



万意,马瑞钰,刘伟,戚仁荣,赵卫平,刘鹏义,李俊营,李岩,李阳,詹凯.不同杂交组合黄羽肉鸡皮肤毛囊密度差异及其与 *Wnt3a* 表达水平的相关性分析[J]. 中国农业大学学报,2026,31(02):152-158.

WAN Yi, MA Ruiyu, LIU Wei, QI Renrong, ZHAO Weiping, LIU Pengyi, LI Junying, LI Yan, LI Yang, ZHAN Kai. Skin feather follicle density and *Wnt3a* mRNA expression in different hybrid combinations of yellow-feathered chicken[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2026, 31(02): 152-158.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2026.02.13

不同杂交组合黄羽肉鸡皮肤毛囊密度差异及其与 *Wnt3a* 表达水平的相关性分析

万意¹ 马瑞钰¹ 刘伟¹ 戚仁荣¹ 赵卫平² 刘鹏义² 李俊营¹ 李岩¹
李阳² 詹凯^{1*}

(1. 安徽省农业科学院 畜牧兽医研究所/安徽省畜禽产品安全重点实验室, 合肥 230001;

2. 安徽华卫集团禽业有限公司, 安徽 宣城 242052)

摘要 为探究黄羽肉鸡皮肤毛囊密度性状的遗传差异及其分子机制,本研究以来源于地方鸡种和快大型黄鸡配套系的4个专门化品系(K系、T系、W系和R系)为素材,按不完全双列杂交法设计形成6个二元杂交组合(WT、RT、KW、TW、KR和TR),测定不同杂交组合公、母鸡300日龄背部、胸部和腿部皮肤毛囊密度和 *Wnt3a* mRNA表达量,并进行相关性分析。结果表明:1)不同杂交组合之间体重存在差异,但差异不显著($P>0.05$),以来源于快大型黄鸡(W、R系)为父本的组合体重高于其他组合;2)不同杂交组合之间皮肤毛囊密度存在显著差异($P<0.05$),以来源于地方鸡种(K、T系)为父本的组合毛囊密度高于其他组合;3)各组合不同部位皮肤毛囊密度和 *Wnt3a* mRNA表达量存在显著差异($P<0.05$),均呈背部>胸部>腿部的梯度分布规律,且二者呈不同程度正相关;4)各组合皮肤毛囊密度与体重大小均呈不同程度负相关。综上,本研究通过比较不同杂交组合黄羽肉鸡皮肤毛囊密度差异,验证了 *Wnt3a* 对皮肤毛囊发育的关键调控作用,揭示了生长速度与毛囊发育之间可能存在的遗传拮抗关系,为优质鸡选育过程中平衡生长速度与胴体外观性状的分子育种策略提供了理论依据。

关键词 黄羽肉鸡; 杂交组合; 皮肤毛囊密度; *Wnt3a* 基因; 相关性分析

中图分类号 S831.2

文章编号 1007-4333(2026)02-0152-07

文献标志码 A

Skin feather follicle density and *Wnt3a* mRNA expression in different hybrid combinations of yellow-feathered chicken

WAN Yi¹, MA Ruiyu¹, LIU Wei¹, QI Renrong¹, ZHAO Weiping², LIU Pengyi², LI Junying¹,
LI Yan¹, LI Yang², ZHAN Kai^{1*}

(1. Institute of Animal Husbandry and Veterinary Medicine/Anhui Provincial Key Laboratory of Livestock and Poultry Product Safety, Anhui Academy of Agriculture Sciences, Hefei 230001, China;

2. Anhui Huawei Group Poultry Co., Ltd., Xuancheng 242052, China)

Abstract The present study was conducted with the objective of investigating the differences in skin feather follicle density and its correlation with *Wnt3a* mRNA expression in different hybrid combinations of yellow-feathered chickens. The experiment was conducted on the basis of four specialized strains, which were bred from local native chicken breeds and fast-sized yellow chicken resources. A total of six binary hybrid combinations (WT,

收稿日期: 2025-07-23; 接受日期: 2025-10-06

基金项目: 安徽省肉鸡良种联合攻关项目; 安徽省重点研究与开发计划项目(2023n06020002); 安徽省农业科学院青年英才项目(QNYC-202107); 安徽省科技重大专项(18030701172)

第一作者: 万意(ORCID:0000-0003-0640-982X), 副研究员, 主要从事家禽遗传育种与高效健康养殖研究, E-mail: eternalwan@163.com

通讯作者: 詹凯(ORCID:0000-0002-0485-6071), 研究员, 主要从事家禽遗传育种与高效健康养殖研究, E-mail: zhankai633@126.com

RT, KW, TW, KR and TR) were designed by incomplete double-row crosses. The skin follicle density and *Wnt3a* mRNA expression levels of diverse skin regions (i. e. back, breast and thigh) of these hybrid combinations were systematically assessed, and a comprehensive correlation analysis was conducted. The results demonstrated that: 1) The body weights of the different hybrids were not significantly different ($P>0.05$), and the body weights of the hybrids sired by fast-sized yellow chicken (W and R strains) were higher than the others. 2) The feather follicle densities of the various hybrids exhibited significant variation ($P<0.05$), with the follicle density of the hybrids sired by the local breeds (K and T strains) being higher than that of the other hybrids. 3) A statistically significant discrepancy ($P<0.05$) was identified in the feather follicle density and *Wnt3a* mRNA expression levels among the distinct anatomical regions of the hybrid subjects. A gradient distribution pattern was observed, with higher levels in the back region followed by the breast and then the thigh. A positive correlation was identified between follicle density and *Wnt3a* mRNA expression, with varying degrees across different hybrids. 4) A negative correlation was identified between feather follicle density and body weight with varying degrees across different hybrids. In summary, the present study compared the differences in skin feather follicle density among different hybrid combinations of yellow-feathered chickens, confirming the regulatory role of the *Wnt3a* gene in feather follicle development and revealing the potential existence of a genetic antagonism between growth rate and feather follicle development, which provided a theoretical basis for the molecular breeding strategy to balance growth rate and carcass appearance traits in the selection and breeding of high-quality yellow-feathered chickens.

Keywords yellow-feathered chicken; hybrid combination; skin feather follicle density; *Wnt3a*; correlation analysis

黄羽肉鸡是我国极具地方特色的优质鸡种,年出栏量约45亿只,传统销售方式以活鸡为主。随着活禽市场逐步退出,冰鲜上市成为主流,育种目标随之从“看外貌”转向“看屠体”^[1]。长期以来以羽毛颜色、体型外貌等适应活禽销售的相关性状为育种目标,已无法满足新形势下集中屠宰、冰鲜上市产品的市场需求。屠体性状是冰鲜鸡重要性状之一,直接影响消费者偏好和市场价值;其中毛囊密度是一个重要的屠体性状,毛囊密度高、分布均匀的鸡胴体通常被认为是更优质的产品^[2]。然而,该性状人工测定繁琐、成本高,通过遗传改良提升成为最经济有效的途径^[3]。

Wnt信号通路是调控动物毛囊形态发生的关键通路^[4-5]。Wnt家族成员3a(Wnt family member 3a, *Wnt3a*)是Wnt信号通路中的重要成员,参与表皮干细胞的增殖分化、定位等生物学过程,已被证实是调控禽类皮肤毛囊发育的关键候选基因^[2-3]。皖南三黄鸡是安徽省地方品种,长速慢、肉质优且具有较高的抗逆性^[6];皖江黄鸡是快大型黄羽肉鸡配套系,生长速度快、屠宰率高且群体发育均匀度较好^[7]。为充分挖掘和利用该地方鸡优良种质特性和遗传资源,本课题组前期以皖江黄鸡和皖南三黄鸡

的资源种群为育种素材,分别组建了具有不同特点的专门化品系并进行世代选育和配合力测定^[8]。本研究通过利用不同专门化品系进行二元杂交,比较不同杂交组合间皮肤毛囊性状差异和遗传规律及其与 *Wnt3a* 基因表达的相关性,旨在探究黄羽肉鸡皮肤毛囊密度的遗传差异及其分子机制,为选育过程中“生长速度—胴体外观”协同改良提供分子育种依据,为培育出适合冷链运输和冰鲜上市的优质鸡提供技术支撑。

1 材料与方法

1.1 试验动物及分组

本试验在安徽省宣城市宣州区安徽华卫集团禽业有限公司进行,以公司自主培育的4个专门化品系(W系、R系、K系和T系)为试验素材,其中W系和R系分别来源于皖江黄鸡配套系的HB₂系(含岭南黄鸡血缘)和HC₁系(含石岐鸡血缘),K系和T系为皖南三黄鸡本品种选育形成。针对4个专门化品系,采取不完全双列杂交法设计编制了6个杂交组合KR、TR、WT、RT、KW和TW(表1),进行人工授精和孵化饲养,各组合群体均处于相同饲养管理条件下。

表1 试验鸡杂交组合设计

Table 1 Hybrid combination design of experimental chickens

父本 Male (♂)	母本 Female(♀)		
	W	R	T
W	/	/	WT
R	/	/	RT
K	KW	KR	/
T	TW	TR	/

1.2 性状测定和样品采集

300日龄时,从6个杂交组合中分别随机选取体重相近的30只公鸡和30只母鸡,每只鸡右脚戴上脚号并记录,空腹12 h后称量体重。试验群体共360只,分别从每只鸡背部、胸部和大腿部皮肤拔取数根羽毛并挤出末端毛囊内容物至2 mL冻存管中,写上编号后放于-80℃冰箱中冷冻保存,用于RNA的提取。屠宰拔毛后,分别在每只鸡的背部、胸部和大腿部相同位置选取2 cm×2 cm面积,测量毛孔个数并计算毛囊密度^[2, 9]。4个专门化品系300日龄体重数据通过查询育种记录获得。

1.3 引物的设计与合成

根据 GenBank 中鸡 *GAPDH* 基因(NM_204305)和 *Wnt3a* 基因(NM_001171601)mRNA 序列使用使用 Oligo 6.0 软件设计实时荧光定量 PCR 引物,引物序列分别为:*GAPDH*(F:CAGAACATCATCCCAGCGTC, R:GGCAGGTCAGGTCAA CAAC,产物长度133 bp)、*Wnt3a*(F:TTCGGGAC TCGTGACAGGAT, R:ACGTAGCAGCACCAG TGGAA,产物长度143 bp),引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。

1.4 RNA 提取

用灭菌镊子将冻存管中的毛囊放入无 RNase 的2 mL离心管中,加入2颗钢珠,加入1 000 μL组织裂解液(Trizol),盖紧盖子,放入高通量组织匀浆机中,40 Hz,运行180 s,取出离心管,用无 RNase 的1 mL吸头吸取匀浆液,置于无 RNase 的1.5 mL离心管中,4℃12 000 r离心2 min,吸取上清于无 RNase 的1.5 mL离心管中,使用RNA提取试剂盒(CW0597S,江苏康为世纪生物科技股份有限公司)按照操作步骤提取样本总RNA。提取的RNA溶解于DEPC水中,稀释后用电泳和紫外分光光度计检测质量和浓度。

1.5 实时荧光定量 PCR

使用反转录试剂盒(AE-311,北京全式金生物技术股份有限公司)按照操作步骤进行cDNA第一条链的合成,反转录产物于-20℃保存备用。使用荧光定量PCR试剂盒(AQ131-01,北京全式金生物技术股份有限公司)采用SYBR Green I法进行mRNA表达量分析。QPCR反应体系20 μL:2×Top Green EX-Taq Mix 10μL,上游引物0.5 μL,下游引物0.5 μL,RNase Free ddH₂O 7 μL,cDNA模板2 μL。反应条件:95℃预变性30 s;循环程序为95℃变性5 s,60℃退火延伸50 s,共40个循环;Melting curve条件:97℃10 s,65℃60 s,95℃1 s。采用2^{-ΔΔCt}法进行相对表达量计算。

1.6 统计分析

试验数据用Excel软件进行初步整理,利用SPSS22.0软件对数据进行统计分析。不同杂交组合间各性状差异使用One-way ANOVA中Turkey法进行多重比较,试验结果以“平均数±标准差”表示,以P<0.05作为差异显著性判断;Bivariate correlation用来分析不同性状指标间的相关性,P<0.05或P<0.01分别表示性状间存在显著相关或极显著相关。

2 结果与分析

2.1 6个杂交组合及其亲本肉鸡300日龄体重

6个杂交组合及其亲本肉鸡300日龄体重如表2所示。亲本的4个专门化品系之间体重差异较大,W系和R系公、母鸡体重均显著高于K系和T系(P<0.05)。不同杂交组合的公、母鸡之间体重均无显著差异(P>0.05);以W系和R系作为父本的WT和RT公、母鸡体重均略高于其他组合(P>0.05)。

2.2 6个杂交组合肉鸡不同部位皮肤毛囊密度

6个杂交组合肉鸡不同部位皮肤毛囊密度如表3所示。不同组合间公鸡胸部、腿部的皮肤毛囊密度存在显著差异(P<0.05),胸部从高到低依次为:KW和TW、TR和KR、RT和WT,腿部从高到低依次为:KR和TR、KW和TW、WT和RT。不同组合间母鸡背部、腿部的皮肤毛囊密度存在显著差异(P<0.05),背部和腿部从高到低依次均为KW和KR、TR和TW、WT和RT。各组合内公、母鸡中不同部位皮肤毛囊密度均存在显著差异,从高到低均依次为背部、胸部和腿

表 2 6 个杂交组合及其亲本 300 日龄体重

Table 2 Body weight of six hybrid combinations and their parents at 300 days of age						g
品系 Strain	性别 Gender		组合 Hybrid	性别 Gender		
	公鸡 Male	母鸡 Female		公鸡 Male	母鸡 Female	
W	4321.05±265.54a	2984.80±253.17a	WT	3107.87±219.82	2240.86±209.51	
R	4219.78±247.23a	2980.01±233.99a	RT	3034.95±212.51	2262.51±188.39	
K	2090.96±207.73b	1622.32±179.61b	KW	2889.75±215.09	2119.22±233.60	
T	2011.01±216.63b	1550.32±185.15b	KR	2866.22±191.68	2181.10±224.51	
			TW	2981.86±203.78	2125.67±172.13	
			TR	2862.00±222.97	2195.11±227.88	

注:同列不同小写字母表示不同品系间差异显著($P<0.05$)。
Note: Different lowercase letters within a column indicate significant differences among strains ($P<0.05$).

表 3 6 个杂交组合公、母鸡不同部位皮肤毛囊密度

Table 3 The follicle density in different skin areas for six different hybrid combinations of male and female 个/cm ²						
组合 Hybrid	公鸡 Male			母鸡 Female		
	胸部 Breast	背部 Back	腿部 Thigh	胸部 Breast	背部 Back	腿部 Thigh
WT	16.09±1.68b(a)	17.90±2.59(a)	11.89±1.46b(b)	14.74±1.58(b)	18.46±1.34bc(a)	13.40±2.07b(b)
RT	16.25±1.64b(a)	18.13±2.47(a)	11.33±1.41bc(b)	15.72±1.57(a)	17.63±1.18c(a)	13.78±1.19b(b)
KW	17.81±1.49a(a)	19.07±1.91(a)	11.93±1.65ab(b)	16.17±1.44(b)	21.80±1.68a(a)	15.34±1.77a(b)
KR	16.82±1.29ab(b)	19.94±1.90(a)	13.22±1.48a(c)	16.53±1.43(b)	19.73±2.21ab(a)	14.57±1.50ab(b)
TW	18.27±2.15a(a)	18.67±2.37(a)	12.17±1.41ab(b)	15.86±1.24(b)	18.20±2.02bc(a)	14.03±2.27ab(c)
TR	17.17±2.23ab(b)	19.10±2.84(a)	12.48±1.74ab(c)	15.79±2.21(b)	19.57±1.36ab(a)	14.50±1.58ab(b)

注:同列括号外不同小写字母表示不同组合间差异显著($P<0.05$),同行括号内不同小写字母表示不同部位间的差异显著($P<0.05$)。下同。
Note: Different lowercase outside the brackets within a column indicate significant differences among different hybrid combinations ($P<0.05$), while different lowercase inside the brackets within a row indicate significant differences among different parts ($P<0.05$). The same as belows.

部($P<0.05$)。公鸡背部皮肤毛囊密度比胸部高 2.19%~18.55%、比腿部高 50.54%~60.02%;母鸡背部皮肤毛囊密度比胸部高 12.15%~34.82%、比腿部高 27.94%~42.11%。

2.3 6 个杂交组合肉鸡皮肤毛囊 *Wnt3a* mRNA 表达量

6 个杂交组合肉鸡不同部位皮肤毛囊 *Wnt3a* mRNA 表达量如表 4 所示。不同组合间皮肤毛囊 *Wnt3a* mRNA 表达量存在显著差异($P<0.05$),以

表 4 6 个杂交组合公、母鸡不同部位皮肤毛囊 *Wnt3a* mRNA 表达量

Table 4 <i>Wnt3a</i> mRNA expression levels in skin follicles from different body areas of male and female chickens from six hybrid combinations						
组合 Hybrid	公鸡 Male			母鸡 Female		
	胸部 Breast	背部 Back	腿部 Thigh	胸部 Breast	背部 Back	腿部 Thigh
WT	1.61±0.27b(b)	2.23±0.35(a)	1.45±0.25b(b)	1.67±0.33c(b)	2.18±0.36b(a)	1.46±0.35c(b)
RT	1.84±0.50ab(b)	2.50±0.31(a)	1.63±0.44ab(b)	1.68±0.25c(b)	2.64±0.18b(a)	1.44±0.43c(b)
KW	2.38±0.22a(b)	2.64±0.26(a)	1.80±0.31ab(b)	2.87±0.44a(b)	3.97±0.38a(a)	2.03±0.52a(b)
KR	2.19±0.35a(b)	2.56±0.47(a)	1.83±0.42a(b)	2.31±0.35b(b)	3.83±0.27a(a)	1.72±0.29ab(c)
TW	2.10±0.34a(b)	2.60±0.31(a)	1.75±0.27a(b)	2.79±0.47a(b)	3.58±0.36a(a)	1.71±0.33ab(b)
TR	2.12±0.22a(b)	2.52±0.34(a)	1.91±0.39a(b)	2.43±0.21c(b)	3.77±0.24a(a)	1.55±0.35b(c)

W和R作为父本的WT和RT组合公、母鸡胸部、背部和腿部 *Wnt3a* mRNA 表达量均低于其他各组。各组合内公、母鸡不同部位之间皮肤毛囊 *Wnt3a* mRNA 表达量均存在显著差异 ($P<0.05$), 表达量从高到低均依次为背部、胸部和腿部, 与毛囊密度高低呈相同规律。

2.4 Wnt3amRNA、毛囊密度和体重相关性分析

6个杂交组合肉鸡皮肤毛囊 *Wnt3a* mRNA 表达量、皮肤毛囊密度和体重之间的相关性如表5所示。不同杂交组合公、母鸡中各性状之间的相关性规律一

致, *Wnt3a* mRNA 表达量与毛囊密度均呈不同程度正相关, 其中在公鸡 TW 组合呈极显著正相关 ($P<0.01$)和母鸡的KR和TR组合群体中呈显著正相关 ($P<0.05$); *Wnt3a* mRNA 表达量与体重均呈不同程度弱负相关 ($P>0.05$, 公鸡中 $r=-0.191\sim-0.112$, 母鸡中 $r=-0.076\sim-0.240$); 毛囊密度与体重均呈不同程度负相关(公鸡中 $r=-0.609\sim-0.177$, 母鸡中 $r=-0.459\sim-0.125$), 其中在公鸡 WT、KW、TW 和 TR 组合及母鸡 RT 和 TW 组合群体中呈显著负相关 ($P<0.05$)。

表5 不同杂交组合皮肤毛囊 *Wnt3a* mRNA 表达量、毛囊密度和体重之间相关性
Table 5 The correlation coefficient between the *Wnt3a* mRNA expression, skin follicle density, and body weight in different hybrid combinations

组合 Hybrid	公鸡 Male			母鸡 Female		
	<i>Wnt3a</i> mRNA vs 毛囊密度	<i>Wnt3a</i> mRNA vs 体重	毛囊密度 vs 体重	<i>Wnt3a</i> mRNA vs 毛囊密度	<i>Wnt3a</i> mRNA vs 体重	毛囊密度 vs 体重
	<i>Wnt3a</i> mRNA vs Skin follicle density	<i>Wnt3a</i> mRNA vs Body weight	Skin follicle density vs Body weight	<i>Wnt3a</i> mRNA vs Skin follicle density	<i>Wnt3a</i> mRNA vs Body weight	Skin follicle density vs Body weight
WT	0.194	-0.118	-0.609*	0.167	-0.076	-0.125
RT	0.101	-0.152	-0.177	0.130	-0.183	-0.419*
KW	0.186	-0.191	-0.580*	0.171	-0.118	-0.201
KR	0.045	-0.116	-0.186	0.343*	-0.226	-0.285
TW	0.671**	-0.126	-0.411*	0.134	-0.240	-0.459*
TR	0.216	-0.112	-0.579*	0.357*	-0.197	-0.206

注: *和**分别表示在 $P<0.05$ 和 $P<0.01$ 水平上显著相关。
Note: * and ** indicate significant correlations at $P<0.05$ and $P<0.01$ levels, respectively.

3 讨 论

不同杂交组合之间体重和皮肤毛囊密度均存在一定差异。本研究中, 以来源于快大型黄羽肉鸡的W、R系为父本的杂交组合(WT、RT)300日龄体重高于其他组合, 体现了在生长速度上的杂种优势, 这符合利用快大型血缘改良地方鸡种生长性能的常规育种策略。然而, WT和RT组合的毛囊密度较低, 可能与W系和R系在选育过程中偏重生长速度, 导致代谢资源分配倾向于肌肉沉积, 而牺牲了皮肤附属器官的发育有关^[10-11]。相关性分析显示, 不同杂交组合群体中毛囊密度与体重均呈不同程度负相关, 也进一步验证了代谢资源分配在体重和毛囊发育之间的遗传限制。相比之下, 以来源于地方鸡种的K、T系为父本的杂交组合虽然体重较

低, 但毛囊密度更高, 说明地方鸡种在毛囊性状遗传上具有一定优势。这可能是因为K、和T系在选育过程偏重肉品质和抗逆性^[8], 间接保留了促进毛囊发育的遗传潜能。此外, 地方鸡种常在自然环境中饲养, 面临着多变的气候和环境条件, 较高的皮肤毛囊密度有助于在散养或环境多变条件下增强保温与保护功能^[12]。

不同杂交组合公母鸡皮肤毛囊密度均呈现背部>胸部>腿部的梯度分布规律, 与陈春等^[9]和姬改革等^[13]研究结果一致, 这种分布规律可能与胚胎期皮肤发育的时空特异性有关。鸡胚胎发育过程中, 背部毛囊形成较早(胚胎第7天左右)且细胞增殖速率较高, 腿部毛囊的形成较晚(胚胎第12天左右)且增殖速率较低^[14-16]。此外, Chen等^[12]提出散热适应假说, 鸡不同部位皮肤毛囊密度的表型分

化,可能是在自然选择压力下通过长期进化形成的适应性特征,背部毛囊密度高能生长更多羽毛御寒保温,腿部毛囊密度低生长羽毛较少有利于运动和散热。值得注意的是,以K、T系作为父本的杂交组合毛囊密度较高,提示在后期育种选择K系或T系作为父本、W系或R系作为母本进行杂交利用,可能更有效传递高毛囊密度特性而改善胴体皮肤细腻度,同时保持较快的生长速度。

Wnt信号在毛囊的形态发生、发育、分布及生长周期中起着至关重要的作用,*Wnt3a*基因被认为是调控鸡毛囊密度性状的重要基因^[17-18]。张豪等^[19]通过筛选鸡胚胎早期发育期间背部皮肤上皮和间充质中调控毛囊生长的关键基因,发现*Wnt3a*作为核心基因可以调控毛囊的大小和羽毛的形成。束婧婷等^[3]通过测定和比较鸡不同组织中*Wnt3a*基因表达差异,发现在皮肤中的表达量远高于垂体、心脏和肌肉等组织中;鉴定到*Wnt3a*第3内含子存在g. 2555377 T>C的突变位点,发现携带CC基因型个体的毛囊密度显著高于TT和TC基因型个体。本研究中,不同杂交组合群体*Wnt3a* mRNA表达量与毛囊密度均呈不同程度正相关,尤其在TW公鸡以及KR、TR母鸡中相关性显著,这与该基因在毛囊形态发生中的核心调控作用相符^[3,15],推测这些相关性较高的组合可能聚合了利于*Wnt3a*高表达的单倍型。

本研究也存在一定局限:试验主要聚焦于杂交组合间的比较,未同步测定亲本4个品系的毛囊密度;试验仅完成不完全双列杂交,未设置亲本纯繁对照组;因此,未能准确对比亲本与杂交后代间毛囊密度差异和分析杂种优势效应。在后续研究中,将补充亲本群体的性状测定,并设计更完善的杂交方案,以深入阐明毛囊密度性状的遗传机理与杂种优势规律。

4 结 论

本研究以6个不同杂交组合黄羽肉鸡为研究对象,探究皮肤毛囊密度性状差异及其与*Wnt3a*基因表达量的相关性,为优质鸡选育中“生长速度—胴体外观”协同改良提供了分子育种依据。主要结论如下:1)以地方鸡种为父本的杂交组合具有更高的毛囊密度,表明地方鸡种在毛囊发育性状上具有遗传优势;2)毛囊密度和*Wnt3a* mRNA表达量在身体

不同部位呈现一致的梯度分布规律(背部>胸部>腿部),揭示了毛囊发育存在部位特异性调控;3)毛囊密度与体重均呈负相关、与*Wnt3a*表达量均呈正相关,揭示了生长速度与毛囊发育之间可能存在遗传拮抗,并证实了*Wnt3a*基因在调控皮肤毛囊发育中的核心作用。

参考文献 References

- [1] 辛翔飞, 张祎, 高海军, 王济民. 黄羽肉鸡产业高质量发展面临的挑战与实现路径[J]. 中国畜牧杂志, 2025, 61(1):400-404
Xin X F, Zhang W, Gao H J, Wang J M. Challenges and realization paths of high-quality development of the yellow-feather broiler industry [J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2025, 61(1):400-404 (in Chinese)
- [2] 屠云洁, 姬改革, 章明, 刘一帆, 巨晓军, 单艳菊, 邹剑敏, 李华, 陈智武, 束婧婷. 鸡*Wnt3a*的SNPs筛选及其与皮肤毛囊密度性状关联分析[J]. 中国农业科学, 2022, 55(23):4769-4780
Tu Y J, Ji G G, Zhang M, Liu Y F, Ju X J, Shan Y J, Zou J M, Li H, Chen Z W, Shu J T. Screening of *Wnt3a* SNPs and its association analysis with skin feather follicle density traits in chicken [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2022, 55(23):4769-4780 (in Chinese)
- [3] 束婧婷, 姬改革, 屠云洁, 章明, 巨晓军, 单艳菊, 刘一帆, 邹剑敏. 鸡*Wnt3a*基因组织表达差异与SNPs对鸡毛囊密度性状的遗传效应[J]. 中国畜牧兽医, 2021, 48(5):1672-1680
Shu J T, Ji G G, Tu Y J, Zhang M, Ju X J, Shan Y J, Liu Y F, Zou J M. Tissue expression analysis of *Wnt3a* gene and genetic effects of SNPs on feather follicle density in chicken [J]. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2021, 48(5):1672-1680 (in Chinese)
- [4] Xie, W Y, Chen M J, Jiang S G, Yan H C, Wang X Q, Gao C Q. The Wnt/ β -catenin signaling pathway is involved in regulating feather growth of embryonic chicks [J]. *Poultry Science*, 2020, 99(5): 2315-2323
- [5] Feng Z Q, Mabrouk I, Msuthwana P, Zhou Y X, Song Y P, Gong H Z, Li S Y, Min C G, Ju A Q, Duan A Y, Niu J T, Fu J H, Yan X M, Xu X H, Li C H, Sun Y F. In ovo injection of CHIR-99021 promotes feather follicles development via activating Wnt/ β -catenin signaling pathway during chick embryonic period [J]. *Poultry Science*, 2022, 101(6):101825
- [6] 汪芳杰, 程帮照, 宋晓明, 杨金兵, 朱杰, 李朝木, 姜润深. 皖南三黄鸡产业化发展存在的问题与对策[J]. 中国禽业导刊, 2019, 36(16):33-34
Wang F J, Cheng B Z, Song X M, Yang J B, Zhu J, Li C M, Jiang R S. Problems and countermeasures in the industrialization development of Wannan yellow chicken [J]. *Guide to Chinese Poultry*, 2019, 36(16):33-34 (in Chinese)
- [7] 金四华, 赵卫平, 刘驰, 陈兴勇, 姜润深, 耿照玉. 皖江黄鸡配套系主要性状选育进展分析[J]. 畜牧与饲料科学, 2010, 31(8):27-28
Jin S H, Zhao W P, Liu C, Chen X Y, Jiang R S, Geng Z Y. Analysis of the breeding progress of main traits of the Wanjiang yellow chicken [J]. *Animal Husbandry and Feed Science*, 2010, 31(8):27-28 (in Chinese)
- [8] 万意, 马瑞钰, 李俊营, 戚仁荣, 赵卫平, 刘鹏义, 刘伟, 李岩, 刘震, 李阳, 詹凯. 皖南地区黄鸡资源种质评价与利用[J]. 中国畜禽种业, 2023, 19(12):156-160
Wan Y, Ma R Y, Li J Y, Qi R R, Zhao W P, Liu P Y, Liu W, Li Y, Liu Z, Li Y, Zhan K. Evaluation and utilization of yellow chicken germplasm resources in southern Anhui Province [J]. *The Chinese Livestock and Poultry Breeding*, 2023, 19(12):156-160 (in Chinese)
- [9] 陈春, 康昭凤, 魏岳, 黎观红, 武艳平, 谢金防. *Wnt3a*基因多态性与崇仁麻鸡皮肤毛囊性状相关性研究[J]. 畜牧兽医学报, 2023, 54(7):2810-2823
Chen C, Kang Z F, Wei Y, Li G H, Wu Y P, Xie J F. Correlation of *Wnt3a*

- gene polymorphism with skin follicle traits in Chongren partridge chicken[J]. *Acta Veterinaria Et Zootechnica Sinica*, 2023, 54(7):2810-2823 (in Chinese)
- [10] Ji G G, Zhang M, Tu Y J, Liu Y F, Shan J Y, Ju X J, Zou J M, Shu J T, Sheng Z W, Li H. Molecular regulatory mechanisms in chicken feather follicle morphogenesis[J]. *Genes*, 2023, 14(8):1646
- [11] Mascré G, Dekoninck S, Drogat B, Youssef K K, Brohée S, Sotiropoulou P A, Simons B D, Blanpain C. Distinct contribution of stem and progenitor cells to epidermal maintenance[J]. *Nature*, 2012, 489(7415):257-262
- [12] Chen X Y, Jiang R S, Geng Z Y. Differential effects of two indigenous broilers exposed to cold stress and characters of follicle density and diameter[J]. *Italian Journal of Animal Science*, 2011, 10(1):38-41
- [13] 姬改革, 束婧婷, 单艳菊, 章明, 屠云洁, 刘一帆, 巨晓军, 邹剑敏. 基于表达谱芯片筛选鸡不同部位皮肤组织差异表达基因[J]. *畜牧兽医学报*, 2018, 49(1):36-45
- Ji G G, Shu J T, Shan J Y, Zhang M, Tu Y J, Liu Y F, Ju X J, Zou J M. Identification of differentially expressed genes between different positions of chicken skin based on gene expression microarray[J]. *Acta Veterinaria Et Zootechnica Sinica*, 2018, 49(1):36-45 (in Chinese)
- [14] Hamburger V, Hamilton H L. A series of normal stages in the development of the chick embryo[J]. *Developmental Dynamics*, 1992, 195(4):231-272
- [15] Chang K W, Huang N A, Liu I H, Wang Y H, Wu P, Tseng Y T, Hughes M W, Jiang T X, Tsai M H, Chen C Y, Oyang Y J, Lin E C, Chuong C M, Lin S P. Emergence of differentially regulated pathways associated with the development of regional specificity in chicken skin[J]. *BMC Genomics*, 2015, 16(1):22
- [16] 胡斯乐, 勿都巴拉, 陈宇杰, 丽春, 霍红雁, 白花海, 吴江鸿. 基于基因调控网络对鸡胚皮肤发育的枢纽基因和关键通路分析[J]. *中国农业大学学报*, 2021, 26(7):96-106
- Hu S L, Wudu B L, Chen Y J, Li C, Huo H Y, Bai H H, Wu J H. Identification of hub genes and key pathways in chicken embryo skin development based on gene regulatory network[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2021, 26(7):96-106 (in Chinese)
- [17] Gong H Z, Wang H, Wang Y X, Bai J, Liu B, He J F, Wu J H, Qi W M, Zhang W G. Skin transcriptome reveals the dynamic changes in the Wnt pathway during integument morphogenesis of chick embryos[J]. *PloS One*, 2018, 13(1):e0190933
- [18] Xie W Y, Chen M J, Jiang S G, Yan H C, Wang X Q, Gao C Q. The Wnt/ β -catenin signaling pathway is involved in regulating feather growth of embryonic chicks[J]. *Poultry Science*, 2020, 99(5):2315-2323
- [19] 张豪, 刘祎轩, 朱慧媛, 张朋威, 雷艳茹, 高超群, 李东华, 康相涛. 鸡皮肤毛囊生长差异基因的生物信息学分析[J]. *中国畜牧兽医*, 2022, 49(9):3273-3282
- Zhang H, Liu H X, Zhu H Y, Zhang P W, Lei Y R, Gao C Q, Li D H, Kang X T. Bioinformatics analysis of differential genes of skin feather follicles in chickens[J]. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2022, 49(9):3273-3282 (in Chinese)

责任编辑:秦梅



第一作者简介: 万意, 博士, 副研究员。国家蛋鸡产业技术体系岗位核心成员, 安徽省家禽产业技术体系滁州综合试验站站长, 安徽省农业科学院青年英才。主要从事家禽遗传育种与高效健康养殖研究, 主持和完成安徽省重点研发项目、安徽省科技重大专项、安徽省自然科学基金等省部级项目5项; 获得授权国家发明专利5件; 获得安徽省科技进步奖一等奖1项; 以第一作者发表学术论文30余篇。



通讯作者简介: 詹凯, 博士, 研究员。国家蛋鸡产业技术体系岗位科学家、功能研究室主任、执行专家组成员, 安徽省学术和技术带头人。现任安徽省农业科学院畜牧兽医研究所所长, 安徽省畜禽产品安全重点实验室主任, 安徽省畜禽遗传资源委员会委员。主要从事家禽遗传育种与高效健康养殖研究, 先后主持国家科技支撑计划课题、农业部公益性行业专项课题等省部级科研项目7项, 获得省部级成果奖励5项; 主持制定行业标准1项、团体标准1项和地方标准19项; 获授权国家发明专利6件, 以第一作者和通讯作者发表学术论文100余篇。