

文章编号:1674-7054(2013)01-0094-05

家鸡起源和遗传多样性的研究进展

廖承红^{1,2,3}, 郑继平^{1,2,3}, 韦双双^{1,2,3}, 周海龙^{1,2,3}

(1. 海南大学 农学院, 海南 海口 570228; 2. 海南省热带生物资源可持续利用重点实验室/省部共建国家重点实验培育基地, 海南 海口 570228; 3. 海南大学 热带生物资源教育部重点实验室, 海南 海口 570228)

摘要: 从线粒体 DNA、微卫星标记、Z 染色体和全基因组测序高通量 SNP 分型等方面, 对家鸡的起源及其遗传多样性的研究进行了综述。

关键词: 家鸡; 起源; 遗传多样性; 进展

中图分类号: S 831

文献标志码: A

家鸡是人类驯化较早的家禽, 不仅是人类重要的食物来源, 而且与人类文化生活也有着密切的联系, 如被用于祭祀、娱乐或观赏等。经过几千年的自然进化和人工驯化, 现在的家鸡已形成了纷繁、各具特色的品种众多的群体。目前, 对于家鸡的起源及驯化问题仍然存在争议, 长期驯化形成的品种多样性也成为现在研究的热点。家鸡起源早期的证据来源于对化石等遗存的资料研究以及形态的观察, 随着分子生物学研究的突飞猛进, DNA 测序技术、分子标记技术的不断发展, 为揭示家鸡起源及分析群体遗传多样性提供了有力的工具。近年来, 全基因组测序或高通量 SNP 分析技术的发展, 也进一步推动了家鸡起源和遗传多样性的研究。笔者主要从分子生物学水平, 综述了家鸡起源研究的不同观点以及家鸡遗传多样性研究领域的进展, 旨在为家鸡的遗传育种和开发提供参考。

1 单起源和多起源的争议

家鸡属于鸟纲, 鸡行目, 雉科, 原鸡属。原鸡属包括 4 种原鸡: 红色原鸡 (*G. gallus*), 灰纹原鸡 (*G. sonnerati*), 锡兰原鸡 (*G. lafayettii*) 和绿原鸡 (*G. varius*)。其中, 红色原鸡有 5 个亚种: 属于陆地型群体的 *G. g. gallus* 和 *G. g. spadiceus*, 主要分布在泰国、印度尼西亚、印度支那半岛、中国西南部及周围地区; 属于海岛型群体的 *G. g. bankiva*, 主要分布在印度尼西亚; *G. g. murghi* 主要分布在印度河流域; *G. g. jabouillei* 主要分布在越南、中国的西南和南部地区^[1-2]。目前, 对于家鸡起源问题存在 2 种不同的观点: 单起源学说认为红色原鸡可能通过 1 次或多次驯化为家鸡; 多起源学说认为除红色原鸡外, 其他原鸡也是家鸡的祖先。

1.1 单起源学说 达尔文最早认为, 红色原鸡是所有家鸡的唯一祖先, 而其他原鸡与家鸡相距较远, 对家鸡的起源贡献较小。最早的单一起源观点的证据源于遗留在印度大峡谷遗址的的家鸡化石, 许多学者认为家鸡起源于 4 000 年前的印度红色原鸡, 而在中国黄河流域发现的红色原鸡化石可以追溯到 7 500 年前, 比印度家鸡化石还要早^[3]。对家鸡群体线粒体 DNA D-loop 区分析的研究, 为家鸡的多起源多个驯化中心提供了分子证据。FUMIHITO 等最早利用线粒体 DNA 证据, 从遗传学角度证明红色原鸡是家鸡的唯一祖先, 并把红色原鸡 5 个亚种分为大陆型和海岛型二大类型, 其中的大陆型 *G. gallus* 是所有家鸡的共同祖先, 主要由分布在泰国和邻近地区的原鸡一次驯化而来^[1,4]。LIU 等对欧亚大陆家鸡和红色原鸡亚种线粒体高变区 (HVSI) 进行分析, 认为家鸡主要起源于南亚和东南亚地区的红色原鸡, 并且是经过不止一次的驯化事件^[5], 支持了家鸡的考古学的观点。KANGINAKUDRU^[6]利用微卫星标记和 mtDNA D-loop 序

收稿日期: 2012-12-10

基金项目: 海南省自然科学基金项目 (310036); 海南省教育厅高等学校科学研究项目 (Hjk2011-11); 海南大学青年基金项目 (qnjj1017); 海南大学科研启动项目 (Kyqd1116)

作者简介: 廖承红 (1977-), 女, 贵州盘县人, 海南大学农学院讲师, 博士. E-mail: liaochh@gmail.com

列分析,发现家鸡与红色原鸡、灰纹原鸡之间很少有基因交流,进一步揭示了红色原鸡在家鸡起源中的贡献,以及家鸡在亚洲的不同地区各自驯化的现象。为了证明其他原鸡在家鸡起源中是否发挥作用,SILVA 等对斯里兰卡的地方鸡和锡兰原鸡的线粒体 DNA D-loop 序列进行了分析,结果表明,斯里兰卡的地方鸡起源于红色原鸡,存在 6 个世系,与当地的锡兰原鸡没有关系,由此揭示锡兰原鸡未参与家鸡的起源^[7]。对于中国家鸡的起源,傅衍等通过对中国家鸡不同地方品种的 mtDNA D-loop 序列分析,结果发现,这些品种线粒体分别来自中国南部、泰国及老挝等地不同的红色原鸡亚种^[8-9]。

由于线粒体高变区的突变率较高,利用其构建系统发育树也会出现偏差。目前,对于家养动物的驯化研究,人们借助线粒体基因组信息构建出更为精准的驯化历史图谱。2012 年,苗永旺等对东亚、东南亚以及南亚的家鸡和红色原鸡样本控制区片段进行初步分析,选取 50 份代表样本的线粒体全基因组构建了 mtDNA 系统发育树,并对单倍型类群进行了系统界定^[10]。基于此系统发育树,重新对控制区序列进行分析,揭示了家鸡在东亚和中国西南(及其邻近东南亚地区)的局部驯化事件。研究结果显示,相关家鸡和红原鸡的世系在系统发育树中没有体现出明显的分离,这提示家鸡和红原鸡之间可能存在持续杂交,或是家鸡的驯化时间较短,这使人们对家鸡的起源有了新的认识。

1.2 多起源学说 多元论学者则认为家鸡由多个母系起源,红色原鸡是家鸡的主要祖先,分别来自亚洲南部和东南部的 *Gallus gallus gallus* 和 *Gallus gallus spadiceus* 亚种,灰色原鸡、蓝喉原鸡和绿原鸡是次要祖先。人们最早是从家鸡和原鸡的解剖结构、形状特征的比较,发现了家鸡的多起源的证据。例如,家鸡具有银色羽性状,而红色原鸡缺乏该性状;家鸡的枕骨孔是垂直的,而红色原鸡的是水平的;家鸡与原鸡之间均能杂交产生 F₁ 代等。随着分子生物学研究的发展,HILLEL 等^[11]对 52 个具有代表性的欧洲国家家鸡群体(除 *G. g. spadiceus* 和 *G. g. gallus*)的 22 个微卫星标记进行检测分析,结果支持红色原鸡是家鸡基因库的主要贡献者,其他原鸡可能对家鸡基因库有贡献。NISHIBORI 等^[12]也利用 mtDNA 全序列和核基因序列片段进行系统发育分析,研究结果显示,红色原鸡对家鸡起源的贡献最大,而灰纹原鸡和锡兰原鸡可能对家鸡形成做出过一定的贡献。ERIKSSON 等对家鸡及各种原鸡的 *BCDO2*(β -胡萝卜素双加氧酶 2)基因序列分析,结果发现,该酶能将有色素的类胡萝卜素分解为没有颜色的脱辅基类胡萝卜素,是家鸡肤色的候选基因之一。家鸡的肤色普遍是黄色,这与灰纹原鸡的肤色类似,而红色原鸡是白色。*BCDO2* 基因序列揭示灰纹原鸡与家鸡的高度相似性,从基因序列与表型相关联的角度证明了灰纹原鸡参与家鸡起源^[13]。

综上所述,大多数研究支持单起源学说,并且红色原鸡演化为家鸡的过程可能经历多次独立驯化。现在仍有少量研究结果支持多起源学说,但锡兰原鸡和绿原鸡是否参与家鸡的起源,仍需要更进一步的深入研究。

2 家鸡的遗传多样性的研究进展

家鸡由原鸡驯化而来,并在世界范围内扩散和迁徙,进而形成当今世界家鸡丰富的遗传多样性。研究家鸡的遗传多样性,不仅能对家鸡的起源和进化、分类鉴定有重要意义,而且对于物种多样性的保护、遗传育种等具有指导作用。

家鸡遗传多样性最早是通过不同表型观察展开的。随着生物技术的发展,细胞标记、蛋白多态性和免疫学遗传标记也被广泛用于鸡群体内以及群体间的遗传变异分析。但这些标记数量有限,并且不能直接反应 DNA 水平的差异。核 DNA 和线粒体 DNA(mtDNA)等表现出一定的多态性,直接揭示了品种间差异的本质,作为 DNA 分子标记用于鸡遗传多样性的研究。近年来,人们利用 mtDNA 的全基因组、编码区或非编码区序列的变异性,微卫星 DNA 多样性,性染色体,以及全基因组的测序,SNP 高通量分析,对不同地理分布、地方品种的家鸡进行了研究,发现各地方鸡种核苷酸多态性和单倍型存在较大差异。

2.1 线粒体 DNA 遗传多样性 线粒体 DNA D-loop 区的进化速率高于其他区域,并且 D-loop 区为 mtDNA 上最重要的非编码区,是 mtDNA 基因组中突变率很高的区域^[14],适用于相近物种间或种内的遗传多样性分析^[15-16],是目前线粒体 DNA 研究的热点。在对中国的 66 只原鸡和 834 只分布在欧亚大陆、东南亚、日本和中国的家鸡的线粒体高变区的研究中,发现了 103 个多态位点和 169 个单倍型,基于 mtDNA 划分为 9 个类群的地理分布^[5]。LIU 等对 12 个中国地方鸡种 mtDNA HVSI 序列变异性研究发现,544 bp 的分析片段内有 35 个核苷酸位点的多态性,占总数的 6.4%;共鉴定了 16 个单倍型,单倍型的多样性分析表明,藏鸡、狼山鸡和河南斗鸡只有 1 个单倍型,而较古老的单倍型存在于泰河丝羽鸡和茶花鸡中^[17]。GUAN 等首次对蛋鸡和肉鸡线粒体编码区和非编码区序列比较,也发现蛋鸡和肉鸡之间单倍型不尽相

同^[18]。近年来,在中国多个地方家鸡鸡种和红色原鸡线粒体 DNA 控制区进行分析,结果表明,中国地方家鸡核苷酸多样性处于较高水平,进一步显示各个地方鸡种群体间存在显著的遗传分化^[19-21],这充分证明了我国地方鸡种存在丰富的多样性。

线粒体细胞色素基因是 mtDNA 中重要的蛋白编码基因,如细胞色素 b,细胞色素 c 氧化酶亚基等,它们的基因片段反映了种内到种间的遗传变异情况。高玉时等以中国 13 个地方鸡种和 2 个外来引进品种为对象,利用 DNA 测序技术测定了线粒体细胞色素 C 氧化酶亚基 I (cytochrome c oxidase I, CO I) 基因序列,结果显示,该区段序列的突变位点较多,其中引进鸡种核苷酸多样性明显低于中国地方鸡种^[22]。唐修君等对新发现的 2 个鸡种资源的 CO I 基因序列测定,揭示了其遗传多样性及与其他鸡种间的遗传关系^[23]。这些研究结果进一步表明,用细胞色素 C 氧化酶亚基 I 区段来分析鸡的遗传多样性和品种鉴定是可行的。

2.2 微卫星 DNA 遗传多样性 微卫星 DNA 是一种广泛存在于各种生物基因组中,以 2~6 个碱基对为重复单位的串联重复序列,也是一种高度多态的分子遗传标记,可应用于基因组定位、疾病辅助诊断、法医鉴定、亲子鉴定和动植物群体的生物多样性分析,是研究 QTL 与群体间和群体内遗传距离的有力工具。

随着大量的微卫星标记在鸡的基因组中被发现^[24-26],微卫星标记也被广泛应用于鸡群体间和群体内遗传关系的研究^[27-30]。现在,人们利用微卫星位点对世界各地家鸡的多样性进行研究,包括欧洲的 AVIANDIV 计划等相关研究^[11,31-32]。HILLEL 利用 22 个微卫星标记分析了多个国家 52 个鸡种的多态性,发现其平均杂合度为 0.47,其中商业品系的平均杂合度为 0.29,地方品种(来自欧洲各国及美国)的平均杂合度为 0.50^[11]。TADANO 等利用常染色体上 40 个微卫星标记对日本长尾鸡以及商业品系的遗传多样性也做了相关研究^[33-34],得到类似的结果。在国内同类研究中,杨宁小组利用微卫星对中国藏鸡及近 80 个不同地方鸡种的群体杂合度及遗传多样性进行分析,结果表明,藏鸡和中国某些地方鸡种的杂合度很高,较国外商业品种具有较高的遗传多样性^[35-37]。陈国宏等利用微卫星标记位点技术,对我国 12 个地方鸡种进行群体分析,结果显示,鸡种间存在较大的遗传分化,16.7% 的遗传变异源于品种间的差异^[38]。利用常染色体微卫星位点对中国不同地方家鸡的遗传变异情况进行分析,结果表明,家鸡群体杂合度和多态信息含量相对较高^[39-40],说明地方鸡种群体内的遗传变异较大,具有较高的选择潜力和保种优势。

2.3 Z-染色体的遗传多样性 正常鸡个体由 39 对染色体组成,其中包含 38 对常染色体和 1 对性染色体 Z/W。Z-染色体在鸡全基因组中占有重要地位,分布着众多已知或未知的功能基因,这些基因与鸡的生长发育、性别分化、羽毛颜色、生长及产蛋等质量和数量性状密切相关^[41-44]。Z 染色体上 SNP 位点的多态性分析显示,莱航蛋鸡和白洛克肉鸡的多样性程度明显低于丝羽乌骨鸡和红色原鸡,揭示了家鸡在经历长期高强度选育过程中明显降低了基因组的多态性程度,而且定向选育也导致了不同经济需求鸡种基因变化的不同^[45]。鸡的群体规模大,品种众多,选取鸡 Z 染色体微卫星及 SNP 标记研究鸡的遗传多样性,探讨定向选育对鸡的起源和进化的影响,对家鸡的育种和生产具有指导意义。

2.4 SNP 多样性分析 鸡的基因组和人、鼠的基因组相比有 3 个显著的特征:1) 低密度的重复序列;2) 高密度的 SNP (single nucleotide polymorphism);3) 高重组率。目前,SNP 已发展成为遗传多样性分析的重要标记,新一代测序技术的发展成为 SNP 高通量分型的有力工具。

欧洲 AVIANDIV 研究发现,在 10 个多样性程度较高的鸡的群体中,平均每 50 个碱基存在 1 个 SNP^[47],比过去发现的不同家养品种间的差异度高^[46]。GROENEN 等对 4 个不同的家鸡群体进行高通量测序后发现,在这些群体中有 352 303 个 SNP,并且有近 50% 的 SNP 在 2 个或 2 个以上的品系中共同存在^[48]。利用覆盖了 2 500 个信息位点的 SNP 芯片,比较标准的禽类品种和来自商业养殖者的品种的遗传多样性,结果发现,商业鸡群随着时间的推移失去了超过半数遗传多样性^[49]。

通过 SNP 的高通量测序,增加了对全基因组范围内单碱基核苷酸分析的覆盖,为进一步揭示家鸡不同品种间遗传多样性及其主要经济性状的相关性奠定了基础,使从基因组范围内开展家鸡多样性的研究成为可能。

3 小 结

近 10 年来,人们对家鸡群体多样性的研究取得一定的成就。随着分子生物学技术的发展,如新一代测序技术的成熟,为家鸡的起源研究提供了很好的分子生物学方法,使家鸡的遗传多样性和独特性研究进入了一个新的发展阶段,进一步为家鸡的功能多样性研究奠定了基础。因此,利用先进的分子技术挖

掘家鸡与经济性状相关的基因,以及我国丰富的物种资源,对家鸡的分子遗传育种和开发利用具有更广阔的前景。

参考文献:

- [1] FUMIHITO A., MIYAKE T, SUMI S, et al. One subspecies of the red junglefowl (*Gallus gallus gallus*) suffices as the matrilineal ancestor of all domestic breeds[J]. Proc Natl Acad Sci U S A, 1994, 91: 12505 - 12509.
- [2] 郑作新. 中国动物志·鸟纲(第4卷:鸡形目)[M]. 北京:科学出版社, 1978.
- [3] 傅衍, 牛冬, 罗静, 等. 中国家鸡的起源探讨[J]. 遗传学报, 2001, 28: 411 - 417.
- [4] FUMIHITO A, MIYAKE T, TAKADA M, et al. Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls[J]. Proc Natl Acad Sci U S A, 1996, 93: 6792 - 6795.
- [5] LIU Y P, WU G S, YAO Y G, et al. Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles[J]. Mol Phylogenet Evol, 2006, 38: 12 - 19.
- [6] KANGINAKUDRU S, METTA M, JAKATI R D, et al. Genetic evidence from Indian red jungle fowl corroborates multiple domestication of modern day chicken[J]. BMC evolutionary biology, 2008(8): 174.
- [7] SILVA P, GUAN X, HO-Shing O, et al. Mitochondrial DNA-based analysis of genetic variation and relatedness among Sri Lankan indigenous chickens and the Ceylon junglefowl (*Gallus lafayetti*)[J]. Anim Genet, 2009, 40: 1 - 9.
- [8] 傅衍, 牛冬, 阮晖, 等. 丝羽乌骨鸡与其它鸡种遗传关系的研究[J]. 中国畜牧杂志, 2002(1): 5 - 6.
- [9] 宋春红, 陈红菊, 马月辉, 等. 中国6个地方鸡品种的母系起源[J]. 畜牧兽医学报. 2007(7): 733 - 740.
- [10] MIAO Y W, PENG M S, WU G S, et al. Chicken domestication: an updated perspective based on mitochondrial genomes [J]. Heredity, 2012(12) doi: 10.1038.
- [11] HILLEL J, GROENEN M A, TIXIER-BOICHARD M, et al. Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools[J]. Genet Sel Evol. 2003, 35(5): 533 - 557.
- [12] NISHIBORI M, SHIMOGIRI T, HAYASHI T, et al. Molecular evidence for hybridization of species in the genus *Gallus* except for *Gallus varius*[J]. Anim Genet, 2005, 36(5): 367 - 375.
- [13] ERIKSSON J, LARSON G., GUNNARSSON U, et al. Identification of the yellow skin gene reveals a hybrid origin of the domestic chicken[J]. PLoS genetics, 2008, 4(2): e1000010.
- [14] ROSEL P E., FRANCE S C, WANG J Y, et al. Genetic structure of harbour porpoise *Phocoena phocoena* populations in the northwest Atlantic based on mitochondrial and nuclear markers[J]. Mol Ecol, 1999(8): S41 - 54.
- [15] ANDERSON S, BANKIER A T, BARRELL B G, et al. Sequence and organization of the human mitochondrial genome[J]. Nature, 1981, 290: 457 - 465.
- [16] BOWEN B W, CLARK A M, ABREU-GROBOIS F A, et al. Global phylogeography of the ridley sea turtles (*Lepidochelys* spp.) as inferred from mitochondrial DNA sequences[J]. Genetica, 1997, 101(3): 179 - 189.
- [17] Liu Z G., Lei C Z, Luo J, et al. Genetic variability of mtDNA sequences in Chinese native chicken breeds[J]. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 2004, 17(7): 903 - 909.
- [18] GUAN X, GENG T, SILVA P, et al. Mitochondrial DNA sequence and haplotype variation analysis in the chicken (*Gallus gallus*)[J]. J Hered, 2007, 98(7): 723 - 726.
- [19] 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 - 1459.
- [20] 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, 2011, 26(2): 211 - 214, 223.
- [21] 廖承红, 王华伟, 梁浩, 等. 文昌鸡线粒体 DNA 控制区序列遗传多样性分析[J]. 广东农业科学, 2012, 39(12): 145 - 147.
- [22] 高玉时, 唐修君, 屠云洁, 等. 基于线粒体 *CO I* 基因 15 个鸡种的 DNA 编码研究[J]. 中国农业科学, 2011, 44(3): 587 - 594.
- [23] 唐修君, 高玉时, 屠云洁, 等. 基于线粒体 *CO I* 基因的 2 个新发现鸡种资源 DNA 编码研究[J]. 中国畜牧兽医, 2011, 38(1): 133 - 136.
- [24] CHENG H H, CRITTENDEN L B. Microsatellite markers for genetic mapping in the chicken[J]. Poult Sci, 1994, 73(4): 539 - 546.
- [25] CROOIJMANS R P, VAN KAMPEN A J, VAN DER POEL J J, et al. Highly polymorphic microsatellite markers in poultry [J]. Anim Genet, 1993, 24(6): 441 - 443.
- [26] CROOIJMANS R P, VAN OERS P A, STRIJK J A, et al. Preliminary linkage map of the chicken (*Gallus domesticus*) genome based on microsatellite markers: 77 new markers mapped[J]. Poult Sci, 1996, 75(6): 746 - 754.
- [27] PONSUKSILI S, WIMMERS K, SCHMOLL F, et al. Comparison of multilocus DNA fingerprints and microsatellites in an estimate of genetic distance in chicken[J]. J Hered, 1999, 90(6): 656 - 659.

- [28] ROMANOV M N, TUTTLE E M, HOUCK M L, et al. The value of avian genomics to the conservation of wildlife[J]. *BMC Genomics*, 2009, 10 (Suppl 2): S10.
- [29] ROMANOV M N, WEIGEND S. Analysis of genetic relationships between various populations of domestic and jungle fowl using microsatellite markers[J]. *Poult Sci*, 2001, 80 (8): 1057 - 1063.
- [30] ROSENBERG N A, BURKE T, ELO K, et al. Empirical evaluation of genetic clustering methods using multilocus genotypes from 20 chicken breeds[J]. *Genetics*, 2001, 159(2): 699 - 713.
- [31] GRANEVITZE Z, HILLEL J, CHEN G H, et al. Genetic diversity within chicken populations from different continents and management histories[J]. *Anim Genet*, 2007, 38 (6): 576 - 583.
- [32] GRANEVITZE, HILLEL J, FELDMAN M, et al. Genetic structure of a wide-spectrum chicken gene pool[J]. *Anim Genet*, 2009, 40(5): 686 - 693.
- [33] TADANO R, NISHIBORI M, NAGASAKA N, et al. Assessing genetic diversity and population structure for commercial chicken lines based on forty microsatellite analyses[J]. *Poult Sci*, 2007, 86 (11): 2301 - 2308.
- [34] TADANO R, SEKINO M, NISHIBORI M, et al. Microsatellite marker analysis for the genetic relationships among Japanese long-tailed chicken breeds[J]. *Poult Sci*, 2007, 86 (3): 460 - 469.
- [35] 杜志强, 曲鲁江, 李显耀, 等. 藏鸡群体遗传特性研究[J]. *遗传*, 2004, 26(2): 167 - 171.
- [36] 李显耀, 曲鲁江, 杨宁. 利用微卫星标记分析蛋鸡配套系的遗传关系[J]. *遗传学报*, 2004, 31(12): 1351 - 1355.
- [37] 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 - 26.
- [38] 陈国宏, 季从亮, 王敏强, 等. 12 个中国地方鸡种群遗传结构及遗传多样性分析[J]. *畜牧兽医学报*, 2006, 37 (2): 105 - 111.
- [39] 顾玉兰, 刘小林, 张建勤. 文昌鸡群体内遗传变异分析[J]. *西南农业学报*, 2008, 17(4): 28 - 31.
- [40] 叶朗惠, 霍金龙, 苗永旺, 等. 尼西鸡遗传多样性微卫星标记分析[J]. *动物学研究*, 2006, 27(1): 68 - 74.
- [41] BURNSIDE J, LIU S S, COGBURN L A. Molecular cloning of the chicken growth hormone receptor complementary deoxyribonucleic acid: mutation of the gene in sex-linked dwarf chickens[J]. *Endocrinology*, 1991, 128 (6): 3183 - 3192.
- [42] ANKRA-BADU G. A, AGGREY S E. Identification of candidate genes at quantitative trait loci on chicken chromosome Z using orthologous comparison of chicken, mouse, and human genomes[J]. *In Silico Biol*, 2005(5): 593 - 604.
- [43] SMITH C A, ROESZLER K N, OHNESORG T, et al. The avian Z-linked gene DMRT1 is required for male sex determination in the chicken[J]. *Nature*, 2009, 461: 267 - 271.
- [44] STIGLEC R., KOHN M, FONG J, et al. Frequency of cancer genes on the chicken z chromosome and its human homologues: implications for sex chromosome evolution[J]. *Comparative and functional genomics*, 2007(1): 43070.
- [45] 何超, 聂庆华, 张细权. 用 Z 染色体 SNP 标记分析鸡的遗传多样性[C]// 中国畜牧兽医学会畜禽遗传标记分学会第十次全国畜禽遗传标记研讨会论文集. 北京: 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 2006: 168 - 173.
- [46] WONG G K, LIU B, WANG J, et al. A genetic variation map for chicken with 2.8 million single-nucleotide polymorphisms[J]. *Nature*, 2004, 432: 717 - 722.
- [47] SCHMID M, NANDA I, HOEHN H, et al. Second report on chicken genes and chromosomes [J]. *Cytogenet Genome Res*, 2005, 109(4): 415 - 479.
- [48] GROENEN M A, MEGENS H J, ZARE Y, et al. The development and characterization of a 60K SNP chip for chicken[J]. *BMC Genomics*, 2011(12): 274.
- [49] MUIR W M, WONG G K, ZHANG Y, et al. Genome-wide assessment of worldwide chicken SNP genetic diversity indicates significant absence of rare alleles in commercial breeds[J]. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2008, 105(45): 17312 - 17317.

Research Progress of the Origin and Genetic Diversity of Domestic Chicken

LIAO Chenghong^{1,2,3}, ZHENG Jiping^{1,2,3}, WEI Shuangshuang^{1,2,3}, ZHOU Hailong^{1,2,3}

(1. School of Agronomy, Hainan University, Haikou 570228, China; 2. Hainan Key Laboratory for Sustainable Utilization of Tropical Bioresources; State Key Laboratory Breeding Base, Haikou 570228, China; 3. Key Laboratory of Tropical Biological Resources, Ministry of Education, Haikou 570228, China)

Abstract: The origin of chicken, the diversity of mtDNA, microsatellite, Z chromosome, and high-throughput SNP genotype of chicken were reviewed in order to provide reference for further research in the origin of Chinese native chicken, guiding their breeding.

Key words: chicken; origin; genetic diversity; progress