系划分及各世系在群体中所占的比例见表 2。云南 12 个地方鸡群体的 mtDNA 母系世系血统含有 3~7 个不等，其中，西畴乌骨鸡含有的母系世系最少，而大围山微型鸡的最多。与已检测的云南其他地方鸡相比，腾冲雪鸡群体世系组成与其他鸡种明显不同。

3 讨论

本研究在 144 只腾冲雪鸡中发现了 33 个突变位点，单倍型多样性为 0.890±0.011；核苷酸多样性为 0.016 41±0.000 28；群体内遗传距离及整个群体平均多样性均为 0.017±0.004。一般核苷酸多样性不受样本含量的影响，是衡量群体遗传多样性的主要指标^[10]。在云南 12 个地方鸡群体中，兰坪绒毛鸡遗传多样性最低，其次为拉伯高脚鸡；除了他留乌骨鸡外，腾冲雪鸡的核苷酸多样性和群体内遗传距离均高于其他鸡种。与近年已检测的中国一些其他地方鸡种相比^[20]，腾冲雪



注: TLB. 他留乌骨鸡; DWS. 大围山微型鸡; LPS. 兰坪绒毛鸡; XCB. 西畴乌骨鸡; WD. 武定鸡; MJB. 普洱毛脚乌鸡; PJ. 瓢鸡; Lver. 南涧绿耳乌鸡; YLS. 云龙矮脚鸡; HPB. 华坪乌骨鸡; LBG. 拉伯高脚鸡; TCW. 腾冲雪鸡。

Note: TLB. Taliu Black-bone Chicken; DWS. Daweishan Mini Chicken; LPS. Lanping Silky Chicken; XCB. Xichou Black-bone Chicken; WD. Wuding Chicken; MJB. Pu'er Feathered Feet Chicken; PJ. Piao Chicken; Lver. Nanjian Green Ear and Black-bone Chicken; YLS. Yunlong Short leg; HPB. Huaping Black-bone Chicken; LBG. La-Bai High Leg Chicken; TCW. Tengchong White Chicken.

图 2 基于云南 12 个地方鸡群体间的遗传分化指数构建的聚类树

Fig. 2 Clustering tree constructed by genetic differentiation index between 12 indigenous chickens in Yunnan

表 2 云南 12 个地方鸡群体的世系血统构成比

Tab. 2 Clade composition ratio in 12 Yunnan local chickens

群体 population	世系构成比/% clade composition ratio								世系数 number of clades
	A	B	C	D	E	F	G	H	
TLB	35.19	5.55			5.55	16.67	27.78	9.26	6
DWS	11.51	23.74	10.07	30.94	4.32	17.99	1.44		7
LPS	2.13					89.36	8.51		3
XCB	58.33	2.78	38.89						3
WD	34.72	22.22			12.50	12.50	15.28	2.78	6
MJB	45.83	2.08			8.33	16.67	27.09		5
PJ	16.00	44.00			2.00	22.00	16.00		5
Lver	22.92	14.58	4.17		10.42	16.67	31.25		6
YLS	14.71	14.71	14.71		44.18	4.41	7.35		6
HPB	38.89	8.33	2.78		13.89	8.33	27.78		6
LBG	20.00	4.00			2.00	74.00			4
TCW	25.00	20.83			15.28	30.56	8.33		5

鸡的核苷酸多样性也较高。由此,揭示腾冲雪鸡群体内遗传变异丰富,存在多向选育潜力,这与该鸡种未经系统的现代育种技术选育,是原始地方鸡种的实际情况相一致。该鸡是长期在当地自然环境条件和当地群众表型选择的作用下逐渐形成的。因此,该鸡对当地的生态环境及粗放的养

殖条件具有较强的适应性。

群体遗传分化分析显示:云南地方鸡群体间存在不同程度的遗传分化,其中,兰坪绒毛鸡与云南其他地方鸡群体间遗传分化最大。相比而言,腾冲雪鸡与云南其他地方鸡存在的遗传分化也较大;其中,该鸡与他留乌骨鸡遗传分化最

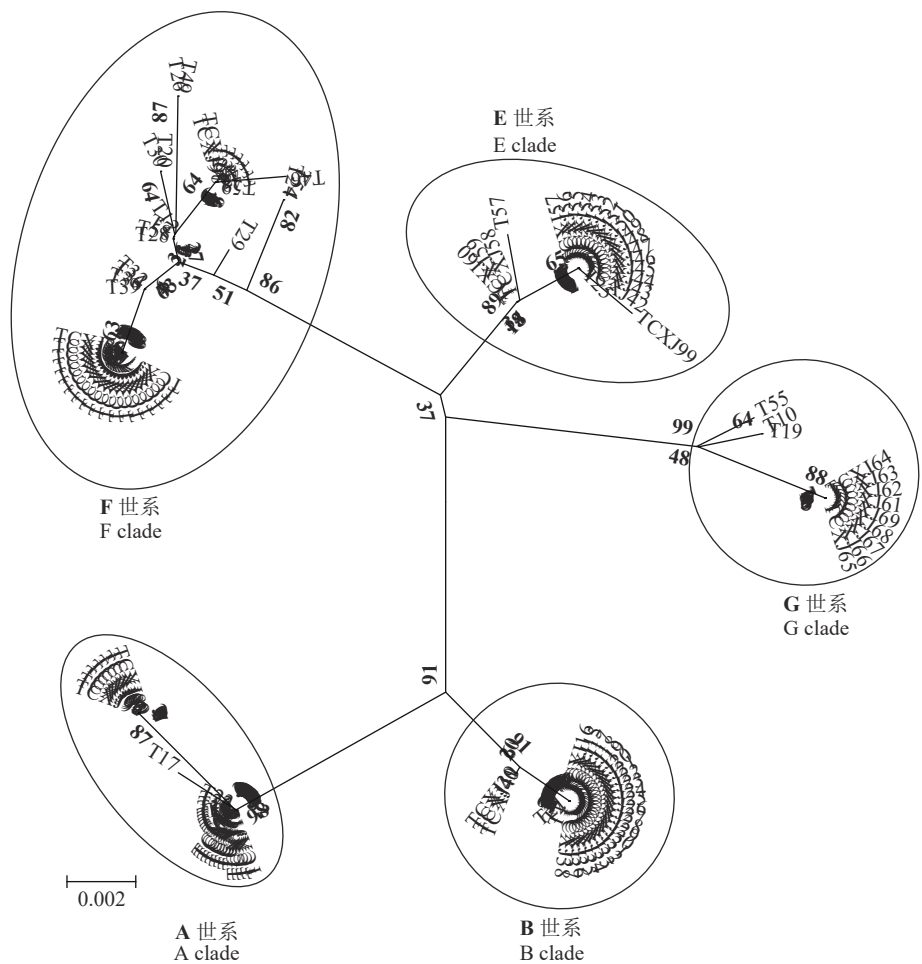


图 3 基于腾冲雪鸡 D-loop 序列构建的系统发育树

Fig. 3 Phylogenetic tree constructed by using mtDNA D-loop sequences of Tengchong White Chicken

小，与兰坪绒毛鸡遗传分化最大。在基于云南地方鸡群体间的遗传分化指数构建的聚类树上，显示腾冲雪鸡与云南其他地方鸡遗传差异较大。这与腾冲雪鸡在形成过程中长期闭锁繁育，与云南其他地方鸡基因交流有限有关。

近年研究显示：家鸡是多个母系起源的，世界家鸡和红原鸡的 mtDNA 母系世系可划分为 A、B、C、D、E、F、G、H 和 I 等世系，其中，A 和 B 世系在中国、日本和东南亚等地的地方鸡中普遍存在，C 世系为中国黄淮流域地区地方鸡所特有，F、G 和 H 世系为云南及邻近地区地方鸡所特有，而 E 世系在印度和欧洲家鸡中出现频率较高^[11-12]。本研究发现：以往定义的 mtDNA 母系世系^[11-12]在不同的云南地方鸡中其构成比不一样，揭示这些地方鸡种间存在遗传组成上的差异。值得注意的是，云南及邻近地区特有的 F 和 G 世系很可能为云南本地起源^[11-12]，在本研究的

大部分云南地方鸡中有较广泛的分布。腾冲雪鸡样品在系统树上聚为分歧较大的 5 个世系，分别与以往研究^[11-12]划分的 A、B、E、F 和 G 世系相对应，表明腾冲雪鸡含有 5 个母系血统来源，提示腾冲雪鸡可能是在本地起源的家鸡基础上，经外来血统混入逐渐形成的，也为家鸡多个母系起源的观点提供了证据支持^[11-13]。与云南其他地方鸡相比，腾冲雪鸡在母系血统构成上与云南其他地方鸡明显不同，表明具有独特的种质遗传特征。在腾冲雪鸡群体中 F、A 和 B 世系所占的比例较高，为其主要世系。该鸡群体中云南特有世系 F 和 G 占 38.89%。已有研究结果表明：E 世系为南亚和欧洲家鸡的母系血统来源，是外来商品鸡中普遍存在的血统^[11-12]，本研究在腾冲雪鸡群体中发现存在 15.28% 的 E 世系血统，推测该鸡存在欧美来源的鸡种基因渗入。这种基因渗入很可能是由于近年片面追求经济效益，大力推广

外来“快大型”肉鸡或高产蛋鸡,导致本地遗传资源受到侵蚀的结果。

4 结论

本研究对腾冲雪鸡 mtDNA D-loop 区序列变异进行检测,并结合已发表的云南其他地方鸡数据进行分析,结果揭示腾冲雪鸡群体遗传多样性丰富,存在选育潜力。该鸡母系血统构成特征独特,在遗传组成上含有 A、B、E、F 和 G 5 个母系血统来源,云南特有的血统 F 和 G 世系占 38.89%;该鸡可能存在一定比例外来商品鸡的基因渗入。在该鸡的保种工作中,建议对其保种群进行遗传鉴定,淘汰外血混入种鸡,并在保种区禁止外来鸡种的引进。

[参考文献]

- [1] 云南省畜禽遗传资源委员会. 云南省畜禽遗传资源志[M]. 昆明: 云南科技出版社, 2015.
- [2] 沈雪鹰, 尹玉安. 腾冲雪鸡资源调查[J]. 中国家禽, 1999, 21(2): 8. DOI: [10.16372/j.issn.1004-6364.1999.02.005](#).
- [3] 叶绍辉, 张华英, 段纲, 等. 60~90 日龄不同性别腾冲雪鸡血液生化指标差异研究[J]. 云南农业大学学报, 1999, 14(4): 345. DOI: [10.16211/j.issn.1004-390x\(n\).1999.04.001](#).
- [4] 叶绍辉, 欧茶海, 丁自柏, 等. 60 和 90 日龄笼养腾冲雪鸡屠宰性能分析[J]. 云南畜牧兽医, 2000(1): 14.
- [5] 谭丽勤, 欧茶海, 李润泉, 等. 60~90 日龄腾冲雪鸡肌纤维特性研究[J]. 云南农业大学学报, 2000, 15(4): 345. DOI: [10.16211/j.issn.1004-390x\(n\).2000.04.014](#).
- [6] 曲鲁江, 李显耀, 徐桂芳, 等. 利用微卫星标记分析中国地方鸡种的遗传多样性[J]. 中国科学 C 辑: 生命科学, 2006, 36(1): 17.
- [7] 苗永旺, 陈涛, 霍金龙, 等. 利用微卫星标记分析腾冲雪鸡的遗传多样性[J]. 西南农业学报, 2008, 21(5): 1431. DOI: [10.16213/j.cnki.scjas.2008.05.059](#).
- [8] BROWN W M. Mechanisms of evolution in animal mitochondrial DNA[J]. Annals of the New York Academy of Sciences, 1981, 361: 119. DOI: [10.1111/j.1749-6632.1981.tb46515.x](#).
- [9] FUMIHITO A, MIYAKE T, TAKADA M, et al. Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 1996, 93: 6792. DOI: [10.1073/pnas.93.13.6792](#).
- [10] 陈善元, 张亚平. 家养动物起源研究的遗传学方法及其应用[J]. 科学通报, 2006, 51(21): 2469. DOI: [10.3321/j.issn:0023-074X.2006.21.002](#).
- [11] LIU Y P, WU G S, YAO Y G, et al. Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2006, 38(1): 12. DOI: [10.1016/j.ympev.2005.09.014](#).
- [12] MIAO Y W, PENG M S, WU G S, et al. Chicken domestication: an updated perspective based on mitochondrial genomes[J]. Heredity, 2013, 110(3): 277. DOI: [10.1038/hdy.2012.83](#).
- [13] MUCHADEYI F C, EDING H, SIMIANER H, et al. Mitochondrial DNA D-loop sequences suggest a Southeast Asian and Indian origin of Zimbabwean village chickens[J]. Animal Genetics, 2008, 39: 615. DOI: [10.1111/j.1365-2052.2008.01785.x](#).
- [14] 黄道平, 李大林, 袁峰, 等. 西畴乌骨鸡 mtDNA D-loop 区遗传多样性分析[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2010, 25(3): 373. DOI: [10.16211/j.issn.1004-390x\(n\).2010.03.026](#).
- [15] 贡潘偏抽, 刘丽仙, 李大林, 等. 基于线粒体DNA控制区(mtDNA D-loop)序列分析瓢鸡的遗传多样性[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2011, 26(2): 211. DOI: [10.3969/j.issn.1004-390X\(n\).2011.02.012](#).
- [16] 刘丽仙, 苗永旺, 孙利民, 等. 华坪乌骨鸡 mtDNA D-loop 遗传多样性分析[J]. 畜牧与兽医, 2012, 44(10): 30.
- [17] 苗永旺, 孙利民, 童晶晶, 等. 普洱毛脚乌鸡与南涧绿耳乌鸡线粒体DNA母系遗传分析[J]. 家畜生态学报, 2013, 34(7): 10. DOI: [10.3969/j.issn.1673-1182.2013.07.003](#).
- [18] 苗永旺, 孙利民, 王素芳, 等. 云南3个地方鸡群体 mtDNA D-loop 遗传多样性分析[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2015, 30(3): 395. DOI: [10.16211/j.issn.1004-390X\(n\).2015.03.012](#).
- [19] 欧阳依娜, 阮谦, 钱林东, 等. 大围山微型鸡、云龙矮脚鸡和拉伯高脚鸡 mtDNA D-loop 遗传多样性分析[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2017, 32(1): 78. DOI: [10.16211/j.issn.1004-390X\(n\).2017.01.010](#).
- [20] 包文斌, 束婧婷, 王存波, 等. 中国家鸡和红色原鸡 mtDNA 控制区遗传多态性及系统进化分析[J]. 畜牧兽医学报, 2008, 39(11): 1449. DOI: [10.3321/j.issn:0366-6964.2008.11.001](#).

责任编辑: 何承刚