

申 报	系列：教师
	专业：动物遗传 育种与繁殖
	职称：教授

## 业绩成果材料

(申报人的业绩成果材料包括论文、科研项目、获奖以及其他成果等)

单 位 (二级单位) 动物科学学院

姓 名 罗文

材料核对人：

单位盖章：

核对时间：

华南农业大学制

# 目 录

## 一、科研项目

1.主持：关于“国家肉鸡产业技术体系育种技术与方法岗位科学家（2024-2026）”项目的合同书.....	1
2.主持：关于“FOXO1 基因侧翼区 SNPs 通过影响超级增强子活性和染色质三维结构调控鸡肌肉生长发育”项目的立项通知书.....	13
3.主持：关于“黄羽肉鸡产肉和肉质性状的基因组调控元件鉴定和功能研究”项目的合同书.....	15
4.主持：关于“多组学解析肉鸡“肌-脂”轴的遗传调控机理”项目的合同书.....	23
5.主持：关于““尾对尾”式天然反义转录本在家鸡肌肉发育中的调控作用及机制研究”项目的立项通知书.....	31
6.主持：关于“GHR 基因缺失突变导致鸡肌纤维数量减少和直径变小的机制研究”项目的立项通知书.....	32
7.主持：关于“家鸡肌肉分化诱导 MyoNATs 表达的机制及功能研究”项目的合同书.....	33
8.主持：关于“广东鹅精准育种技术研究及高繁优质新品种（品系）培育”项目的合同书.....	43
9.关于“广东鹅精准育种技术研究及高繁优质新品种（品系）培育”项目的结题验收材料.....	50
10.主持：关于“地方鸡复合育种技术创新与优质肉鸡新品系培育”项目的合同书.....	72
11.主持：关于“TMEM182 对鸡腹脂沉积的调控”项目的合同书.....	79
12.主持：关于“肉鸡肌肉生长与肌内脂肪沉积间的遗传信息交流和互作”项目的合同书.....	94



13.主持：关于“动物单细胞转录组测序分析全套流程开发”项目的合同书.....	106
14.主参：关于“好义三黄鸡新资源鉴定研究及其健康养殖技术应用推广”项目的合同书.....	117

## 二、论文、著作等

1.检索证明.....	122
2.以第一作者发表本专业论文情况	
2.1. TMEM182 interacts with integrin beta 1 and regulates myoblast differentiation and muscle regeneration.....	129
2.2. Chicken muscle antibody array reveals the regulations of LDHA on myoblast differentiation through energy metabolism.....	130
3.以通讯作者发表本专业论文情况	
3.1.The transmembrane protein TMEM182 promotes fat deposition and alters metabolomics and lipidomics.....	131
3.2.Microplastic exposure induces muscle growth but reduces meat quality and muscle physiological function in chickens....	132
3.3.Metabolomic, lipidomic, and proteomic profiles provide insights on meat quality differences between Shitou and Wuzong geese.....	133
3.4.Bulk and single-cell alternative splicing analyses reveal roles of TRA2B in myogenic differentiation.....	134
3.5.Whole-transcriptome sequencing revealed the ceRNA regulatory network during the proliferation and differentiation of goose myoblast.....	135
3.6.Effects of long-time and short-time heat stress on the meat quality of geese.....	136
3.7.Genetic characteristics and selection signatures between	

Southern Chinese local and commercial chickens.....	137
3.8.A large-scale comparison of the meat quality characteristics of different chicken breeds in South China.....	138
3.9.Weighted single-step GWAS identified candidate genes associated with carcass traits in a Chinese yellow-feathered chicken population.....	139
3.10.Transcriptome Data Revealed the circRNA-miRNA-mRNA Regulatory Network during the Proliferation and Differentiation of Myoblasts in Shitou Goose.....	140
3.11.Transcriptome Sequencing Reveals Pathways Related to Proliferation and Differentiation of Shitou Goose Myoblasts..	141
3.12.Characterization of Chicken Skin Yellowness and Exploration of Genes Involved in Skin Yellowness Deposition in Chicken.....	142
3.13.Integrative Analyses of mRNA Expression Profile Reveal SOCS2 and CISH Play Important Roles in GHR Mutation-Induced Excessive Abdominal Fat Deposition in the Sex-Linked Dwarf Chicken.....	143
3.14.Natural antisense transcript of MYOG regulates development and regeneration in skeletal muscle by shielding the binding sites of MicroRNAs of MYOG mRNA 3'UTR.....	144
3.15.Transcriptome profile analysis reveals KLHL30 as an essential regulator for myoblast differentiation.....	145
3.16.PGC 介导的 TMEM182 基因敲除性腺嵌合体鸡的制备...	146
3.17.GHR 基因多态性与鸡生长、屠体性状的相关性分析...	147
3.18.A 2-bp deletion in intron 1 of TMEM182 is associated with TMEM182 mRNA expression and chicken body weight.....	148

4.学术专著和工具书	
4.1. Improving poultry meat quality.....	149
4.2. 中国畜禽种业发展报告 2024.....	151
4.3. 广东畜禽种业.....	157

### 三、科研成果

#### 1.科技奖励证书

1.1. 中国产学研合作创新成果奖一等奖.....	165
1.2. 广东省农业技术推广奖一等奖.....	166

#### 2.知识产权

2.1.专利授权证书：一种影响鸡的腹脂率的分子标记及其应 用.....	167
2.2.专利授权证书：一个鸡分子标记组合作为鉴定鸡的肌间 脂肪宽的检测位点的应用.....	168
2.3.专利授权证书：一种鸡皮肤黄度选育方法.....	169
2.4.专利授权证书：一种肉鸡体重和胫长性状相关的 SNP 分 子标记及其应用.....	170
2.5.专利授权证书：一种鸡胫长性状相关的 SNP 分子标记及 其应用.....	171
2.6.专利授权证书：与家禽生长和肉质性状相关的 SNP 分子 标记及其应用.....	172
2.7.专利授权证书：家禽 SNP 分子标记选择及其应用.....	173
2.8.专利授权证书：一种基于计算机视觉的鸡肤色表型测定 方法.....	174

### 四、其他业绩

#### 1.指导学生学科竞赛

1.1.第十七届“挑战杯”广东大学生课外学术科研作品竞赛 红色专项赛三等奖.....	175
---	-----

1.2.广东省本科生高校动物生产类大学生创新与设计大赛特等奖.....	176
2.个人荣誉	
2.1.广东特支计划科技创新青年拔尖人才.....	177
3.社会服务.....	183

编号：CARS-41-G22

## 国家肉鸡产业技术体系 2024 年度任务书

岗位名称： 育种技术与方法

岗位科学家： 罗文

岗位科学家依托单位： 华南农业大学

依托单位法定代表人： 薛红卫

农业农村部科学技术司

二〇二四年四月

## 一、基本情况表

(一) 岗位科学家情况					
岗位名称	育种技术与方法				
岗位科学家	罗文	性别	男	出生年月	1988.6
职称	副教授	学历	博士	行政职务	/
工作单位	华南农业大学				
通讯地址/邮编	广东省广州市天河区五山路 483 号/510642				
电话/电子信箱	luowen729@scau.edu.cn/13710789890				
所属功能研究室	遗传改良				
功能研究室主任	赵桂苹				
(二) 团队成员情况					
姓名	学历/职称	出生年月	性别	工作单位	电话/邮箱
聂庆华	博士/教授	1975.12	男	华南农业大学	13922195759 /nqinghua@scau.edu.cn
李红梅	博士/副教授	1980.12	女	华南农业大学	13316044567/ hongmeili@scau.edu.cn
黎镇晖	博士/副研究员	1987.04	男	华南农业大学	13560468254/ lizhenhui@scau.edu.cn
蔡柏林	博士/副教授	1992.10	男	华南农业大学	13580356512/bolincai @scau.edu.cn



### 三、2024 年经费预算表

科目名称	主 要 用 途	经 费 (万元)
1.设备费	用于在研究开发和试验示范过程中，购置或试制专用仪器设备、购置计算类仪器设备和软件工具、对现有仪器设备进行升级改造、以及租赁外单位仪器设备或购买专用软件授权而发生的费用。	5
2.业务费	用于在研究开发和试验示范过程中，消耗的材料、辅助材料等低值易耗品的采购、运输、装卸、整理等费用，发生的测试化验加工、燃料动力、会议/差旅费、出版/文献/信息传播/知识产权事务等费用，以及其他相关支出。	48.8
3.劳务费	用于在研究开发和试验示范过程中，支付给参与体系任务的研究生、博士后、访问学者和科研辅助人员等劳务性费用，其开支标准参照当地科学研究和技术服务业从业人员平均工资水平，根据其在体系研发中承担的工作任务确定，其由单位缴纳的社会保险补助、住房公积金等可纳入劳务费科目支出。	12
4.管理费	用于在研究开发和试验示范过程中对使用依托单位现有仪器设备及房屋、试验田，日常水、电、气、暖消耗，以及其他有关管理费用的补助支出。管理费比例不超过扣除设备费后的 8%，由依托单位管理和使用。	4.2
合 计	70（万元）	

#### 四、2024 年绩效目标表

岗位名称		肉鸡现代农业产业技术体系-育种技术与方法		
总经费		70 万元		
年度总体目标	建立高效的基于 PGC 的肉鸡种质资源保存和复苏技术；建立优异商业纯系 DNA 指纹特征数据库，制定并发布省级地方鸡种分子鉴别标准，开发出鸡品种分子鉴定软件；开发肉质性状等智能化表型精准测定技术，建立地方鸡优异特征表型的分子鉴别方法；建立肉鸡“肉质表型-基因型”的大规模数据集和肉质评价模型，提出可整体评估鸡肉质的新指标；鉴定与肌肉生长、腹脂率、饲料利用效率等经济性状的优势分子标记和基因，建立基于低深度测序的地方鸡繁殖性能基因组选择技术，提高育种进程，培育出肉鸡新品种（配套系）。			
	一级指标	二级指标	三级指标	指标值
绩效指标	产出指标	数量指标	获得新品种（新产品、新设备、新技术新规程等）等技术成果数量	1-2
		数量指标	申报专利数量	8
		数量指标	科技成果试验示范情况	开展单基因性状分子检测技术服务，在肉鸡育种企业试验示范使用 1000 次/标记以上
		数量指标	科技成果推广应用情况	与云浮综合试验站合作推广核心品种数量占国内黄羽肉鸡总量的比例达到 20%以上
		数量指标	培训基层农技推广人员和农民等	300 人
		数量指标	中央级媒体宣传报道次数	无
		数量指标	省级媒体宣传报道次数	3 次
		时效指标	在主产区开展产业应急技术服务反应时间	24 小时内
	效益指标	社会效益指标	向中央和地方政府、企事业单位提供各类产业分析报告和政策建议等	1 份以上



	生态效益指标	研发的绿色增产技术或产品在主产区示范应用可实现节水或节肥或节药或省工	无
满意度指标	服务对象满意度指标	上级部门满意度	90%以上
		技术用户满意度	90%以上

## 六、签约方

国家肉鸡产业技术体系首席科学家（签字）：

文杰

2024年5月27日

国家肉鸡产业技术研发中心依托单位：（公章）

依托单位法定代表人（签字）：

张军民



2024年5月27日

功能研究室主任（签字）：

任树华

2024年5月24日

岗位科学家（签字）：罗文

2024年5月22日

岗位依托单位：

（公章）

依托单位法定代表人（签字）：

薛红



2024年5月23日

编号: CARS-41-G22

## 国家肉鸡产业技术体系 2025 年度任务书

岗位名称: 育种技术与方法

岗位科学家: 罗文

岗位科学家依托单位: 华南农业大学

依托单位法定代表人: 薛红卫

农业农村部科学技术司

二〇二五年四月

## 填 写 说 明

1. 本任务书由国家肉鸡产业技术体系、首席科学家、肉鸡产业技术研发中心依托单位、研究室主任、岗位科学家及其依托单位联合签订。
2. 本任务书要求按照已给的格式，5号宋体字填写，单倍行间距，段落间无间距，A4纸双面打印。
3. 本任务书封面不签字盖章，仅在签约方页签字盖章。
4. 本任务书可视填报内容自行增加页码。
5. 本任务书由肉鸡产业技术研发中心统一编号，一式4份，肉鸡产业技术研发中心依托单位1份，首席科学家1份，岗位科学家1份，岗位科学家依托单位1份。

## 一、基本情况表

(一) 岗位科学家情况					
岗位名称	育种技术与方法				
岗位科学家	罗文	性别	男	出生年月	1988.6
职称	副教授	学历	博士	行政职务	/
工作单位	华南农业大学				
通讯地址/邮编	广东省广州市天河区五山路 483 号/510642				
电话/电子信箱	luowen729@scau.edu.cn/13710789890				
所属功能研究室	遗传改良				
功能研究室主任	常国斌				
(二) 团队成员情况					
姓名	学历/职称	出生年月	性别	工作单位	电话/邮箱
聂庆华	博士/教授	1975.12	男	华南农业大学	13922195759 /nqinghua@scau.edu.cn
李红梅	博士/副教授	1980.12	女	华南农业大学	13316044567/ hongmeili@scau.edu.cn
黎镇晖	博士/副研究员	1987.04	男	华南农业大学	13560468254/ lizhenhui@scau.edu.cn
蔡柏林	博士/副教授	1992.10	男	华南农业大学	13580356512/bolincai @scau.edu.cn

### 三、2025 年经费预算表

科目名称	主要用途	经费 (万元)
1.设备费	用于在研究开发和试验示范过程中，购置或试制专用仪器设备、购置计算类仪器设备和软件工具、对现有仪器设备进行升级改造、以及租赁外单位仪器设备或购买专用软件授权而发生的费用。	0
2.业务费	用于在研究开发和试验示范过程中，消耗的材料、辅助材料等低值易耗品的采购、运输、装卸、整理等费用，发生的测试化验加工、燃料动力、会议/差旅费、出版/文献/信息传播/知识产权事务等费用，以及其他相关支出。	52.4
3.劳务费	用于在研究开发和试验示范过程中，支付给参与体系任务的研究生、博士后、访问学者和科研辅助人员等劳务性费用，其开支标准参照当地科学研究和技术服务业从业人员平均工资水平，根据其在体系研发中承担的工作任务确定，其由单位缴纳的社会保险补助、住房公积金等可纳入劳务费科目支出。	12
4.管理费	用于在研究开发和试验示范过程中对使用依托单位现有仪器设备及房屋、试验田，日常水、电、气、暖消耗，以及其他有关管理费用的补助支出。管理费比例不超过扣除设备费后的 8%，由依托单位管理和使用。	5.6
合 计	70 (万元)	

#### 四、2025 年绩效目标表

岗位名称		肉鸡现代农业产业技术体系-育种技术与方法		
总经费		70 万元		
年度总体目标	开展地方鸡种特色资源鉴定及种用价值评估；建立智能化程度高、操作便捷、准确度高的表型测定技术；解析肉鸡产肉、肉质和饲料效率性状的形成和调控机理，鉴定主效基因和变异；优化黄羽肉鸡重要经济性状的基因组选择技术流程，研发基因组选择新算法；揭示黄羽肉鸡羽毛、冠型和行为性状的主效基因或致因突变，并建立相应的分子选育方法；培育肉鸡新配套系并大范围推广。完成广西马山县和隆林各族自治县科技帮扶工作，推动地方肉鸡产业发展和养户增收。完成体系其它应急性任务。			
	一级指标	二级指标	三级指标	指标值
绩效指标	产出指标	数量指标	获得新品种(新产品、新设备、新技术新规程等)等技术成果数量	1
		数量指标	申报专利数量	4
		数量指标	科技成果试验示范情况	在对接试验站和育种企业示范应用 5000 只以上
		数量指标	科技成果推广应用情况	推广父母代 20 万套以上，商品鸡苗 1000 万只以上。
		数量指标	培训基层农技推广人员和农民等	100 人以上
		数量指标	中央级媒体宣传报道次数	无
		数量指标	省级媒体宣传报道次数	2 次
		时效指标	在主产区开展产业应急技术服务反应时间	2 天
	效益指标	社会效益指标	向中央和地方政府、企事业单位提供各类产业分析报告和政策建议等	1 份以上
		生态效益指标	研发的绿色增产技术或产品在主产区示范应用可实现节水或节肥或节药或省工	无
	满意度指标	服务对象满意度指标	上级部门满意度	95%以上
			技术用户满意度	95%以上



六、签约方

国家肉鸡产业技术体系首席科学家 (签字) :	
	
2025 年 6 月 17 日	
国家肉鸡产业技术研发中心依托单位: (公章)	
	
依托单位法定代表人 (签字) : 	
2025 年 6 月 17 日	
功能研究室主任 (签字) :	
	
2025 年 6 月 16 日	
岗位科学家 (签字) : 	
2025 年 6 月 15 日	
岗位依托单位:	
	
依托单位法定代表人 (签字) : 	
2025 年 6 月 15 日	



# 国家自然科学基金资助项目批准通知

## （预算制项目）

罗文 先生/女士：

根据《国家自然科学基金条例》、相关项目管理办法规定和专家评审意见，国家自然科学基金委员会（以下简称自然科学基金委）决定资助您申请的项目。项目批准号：32272861，项目名称：FOXO1基因侧翼区SNPs通过影响超级增强子活性和染色质三维结构调控鸡肌肉生长发育，直接费用：54.00万元，项目起止年月：2023年01月至2026年12月，有关项目的评审意见及修改意见附后。

请您尽快登录科学基金网络信息系统（<https://isisn.nsfc.gov.cn>），**认真阅读《国家自然科学基金资助项目计划书填报说明》并按要求填写《国家自然科学基金资助项目计划书》（以下简称计划书）**。对于有修改意见的项目，请您按修改意见及时调整计划书相关内容；如您对修改意见有异议，须在电子版计划书报送截止日期前向相关科学处提出。

请您将电子版计划书通过科学基金网络信息系统（<https://isisn.nsfc.gov.cn>）提交，由依托单位审核后提交至自然科学基金委。自然科学基金委审核未通过者，将退回的电子版计划书修改后再行提交；审核通过者，打印纸质版计划书（一式两份，双面打印）并在项目负责人承诺栏签字，由依托单位科研、财务管理等部门审核、签章并在承诺栏加盖依托单位公章，且将申请书纸质签字盖章页订在其中一份计划书之后，一并报送至自然科学基金委项目材料接收工作组。纸质版计划书应当保证与审核通过的电子版计划书内容一致。**自然科学基金委将对申请书纸质签字盖章页进行审核，对存在问题的，允许依托单位进行一次修改或补齐。**

向自然科学基金委提交电子版计划书、报送纸质版计划书并补交申请书纸质签字盖章页截止时间节点如下：

1. **2022年10月8日16点**：提交电子版计划书的截止时间；
2. **2022年10月14日16点**：提交修改后电子版计划书的截止时间；
3. **2022年10月19日**：报送纸质版计划书（一式两份，其中一份包含申请书纸质签字盖章页）的截止时间。
4. **2022年10月28日**：报送修改后的申请书纸质签字盖章页的截止时间。

请按照以上规定及时提交电子版计划书，并报送纸质版计划书和申请书纸质签字盖章页，逾期不报计划书或申请书纸质签字盖章页且未说明理由的，视为自动放弃接受资助；未按要求修改或逾期提交申请书纸质签字盖章页者，将视情况给予暂缓拨付经费等处理。

附件：项目评审意见及修改意见表

国家自然科学基金委员会  
2022年9月7日

课题编号： 2021YFD1300102

## 国家重点研发计划

### 子课题任务书

子 课 题：黄羽肉鸡产肉和肉质性状的基因组调控元件鉴定和功能研究

所属专项：畜禽新品种培育与现代牧场科技创新

所属项目：黄羽肉鸡育种技术创新与新品种培育

所属课题：黄羽肉鸡重要经济性状的功能基因组学研究  
与遗传拮抗机制解析

委托部门（甲方）： 华中农业大学

承担部门（乙方）： 华南农业大学

2021 年 12 月



## 填写说明

- 1、任务书为课题验收的依据，其各项内容应尽可能详细填写。
- 2、课题目标要强调形成主导品种（产品、装备）、主推技术、重要标准（规程规范）、决策支持方案、知识产权等；考核指标应具体、量化、可考核。按已提交的实施方案进行填报，不得私自减少任务指标。
- 3、经费的使用应严格按有关经费管理办法执行。
- 4、开户银行及账号应是课题参加单位计财部门的开户行和账号。
- 5、本任务书要求用 A4 纸、正文四号仿宋\_GB2312。
- 6、任务书正式文本一式六份，项目主持单位两份，课题主持单位两份，课题参与单位两份。



课题名称		黄羽肉鸡重要经济性状的功能基因组学与遗传拮抗机制解析					
子课题名称		黄羽肉鸡产肉和肉质性状的基因组调控元件鉴定和功能研究					
所属项目		黄羽肉鸡育种技术创新与新品种培育					
所属专项		畜禽新品种培育与现代牧场科技创新					
子课题经费预算		总需求 70 万元，其中中央财政专项资金需求 70 万元					
子课题周期节点		起始时间	2021 年 12 月		结束时间	2026 年 11 月	
		实施周期	共 60 个月		预计中期时间点	2024 年 05 月	
课题 承担 单位	单位名称	华中农业大学			单位法定代表人姓名	李召虎	
	单位性质	大专院校			组织机构代码	121000004200048172	
	单位主管部门	教育部			隶属关系	中央	
	单位所属地区	湖北省			地市（市、自治州、盟）	武汉市洪山区	
	通信地址	湖北省武汉市洪山区狮子山街 1 号			邮政编码	430070	
	单位开户名称	华中农业大学					
	开户银行（全称）	中国银行武汉华农支行			汇入地点	湖北省武汉市	
	银行账号	5547 5752 8331			银行机构代码	104521004785	
课题 负责 人	姓 名	李世军	性 别	<input checked="" type="checkbox"/> 男 <input type="checkbox"/> 女		出生日期	1971. 11. 19
	证件类型	身份证	证件号码	420111197111195037			
	所在单位	华中农业大学					
	最高学位	<input checked="" type="checkbox"/> 博士 <input type="checkbox"/> 硕士 <input type="checkbox"/> 学士 <input type="checkbox"/> 其他					
	职 称	<input checked="" type="checkbox"/> 正高级 <input type="checkbox"/> 副高级 <input type="checkbox"/> 中级 <input type="checkbox"/> 初级 <input type="checkbox"/> 其他				职务	无
	电子邮箱	lishijun@mail.hzau.edu.cn		移动电话		18986120369	
子课题 承担 单位	单位名称	华南农业大学		单位法定代表人姓名		刘雅红	
	单位性质	大专院校		组织机构代码		124400004554165634	



	单位主管部门	广东省		隶属关系		省属	
	单位所属地区	广东省		地市(市、自治州、盟)		广州市天河区	
	通信地址	广东省广州市天河区五山路 483 号		邮政编码		510642	
	单位开户名称	华南农业大学					
	开户银行(全称)	中国工商银行股份有限公司广州五山支行		汇入地点		广东省广州市	
	银行账号	3602002609000310520		银行机构代码		102581000546	
子课题负责人	姓 名	罗文	性 别	<input checked="" type="checkbox"/> 男 <input type="checkbox"/> 女	出生日期	1988-06-14	
	证件类型	身份证	证件号码	441481198806144150			
	所在单位	华南农业大学					
	最高学位	<input checked="" type="checkbox"/> 博士 <input type="checkbox"/> 硕士 <input type="checkbox"/> 学士 <input type="checkbox"/> 其他					
	职 称	<input type="checkbox"/> 正高级 <input checked="" type="checkbox"/> 副高级 <input type="checkbox"/> 中级 <input type="checkbox"/> 初级 <input type="checkbox"/> 其他			职务	无	
	电子邮箱	luowen729@scau.edu.cn	移动电话	13710789890			



五、参加人员名单								
	姓名	单位	年龄	性别	职称/职务	责任分工	手机号	邮箱
主持人	罗文	华南农业大学	33	男	副教授	课题负责人，指导分工，数据分析，课题总结。	13710789890	luowen729@scau.edu.cn
参加人								



## 六、年度经费预算表

序号	预算科目名称	金额(万元)
	(1)	(2)
1	一、中央财政专项资金	70
2	(一) 直接费用	58.98
3	1. 设备费	0
	(1) 购置设备费	0
	(2) 设备试制/改造/租赁费	0
4	2. 业务费	46.98
5	3. 劳务费	12
6	(二) 间接费用(自动计算)	11.02
7	二、其他来源资金	0
8	三、合计	70



## 七、共同条款

签约各方共同遵守《国务院办公厅关于改革完善中央财政科研经费管理的若干意见》（国办发[2021]32号）等有关规定。

- 1.课题经费要专款专用，不得挪作它用。经费的使用要严格按照有关规定执行。若经费超支，由乙方自筹解决，但不得因此影响课题的执行。
2. 甲方根据相关规定，监督乙方经费的使用情况。凡不符合规定的开支，甲方负责提出调整意见。
3. 任务执行过程中，乙方如需调整任务，应根据有关规定，向甲方提出变更内容的申请报告，经甲方审核后逐级上报项目组织部门、科技部审定后实施。未接到正式批准书以前，双方须按原任务书履行，否则后果由自行调整的一方负责。
4. 乙方因某种原因（如：与可行性研究内容有出入、挪用经费、技术措施或某些条件不落实）致使计划无法执行，并要求中止任务，应视不同情况，部分或全部退还所拨经费；若乙方没有提出中止任务的要求，甲方根据调查情况有权提出中止任务的处理建议，经上报项目组织部门、科技部审核批准后执行。
- 5.乙方因不可抗力不能履行任务书规定的工作内容时，应及时通知甲方，并在合理期间内出具不能履行的证明。
- 6.乙方应保证课题负责人及主要承担人员的稳定，不得随意调换；如确需调换，应征得甲方同意，否则，由于人员安排问题造成课题不能正常实施，其损失由乙方负责。
- 7.课题承担单位要严格按本任务书履行承担的任务，并于每年年底前，提交课题年度执行情况总结、经费决算及下年度工作计划。如不能按期完成本年度计划指标，项目负责人会同项目执行委员会成员有权对项目进行审核、缓拨经费，直至停止合同，撤销课题处理。
8. 课题结束后，乙方应根据有关要求，向甲方提交验收申请，由甲方组织有关专家，依据任务书的内容对课题进行验收。
- 9.本课题形成的成果统一标注“国家重点研发计划经费资助”（编号**2021YFD1300100**）；SCI论文第一标注（National Key R&D Program of China, Grant No. 2021YFD1300100）。
- 10.本任务书签订各方均负有相应责任。若有争议或纠纷时，按照有关规定处理。



## 八、合同签约各方

甲方（委托方）：

华中农业大学

（公章）



单位法人：（签章）

课题负责人：（签字）

2021年12月25日

乙方（承担方）：

华南农业大学

单位（公章）



单位法人：（签章）

子课题负责人：（签字）

2021年12月29日

课题编号： 2022YFF1000201

## 国家重点研发计划 子课题任务书

子 课 题：多组学解析肉鸡“肌-脂”轴的遗传调控机理

所属专项：农业生物重要性状形成与环境适应性基础研究

所属项目：鸡高产优质高抗性状形成的分子调控网络

所属课题：鸡产肉量及肉品质性状遗传基础及分子调控网络解析

委托部门（甲方）： 东北农业大学

承担部门（乙方）： 华南农业大学

2023 年 04 月





## 填 写 说 明

- 1、任务书为课题验收的依据，其各项内容应尽可能详细填写。
- 2、课题目标要强调形成主导品种（产品、装备）、主推技术、重要标准（规程规范）、决策支持方案、知识产权等；考核指标应具体、量化、可考核。按已提交的实施方案进行填报，不得私自减少任务指标。
- 3、经费的使用应严格按有关经费管理办法执行。
- 4、开户银行及账号应是课题参加单位计财部门的开户行和账号。
- 5、本任务书要求用 A4 纸、正文四号仿宋\_GB2312。
- 6、任务书正式文本一式六份，项目主持单位两份，课题主持单位两份，课题参与单位两份。



课题名称		鸡产肉量及肉品质性状遗传基础及分子调控网络解析							
子课题名称		多组学解析肉鸡“肌-脂”轴的遗传调控机理							
所属项目		鸡高产优质高抗性状形成的分子调控网络							
所属专项		农业生物重要性状形成与环境适应性基础研究							
子课题经费预算		总需求 90 万元，其中中央财政专项资金需求 90 万元							
子课题周期节点		起始时间		2022 年 12 月		结束时间		2027 年 11 月	
		实施周期		共 60 个月		预计中期时间点		2025 年 05 月	
课题承担单位	单位名称	东北农业大学				单位法定代表人姓名	付强		
	单位性质	大专院校				组织机构代码	122300004140017248		
	单位主管部门	黑龙江省教育厅				隶属关系	地方		
	单位所属地区	黑龙江省				地市（市、自治州、盟）	哈尔滨市香坊区		
	通信地址	黑龙江省哈尔滨市香坊区长江路 600 号				邮政编码	150030		
	单位开户名称	东北农业大学							
	开户银行（全称）	中国银行股份有限公司哈尔滨香坊支行				汇入地点	黑龙江省哈尔滨市		
	银行账号	171450715430				银行机构代码	104261003401		
课题负责人	姓 名	李辉		性 别	<input checked="" type="checkbox"/> 男 <input type="checkbox"/> 女		出生日期	1963-06-01	
	证件类型	身份证		证件号码	650103196306013254				
	所在单位	东北农业大学							
	最高学位	<input checked="" type="checkbox"/> 博士 <input type="checkbox"/> 硕士 <input type="checkbox"/> 学士 <input type="checkbox"/> 其他							
	职 称	<input checked="" type="checkbox"/> 正高级 <input type="checkbox"/> 副高级 <input type="checkbox"/> 中级 <input type="checkbox"/> 初级 <input type="checkbox"/> 其他					职务	农业农村部鸡遗传育种重点实验室主任	
	电子邮箱	lihui@neau.edu.cn			移动电话		13359991416		
子课题	单位名称	华南农业大学			单位法定代表人姓名		刘雅红		



承担单位	单位性质	大专院校		组织机构代码		124400004554165634	
	单位主管部门	广东省		隶属关系		省属	
	单位所属地区	广东省		地市（市、自治州、盟）		广州市天河区	
	通信地址	广东省广州市天河区五山路 483 号		邮政编码		510642	
	单位开户名称	华南农业大学					
	开户银行（全称）	中国工商银行股份有限公司广州五山支行		汇入地点		广东省广州市	
	银行账号	3602002609000310520		银行机构代码		102581000546	
子课题负责人	姓 名	罗文	性 别	<input checked="" type="checkbox"/> 男 <input type="checkbox"/> 女	出生日期	1988-06-14	
	证件类型	身份证	证件号码	441481198806144150			
	所在单位	华南农业大学					
	最高学位	<input checked="" type="checkbox"/> 博士 <input type="checkbox"/> 硕士 <input type="checkbox"/> 学士 <input type="checkbox"/> 其他					
	职 称	<input type="checkbox"/> 正高级 <input checked="" type="checkbox"/> 副高级 <input type="checkbox"/> 中级 <input type="checkbox"/> 初级 <input type="checkbox"/> 其他			职务	无	
	电子邮箱	luowen729@scau.edu.cn	移动电话	13710789890			





## 六、年度经费预算表

序号	预算科目名称	金额（万元）
	(1)	(2)
1	一、中央财政专项资金	90
2	(一) 直接费用	72
3	1. 设备费	0
	(1) 购置设备费	0
	(2) 设备试制/改造/租赁费	0
4	2. 业务费（材料费、测试化验加工费、燃料动力费、出版/文献/信息传播/知识产权事务费）	48.6
5	3. 劳务费（会议/差旅/国际合作交流费、劳务/专家咨询费、其他支出）	23.4
6	(二) 间接费用（自动计算）	18
7	二、其他来源资金	0
8	三、合计	90





## 七、共同条款

签约各方共同遵守《国务院办公厅关于改革完善中央财政科研经费管理的若干意见》（国办发[2021]32号）等有关规定。

1. 课题经费要专款专用，不得挪作它用。经费的使用要严格按照有关规定执行。若经费超支，由乙方自筹解决，但不得因此影响课题的执行。
2. 甲方根据相关规定，监督乙方经费的使用情况。凡不符合规定的开支，甲方负责提出调整意见。
3. 任务执行过程中，乙方如需调整任务，应根据有关规定，向甲方提出变更内容的申请报告，经甲方审核后逐级上报项目组织部门、科技部审定后实施。未接到正式批准书以前，双方须按原任务书履行，否则后果由自行调整的一方负责。
4. 乙方因某种原因（如：与可行性研究内容有出入、挪用经费、技术措施或某些条件不落实）致使计划无法执行，并要求中止任务，应视不同情况，部分或全部退还所拨经费；若乙方没有提出中止任务的要求，甲方根据调查情况有权提出中止任务的建议，经上报项目组织部门、科技部审核批准后执行。
5. 乙方因不可抗力不能履行任务书规定的工作内容时，应及时通知甲方，并在合理期间内出具不能履行的证明。
6. 乙方应保证课题负责人及主要承担人员的稳定，不得随意调换；如确需调换，应征得甲方同意，否则，由于人员安排问题造成课题不能正常实施，其损失由乙方负责。
7. 课题承担单位要严格按本任务书履行承担的任务，并于每年年底前，提交课题年度执行情况总结、经费决算及下年度工作计划。如不能按期完成本年度计划指标，项目负责人会同项目执行委员会成员有权对项目进行审核、缓拨经费，直至停止合同，撤销课题处理。
8. 课题结束后，乙方应根据有关要求，向甲方提交验收申请，由甲方组织有关专家，依据任务书的内容对课题进行验收。
9. 本课题形成的成果统一标注“国家重点研发计划经费资助”（编号**2022YFF1000201**）；；SCI论文第一标注（National Key R&D Program of China, Grant No. 2022YFF1000201）。
10. 本任务书签订各方均负有相应责任。若有争议或纠纷时，按照有关规定处理。



## 八、合同签约各方

甲方（委托方）：

东北农业大学

（公章）



单位法人：（签章）



课题负责人：（签字）

2023年 4 月 23 日

李辉

乙方（承担方）：

华南农业大学

单位（公章）



单位法人：（签章）

刘雅红

子课题负责人：（签字）

2023 年 4 月 11 日

14/2





## 国家自然科学基金资助项目批准通知

罗文 先生/女士：

根据《国家自然科学基金条例》和专家评审意见，国家自然科学基金委员会（以下简称自然科学基金委）决定批准资助您的申请项目。项目批准号：31972544，项目名称：“尾对尾”式天然反义转录本在家鸡肌肉发育中的调控作用及机制研究，直接费用：58.00万元，项目起止年月：2020年01月至2023年12月，有关项目的评审意见及修改意见附后。

请尽早登录科学基金网络信息系统（<https://isisn.nsfc.gov.cn>），获取《国家自然科学基金资助项目计划书》（以下简称计划书）并按要求填写。对于有修改意见的项目，请按修改意见及时调整计划书相关内容；如对修改意见有异议，须在电子版计划书报送截止日期前向相关科学处提出。

电子版计划书通过科学基金网络信息系统（<https://isisn.nsfc.gov.cn>）上传，依托单位审核后提交至自然科学基金委进行审核。审核未通过者，返回修改后再行提交；审核通过者，打印纸质版计划书（一式两份，双面打印），依托单位审核并加盖单位公章后报送至自然科学基金委项目材料接收工作组。电子版和纸质版计划书内容应当保证一致。向自然科学基金委提交和报送计划书截止时间节点如下：

1. 提交电子版计划书截止时间为**2019年9月11日16点**（视为计划书正式提交时间）；
2. 提交电子修改版计划书截止时间为**2019年9月18日16点**；
3. 报送纸质版计划书截止时间为**2019年9月26日16点**。

请按照以上规定及时提交电子版计划书，并报送纸质版计划书，未说明理由且逾期不报计划书者，视为自动放弃接受资助。

附件：项目评审意见及修改意见表

国家自然科学基金委员会  
2019年8月16日



30

## 关于国家自然科学基金资助项目批准及有关事项的通知

### 与原件相符

罗文 先生/女士:

根据《国家自然科学基金条例》的规定和专家评审意见，国家自然科学基金委员会（以下简称自然科学基金委）决定批准资助您的申请项目。项目批准号：

31702105，项目名称：GHR基因缺失突变导致鸡肌纤维数量减少和直径变小的机制研究，直接费用：25.00万元，项目起止年月：2018年01月至2020年12月，有关项目的评审意见及修改意见附后。

请尽早登录科学基金网络信息系统（<https://isisn.nsfc.gov.cn>），获取《国家自然科学基金资助项目计划书》（以下简称计划书）并按要求填写。对于有修改意见的项目，请按修改意见及时调整计划书相关内容；如对修改意见有异议，须在计划书电子版报送截止日期前提出。**注意：请严格按照《国家自然科学基金资助项目资金管理办法》填写计划书的资金预算表，其中，劳务费、专家咨询费科目所列金额与申请书相比不得调增。**

计划书电子版通过科学基金网络信息系统（<https://isisn.nsfc.gov.cn>）上传，由依托单位审核后提交至自然科学基金委进行审核。审核未通过者，返回修改后再行提交；审核通过者，打印为计划书纸质版（一式两份，双面打印），由依托单位审核并加盖单位公章后报送至自然科学基金委项目材料接收工作组。计划书电子版和纸质版内容应当保证一致。

向自然科学基金委提交和报送计划书截止时间节点如下：

- 1、提交计划书电子版截止时间为**2017年9月11日16点**（视为计划书正式提交时间）；
- 2、提交计划书电子修改版截止时间为**2017年9月18日16点**；
- 3、报送计划书纸质版截止时间为**2017年9月26日16点**。

**请按照以上规定及时提交计划书电子版，并报送计划书纸质版，未说明理由且逾期不报计划书者，视为自动放弃接受资助。**

附件：项目评审意见及修改意见表

国家自然科学基金委员会  
生命科学部  
2017年8月17日

受理编号: c19140500000659

项目编号: 2019A1515010923

文件编号: 粤基金字(2019)20号

# 广东省基础与应用基础研究基金项目

## 合同书

项目名称: 家鸡肌肉分化诱导MyoNATs表达的机制及功能研究

项目类别: 广东省自然科学基金-面上项目

项目起止时间: 2019-10-01 至 2022-09-30

管理单位(甲方): 广东省基础与应用基础研究基金委员会

依托单位(乙方): 华南农业大学

通讯地址: 广东省广州市天河区五山路483号

邮政编码: 510642

单位电话: 020-85283435

项目负责人: 罗文

联系电话: 020-85285702



(广东科技微信公众号)

广东省基础与应用基础研究  
基金委员会  
二〇一九年制



(受理纸质材料二维码)

## 一、主要研究内容和要达到的目标

主要研究内容：

### 一、MyoNATs对家鸡肌肉生长发育的作用分析

- A. 构建MyoNATs的慢病毒过表达载体和慢病毒干扰载体，并获得相应慢病毒浓缩液；
- B. 细胞水平分析MyoNATs对肌细胞发育的作用：利用慢病毒浓缩液，在家鸡原代成肌细胞中过表达和干扰MyoNATs，检测对细胞增殖、细胞分化、细胞迁移、细胞融合、以及肌管形成数量的影响；
- C. 活体水平分析MyoNATs对肌肉生长的作用：家鸡在出生一周内肌纤维仍在发育中，肌纤维的数量和粗细仍在变动。利用慢病毒浓缩液侵染1日龄家鸡腓肠肌，检测MyoNATs对生长发育期家鸡肌纤维数量、肌纤维粗细和肌细胞融合的影响，进而确定MyoNATs对肌肉生长的作用。

### 二、MyoNATs的表达和受调控研究

- A. 确定MyoNATs在肌细胞分化融合期的表达部位：合成针对MyoNATs的FISH探针，分别在成肌细胞增殖期、分化期和融合后的肌管中进行FISH，利用激光共聚焦显微镜观察，确定肌细胞分化融合过程中，MyoNATs在肌细胞中的表达部位；
- B. 鉴定MyoNATs核心启动子区：分析各MyoNATs潜在启动子序列，启动子报告基因实验鉴定核心启动子区；
- C. 挖掘参与MyoNATs转录的调控蛋白：找出各MyoNATs核心启动子区后，设计合成针对核心启动子区的生物素标记探针，利用DNA pull-down实验结合蛋白质质谱分析，筛选出在肌细胞分化融合过程中与核心启动子结合，参与MyoNATs转录的转录因子和互作蛋白。

要达到的目标：

- (1) 揭示MyoNATs在鸡肌肉生长发育中的功能和受调控情况。
- (2) 确定“尾对尾”式天然反义转录本在细胞分化过程中存在的意义和所起的作用。
- (3) 项目完成后，预期发表高水平论文1~2篇（至少1篇IF>5或一区ESI论文）。
- (4) 培养研究生1~2名。



## 二、研究成果及形式

论文及专著情况	国家统计源刊物以上刊物 发表论文（篇）		2		科技报告（篇）		1	
	专著（册）		0					
专利情况(项)	发明专利		实用新型专利		外观设计专利		国外专利	
	申请	授权	申请	授权	申请	授权	申请	授权
	2	1	0	0	0	0	0	0

## 三、项目进度和阶段目标

1. 项目起止时间： 2019-10-01 至 2022-09-30		
2. 项目实施进度及阶段主要目标：		
开始日期	结束日期	主要工作内容
2019-10-01	2019-12-31	FISH检测MyoNATs在肌肉细胞中的表达位置。
2020-01-01	2020-12-31	(1) 细胞水平和活体水平检测MyoNATs对鸡肌肉生长发育的作用。 (2) 项目组成员参加“全国畜禽遗传标记学术研讨会”，与同行交流研究工作进展，听取相关意见并进行改善。
2021-01-01	2021-12-31	(1) 分析和确定各MyoNATs的核心启动子序列。 (2) 挖掘和分析与各MyoNATs核心启动子序列相结合，并参与MyoNATs转录的调控蛋白。
2022-01-01	2022-09-30	(1) 综合各部分结果，分析和总结MyoNATs在家鸡肌肉分化中的功能和受调控情况，描述MyoNATs在细胞分化期诱导转录的受调控机制。 (2) 整理数据和实验结果，进行SCI论文撰写和投稿，并进行项目总结和验收，提交结题报告。

## 四、项目总经费及省基金委经费预算

1. 省基金委经费下达总额：（大写）壹拾万圆整；（小写）10万元；					
2. 省基金委经费年度下达计划：					
年度	2019 年	年	年	年	年
经费(万元)	10.00				
3. 总经费及省基金委经费开支预算计划：					
经费筹集情况：					(单位：万元)
省基金委经费	自筹资金				合计
	自有资金	贷款	地方政府投入	其它	
10.00				0	10.00
政府部门、境外资金及其他资金投入情况说明：					

(1) 依托单位是项目资金管理的责任主体，项目负责人是项目资金使用的直接责任人；

(2) 面上项目经费试点实施“包干制”，不需填报经费开支具体科目预算；

(3) 经费支出应实际用于项目研究支出，直接经费支出不设科目比例限制，间接经费支出比例按照省级财政科研项目资金管理有关规定执行；

(4) 项目结题验收须提交经费决算表，不得列支基建费；

(5) 港澳依托单位承担的面上项目，经费开支标准按照依托单位科研经费管理有关规定执行。

## 五、人员信息

## 项目负责人

姓名	证件号码	年龄	性别	职称	学历	在项目中承担的任务	所在单位	签名
罗文	441481198806144150	31	男	副教授	博士研究生	项目负责人	华南农业大学	

## 项目组主要成员

姓名	证件号码	年龄	性别	职称	学历	在项目中承担的任务	所在单位	签名
张细权	440106196305161992	56	男	教授	博士研究生	指导实验方案，分析实验结果	华南农业大学	
刘满清	320102197709204620	42	女	高级实验师	硕士研究生	确定MyoNATs核心启动子序列及相关结合蛋白	华南农业大学	
张梓豪	441900199308100175	26	男	未取得	硕士研究生	MyoNATs过表达和干扰慢病毒载体和浓缩液制备	华南农业大学	
任团辉	411626198911137738	30	男	未取得	硕士研究生	MyoNATs在肌肉细胞分化过程中的定位	华南农业大学	
陈庚华	441323199512161057	24	男	未取得	本科	MyoNATs对鸡活体骨骼肌生长发育的影响	华南农业大学	
吴静文	352231199302090629	26	女	未取得	本科	MyoNATs对鸡成肌细胞增殖、分化、迁移和融合的影响	华南农业大学	



## 六、依托单位与合作单位的合作协议

承担/参与单位名称 (盖章)	工作分工	总经费分摊 (万元)	省基金委经费分配 (万元)
华南农业大学			
	合计		

## 七、合同条款

第一条 甲方与乙方根据《中华人民共和国合同法》及国家有关法规和规定，为顺利完成（2019）年家鸡肌肉分化诱导MyoNATs表达的机制及功能研究 专项项目（文件编号： 粤基金字（2019）20号）经协商一致，特订立本合同，作为甲乙双方在项目实施管理过程中共同遵守的依据。

第二条 甲方的权利义务：

1. 按合同书规定进行经费核拨的有关工作协调。
2. 根据甲方需要，在不影响乙方工作的前提下，定期或不定期对乙方项目的实施情况和经费使用情况进行检查或抽查。
3. 根据《广东省科技计划项目信用管理办法(试行)》对乙方进行科技计划信用管理。

第三条 乙方的权利义务：

1. 确保落实自筹经费及有关保障条件。
2. 按合同书规定，对甲方核拨的经费实行专款专用，单独列账，并随时配合甲方进行监督检查。
3. 使用财政资金采购设备、原材料等，按照《广东省实施〈中华人民共和国招标投标法〉办法》有关规定，符合招标条件的须进行招标。
4. 项目合同任务完成后，或合同书规定的任务、指标及经费投入等提前完成的，乙方可按照《广东省省级科技计划项目结题管理实施细则（试行）》提出验收结题申请，并按甲方要求做好项目验收结题工作。
5. 若项目发生需要终止结题的情况，乙方须按照《广东省省级科技计划项目结题管理的实施细则（试行）》提出终止结题申请，并按甲方要求做好项目终止结题工作。
6. 在每年规定时间内向甲方如实提交上年度工作情况报告，报告内容包含上年度项目进展情况、经费决算和取得的成果等。
7. 按照国家和省有关规定，提交科技报告及其他材料。
8. 利用甲方的经费获得的研究成果，项目负责人和参与者应当注明获得“广东省基础与应用基础研究基金（英文：Guangdong Basic and Applied Basic Research Foundation）（项目编号）”资助或作有关说明。
9. 乙方要恪守科学道德准则，遵守科研活动规范，践行科研诚信要求，不得抄袭、剽窃他人科研成果或者伪造、篡改研究数据、研究结论；不得购买、代写、代投论文，虚构同行评议专家及评议意见；不得违反论文署名规范，擅自标注或虚假标注获得科技计划（专项、基金等）等资助；不得弄虚作假，骗取科技计划（专项、基金等）项目、科研经费以及奖励、荣誉等；不得有其他违背科研诚信要求的行为。
10. 确保本项目开展的研究工作符合我国科研伦理管理相关规定。

第四条 在履行本合同的过程中，如出现广东省相关政策法规重大改变等不可抗力情况，甲方有权对所核拨经费的数量和时间进行相应调整。

第五条 在履行本合同的过程中，当事人一方发现可能导致项目整体或部分失败的情形时，应及时通知另一方，并采取适当措施减少损失，没有及时通知并采取适当措施，致使损失扩大的，应当就扩大的损失承担责任。

第六条 本项目技术成果的归属、转让和实施技术成果所产生的经济利益的分享，除双方另有约定外，按国家和广东省有关法规执行。

第七条 根据项目具体情况，经双方另行协商订立的附加条款，作为本合同正式内容的一部分，与本合同具有同等效力。

第八条 本合同一式三份，各份具有同等效力。甲、乙方及项目负责人各执一份，三方签字、盖章后即生效，有效期至项目结题后一年内。各方均应负合同的法律责任，不应受机构、人事变动的影响。

第九条 乙方必须接受甲方聘请的本项目合同监理单位的监督和管理。监理单位按照甲方赋予的权利对本项目合同的履行进行审核、进度调查，对项目合同变更、经费使用情况进行监督管理及组织项目验收。

说明：1. 本合同书中，凡是当事人约定无需填写的内容，应在空白处划（/）。

2. 委托代理人签订本合同书的，应出具合法、有效的委托书。



## 八、本合同签约各方

管理单位（甲方）：广东省基础与应用基础研究基金委员会（盖章）

法定代表人（或法人代理）：\_\_\_\_\_（签章）

年 月 日

依托单位（乙方）：华南农业大学（盖章）

法定代表人（或法人代理）：刘雅红\_\_\_\_\_（签章）

联系人（项目主管）姓名：郑鹏\_\_\_\_\_（签章）

Email: kjcgxk@scau.edu.cn

电话：020-85283435 / 13560344902

开户单位名称：华南农业大学

开户银行名称：广东广州工行五山支行

开户银行帐号：3602002609000310520

年 月 日

联系人（项目负责人）姓名：罗文（签名）

Email: luowen729@scau.edu.cn

电话：020-85285702

年 月 日

# 广东省重点领域研发计划项目 任务书

项目名称：广东鹅精准育种技术研究及高繁优质新品种（品系）  
培育

项目计划类别：现代种业

项目编号：2020B020222003

研究任务承担单位（甲方）：仲恺农业工程学院

负责人：田允波

研究分任务承担单位（乙方）：华南农业大学

负责人：罗文

起止年限：2020年01月01日—2023年12月31日

<b>一、研究任务主要内容</b>		
协助项目组，生长性状功能基因挖掘及验证。		
<b>二、任务考核指标</b>		
①发表论文 2-3 篇；②申报专利 1 项；③培养人才 2-3 人。		
<b>三、任务进度安排、阶段目标</b>		
年度	年度工作内容	阶段目标
2020 年	选取不同发育阶段种鹅、以及生长性能两尾样，进行全转录组测序。	完成种鹅生长性状相关样品转录组测序。
2021 年	利用表型数据、转录组测序和全基因组 SNP，挖掘与种鹅生长性状显著关联的 SNP 标记和候选基因。	完成种鹅生长性状功能基因的挖掘；发表论文 1 篇。
2022 年	构建调控种鹅生长性状的基因互作网络。利用体外细胞实验进行功能基因验证。	完成种鹅生长性状基因互作网络构建；完成种鹅生长性状功能基因的验证；发表论文 1 篇。
2023 年	分析与种鹅早期体重和饲料转化效率相关的功能基因、SNP 和基因互作网络，总结影响种鹅生长的主效基因、SNP 和通路。  开展项目总结，并进行验收。	申报专利 1 项；项目顺利结题。



#### 四、团队研究人员

研究任务团队负责人

姓 名	性别	年龄	技术职称	学历	所在单位	从事专业
罗文	男	32	副教授	博士	华南农业大学	动物遗传育种与繁殖

团队成员

徐海平	女	38	副研究员	博士	华南农业大学	动物遗传育种与繁殖
张梓豪	男	27	无	硕士	华南农业大学	动物遗传育种与繁殖
余家奥	女	24	无	学士	华南农业大学	动物遗传育种与繁殖
殷允谦	男	23	无	学士	华南农业大学	动物遗传育种与繁殖

#### 五、项目经费预算

单位：万元

	合计	专项经费	自筹经费	用途说明
经费支出				
1. 直接费用				
(1) 设备费				
(2) 材料费	11.3	11.3		主要包括种鹅生长及饲料转化率等性状功能基因验证过程中所需的实验动物 2 万元、实验试剂、实验耗材等 9.3 万元，共计 11.3 万元。
(3) 测试化验加工外协费	24.2	24.2		主要用于种鹅全转录组测序、三代全长转录本测序，全转录组测序技术价格按 8000 元/个，体重两尾样和饲料转化效率两尾样种鹅每尾混合样一个，共需 8000 元×4=3.2 万元；三代全长转录本测序技术价格按 10000 元/个，体重两尾样和饲料转化效率两尾样种鹅各 5 只，共需经费 10000×20=20 万元；DNA 合成及普通测序等共需经费 1 万元。
(4) 燃料动力费				
(5) 差旅费/会议费/	6.8	6.8		省内差旅按每人每次 0.1 万元，

国际合作与交流费				国内差旅费按每人每次 0.5 万元；项目实施期预计每年省内差旅 7 人次，国内差旅 2 人次，共计经费 6.8 万元。
(6) 出版/文献/信息传播/知识产权事务费	3.5	3.5		发明专利按 1 万元/件，1 件共计 1 万元；文章发表版面费按 1 万元/篇，2 篇共计 2 万元；材料打印与装订、信息查询等共计 0.5 万元。
(7) 劳务费	11.2	11.2		博士研究生及临时聘用人员劳务费 (2 人×1 万元/年/人×4 年=8 万元)；硕士研究生劳务费 (1 人×0.8 万元/年/人×4 年=3.2 万元)。
(8) 专家咨询费				
(9) 直接经费其他支出				
2. 间接费用	3	3		按 5% 计，60 万元计 3 万元。
(1) 管理成本				
(2) 绩效支出				
3. 其他支出费用				
合计	60	60		

## 六、合约条款

甲方（承担单位）：仲恺农业工程学院

乙方（参加单位）：华南农业大学

甲乙双方根据项目管理单位（广东省科技厅）与甲方签订的广东省重点领域研发计划项目（项目编号：2020B020222003）任务书要求，课题承担单位甲方与参加单位乙方签订本合约，作为甲乙双方在项目执行中共同遵守的依据。

1. 甲方应按协议书规定进行经费核拨和工作协调，乙方对甲方核拨经费应实行专款专用，单独列帐。



2.乙方必须于按甲方要求及时提供当年年度研究报告和编报年度计划，交甲方汇总后，及时上报广东省科技厅。如广东省科技厅临时组织项目检查或其他特殊情况，乙方应予以配合完成，及时提供汇报材料等。

3.任务执行过程中，乙方如需调整任务，应根据广东省科技攻关计划管理办法（简称“办法”，下同）中有关规定，向甲方提出变更内容及其理由的申请报告，经甲方审核后报广东省科技厅审定后实施。未经接到正式批准书以前，双方必须按原任务书履行，否则后果由自行调整的一方负责。

4.乙方因某种原因（如：与可行性研究内容有出入、挪用经费、技术措施或某些条件不落实）致使计划无法执行，而要求终止任务，应视不同情况，部分、全部退还所拨经费；如乙方没有提出终止任务的要求，甲方可根据调查情况有权提出终止任务的处理建议，报广东省科技厅审核批准后执行。

5.任务执行过程中，甲方提出变更协议书有关内容时，要与乙方协商，并报广东省科技厅备案后实行。

6.乙方违反约定造成项目停滞、延误或失败，未能通过验收，应承担违约责任。

7.本项目实施过程中发表的相关文章、论著等签约各方必须注明受“广东省重点领域研发计划资助（项目编号：2020B020222003）

（Key-Area Research and Development Program of Guangdong Province）支持。



8.本项目技术成果的归属、转让和实施技术成果所产生的经济利益的分配：双方独立取得的成果，可自行开发、转让，并完全受益；双方合作完成部分则由双方共同开发、转让和收益，受益分配比例根据具体情况协商。

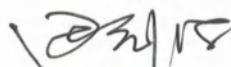
9.本协议书签订各方均负有相应的责任。若有争议或纠纷时，按广东省科技管理办法有关条款处理。

10.任务书正式文本一式四份，其中项目总负责人一份、甲方科技管理部门一份，乙方项目负责人一份、乙方的科技管理部门一份。

## 七、签约各方签章

项目承担单位（甲方）：仲恺农业工程学院（盖章）

甲方负责人：



（签章）

甲方账 户 名：仲恺农业工程学院

甲方账 号：44001430409050222448

甲方开户银行：中国建设银行广州滨江中支行

年 月 日

项目参加单位（乙方）：华南农业大学（盖章）

乙方负责人：



（签章）

乙方账 户 名：华南农业大学

乙方账 号：3602002609000310520

乙方开户银行：广东广州工行五山支行

2020年 7 月 2 日

项目编号: 2020B020222003



## 广东省重点领域研发计划项目验收书

项目名称:	广东鹅精准育种技术研究及高繁优质新品种（品系）培育
下达文件编号:	粤科资字（2020）76号
专项名称:	现代种业
牵头承担单位一 （盖章）:	仲恺农业工程学院
牵头承担单位二 （盖章）:	
验收形式:	现场验收
组织验收单位 （专业机构）:	广东省科技厅
验收日期:	2024-08-22

广东省科学技术厅  
二〇二一年制



## 一、项目基本信息

项目名称	广东鹅精准育种技术研究及高繁优质新品种（品系）培育		
专项名称	现代种业		
牵头承担单位一 (盖章)	仲恺农业工程学院		
牵头承担单位二 (盖章)			
参与单位1	中国农业大学		
参与单位2	华南农业大学		
其他参与单位	广东省农业科学院动物科学研究所、汕头市白沙畜禽原种研究所、汕尾市绿丰源现代农业发展有限公司		
项目支持金额	600万元		
项目执行期	2020-01-01 至 2023-12-31		
项目负责人一	田允波	联系电话	13902246259
项目负责人二		联系电话	
项目联系人	黄运茂	手机	18998339566
通信地址	广东省广州市海珠区仲恺路501号		
邮政编码	510225		
验收日期	2024-08-22		

## 二、项目研究内容、研究方法及技术路线、主要创新点（任务书内容）

## （一）项目研究内容

## （一）主要内容

## 1、种鹅性能自动跟踪设备及环境因子智能监测系统研发

项目利用互联网和多源信息感知、融合等技术开展对种鹅养殖过程中种鹅的产蛋性能进行跟踪、采食和饮水量、频率、时间、及个体重量进行实时数据采集，为种鹅性能评估及品系的选育提供基础数据支撑。建立基于物联网的种鹅养殖环境因子监测—调控一体化支撑平台。实现养殖环境因子定量精准监测记录与精准调控。其中监测包括：光照度、温湿度、粉尘、噪音、空气质量（室外气象、室内CO<sub>2</sub>、NH<sub>3</sub>、H<sub>2</sub>S等）、及高清视频（图像）采集。

## 2、种鹅全基因组SNP获取及基因组选育平台构建

构建狮头鹅、马岗鹅两个鹅群母系核心群，主要记录每只种鹅的生长性状、采食性状、繁殖性状等。参考群体所有个体利用illumina 10X测序平台对种鹅开展测序，每只鹅测序深度5X。利用bowtie2、GATK等软件开序列比对与SNP等变异检测，从而构建鹅表型-基因型数据库。开展鹅不同性状优化基因组选择模型研究，提供鹅不同性状的基因组选择方案，建立鹅基因组选择技术标准，构建鹅基因组选择平台。

## 3、种鹅生长和繁殖性状功能基因的挖掘及验证

结合种鹅性能自动跟踪设备记录的表型数据和种鹅全基因组SNP获取结果，利用全基因组关联分析挖掘与种鹅早期体重、饲料利用率及繁殖性状的显著关联SNP标记和候选基因。选取不同发育阶段种鹅、同一时期体重两尾样和饲料转化效率两尾样种鹅，利用全转录组测序结合三代全长转录本测序技术，挖掘与种鹅肌肉生长、营养吸收和代谢紧密关联的主效基因，构建调控种鹅体重和饲料转化效率的基因互作网络。以体外细胞实验，结合活体感染慢病毒方法，共同验证相关候选SNP和功能基因对种鹅体重和营养代谢效率的作用。开展具有代表性个体的下丘脑-垂体-靶器官等重要组织的编码和非编码RNA全转录组高通量深度测序，研究这些组织基因的表达变异和表达调控及其与影响繁殖的内分泌调节关系；在体外细胞水平上开展相关重要基因或非编码RNA的功能验证工作。

## 4、狮头鹅、马岗鹅新品种（品系）培育

组建以生产性能和饲料利用率为侧重点的父系基础群和以繁殖性能为侧重点母系基础群，父系和母系各组建60个家系，每家系6只鹅（♂:♀=1:5）。分家系单独饲养管理，母系基础群及后代核心群均开展基因组测序（5X）。父系开展表型和BLUP结合的选育，母系开展基因组选育，同时通过功能基因标记辅助父系和母系的选育。通过群体继代选育，建立生长速度和饲料利用率显著提高的父系和繁殖性能明显提高的母系。

## 5、狮头鹅、马岗鹅各自两系配套生产系统的推广应用

将选择的父系和母系开展正反交测定，筛选最佳配套组合，分别建立两系配套的狮头鹅、马岗鹅杂交配套生产体系。将获得的狮头鹅、马岗鹅两系配套的父母代进行良种推广，促进鹅业发展。

## （二）研究方法及技术路线



**(1) 研究方法**

- ① 本项目采用互联网和多源信息感知、融合等技术研发种鹅表观性状自动跟踪与记录系统和养殖环境智能监测系统；
- ② 利用illumina 10X测序平台对母系种鹅开展测序，然后利用bowtie2、GATK等软件开序列比对与SNP等变异检测，从而构建种鹅表型-基因型数据库。
- ③ 利用Fortran语言编写种鹅基因组选育平台，建立种鹅基因组选育技术标准。
- ④ 利用全基因组关联分析和转录组测序挖掘与种鹅早期体重、饲料利用率及繁殖性状的显著关联SNP标记和候选基因，然后利用体外细胞试验验证其功能。
- ⑤ 利用群体继代选育法，培育高繁殖性能和高饲料报酬的种鹅新品种（品系），将选择的父系和母系开展正反交测定，筛选最佳配套组合，从而最终分别建立狮头鹅、马岗鹅杂交配套生产体系。

**(2) 技术路线**

本项目实施技术路线由以下5部分组成（可行报告“技术路线图”）：

- ① 表观性状跟踪设备（产蛋跟踪系统、计料跟踪系统及饮水系统）与环境监测系统设计开发并试制，并生产试用和完善。鹅BLUP和基因组遗传评估系统开发。
- ② 利用资源群体通过表观选择组建狮头鹅和马岗鹅的父系和母系选育基础群（F0），按家系管理并跟踪表观性状，母系开展基因组测序（5X）。
- ③ 开展继代选育，父系采用表型选择和BLUP选择相结合，组建父系核心群（PF1）；母系通过基因组选择技术，组建母系核心群（MF1）。按家系管理并跟踪F1代表观性状，母系开展基因组测序（5X）。利用表型数据、转录组测序和全基因组SNP，挖掘种鹅早期体重、饲料利用及繁殖等性状的显著关联SNP标记和候选基因。
- ④ 继续继代选育，父系采用表型选择和BLUP选择相结合，组建父系核心群（PF2）；母系通过基因组选择技术，组建母系核心群（MF2）。按家系管理并跟踪F2代表观性状，母系开展基因组测序（5X）。利用体外细胞实验进行功能基因验证，并辅助种鹅选育。
- ⑤ 继续开展继代选育，父系采用表型选择和BLUP选择相结合，组建父系核心群（PF3）；母系通过基因组选择技术，组建母系核心群（MF2）。展F2父系和母系的配合力测定，筛选最佳配套组合，并推广应用。按家系管理并跟踪F3代表观性状，为后续继代选育打下基础。

**(三) 主要创新点内容**

(1) 目前，鹅因易敏感和无法笼养导致难以准确记录表观性能，从而缺少育种工作的关键基础-生产数据。这导致种鹅育种体系缺失，育种水平远远落后于奶牛、猪、鸡、鸭等物种。本项目研发的种鹅性状自动跟踪与记录系统（产蛋跟踪系统、计料跟踪系统及饮水系统）可在种鹅不受到干扰情况下自动获得表型数据，解决鹅因易敏感和无法笼养无法获取准确数据的难题。除了准确记录表型数据外，本项目研发的养殖环境智能监测系统可准确记录种鹅所处的环境条件，可提出表型中环境的影响。种鹅准确的表型和环境记录可为种鹅精准育种提供基础数据，可加速种鹅育种工作的进展。

(2) 本项目根据父系和母系所选育性状的不同，采用不同的选育方法挑选父系和母系核心群。父系目标性状（生长性状和饲料利用率）属于中高遗传力性状，本项目采用经典育种方法（表型+BLUP）对父系进行选育。母系目标性状（繁殖性状）属于低遗传力性状，本项目采用基因组选育对母系进行选育。同时本项目将挖掘、验证与种鹅生长和繁殖相关的功能基因，将功能基因辅助父系和母系育种工作。以上工作将形成一套成本适中、育种准确性高的种鹅精准育种体系。

(3) 本项目最终形成以生长速度快为特色父系和以繁殖力强为特色母系。项目实施完后，保证种鹅（狮头鹅和马岗鹅）外貌体型应符合原品种标准，群体整齐度高；体型大小、日增重、饲料转化率、产蛋量、受精率和孵化率等指标均得到明显提高。这一定程度上解决种鹅品种性能差，市场无主导品种的问题。狮头鹅、马岗鹅两系配套生产系统的推广应用将为广东乃至全国鹅产业带来巨大的经济效益。



## 三、项目研究内容、研究方法及技术路线、主要创新点（完成情况）

## （一）项目研究内容

## 1、种鹅性能自动跟踪设备及环境因子智能监测系统研发

项目利用互联网和多源信息感知、融合等技术已研发种鹅产蛋智能跟踪设备和计料称重设备，可对种鹅养殖过程中种鹅的产蛋性能进行跟踪、采食和饮水量、频率、时间、及个体重量进行实时数据采集。已研发养殖环境因子监测-调控一体化设备，实现养殖环境因子（如光照、温湿度）定量精准监测记录与精准调控。

## 2、种鹅全基因组SNP获取及基因组选育平台构建

构建狮头鹅、马冈鹅两个鹅种资源群，对每只鹅进行二代基因组测序（10X），测定每只种鹅的生长、繁殖等性状表型。利用Trimmomatic、bwa、samtools、GATK、bcftools等软件开展序列对比与SNP位点检测，获得全基因组SNP位点，构建鹅表型-基因型数据库。开发鹅基因组选择平台，制定鹅基因组选择相关应用标准，开展狮头鹅、马冈鹅群体不同性状基因组选择预测准确性的研究。

## 3、种鹅生长和繁殖性状功能基因的挖掘及验证

利用狮头鹅、马冈鹅表型-基因型数据库，开展上市体重体尺性状与全基因组SNP间的关联分析，挖掘与上市体重体尺性状显著关联的SNP标记和候选基因。开展广东地方鹅肌纤维特性分析，mRNA和lncRNA联合分析发现影响鹅成肌细胞增殖分化的相关基因、可变剪切体和互作调控通路；肌肉代谢组和蛋白质组学分析发现影响狮头鹅和乌鬃鹅产肉量差异的关键代谢物，多组学分析发现热应激影响鹅肌肉生长和肉质风味的分子机理。开展高低繁殖力鹅种群体全基因组选择印记分析，挖掘与鹅繁殖相关的候选基因；开展家禽繁殖关键基因TSHR驯化过程中的趋同性与趋异性研究。

## 4、狮头鹅、马岗鹅新品种（品系）培育

组建以生长性能和饲料利用率为侧重点的父亲基础群和以繁殖性能为侧重点母亲基础群，父系和母系各组建30个家系，每家系6只鹅（♂:♀=1:5）。分家系单独饲养管理。通过群体继代选育，父系和母系核心群均已选育至F3代。父系核心群生长速度和饲料利用率得到显著提高，母系核心群的产蛋数等繁殖性能得到明显提高。

## （二）研究方法及技术路线

## （1）研究方法

①利用互联网和多源信息感知、融合等技术研发鹅产蛋、计料称重和环境因子检测调控等3项智能跟踪设备。

②利用illumina 10X测序平台开展测序，然后利用bowtie2、GATK等软件开序列比对与SNP等变异检测，从而构建种狮头鹅、马冈鹅表型-基因型数据库。

③基于PHP语言编写的开源内容管理框架构建基因组选择平台的系统后端；对于前端部分，HTML用于定义页面结构，CSS用于美化页面样式，JavaScript用于实现页面交互效果。

④利用全基因组关联分析、全基因组选择信号、转录组、代谢组等方法挖掘影响鹅生长和繁殖性状的分子标记和候选基因。

⑤基于选育家系的表型信息选留优秀种鹅；通过群体继代选育技术开展父系和母系核心群的选育工作。

## （2）技术路线

本项目实施技术路线由以下5部分组成（项目总结报告“技术路线图”）：

①表观性状跟踪设备（产蛋跟踪系统、计料跟踪系统及饮水系统）与环境监测系统设计开发并试制，并生产试用和完善。鹅BLUP和基因组遗传评估系统开发。

②利用资源群体通过表观选择组建狮头鹅和马岗鹅的父亲和母亲选育基础群（F0），按家系管理并跟踪表观性状，母系开展基因组测序（5X）。

③开展继代选育，父系采用表型选择和BLUP选择相结合，组建父系核心群（PF1）；母系通过基因组选择技术，组建母系核心群（MF1）。按家系管理并跟踪F1代表观性状，母系开展基因组测序（5X）。利用表型数据、转录组测序和全基因组SNP，挖掘种鹅早期体重、饲料利用及繁殖等性状的显著关联SNP标记和候选基因。

④继续继代选育，父系采用表型选择和BLUP选择相结合，组建父系核心群（PF2）；母系通过基因组选择技术，组建母系核心群（MF2）。按家系管理并跟踪F2代表观性状，母系开展基因组测序（5X）。利用体外细胞实验进行功能基因验证，并辅助种鹅选育。

⑤继续开展继代选育，父系采用表型选择和BLUP选择相结合，组建父系核心群（PF3）；母系通过基因组选择技术，组建母系核心群（MF2）。按家系管理并跟踪F3代表观性状，为后续继代选育打下基础

## （三）主要创新点内容

(1) 目前, 鹅因易敏感和无法笼养导致难以准确记录重要经济性状表型, 从而缺少育种工作的关键基础-生产数据。本项目已研发自动跟踪与记录系统(产蛋跟踪系统和计料跟踪系统)可在种鹅不受到干扰情况下自动获得表型数据, 解决鹅因易敏感和无法笼养无法获取准确数据的难题。除了准确记录表型数据外, 本项目也研发出养殖环境智能监测系统可准确记录种鹅所处的环境条因子。表型和环境因子准确记录可为种鹅精准育种提供基础数据, 加速种鹅育种工作进展。

(2) 目前, 品种性能低下和良繁体系缺失成为广东鹅业发展的瓶颈, 阻碍了鹅种质资源开发利用和鹅业发展。先进分子育种技术, 尤其基因组选择应用于种鹅选育工作, 将会大大提高种鹅生产性能, 缩短与国内其他畜禽育种水平的差距。本项目已开发鹅基因组选择计算平台和制定鹅基因组选择应用标准, 同时同时本项目已挖掘、验证与种鹅生长和繁殖相关的4~5个功能基因, 辅助鹅的分子育种。以上工作将形成一套成本适中、育种准确性高的种鹅精准育种体系

(3) 本项目形成以生长速度快为特色父系和以繁殖力强为特色母系。项目实施完后, 保证种鹅(狮头鹅和马冈鹅)外貌体型应符合原品种标准, 群体整齐度高; 体型大小、日增重、饲料转化率、产蛋量、受精率和孵化率等指标均得到明显提高。这一定程度上解决种鹅品种性能差, 市场无主导品种的问题, 可为广东乃至全国鹅产业带来巨大的经济效益。

#### 四、项目获得的成果

1. 研发种鹅产蛋和计料称重智能跟踪设备各1套，建立种鹅养殖环境因子监测-调控一体化平台1个。
2. 建立狮头鹅和马冈鹅表型-基因型数据库各1个。研发鹅基因组选择计算平台1个，制定基因组选择技术标准2个。挖掘验证与鹅生长和繁殖性状相关的关键基因各2个。
3. 创制鹅育种新素材或新品系4个，构建核心育种群体，培育鹅高繁殖和高饲料报酬的优质新品种2个，其中狮头鹅从年产20只鹅苗增加至25只以上。示范推广鹅优质新品种5万套以上。
4. 发表论文14篇，其中SCI文章9篇，中文核心3篇，普刊2篇，申请发明专利17件（其中授权2件）和授权实用新型专利6件，获计算机软件著作权7件。



## 五、项目技术成果应用情况

近年来广东鹅业发展迅速，产业化趋势日益明显，品种性低下和良繁体系缺失成为鹅业发展的瓶颈。现代禽业育种中，国内外都在通过建立表型-基因信息数据库，构建参考资源群，发掘重要优异基因或标记，研发基因组选择技术。鹅业需要紧跟科技进步的步伐，抓住育种技术全新发展的机遇期，研发以基因组选择技术为主体的精准育种技术，使鹅业的发展奋起直追，做大做强，做出特色。尤其，鹅因易敏感和无法笼养导致难准确监测个体生产性能，本项目需借助现代信息技术手段研发智能监测设备，对鹅只的产蛋、采食、体重、饮水及频率、时间等进行实时数据采集，为专门化品系选育、配套系配合力测定及鹅表型-基因型数据库提供支撑。

## 六、项目验收指标

(一) 技术及成果指标						
1. 核心考核指标完成情况						
	任务书内容			完成情况		
序号	成果名称	成果类型	验收指标	成果名称	成果类型	验收指标
1	种鹅表观性状自动跟踪与记录系统	新产品, 软件	论文2-3篇; 申报专利1~2项; 表型测定系统1个	种鹅表型自动跟踪记录系统	新产品, 软件	论文2篇, 申报专利5项, 产蛋、计料称重自动跟踪设备各1个
2	养殖环境监测系统	新产品, 软件	论文1-2篇; 申报专利1-2项; 环境监测平台1个	养殖环境监测系统	新方法, 软件	论文1篇, 申报专利3项, 环境监测平台1个
3	种鹅生长和繁殖功能基因	新产品, 新方法	挖掘、验证功能基因2-3个; 申报专利2项; 论文3-5篇	鹅生长和繁殖功能基因	新产品, 新方法	挖掘、验证功能基因3~4个; 申报专利3项, 论文10篇
4	种鹅基因组选育平台	新技术, 数据库, 软件	论文1-2篇; 申报专利1项; 鹅表型-基因型数据库、基因组选择技术平台及技术标准各1个	肉鹅基因组选择计算平台	新技术, 数据库, 软件	论文3篇, 申报专利2项; 狮头鹅、马冈鹅表型-基因型数据库各1个, 基因组选择计算平台1个, 技术标准2个
5	鹅新品种(品系)	新品种	马岗鹅和狮头鹅两系配套各1个	狮头鹅和马冈鹅高繁系和快大系	新品种	狮头鹅、马冈鹅高繁系和快大系各1个
2. 高水平知识产权指标						
	任务书内容			完成情况		
序号	内容	类型	成果状态	内容	类型	成果状态
1	种鹅表观性状自动跟踪与记录系统	国内发明专利	受理	一种自适应权重的多视图判别方法	国内发明专利	受理
2	养殖环境监测系统	国内发明专利	受理	一种养殖舍环境监测取样设备	国内发明专利	受理
3	种鹅生长和繁殖功能基因	国内发明专利	受理	RPL38基因在肉鹅产肉性状选育中的应用	国内发明专利	受理
4	种鹅基因组选育平台	国内发明专利	受理	一种基于 SNP 芯片的阈性状基因组育种值估计方法及应用	国内发明专利	受理

5	鹅新品种（品系）	国内发明专利	受理	家禽 SNP 分子标记选择及其应用	国内发明专利	受理
3. 技术就绪度提升指标						
项目完成时技术就绪度等级（任务书内容）				项目完成时技术就绪度等级（完成情况）		
8级				8级		
4. 科技报告考核指标						
任务书内容			完成情况			
序号	报告类型	提交时间	报告类型	提交时间		
1	验收前撰写的最终科技报告	2023-12	最终报告	2024-05		
5. 参考指标						
①任务书内容						
以上各指标已详尽提到						
②完成情况						
<p>截止到目前，本项目已实施四年，项目合同各项指标都已经完成，具体的成果产出为：研发种鹅产蛋和计料称重智能跟踪设备各1套，建立种鹅养殖环境因子监测-调控一体化平台1个；建立狮头鹅和马冈鹅表型-基因型数据库各1个。研发鹅基因组选择计算平台1个，制定基因组选择技术标准2个。挖掘验证与鹅生长和繁殖性状相关的关键基因各2个；创制鹅育种新素材或新品系4个，构建核心育种群体，培育鹅高繁殖和高饲料报酬的优质新品种2个，其中狮头鹅从年产20只鹅苗增加至25只以上。示范推广鹅优质新品种5万套以上。发表论文14篇，其中SCI文章9篇，中文核心3篇，普刊2篇。申请发明专利17件（其中授权2件）和授权实用新型专利6件，获计算机软件著作权7件。</p>						
（二）项目经济指标及社会效益						
任务书内容			完成情况			
累计新增销售收入（万元）：		1000.00	累计新增销售收入（万元）：		258.43	
累计新增利税（万元）：		0	累计新增利税（万元）：		0	
（三）项目其他经济指标及社会效益说明，包括攻克核心关键技术、“卡脖子”技术等内容						
①任务书内容						



世界90%以上的鹅在我国，广东是养鹅第一大省，虽种质资源丰富，拥有狮头鹅、马岗鹅、阳江鹅、乌鬃鹅四大优秀鹅种，但由于长期发展滞后，至今没有良繁体系，缺乏现代育种技术，种鹅选留直接从肉鹅中挑，这导致品种性能差，杂化严重，品种存在退化甚至濒临消失的风险。繁殖性能差、生长速度慢、饲料转化率低是广东鹅的突出问题，成为限制广东鹅业发展和竞争力的“卡脖子”关键技术问题。本项目所培育的狮头鹅、马岗鹅新品系包括以生长性能突出的父系和以繁殖性能突出的母系。利用父系公本和母系母本的两系杂交配套生产体系，年产蛋数、肉鹅上市体重及饲料利用率较之前具有显著提高，饲料成本显著降低。本项目的实施不仅在种鹅养殖端通过增加每只母鹅年均的供苗数显著提高经济效益，而且在肉鹅养殖端通过增加出栏重和降低饲料成本显著增加肉鹅养殖经济效益。从而增加农民收入和促进农业经济发展，也将对促进全省养鹅业的发展和“三农”问题的解决产生积极推动作用。通过巨大的经济和社会效应促进广东省鹅的杂交改良和品种选育工作，使广东省养鹅业在品种利用、培育和改良方面缩短与国内发达省份之间的差距，从根本上促进广东省养鹅的健康快速发展，真正做成国内养鹅强省。

## ②完成情况

我国是世界鹅业中心，广东省是养鹅和鹅消费大省。广东省虽然鹅养殖量大，品种资源丰富，但鹅业良繁体系缺失，品种性能低下，种鹅均采用直接从肉鹅中挑的方式，大大影响鹅业发展和鹅种资源开发利用。本项目围绕广东鹅繁殖性能低、生长性能差的两大缺陷开展新专门化品系培育。本项目成果不仅是种鹅养殖端能显著提高生产效率和经济回报，在肉鹅端也能带来显著的经济增效。此外，本项目构建鹅基因组选择平台，挖掘生长和繁殖候选基因和分子标记，搭建鹅特有的精准育种体系，将先进分子育种技术在种鹅选育应用，加快鹅重要经济性状的遗传进展，提高种鹅和肉鹅生产性能。本项目能够提升广东鹅业乃至全国鹅业育种的技术水平。

项目负责人一（签章）：



2024年9月19日



## 七、承担/参与单位及工作分工

承担/参与单位名称	单位分工	分工完成情况
仲恺农业工程学院	负责整体项目的设计、项目实施，重点负责育种方案制定与种鹅选育、种蛋产蛋跟踪、计料与称重、饮水计量等设备和环境智能监测系统的研发，并负责项目总结报告的撰写和汇报等	负责整体项目的设计、项目实施。已研发出种鹅产蛋跟踪、计料称重、环境因子智能监测等3项设备。负责狮头鹅、马冈鹅新品系现场选育。组织年度项目汇报、项目结题等工作。
中国农业大学	中国农业大学主要负责本项目的全基因组SNP挖掘及基因组选育平台构建，重点参与性能测定和育种方案制定，并协助完成项目总结和报告撰写工作。	已研发肉鹅基因组选择计算平台，制定基因组选择应用标准2个。检测狮头鹅、马冈鹅全基因组SNP位点，构建狮头鹅、马冈鹅表型-基因型数据库。协助育种方案制定，项目总结和报告撰写等工作。
华南农业大学	负责本项目的种鹅生长性状功能基因挖掘及验证，重点参与性能测定和育种方案制定，并协助完成项目总结和报告撰写工作。	已开展狮头鹅成肌细胞增殖和分化相关的基因和lncRNA的分析，鉴别狮头鹅（大型鹅种）和乌鬃鹅（小型鹅种）的胸肌和腿肌相关的差异代谢物。协助育种方案制定，项目总结和报告撰写等工作。
广东省农业科学院动物科学研究所	负责本项目的种鹅繁殖性状功能基因挖掘及验证，重点参与性能测定和育种方案制定，并协助完成项目总结和报告撰写工作。	已开展高产鹅种籽鹅与低产鹅种乌鬃鹅群体基因组间遗传分化系数（ $F_{st}$ ）及核酸多样性差异（ $\Delta P_i$ ）分析，挖掘到潜在与鹅繁殖性能相关的基因，其中包含富集于催产素信号通路的MYLK与PLA2G4A，富集于黑色素合成信号通路的EDNRB2与TYR。协助育种方案制定，项目总结和报告撰写等工作。
汕头市白沙畜禽原种研究所	为本项目狮头鹅选育及相关研究工作提供试验动物和现场，并负责现场的饲养与管理、样品采集及性能测定，协助主持单位完成各项研究工作和试验验证工作，并作为应用示范单位，与项目各单位一起完成项目总结和报告撰写工作。	负责狮头鹅两个新品系核心群的选育工作，并负责现场狮头鹅群体的饲养与管理、性能测定、样品采集等现场工作。协助主持单位完成项目总结和报告撰写等工作。
汕尾市绿丰源现代农业发展有限公司	为本项目马冈鹅选育及相关研究工作提供试验动物和现场，并负责现场的饲养与管理、样品采集及性能测定，协助主持单位完成各项研究工作和试验验证工作，并作为应用示范单位，与项目各单位一起完成项目总结和报告撰写工作。	负责马冈鹅两个新品系核心群的选育工作，并负责现场马冈鹅群体的饲养与管理、性能测定、样品采集等现场工作。协助主持单位完成项目总结和报告撰写等工作。


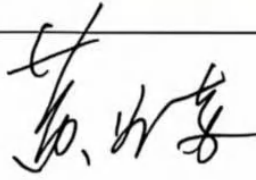


## 八、项目经费及省科技厅经费使用情况

项目新增投资支出情况（万元）			
省科技厅经费预算总额	陆佰万圆整		600.00
实际拨款经费	肆佰捌拾万圆整		480.00
支出经费	总经费	其中：省科技厅经费	其中：自筹资金
1、直接费用	1081.92	449.57	632.35
(1) 设备费	0	0	0
(2) 材料费	800.00	275.60	524.40
(3) 测试化验加工外协费	101.44	101.44	0
(4) 燃料动力费	9.68	4.36	5.32
(5) 差旅费/会议费/国际合作与交流费	19.74	18.07	1.67
(6) 出版/文献/信息传播/知识产权事务费	16.98	16.98	0
(7) 劳务费	123.21	32.86	90.35
(8) 人员费	0	0	0
(9) 专家咨询费	0	0	0
(10) 直接费用其他支出	10.87	0.26	10.61
2、间接费用	22.00	22.00	0.00
(1) 间接成本	0	0	0
(2) 管理成本	15.00	15.00	0
(3) 绩效支出	7.00	7.00	0
3、其他支出费用	0	0	0
合计	1103.92	471.57	632.35

项目负责人一： 财务负责人： 

已经投入资金(万元)	
合计：	1103.92
其中政府资金（不含科技厅）：	0
其中科技厅资金：	471.57
其中本企业资金：	632.35
其中贷款资金：	0
境外资金：	0
其他资金：	0

项目负责人一： 财务负责人： 

12/17



## 九、人员信息

参加项目工作人员	合计	26	
	按职称分类	高级职称:	16
		中级职称:	2
		初级职称:	2
		其他人员:	6
	按学历分类	博士:	12
		硕士:	6
		本科:	8
		大专:	0
		其它:	0
	其他分类	留学归国人员:	0
聘用外国专家:		0	
培养人员情况			
累计培养人才(个)	合计:	19	
	取得博士学位:	3	
	取得硕士学位:	9	
	取得副高以上技术职称:	7	

## 十、本申请项目所附附件清单

会计师事务所名称		广州君杨会计师事务所有限公司	
签字注册会计师		郑小青	
防伪报备编号			
序号	附件名称		数量
1	项目下达文件		0
2	项目任务书		1
3	实施总结报告（含技术总结报告）		1
4	经费决算表		0
5	审计报告		1
6	产品测试报告		1
7	实物名称		0
8	用户使用情况报告		0
9	项目所获成果、专利一览表		0
10	其他材料		17
11	广东省科技计划项目验收意见表		1
12	恪守诚信承诺书		1
13	科技报告收录证书		1

## 审核意见

项目承担单位



(盖章)

2024 年 9 月 19 日

专业机构意见

同意



(盖章)

2024 年 10 月 28 日

省科技厅管理部门意见



(盖章)

2024 年 11 月 4 日



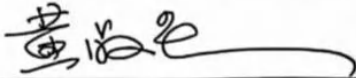
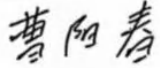
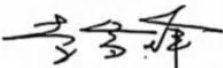
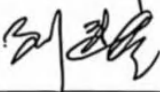
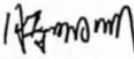
## 附件一：录入专家意见

广东省科技计划项目财务验收意见表			
项目编号	2020B020222003	负责人	田允波
项目名称	广东鹅精准育种技术研究及高繁优质新品种（品系）培育		
<p>经广州君杨会计师事务所有限公司审计，截至2023年12月31日，项目专项资金支出471.57万元，自筹资金支出632.35万元，项目经费的使用和支出基本符合目标相关原则。</p>			
<p>财务验收结论： <input checked="" type="checkbox"/> 通过 <input type="checkbox"/> 不通过 <input type="checkbox"/> 结题</p> <p>财务验收专家签字： _____</p> <p>日 期： _____</p>			

附件二

广东省重点领域研发计划项目验收意见表			
项目名称	广东鹅精准育种技术研究及高繁优质新品种（品系）培育		
项目编号	2020B020222003	负责人	田允波
承担单位	仲恺农业工程学院		
验收专家成员			
姓 名	单 位	职务职称	签 名
黄淑坚	佛山大学	教授	
曹阳春	西北农林科技大学深圳研究院	教授	
李雪峰	华南师范大学	研究员	
刘建营	广东省畜牧技术推广总站	正高级兽医师	
滕明明	广东财经大学	副教授	
<p>2024年8月22日，受广东省科技厅委托，广东省技术经济研究发展中心在仲恺农业工程学院海珠校区组织召开由仲恺农业工程学院承担，中国农业大学、华南农业大学、广东省农业科学院动物科学研究所、汕头市白沙畜禽原种研究所和汕尾市绿丰源现代农业发展有限公司参与的“广东鹅精准育种技术研究及高繁优质新品种（品系）培育”（项目编号：2020B020222003）项目验收会。验收专家组审阅了项目验收相关材料、听取了项目汇报，并对项目基地进行了现场视频连线考察，经讨论形成如下验收意见：</p> <p>1. 项目验收资料齐全、规范，符合验收要求。</p> <p>2. 本项目研发了种鹅产蛋和计料称重智能跟踪设备各 1 套，建立种鹅养殖环境因子监测-调控一体化平台 1 个；建立狮头鹅和马冈鹅表型-基因型数据库各 1 个；研发鹅基因组选择计算平台 1 个，制定基因组选择技术企业标准 2 个；挖掘与鹅生长和繁殖性状相关的关键基因各 2 个；构建狮头鹅和马冈鹅的高繁殖和高生长性能的核心育种群体各1个；发表论文14 篇，其中 SCI 文章 9 篇，中文核心 3 篇，普刊 2篇；申请发明专利 17 件（其中授权 2 件）和授权实用新型专利 6 件，获计算机软件著作权 7 件。</p> <p>3. 项目技术就绪度经工业和信息化部电子第五研究所评审达到8级；</p> <p>4. 经广州君杨会计师事务所有限公司审计，截至2023年12月31日，项目专项资金支出471.57万元，自筹资金支出632.35万元，项目经费的使用和支出基本符合目标相关原则。</p> <p>专家组认为，虽然项目参与单位因疫情原因造成生产经营困难，导致整体销售收入和经济效益不佳，但项目研究内容是广东鹅精准育种技术研究及高繁优质新品系培育，研发出种鹅表观性状自动跟踪与记录系统、养殖环境监测系统、种鹅生长和繁殖功能基因挖掘、种鹅基因组选育平台等关键技术和平台，对今后广东省鹅业发展具有重要技术支撑。项目完成了任务书的各项技术指标和研究内容，同意通过验收。</p>			
验收结论： <input checked="" type="checkbox"/> 通过 <input type="checkbox"/> 不通过 <input type="checkbox"/> 结题			
验收专家组组长签字： 日 期：			

广东省省级科技计划项目专家组验收意见表

项目名称	广东鹅精准育种技术研究及高繁优质新品种（品系）培育		
项目编号	2020B020222003	专项名称	现代种业
项目负责人	田允波	承担单位	仲恺农业工程学院
验收专家组成员			
姓名	单 位	职务/职称	签 名
黄淑坚	佛山大学	教授	
曹阳春	西北农林科技大学 深圳研究院	教授	
李雪峰	华南师范大学	研究员	
刘建营	广东省农业技术推广中心 (专家库为: 广东省畜牧技术推广总站)	正高级兽医师	
滕明明	广东财经大学	副教授	
验收结论:	<input checked="" type="checkbox"/> 通过 <input type="checkbox"/> 不通过 <input type="checkbox"/> 结题		
经认定, 本项目结余财政资金为 <u>8.43</u> 万元 (不含未拨付财政资金 120 万元)。			
<p>2024 年 8 月 22 日, 受广东省科技厅委托, 广东省技术经济研究发展中心在仲恺农业工程学院海珠校区组织召开了由仲恺农业工程学院承担, 中国农业大学、华南农业大学、广东省农业科学院动物科学研究所、汕头市白沙畜禽原种研究所和汕尾市绿丰源现代农业发展有限公司参与的“广东鹅精准育种技术研究及高繁优质新品种（品系）培育”（项目编号: 2020B020222003）项目验收会。验收专家组审阅了项目验收相关材料、听取了项目汇报, 并对项目基地进行了现场视频连线考察, 经讨论形成如下验收意见:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 项目验收资料齐全、规范, 符合验收要求。</li> <li>2. 本项目研发了种鹅产蛋和计料称重智能跟踪设备各 1 套, 建立种鹅养殖环境因子监测-调控一体化平台 1 个; 建立狮头鹅和马冈鹅表型-基因型数据库各 1 个; 研发鹅基因组选择计算平台 1 个,</li> </ol>			



制定基因组选择技术企业标准 2 个；挖掘与鹅生长和繁殖性状相关的关键基因各 2 个；构建狮头鹅和马冈鹅的高繁殖和高生长性能的核心育种群体各 1 个；发表论文 14 篇，其中 SCI 文章 9 篇，中文核心 3 篇，普刊 2 篇；申请发明专利 17 件（其中授权 2 件）和授权实用新型专利 6 件，获计算机软件著作权 7 件。

3、项目技术就绪度经工业和信息化部电子第五研究所评审达到 8 级；

4、经广州君杨会计师事务所有限公司审计，截至 2023 年 12 月 31 日，项目专项资金支出 471.57 万元，自筹资金支出 632.35 万元，项目经费的使用和支出基本符合目标相关原则。

专家组认为，虽然项目参与单位因疫情原因造成生产经营困难，导致整体销售收入和经济效益不佳，但项目研究内容是广东鹅精准育种技术研究及高繁优质新品系培育，研发出种鹅表观性状自动跟踪与记录系统、养殖环境监测系统、种鹅生长和繁殖功能基因挖掘、种鹅基因组选育平台等关键技术和平台，对今后广东省鹅业发展具有重要技术支撑。项目完成了任务书的各项技术指标和研究内容，同意通过验收。

验收专家组组长签名：董品

验收日期：2024.8.22

广东省省级科技计划项目目标完成情况表

项目类别	广东省重点领域研发计划项目——现代种业		
项目名称	广东鸭精准育种技术研究及高繁优质新品种（品系）培育	项目编号	2020B020222003
财政金额（万元）	600	自筹金额（万元）	600
项目承担单位	仲恺农业工程学院	承担单位性质	<input type="checkbox"/> 企业 <input type="checkbox"/> 科研院所 <input checked="" type="checkbox"/> 高校 <input type="checkbox"/> 其他
一、主要成果			
内 容		合同指标要求 （填写数量）	实际完成情况 （填写数量）
发明专利 （件）	申请	4-6	15
	授权	0	2
实用新型 专利（件）	申请	0	0
	授权	5	6
外观专利 （件）	申请	0	0
	授权	0	0
国外专利 （件）	PCT 受理	0	0
	授权	0	0
奖项（项）	国家级	0	0
	省级	0	0
引进人才 （人）	高层次人才	0	0
	国家千人计划	0	0
	长江学者	0	0
	珠江学者	0	0
培养人才 （人）	博士研究生	0	0
	硕士研究生	0	8
	高级职称	0	6
论文论著（篇）		10	14
技术标准 制定 （个）	国标	0	0
	行标	0	0
	地标	2	2
软件著作权（项）		0	7
新产品（或新材料、新装备、新品种）（个）		5	5
新工艺（或新方法、新模式、或新技术）（个）		1	1
新服务（项）		0	0
科技报告		1	1
研究总报告		1	1
其他成果 （件/个）	新药证书	0	0
	临床批件	0	0

	示范工程	0	0
二、经济效益			
内 容		合同指标要求 (填写数量或文字说明)	实际完成情况 (填写数量或文字说明)
累计新增销售收入(万元)		1000	258.43
累计新增利税(万元)		0	0
成果转化数 (数量或文字说明)		0	0
成果转化效益 (数量或文字说明)		0	0
三、社会效益			
内 容		合同指标要求 (填写数量或文字说明)	实际完成情况 (填写数量或文字说明)
服务 效益	技术服务数量 (次)	0	0
	服务企业数量 (次)	0	0
	服务政府决策 部(数量或文字 说明)	0	0
	培训农民数量	0	0
社会 效益	新增就业(数量 或文字说明)	0	0
	公共效益(数量 或文字说明)	0	0
环境 效益	自然环境效益 (数量或文字 说明)	0	0
	节能减排(数量 或文字说明)	0	0
验收专家组 组长签字			验收日期 2024.8.22



## 广东省重点领域研发计划项目 任务书

项目名称：地方鸡复合育种技术创新与优质肉鸡新品系培育

项目计划类别：现代种业

项目编号：2022B0202100001

研究任务承担单位（甲方）：广东温氏南方家禽育种有限公司

负责人：张细权

研究分任务承担单位（乙方）：华南农业大学

负责人：罗文

起止年限：2022年01月01日—2025年12月31日

## 一、研究任务主要内容

(1) 研究地方鸡种肤色和饲料转化效率性状的遗传基础, 发掘有重要育种价值的优异基因和分子标记; (2) 研发针对地方鸡肤色和饲料转化效率性状的复合育种方案; (3) 针对地方鸡种肤色和乌度性状, 发掘有重要育种价值的优异基因或分子标记, 研发相关的分子育种方法; (4) 研究基于单碱基编辑技术的优质基因聚合技术; (5) 研发 KASP 高通量 SNP 分型技术; (6) 协助完成项目总结和报告撰写工作。

## 二、任务考核指标

(1) 鉴定地方鸡种特征性状的主效调控基因或分子标记 4 个; (2) 发表论文 3 篇, 其中 SCI 收录 3 篇; (3) 建立针对地方鸡种肤色和饲料转化效率性状的复合育种技术 1 套; (4) 申请国家发明专利 3 件; (5) 培养研究生 4-6 人。

## 三、任务进度安排、阶段目标

年度	年度工作内容	阶段目标
2022 年	收集华南地区各地方鸡种资源, 进行品种特征性状记录和测定、生长屠体和肉质性状测定。发掘与肤色和饲料转化效率性状有重要育种价值的优异基因和分子标记。研究黄肤色选育方法。	建立黄肤色选育方法, 申请国家发明专利 3 件。
2023 年	基于地方鸡种质特性分析结果, 研发针对鸡屠体外观、肉质和饲料转化效率性状的复合育种方法; 研发基于 KASP (Kompetitive Allele Specific PCR) 技术的快速高通量血液样本 SNP 分型技术。	建立基于 KASP (Kompetitive Allele Specific PCR) 技术的快速高通量血液样本 SNP 分型技术; 发表论文 1 篇。



2024 年	通过宏基因组分析研究肠道菌群如何与地方鸡基因型互作，影响饲料转化效率和肉质性状。研究通过单碱基编辑聚合多个优势基因的聚合育种方法	获得与地方鸡品种特征性状相关的分子标记 2 个以上；初步建立鸡原始生殖干细胞单碱基编辑技术；发表论文 1 篇。
2025 年	研究地方鸡种肤色和饲料转化效率性状的遗传基础。研发针对地方鸡肤色和饲料转化效率性状的复合育种方案。	建立基于提高地方鸡屠体外观一致性和饲料转化效率、维持肉质风味的复合育种方案体系；发表论文 1 篇。

#### 四、团队研究人员

##### 研究任务团队负责人

姓 名	性别	年龄	技术职称	学历	所在单位	从事专业
罗文	男	34	副教授	博士	华南农业大学	动物遗传育种与繁殖

##### 团队成员

符蓉	女	28	无	硕士	华南农业大学	动物遗传育种与繁殖
胡博文	男	29	无	硕士	华南农业大学	动物遗传育种与繁殖

#### 五、项目经费预算

单位：万元

	合计	专项经费	自筹经费	用途说明
经费支出				
1. 直接费用	56.54	56.54		
(1) 设备费				
(2) 材料费	19.54	19.54		用于购买种蛋、试验鸡群、实验试剂耗材等。
(3) 测试化验加工外协费	22	22		用于 DNA 测序、基因合成、SNP 分型芯片、基因分型、基因组重测序、宏基因组分析等。
(4) 燃料动力费				
(5) 差旅费/会议费/国际合作与交流费	2	2		用于支付地方鸡种测定、样品采集过程中产生的差旅



				费，参加本项目相关会议和技术培训产生的费用等。
(6) 出版/文献/信息传播/知识产权事务费	5	5		用于支付项目研究过程中的文章出版费、资料费、专用软件购买费、文献检索费、专利申请及其他知识产权事务等费用。
(7) 劳务费	8	8		用于支付参与本课题的研究生补贴等。
(8) 专家咨询费				
(9) 直接经费其他支出				
2. 间接费用	7.96	7.96		
(1) 管理成本	3.96	3.96		高校按 6% 计。
(2) 绩效支出	4	4		项目研究过程中用于科技工作人员的绩效奖励。
3. 其他支出费用	1.5	1.5		项目审计所需支出
合计	66	66		

## 六、合约条款

甲方（承担单位）：广东温氏南方家禽育种有限公司

乙方（参加单位）：华南农业大学

甲乙双方根据项目管理单位（广东省科技厅）与甲方签订的广东省重点领域研发计划项目（项目编号：2022B0202100001）任务书要求，课题承担单位甲方与参加单位乙方签订本合同，作为甲乙双方在项目执行中共同遵守的依据。

1. 甲方应按协议书规定进行经费核拨和工作协调，乙方对甲方核拨经费应实行专款专用，单独列帐。

2. 乙方必须于按甲方要求及时提供当年年度研究报告和编报年度计划，交甲方汇总后，及时上报广东省科技厅。如广东省科技厅

临时组织项目检查或其他特殊情况，乙方应予以配合完成，及时提供汇报材料等。

3.任务执行过程中，乙方如需调整任务，应根据广东省科技攻关计划管理办法（简称“办法”，下同）中有关规定，向甲方提出变更内容及其理由的申请报告，经甲方审核后报广东省科技厅审定后实施。未经接到正式批准书以前，双方必须按原任务书履行，否则后果由自行调整的一方负责。

4.乙方因某种原因（如：与可行性研究内容有出入、挪用经费、技术措施或某些条件不落实）致使计划无法执行，而要求终止任务，应视不同情况，部分、全部退还所拨经费；如乙方没有提出终止任务的要求，甲方可根据调查情况有权提出终止任务的处理建议，报广东省科技厅审核批准后执行。

5.任务执行过程中，甲方提出变更协议书有关内容时，要与乙方协商，并报广东省科技厅备案后实行。

6.乙方违反约定造成项目停滞、延误或失败，未能通过验收，应承担违约责任。

7.本项目实施过程中发表的相关文章、论著等签约各方必须注明受“广东省重点领域研发计划资助（项目编号:2022B0202100001）（Key-Area Research and Development Program of Guangdong Province）支持。

8.本项目技术成果的归属、转让和实施技术成果所产生的经济利益的分配：双方独立取得的成果，可自行开发、转让，并完全受


益；双方合作完成部分则由双方共同开发、转让和收益，受益分配比例根据具体情况协商。

9.本协议书签订各方均负有相应的责任。若有争议或纠纷时，按广东省科技管理办法有关条款处理。

10.任务书正式文本一式四份，其中项目总负责人一份、甲方科技管理部门一份，乙方项目负责人一份、乙方的科技管理部门一份。



## 七、签约各方签章

项目承担单位（甲方）： 广东温氏南方家禽育种有限公司（盖章）


甲方负责人： （签章）

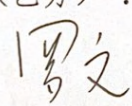
甲方账 户 名：广东温氏南方家禽育种有限公司

甲方账 号：2020003209024915265

甲方开户银行：中国工商银行云浮市新兴支行

年 月 日

项目参加单位（乙方）： 华南农业大学（盖章）

乙方负责人： （签章）

乙方账 户 名：华南农业大学

乙方账 号：3602002609000310520

乙方开户银行：广东广州工行五山支行

年 月 日

项目编号：202102020187

# 广州市科技计划项目 合同书

项目名称：TMEM182对鸡腹脂沉积的调控

计划类别：基础研究计划

专题名称：基础与应用基础研究项目（博士青年科技人员类）

起止时间：2021年04月01日 至 2023年03月31日

承担单位：华南农业大学

组织单位：华南农业大学

责任处室：基础研究处

填表日期：2021年04月09日

广州市科学技术局制  
(2021年版)

# 填 写 说 明

一、本合同书的项目编号由市科学技术局（以下简称市科技局）统一确定。

二、本合同书由申报书在后台自动转换生成，如有错漏之处需修正，请联系市科技局项目责任处室退回承担单位修正。

三、本项目如涉及多家（包含两家）单位参加，乙方应在签订本合同书前与合作单位就任务分工、经费和知识产权分配等问题签订有关合同或协议，作为本合同书的附件。

四、本合同书适用于广州市事前资助类科技计划项目，有特殊要求另行制定的除外。

202102020187



## 一、项目基本信息

项目名称	TMEM182对鸡腹脂沉积的调控			
技术领域	农业与食品-畜牧业-禽畜的遗传育种			
承担单位	名 称	华南农业大学		
	通信地址	广东省广州市天河区五山路483号		
	邮政编码	510642	传 真	85281885
	单位特性		单位类型	高等院校
	统一社会信用代码 或组织机构代码	124400004554165634		
	法定代表人	刘雅红	电子邮箱	gale@scau.edu.cn
	联系人	侯建国	联系电话	02038632413

二、项目组人员信息

项目负责人	姓名	罗文	证件类型	身份证	证件号码	441481198806144150	性别	男			
	出生年月	1988年06月14日	民族	汉族	国籍	中国	学历	博士研究生			
	学位	博士	学位授予国家（或地区）	中国	职务	无	职称	副教授			
	所学专业	遗传学	手机号码	13710789890	办公电话	13710789890	电子邮箱	luowen729@scau.edu.cn			
项目组成员（含项目负责人）											
序号	姓名	证件类型	证件号码	年龄	性别	职务	职称	学历	现从事专业	分工	所在单位
1	罗文	身份证	441481198806144150	32	男	无	副教授	博士研究生	家禽遗传育种	项目负责人	华南农业大学
2	张梓豪	身份证	441900199308100175	26	男	无	未取得	硕士研究生	动物遗传育种与繁殖	TMEM182调控鸡前脂肪细胞增殖和分化的研究	华南农业大学
3	林泽桐	身份证	440582199701097226	23	女	无	未取得	本科	动物遗传育种与繁殖	TMEM182基因SNP筛选与关联分析	华南农业大学

### 三、项目实施内容

(一) 项目概述
<p>本项目以实验室保存的多个肉鸡资源群为样本，以TMEM182基因为研究对象，筛选出该基因中与肉鸡腹脂相关的分子标记；同时利用体外细胞实验研究TMEM182对鸡前脂肪细胞增殖、分化和脂滴沉积的影响。本项目将开发出可用于筛选肉鸡腹脂性状相关的新分子标记，并初步探明TMEM182影响鸡腹脂沉积的调控机制。</p>
(二) 项目研究内容
<p>4.1 研究目标和内容</p> <p>研究目标 寻找出可用于筛选肉鸡腹脂性状的新分子标记，探明TMEM182影响鸡腹脂沉积的调控机制。</p> <p>研究内容 (1) 筛选TMEM182基因序列上与肉鸡腹脂性状相关的分子标记 以实验室保存的多个肉鸡资源群家系为样本，检测各肉鸡资源群TMEM182基因的多态性。对各群体个体进行基因分型后，通过SAS软件将SNPs位点与各资源群体腹脂性状进行关联分析，以筛选出TMEM182基因序列上与肉鸡腹脂性状相关的分子标记。</p> <p>(2) TMEM182对鸡前脂肪细胞增殖和分化的影响 在细胞水平干扰或过表达TMEM182，检测脂肪分化标记基因的表达，探究TMEM182对鸡前脂肪细胞分化的影响。检测细胞周期相关基因的表达，通过CCK8试验、EdU染色和流式细胞术检测细胞增殖情况。</p> <p>(3) TMEM182对鸡脂肪细胞脂滴沉积的影响 在细胞水平干扰或过表达TMEM182，诱导细胞分化48h，通过油红染色检测脂滴沉积情况。</p> <p>4.2 拟解决的关键技术问题 鉴定出TMEM182基因是否存在可影响肉鸡腹脂沉积的分子标记；探明TMEM182是否可调控鸡前脂肪细胞的增殖、分化和脂滴沉积。</p> <p>4.3 主要创新点 目前尚未有研究报道TMEM182基因可调控脂肪生成和腹脂沉积，本研究首次发现TMEM182基因敲除可提高小鼠腹脂沉积，且TMEM182基因在肉鸡脂肪和肌肉组织中特异表达。因此，本项目在研究对象上具有创新性。</p> <p>4.4 采用的方法、技术路线以及工艺流程</p> <p>(1) 鸡前脂肪细胞培养和诱导分化 鸡前脂肪细胞系（ICP）用15%胎牛血清、0.2%青霉素/链霉素的DMEM培养基，在37℃和5% CO<sub>2</sub>下培养。通过在培养基中加入160 μM油酸钠诱导细胞分化。</p> <p>(2) pcDNA3.1-TMEM182过表达载体构建 用RNA裂解液从鸡的组织或ICP细胞中提取总RNA，电泳检测RNA完整性后，参照Takara公司PrimeScript RT试剂盒对mRNA进行反转录，以得到的cDNA为模板扩增TMEM182基因CDS序列，然后对pcDNA3.1载体和目的片段进行限制性酶切、连接和转化后选择阳性菌液进行测序验证。</p> <p>(3) 过表达载体或siRNA片段转染ICP 鸡TMEM182特异siRNA由广州锐博合成，非特异性的双链siRNA作为对照。按照lipo3000转染试剂说明书转染TMEM182过表达载体或siRNA片段到ICP。</p> <p>(4) 定量实时PCR检测相关基因表达 检测TMEM182过表达载体或siRNA转染效果，检测主要脂肪分化标记基因和细胞周期相关基因的表达。qPCR程序在Bio-rad CFX96系统中进行。</p> <p>(5) 蛋白质免疫印迹检测相关蛋白表达 参照常规western blot方法对脂肪细胞分化标记基因的蛋白表达水平进行检测。</p> <p>(6) 油红O染色和定量检测脂滴沉积情况 ICP细胞转染TMEM182过表达载体或siRNA后，用PBS洗涤三次，用4%甲醛中固定10 min，然后用油红O工作液染色。用ddH<sub>2</sub>O清洗后，在显微镜（Leica）中对细胞进行分析。然后在含有4%表面活性试剂湿润剂P-40（Nonidet P40）的异丙醇溶液中提取油红O染料，并在510 nm处用ND2000 C紫外分光光度计进行定量。</p> <p>(7) CCK-8试验 转染TMEM182过表达载体或siRNA的ICP细胞在96孔板中培养。转染24 h后，每孔加入10微升CCK-8试剂，孵育1 h，用680型酶标仪在450 nm处测定吸光度。转染后24、48、72、96 h不同时间点重复检测。所有的数</p>



据都通过三个独立实验的平均结果获得。

#### (8) EdU染色

鸡前脂肪细胞转染72 h后加入EdU培养基，孵育24 h后使用细胞固定液进行固定，中和洗涤后加入渗透液脱色摇床孵育10min，DAPI染核后洗涤、封片，于共聚焦荧光显微镜检测并进行图像采集分析。

#### (9) 细胞周期流式检测

基因过表达载体或siRNA转染细胞48 h后，收集细胞并在-20 ℃下在75%乙醇中固定过夜。根据试剂盒手册，在乙醇固定后，使用PI/RNase染色缓冲液对细胞进行碘化丙二钠染色。随后使用流式细胞仪分析细胞周期，并使用FlowJo 7.6软件进行数据分析。

#### (10) TMEM182基因分型及关联分析

针对TMEM182基因外显子设计PCR扩增引物，通过PCR扩增、DNA混池测序检测各肉鸡资源群TMEM182基因的多态性。对各群体个体进行基因分型，每个群体至少分型300个个体，通过SAS软件将SNPs位点与各资源群个体腹脂性状进行关联分析，筛选出与肉鸡腹脂性状显著关联的新分子标记。

### (三) 项目预期风险及规避措施

#### 8.1 预期风险

- 1、鸡TMEM182基因CDS区未发现SNP。
- 2、鸡TMEM182基因的SNP与鸡脂肪性状无关联。

#### 8.2 规避措施

- 1、如果在鸡TMEM182基因CDS区未发现SNP，则在5' UTR、3' UTR、5' 侧翼区等位置进行SNP筛选。这些位置的多态位点可影响基因表达量。
- 2、如果关联分析结果发现TMEM182基因的SNP与鸡脂肪性状无关联，原因可能是：○1成功分型的群体太小，可加大群体数量进一步验证；○2该群体存在与TMEM182基因SNP功能互补的基因，弥补了TMEM182基因SNP对脂肪性状的影响，可换几个群体进一步验证；○3筛选到的SNP对TMEM182基因的表达和功能无显著影响，所以也对脂肪性状无影响，此时可找寻其他鸡种，进一步筛选新的TMEM182基因SNP以及做关联分析。

## 四、项目主要验收指标

(一) 主要技术指标			
(1) 挖掘出鸡TMEM182基因的SNP，并与鸡腹脂性状进行关联分析；			
(2) 开发出可对肉鸡腹脂沉积性状进行早期选种预测的分子标记；			
(3) 确定TMEM182是否对鸡前脂肪细胞的增殖、分化和脂滴沉积起调控作用。			
(二) 主要技术成果			
序号	成果形式		成果数量
1	新产品（或新材料、新装备、新品种/系）	0	0
2	新工艺（或新方法、新模式、新技术、新服务）	0	0
3	发明专利（件）	申请	2
		授权	0
4	实用新型专利（件）	申请	0
		授权	0
5	外观设计专利（件）	申请	0
		授权	0
6	国外专利（件）	PCT受理	0
		授权	0
7	技术标准制定（个）	牵头	0
		参与	0
8	软件著作权（项）		0
9	论文论著（篇）	SCI/EI/ISTP	1
		其他	1
10	创新平台（载体）项目	技术服务数量（项）	0
		服务企业数量（家）	0
11	获得国家级奖项（项）		0
12	获得省级奖项（项）		0
13	科技人才奖励（人）		0
14	引进人才（人）		0
15	培养人才（人）	博士	1
		硕士	1
其他成果及形式说明（新药证书、动植物新品种、创新特色、成果宣传推介措施等）			
无			
(三) 主要经济指标及社会效益			
序号	指标名称	指标值	
1	实施期内项目销售收入（万元）	/	
2	实施期内项目出口创汇（万美元）	/	

3	实施期内项目新增就业人数（人）	/
其他经济指标及社会效益说明		
无		

202102020187



## 五、项目经费预算

(单位：万元)

项目经费： 5.00				
资金来源	小计	市科技局经费	其他财政经费	自筹资金
2021年	5.00	5.00	0.00	0.00
2022年	0.00	0.00	0.00	0.00
2023年	0.00	0.00	0.00	0.00
合计	5.00	5.00	0.00	0.00

注：项目经费实行“包干制”，经费使用按项目承担单位或组织单位相关科研项目经费管理办法执行。

202102020187

## 六、共同条款

第一条 甲、乙、丙三方根据《中华人民共和国科学技术进步法》《广东省自主创新促进条例》《广州市科技创新促进条例》及《中华人民共和国民法典》等国家有关法规 and 规定，经协商一致，特订立本合同，作为甲、乙、丙三方在合同执行中共同遵守的依据。

第二条 甲、乙、丙三方应当严格履行《广州市科技计划项目管理办法》《广州市级财政科研项目资金绩效提升和管理监督办法》《广州市科技创新发展专项资金管理办法》《广州市科技计划项目经费“包干制”改革试点工作方案》《广州市科技创新发展专项项目全过程管理简政放权改革试点工作方案》的规定要求。

第三条 甲方应：

1. 根据财政经费预算安排，及时拨付项目经费。
2. 赋予乙方和丙方广州市科技业务管理阳光政务平台（以下简称阳光政务平台）的使用权限，保障丙方进行项目全过程管理的使用需求。
3. 按时拨付项目经费。
4. 审核丙方提交的年度工作报告，制定下一年度的资金切块方案。
5. 对丙方进行周期绩效考核和检查评估，重新评估丙方资格。

第四条 乙方应：

1. 作为项目具体组织实施的责任主体，为本单位提供的与本项目有关的全部材料真实、合法、有效性负责；
2. 按照《合同书》规定的内容组织实施项目，接受并配合甲方、丙方以及各级财政、审计部门，或上述部门委托的机构进行评估、稽查、审计、检查和绩效评价，并按要求提供项目任务与预算执行情况和有关财务资料；
3. 按照市财政科技经费管理“包干制”相关要求对项目经费单独设账，专款专用；
4. 保证自筹资金按时到位和其它配套条件的落实；
5. 在项目研究开发过程中优先考虑使用“广东省科技资源共享服务平台”的仪器设备，项目购置的设备仪器若符合入网条件应及时办理入网手续对社会共用共享，提高设备仪器的使用率。按照《中华人民共和国采购法》要求，对符合政府采购范围的设备仪器，执行政府采购；
6. 项目合同执行期内需进行变更的，按照《广州市科技计划项目管理办法》《广州市级财政科研项目资金绩效提升和管理监督办法》《广州市科技创新发展专项资金管理办法》《广州市科技创新发展专项项目全过程管理简政放权改革试点工作方案》相关程序办理；
7. 项目合同执行期满后3个月内向丙方提出验收申请，提前完成合同规定任务的可提前申请验收；
8. 按照相关规定，在项目验收时提交科技报告，办理《验收证书》和科技成果登记手续；
9. 配合甲方开展对财政资金绩效的跟踪，在项目实施期内及实施期结束后按照甲方要求提供相关信息和数据；

10. 对合作单位承担监管责任，与合作单位签署合作协议，作为本合同的附件，因合作单位违反合作协议或其他导致本合同书项目建设未能按约定完成的行为，应向甲方承担违约责任。

第五条 丙方应：

1. 明确项目管理依据的管理办法或管理规程，承担项目全过程管理职责；
2. 自主安排立项评审和结题验收工作，充分利用阳光政务平台，推进项目全过程管理的网络化电子化，主动配合推行合同电子签章；
3. 严格落实信息公开制度，公示遴选和结题验收结果，并及时处理异议；
4. 及时报送相关材料，按广州市科学技术局要求，每年按时提交拟立项项目清单，报送年度工作总结；
5. 按广州市科学技术局要求配合开展绩效评价和监督检查工作；
6. 主动追回终止项目未使用和不合规支出的市财政科技经费；
7. 按照本单位相关项目管理办法组织项目验收工作，并按相关规定做好存档工作；
8. 协助甲方对项目的实施过程进行跟踪、检查和提供相关信息，并对所提供信息的客观真实性负责；
9. 负责监管乙方严格遵守《合同书》规定的任务；
10. 督促乙方按时到位自筹资金并保证和落实其他配套条件。

第六条 甲方同意给予乙方人民币（¥5.00万）的资助，立项后一次性拨付。

第七条 合同终止：

1. 项目因故无法继续进行的，按照相关规定实施合同终止。
2. 发现存在以下情况之一的，立即启动终止程序：
  - ①因不可抗拒因素导致项目无法继续进行、没有必要继续进行或无法完成合同预期目标任务的；
  - ②不接受项目监督检查、检查不合格限期整改后仍未通过的或拒不配合项目验收工作的；
  - ③无正当理由项目合同执行期满后3个月以后仍未提交验收申请的；
  - ④项目承担单位已迁出本市，或已停止经营活动，或已注销的；
  - ⑤发现在项目申报、实施过程中有违法、欺骗等事实的；
  - ⑥存在其他导致项目不能正常实施的原因。
3. 合同终止由乙方提出申请，丙方审定。也可由丙方强制实施。

4. 合同终止后，乙方应停止使用该项目财政经费；上缴尚未使用和使用不符合规定的财政经费。

第八条 对合同正常执行期及项目整改期之外的经费开支，不属于财政项目经费列支范围。

第九条 在履行本合同的过程中，乙方发现可能导致项目失败或部分失败的情形时，应及时通知甲方和丙方，并采取适当措施减少损失，没有及时通知并采取适当措施，致使损失扩大的，应当就扩大的损失承担责任。

第十条 在履行本合同的过程中，如遇到市财政计划改变等不可抗力情况，甲方对所核拨经费的数量和时间可进行相应变更。

第十一条 成果转化：本项目技术成果及知识产权的归属、转让和实施技术成果所产生的经济利益的分享，除另有约定外，按国家和省、市有关规定执行；正式发表的论文、论著应标注“广州市科技计划项目资助”字样及项目编号；项目所取得的技术成果和知识产权应优先广州产业化或推广转让。

第十二条 属技术保密的项目，经协商订立如下技术保密条款：



1. 本合同书保密内容范围为：本合同及其补充协议和附件、乙方因履行本合同所接触或知晓的甲方工作秘密（包括但不限于甲方的任何技术性资料、以及甲方为完成本合同提供的任何其他信息资料并且在提供时未说明是公开信息的）；

2. 本合同书保密期限为：\；

3. 乙方（包括但不限于乙方雇员、代理人、顾问等人员，下同）采取有效的保密措施以避免泄露给任何第三方；在本合同有效存续期间及合同终止后，未经甲方事先的书面同意，不得以任何方式公布、发表、公开、披露、散播、复制此种保密信息的任何部分，或对其加以任何形式的利用或使用；如甲方要求，乙方必须签署甲方提供的保密协议。乙方应与可能知悉保密内容的人员签订技术保密保护协议，保密义务不得低于本合同书的约定；

4. 双方应建立技术保密制度；

5. 属技术保密的项目必须经市负责技术保密部门审查后，方可确定可否发表或用于国际合作与交流。

### 第十三条 廉洁责任

甲方、丙方、评审机构及其工作人员不得索取、收受利益相关方财物或其他不正当利益，严格遵守中央八项规定精神及其实施细则。

乙方应严格遵守国家、省、市关于科技专项经费使用的有关法律、法规，相关政策以及廉洁建设的各项规定，积极开展人员廉洁从业教育，防范科技项目组成员在科研活动中出现“法律、行政法规、部门规章或规范性文件规定的其他相关违规行为”。

### 第十四条 科研诚信和科技伦理要求

乙方应建立健全促进科研诚信和科技伦理的规章制度，落实以下职责：

1. 建立健全本单位学术论文发表诚信承诺制度、科研过程可追溯制度、科研成果检查和报告制度等成果管理制度。对本项目形成的科研成果的署名、研究数据真实性、实验可重复性等进行诚信审核和学术把关。防范科技项目组成员在项目申报、研发过程中提供虚假信息或材料，抄袭、剽窃他人科研成果，捏造、变造或篡改科研数据；

2. 加强对科技项目参加人员的科研诚信和科技伦理教育，督促科技项目组成员恪守科学道德准则，遵守科研活动规范。对在科研诚信和科技伦理方面存在问题情节较严重的，应及时调整出项目团队并及时以书面形式报告甲方；

3. 加强对项目合作单位的科研诚信管理，正确履行管理、指导、监督职责，全面落实科研诚信和科技伦理要求；

4. 乙方或项目合作单位及其相关人员被纳入科研严重失信行为记录或相关社会领域信用“黑名单”，乙方应及时以书面形式报告甲方；

在项目实施过程中，对乙方或项目合作单位及其相关人员有严重违背科研诚信和科技伦理要求的行为，甲方和相关部门可对乙方采取约谈主要负责人、停拨或核减经费、记入科研诚信严重失信行为数据库、将不良行为向社会公开、移送至有管理权限的纪检监察部门等处理处罚措施。

### 第十五条 争议解决

因本合同书所产生的争议，各方应友好协商解决；协商不成的，各方同意由本合同签订地人民法院管辖。

### 第十六条 书面通知与送达

甲方在本合同履行过程中向乙方或丙方发出或者提供的所有书面通知、文件、文书、资料等，均以本合同所列明的乙方或丙方地址送达。乙方或丙方如果迁址，应当书面通知甲方；未履行书面通知义务的，甲方按原地址邮寄相关材料即视为已履行送达义务。

本合同一式四份，各份具有同等效力。甲方和丙方各存一份，乙方存二份。本合同签订各方均负有相应的法律责任，不受机构、人事变动而影响。

说明：本《合同书》中，凡是三方约定无需填写的条款，在该条款的空白处划（\）。

202102020187

附件：承诺书

承诺书

本人作为本项目参与成员，知悉项目研究内容，明确项目任务分工，将严格遵守广州市科学技术局科技计划项目相关管理规定，切实保障工作时间，认真开展工作。

序号	姓名	证件类型	证件号码	分工	所在单位	签名
1	罗文	身份证	441481198806144150	项目负责人	华南农业大学	罗文
2	张梓豪	身份证	441900199308100175	TMEM182调控鸡前脂肪细胞增殖和分化的研究	华南农业大学	张梓豪
3	林泽桐	身份证	440582199701097226	TMEM182基因SNP筛选与关联分析	华南农业大学	林泽桐



## 合同书各方签章

广州市科学技术局（甲方）：广州市科学技术局

项目经办人：李磊

联系电话：020-83124052

责任处室负责人：莫雪华

（科学技术局公章）

2021年04月20日

项目承担单位（乙方）：华南农业大学

二级部门：华南农业大学动物科学学院

项目负责人：罗文

项目经费汇入账号

帐户名：华南农业大学

帐号：3602002609000310520

开户银行：广东广州工行五山支行

财务负责人：曾亮珍

财务负责人联系电话：02085287402

（承担单位公章）

2021年04月14日

组织单位（丙方）：华南农业大学

项目经办人：倪慧群

（组织单位公章）

2021年04月14日

受理编号：SL2023A04J02018

广州市科技计划项目  
申报书

项目名称：	肉鸡肌肉生长与肌内脂肪沉积间的遗传信息交流和互作
申报单位：	华南农业大学
项目负责人：	罗文
计划类别：	基础 research 计划
专题名称：	基础与应用基础研究专题
支持方向：	优秀博士“续航”项目
组织单位：	华南农业大学
起止时间：	2024-01-01 至 2025-12-31
主管处室：	引进智力管理处（科技人才处）

广州市科学技术局制

二〇二三年

# 填写说明

一、请申报单位认真阅读指南，所申报的项目研究内容须对应指南、符合指南的要求。

二、项目名称应清晰、准确反映研究内容，项目名称不宜宽泛，只能由中文、英文字符组成，不超过50中文字。

三、本申报书通过“广州科技大脑”在线填写、报送，不需要线下提交纸质材料。

四、申报书中的单位名称，请按规范全称填写，并与单位公章一致。

五、涉密项目请在“广州科技大脑”下载申报书的电子版模板，按保密要求离线填写、报送。

六、本申报书中凡是无需填写的内容，应在空白处划“/”，或用“无”表示。

七、申报书内容须按照项目申报书据实填写，要遵循实事求是原则，无需凑够字数。



一、基本信息

项目 基本 信息	项目名称	肉鸡肌肉生长与肌内脂肪沉积间的遗传信息交流和互作			
	学科领域	学科1	生命综合处	学科2	畜牧学与草地科学
	学科领域	学科1	生命综合处	学科2	遗传学与生物信息学
	指南发布日	2023年4月15日			
	申请金额	10万元	研究期限	2024年4月1日-2026年3月31日	
项目 摘要	肌内脂肪是影响肉质的关键因素，但在肉鸡快速生长期以及快大型肉鸡中却鲜有沉积肌内脂肪，表明肌肉生长与肌内脂肪沉积之间存在遗传拮抗，限制了快大优质肉鸡的培育。本项目通过构建“体外肌脂细胞共培养”模型，利用全靶代谢组、外泌体全转录组、蛋白质组等方法，筛选肌肉与肌内脂肪细胞间互作和交流的遗传物质，构建肉鸡成脂成肌间的遗传信息交流与互作调控网络。项目的实施将为协同改良肉鸡产肉速度与肉质品质提供重要理论依据。				

## 二、申报单位情况

项目承担单位	单位名称	华南农业大学	统一社会信用代码 或组织机构代码	124400004554165 634
	注册时间	1952-01-01	单位类型	高等院校
	注册地址	广东省广州市天河区五山路483号		
	办公地址	广东省广州市天河区五山路483号		
	联系人	姓名	倪慧群	
		手机号码	15920301530	
		电子邮箱	kjcgxk@scau.edu.cn	
	开户银行	广东广州工行五山支行		
	开户户名	华南农业大学		
银行账号	3602002609000310520			

### 三、项目负责人信息

姓名	罗文	证件类型	身份证
证件号码	441481198806144150	性别	男
出生年月	1988-06-14	民族	汉族
国籍	中国	学历	博士研究生
学位	博士	学位授予国家 (或地区)	中国
职务	无	职称	副高级
所学专业	遗传学	手机号码	13710789890
办公电话	020-85285702	电子邮箱	luowen729@scau.edu.cn
获广州市2021年度 基础与应用基础研究 (博士青年科技 人员) 项目编号	202102020187		



四、项目经费信息

本项目总投入：¥（10）万元，其中，市财政科技经费：¥（10）万元，自筹经费：¥（0）万元。

1. 经费下达计划			
资金来源	小计	市财政科技经费	自筹经费
2024	10	10	0
总计	10	10	0

（单位：万元）

注：本专题纳入“包干制”，市财政科技经费按市科技计划项目经费“包干制”相关规定执行。

审核通过

## 五、预期代表性成果

项目负责人在项目实施期内，以该项目作为资助项目获得以下5种情形之一且经费使用符合规定的，由组织单位审核后通过验收。

（一）项目实施期内，以第一作者/通讯作者发表论文1篇或以上（须标注资助项目编号）；

（二）项目实施期内，以第一完成人申请或授权专利、软件著作权1项或以上；

（三）项目实施期内，获省级以上科技计划项目或人才项目支持1项或以上；

（四）项目实施期内，获省级以上科技奖励（含列入获奖团队成员名单）1项或以上；

（五）项目实施期内，获得职称晋升。

审核通过

## 六、承诺函

### 申请人承诺：

本人根据项目申报指南的要求自愿提交项目（课题）申报书，**在此郑重承诺：**严格遵守《关于进一步加强科研诚信建设的若干意见》、《关于进一步弘扬科学家精神 加强作风和学风建设的意见》等有关规定，杜绝《科学技术活动违规行为处理暂行规定》（科学技术部令第19号）所列违规行为，所申报材料和相关内容真实有效，不存在违背科研诚信要求的行为；已按要求落实了科研作风学风和科研诚信主体责任；不以任何形式实施请托行为，申报材料符合《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规，符合指南各项申报要求；在参与广州市科技计划项目申报、评审和实施全过程中，恪守职业规范和科学道德，遵守评审规则和工作纪律，杜绝以下行为：

- （一）抄袭、剽窃他人科研成果或者伪造、篡改研究数据、研究结论；
- （二）购买、代写、代投论文，虚构同行评议专家及评议意见；
- （三）违反论文署名规范，擅自标注或虚假标注获得科技计划等资助；
- （四）违反科研伦理规范；
- （五）弄虚作假，骗取科技计划项目、科研经费以及奖励、荣誉等；
- （六）在申报书中以高指标通过评审，在任务书签订时故意篡改降低任务书中相应指标；
- （七）以任何形式打听尚未公布的评审专家名单及其他评审过程中的保密信息；
- （八）本人或委托他人通过各种方式及各种途径联系有关专家进行请托、游说，违规到评审会议驻地游说评审专家和工作人员、询问评审或尚未正式向社会公布的信息等干扰评审或可能影响评审公正性的活动；
- （九）向评审工作人员、评审专家等提供任何形式的礼品、礼金、有价证券、支付凭证、商业预付卡、电子红包，或提供宴请、旅游、娱乐健身等任何可能影响评审公正性的活动；
- （十）其它违反财经纪律和相关管理规定的行为。

如有违反，本人愿接受项目管理机构和相关部门做出的各项处理决定，包括但不限于取消项目（课题）承担资格，追回项目（课题）经费，向社会通报违规

情况，取消一定期限广州市科技计划项目申报资格，记入科研诚信严重失信行为数据库以及接受相应的党纪政纪处理等。

签字：罗文

日期：2023年06月07日

**承担单位承诺：**

本单位根据项目申报指南的任务需求，严格履行承担单位职责，自愿审核提交申报书，**在此郑重承诺：**

严格遵守《关于进一步加强科研诚信建设的若干意见》、《关于进一步弘扬科学家精神 加强作风和学风建设的意见》等有关规定和其它科研诚信要求的行为，已按要求落实了科研作风学风和科研诚信主体责任；不以任何形式实施请托行为，申报材料符合《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规，符合指南各项申报要求；在参与项目申报和评审活动全过程中，遵守有关评审规则和工作纪律，杜绝以下行为：

（一）采取贿赂或变相贿赂、造假、剽窃、故意重复申报等不正当手段获取科技计划项目承担资格；

（二）以任何形式探听未公开的评审专家名单及其他评审过程中的保密信息；

（三）组织或协助项目团队向评审工作人员、评审专家等提供任何形式的礼品、礼金、有价证券、支付凭证、商业预付卡、电子红包等；宴请评审组织者、评审专家，或向评审组织者、评审专家提供旅游、娱乐健身等可能影响评审公正性的活动；

（四）包庇、纵容项目团队虚假申报项目，甚至骗取国家科技计划项目；

（五）包庇、纵容项目团队，甚至帮助项目团队采取“打招呼”等方式，影响评审公正；

（六）在正式申报书中以高指标通过评审，在任务书签订时故意篡改降低任务书中相应指标；



（七）其它违反财经纪律和相关管理规定的行为。

如有违反，本单位愿接受项目管理机构和相关部门做出的各项处理决定，包括但不限于停拨或核减经费，追回项目（课题）经费，取消一定期限广州市科技计划项目申报资格，记入科研诚信严重失信行为数据库等。

承担单位：华南农业大学

日期：2023年06月07日

审核通过

## 七、单位审核

承担单位意见：

通过

日期：2023年06月08日

组织单位意见：

通过

日期：2023年06月13日

审核通过

- 控制首页
- 进入办事大厅
- 成果转化
- 需求征集
- 项目管理
- 政策补助
- 平台管理
- 用户信息维护

待上报项目0

所有项目1

请选择计划类别

请选择支持子方向

请输入受理编号

请选择项目状态

形审状态：无

立项状态：确定立项

请选择支持方向

请输入承担单位

请输入负责人

请选择审查结果

结果查询

关闭

所有项目列表

导出选中数据

导出条件下全部数据

刷新

设置

✓	编号	项目名称	承担单位	负责人	流程状态	支持方向	专题名称	退回情况	操作
✓	SL2023A04J02018	肉鸡肌肉生长与肌内脂肪沉积间的遗传信息交流和互作	华南农业大学	罗文	项目申报:完成	优秀博士“续航”...	2024年度基础与应用基础研究专题（...		<div>查看</div> <div>流转记录</div> <div>立项结果</div>



mx1024/20242331

合同编号:

技术开发（委托）合同

项 目 名 称: 动物单细胞转录组测序分析全套流程开发

委托方（甲方）: 广州纽晶生物科技有限公司

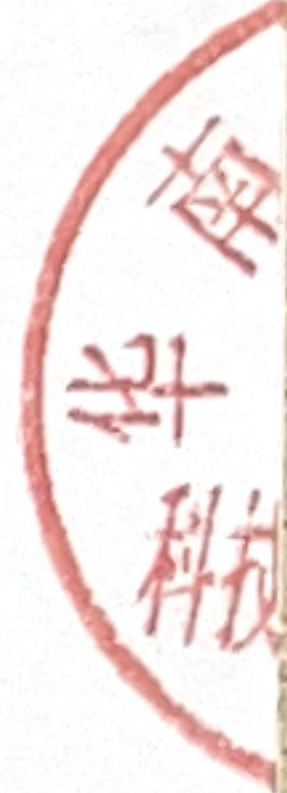
受托方（乙方）: 华南农业大学

签 订 时 间: 2024 年 09 月

签 订 地 点: 华南农业大学

有 效 期 限: 2024 年 11 月 - 2026 年 10 月

中华人民共和国科学技术部印刷





## 填写说明

一、本合同为中华人民共和国科学技术部印制的技术开发（委托）合同示范文本，各技术合同登记机构可推介技术合同当事人参照使用。

二、本合同书适用于一方当事人委托另一方当事人进行新技术、新产品、新工艺、新材料或者新品种及其系统的研究开发所订立的技术开发合同。

三、签约一方为多个当事人的，可按各自在合同关系中的作用等，在“委托方”、“受托方”项下（增页）分别排列为共同委托人或共同受托人。

四、本合同书未尽事项，可由当事人附页另行约定，并可作为本合同的组成部分。

五、当事人使用本合同书时约定无需填写的条款，应在该条款处注明“无”等字样。



# 技术开发（合作）合同

甲方： 广州纽晶生物科技有限公司

住所地： 广州市天河区燕岭路 95 号四楼 409 室 A81

法定代表人： 杨玲

项目联系人： 闲明健

联系方式： 18928532850

通讯地址： 广州市天河区燕岭路 95 号四楼 409 室 A81

电话： \_\_\_\_\_ 传真： \_\_\_\_\_

电子信箱： \_\_\_\_\_

乙方： 华南农业大学

住所地： 广东省广州市天河区五山路 483 号

法定代表人： 薛红卫

项目联系人： 罗文

联系方式： 13710789890

通讯地址： 广东省广州市天河区五山路 483 号

电话： 020-85285759 传真： 020-85285759

电子信箱： luowen729@scau.edu.cn

本合同合作各方就共同参与研究开发 动物单细胞转录组测序分析全套流程开发 项目事项，经过平等协商，在真实、充分地表达各自意愿的基础上，根据《中华人民共和国合同法》的规定，达成如下协议，并由合作各方共同恪守。

## 第一条 本合同研究开发项目的要求如下：

1、技术目标： （1）建立动物新鲜组织单细胞/单核分离捕获和 RNA 扩增技术流程；（2）建立单细胞/单核测序文库构建流程；（3）



建立单细胞/单核转录组测序数据分析流程。

2、技术内容：(1) 动物新鲜组织单细胞分离捕获；(2) 单细胞标记和测序文库构建；(3) 单细胞转录组数据分析；(4) 其他技术支持和服务。

3、技术方法和路线：

### (1) 动物新鲜组织单细胞分离捕获

根据动物不同类型组织器官，分别利用冷解离和热解离两种策略，摸索出各组织器官最合适的单细胞悬液制备实验条件，保证细胞活力；比较甲醇固定和冷冻保存两种单细胞悬液保存方法，确定哪种方法可维持更高的细胞活力；针对细胞体积较大的组织器官，综合流式分选和蔗糖密度梯度离心方法，摸索出最适的抽核条件，并建立细胞数量、大小和活力自动测量方案。

### (2) 单细胞标记和测序文库构建

分离后的单细胞封装于油包水微滴中，通过添加不同裂解液使油包水微滴中细胞的细胞膜破裂，释放 mRNA，进而与油包水中的酶、dNTP 底物和核酸引物接触，确定此过程最佳反应时间；在 PCR 仪中设置和摸索最佳温度和时间，进行反转录，形成 cDNA 文库；加入破油试剂，抽取带标签的 cDNA 分子，加入 illumina 或华大等不同测序平台所适用的测序接头，确定 PCR 扩增条件，形成测序文库，在相应的测序平台进行测序。

### (3) 单细胞转录组数据分析

建立从原始数据到个性化分析的全流程 pipeline，包括原始数据处理、基因表达矩阵构建、细胞表达数据的质控、降维聚类分析；建立不同组织器官相对于的 marker 基因数据集，为细胞注释提供数据



基础；建立不同细胞亚群间基因表达差异分析方法；建立通路富集分析和分化轨迹推断流程；建立细胞交流和受体配体互作分析流程；建立单细胞代谢分析流程；建立单细胞细胞周期分析流程。

#### (4) 其他技术支持和服务

① 为甲方提供人才支持，如进行单细胞转录组测序分析技术培训或讲座，根据工作需要提供专业兼职人员到甲方参与项目；

② 搭建华南农业大学实践教学基地，研究生人才培养基地等平台。

**第二条** 本合同合作各方在研究开发项目中，分工承担如下工作：

甲方：

1. 研究开发内容：单细胞转录组测序和分析等实验所需硬件和软件的配备，配合乙方开展相关工作。

2. 工作进度：按乙方需求协商安排。

3. 研究开发期限：2024年11月-2026年10月。

4. 研究开发地点：广州纽晶生物科技有限公司。

乙方：

1. 研究开发内容：(1) 建立动物新鲜组织单细胞/单核分离捕获和 RNA 扩增技术流程；(2) 建立单细胞/单核测序文库构建流程；(3) 建立单细胞/单核转录组测序数据分析流程。

2. 工作进度：(1) 2024 年 11 月-2025 年 6 月，建立动物新鲜组织单细胞/单核分离捕获和 RNA 扩增技术流程；(2) 2025 年 7 月-2025 年 12 月，建立单细胞/单核测序文库构建流程；(3) 2026 年 1 月-2026 年 10 月，建立单细胞/单核转录组测序数据分析流程。

3. 研究开发期限：2024 年 11 月-2026 年 10 月。

4. 研究开发地点：华南农业大学动物科学学院。



第三条 为确保本合同的全面履行，合作各方确定，采取以下方式对研发工作进行组织管理和协调：乙方项目负责人或联系人定期来甲方现场交流。

第四条 甲方应向乙方提供的技术资料及协作事项如下：

1、技术资料清单：无。

2、提供时间和方式：无。

3、其他协作事项：提供研究经费，安排人员配合研发工作。

本合同履行完毕后，上述技术资料和条件按以下方式处理：双方存档保留。

第五条 甲方应按以下方式支付研发经费和报酬：

1、研发经费和报酬总额为人民币贰拾万元整。

2、研发经费由甲方分期支付乙方。具体支付方式和时间如下：

(1) 2024 年 12 月转账至乙方账户壹拾万元

(2) 2025 年 12 月转账至乙方账户壹拾万元

乙方开户银行名称、地址和帐号为：

开户银行：广州工行五山支行

名 称：华南农业大学

帐 号：3602002609000310520

第六条 本合同的研发经费由乙方以专款专用的方式使用。

第七条 本合同的变更必须由双方协商一致，并以书面形式确定。



但有下列情形之一的，一方可以向另一提出变更合同权利与义务的请求，另一方应当在10日内予以答复；逾期未予答复的，视为同意：

- 1、发生了使合同基础发生变化的客观情况；
- 2、主要人员变动、国家政策变动等使原合同的继续履行显失公平或合同无法履行；
- 3、法律法规规定的合同可以变更的情形出现；
- 4、考虑双方合作过程中可能发生的变更，为维护双方利益，应留下空间。

**第八条** 未经甲方同意，乙方不得将本合同项目部分或全部研究开发工作转让第三人承担。

**第九条** 在本合同履行中，因出现在现有技术水平和条件下难以克服的技术困难，导致研究开发失败或部分失败，并造成合作一方或双方损失的，双方按如下约定承担风险损失：双方各自独立承担。

一方发现技术风险存在并有可能致使研究开发失败或部分失败的情形时，应当在5日内通知另一方并采取适当措施减少损失。逾期未通知并未采取适当措施而致使损失扩大的，应当就扩大的损失承担赔偿责任。

**第十条** 在本合同履行中，因作为研究开发标的技术已经由他人公开（包括以专利权方式公开），一方应在5日内通知另一方解除合同。逾期未通知并致使另一方产生损失的，另一方有权要求予以赔偿。

**第十一条** 双方确定因履行本合同应遵守的保密义务如下：



甲方：

1、保密内容（包括技术信息和经营信息）：①涉及本合同的技术文件、资料、经营信息和商业秘密；②未经乙方同意不得对外转让或泄露。

2、涉密人员范围：①直接或间接涉及本合同技术的有关人员；②涉及与该技术成果的相关人员。

3、保密期限：八年。

4、泄密责任：依照法律法规承担责任。

乙方：

1、保密内容（包括技术信息和经营信息）：①涉及本合同的技术文件、资料、经营信息和商业秘密；②未经甲方同意不得对外转让或泄露。

2、涉密人员范围：①直接或间接涉及本合同技术的有关人员；②涉及与该技术成果的相关人员。

3、保密期限：八年。

4、泄密责任：依照法律法规承担责任。

**第十二条** 乙方应当按以下方式向甲方交付研究开发成果：

1、研究开发成果交付的形式及数量：现场验收。

2、研究开发成果交付的时间及地点：广东省广州市。

**第十三条** 双方确定，按以下标准及方法对合作一方完成的研究开发成果进行验收：

甲方：承诺并保证，严格履行本合同约定的全部责任和义务，为乙方提供合同约定的科研经费。



乙方：承诺并保证，严格履行本合同约定的全部责任和义务，为甲方实施该技术提供必要的技术服务和技术支撑，建立动物新鲜组织单细胞/单核分离捕获和 RNA 扩增技术流程 1 套；建立单细胞/单核测序文库构建流程 1 套；建立单细胞/单核转录组测序数据分析流程 1 套，为甲方推广单细胞转录组测序和分析提供技术支持。

**第十四条** 乙方应当保证其交付给甲方的研究开发成果不侵犯任何第三人的合法权益。如发生第三人指控甲方实施的技术侵权的，乙方应当积极协助甲方应诉。

**第十五条** 双方确定，因履行本合同所产生的研究开发成果及其相关知识产权权利归属，按下列第1种方式处理：

1、甲方享有申请专利的权利。

专利权取得后的使用和有关利益分配方式如下：研发所获得的专利，其所有权、使用权和处置权归属甲方，产生的经济效益归甲方所有。

2、双方对本合同有关的知识产权权利归属特别约定如下：

项目所产生的论文、成果奖励按华南农业大学排名第一。

**第十六条** 乙方不得在向甲方交付研究开发成果之前，自行将研究开发成果转让给第三人。

**第十七条** 乙方完成本合同项目的研究开发人员享有在有关技术成果文件上写明技术成果完成者的权利和取得有关荣誉证书、奖励的权利。

**第十八条** 合作一方或多方利用共同投资的研究开发经费所购置与研究开发工作有关的设备、器材、资料等财产，归乙方所有。



**第十九条** 双方确定，乙方应在向甲方交付研究开发成果后，根据甲方的请求，为甲方指定的人员提供技术指导和培训，或提供与使用该研究开发成果相关的技术服务。

**第二十条** 双方确定：任何一方违反本合同约定，造成研究开发工作停滞、延误或失败的，按以下约定承担违约责任：

- 1、甲方违反本合同第五条约定，应当每日按照合同额\*0.1%支付违约金（支付违约金或损失赔偿额的计算方法）。
- 2、乙方违反本合同第十二条约定，应当放弃后续经济效益收益（支付违约金或损失赔偿额的计算方法）。

**第二十一条** 双方确定，任何一方有权利用本合同项目研究开发所完成的技术成果，进行后续改进。由此产生的具有实质性或创造性技术进步特征的新的技术成果，归完成方（完成方、合作各方）方所有。具体相关利益的分配办法如下：由此产生的利益由完成方所有。

**第二十二条** 双方确定，在本合同有效期内，甲方指定闲明健为甲方项目联系人，乙方指定罗文为乙方项目联系人，项目联系人承担以下责任：

- 1、按照约定的联系时间、联系方式和联系地点完成交办的相关工作；
- 2、防止因人事变动而使合同难以履行或无法履行；
- 3、保证约定和法律法规，履行本合同。

一方变更项目联系人的，应当及时并以书面形式通知另一方。未及时通知并影响本合同履行或造成损失的，应承担相应的责任。

**第二十三条** 双方确定，出现下列情形，致使本合同的履行成为



不必要或不可能的，一方可以通知另一方解除本合同；

1、因发生不可抗力或技术风险；

**第二十四条** 双方因履行本合同而发生的争议，应协商、调解解决。协商、调解不成的，确定按以下第2种方式处理：

1、提交          /          仲裁委员会仲裁；

2、依法向人民法院起诉。

**第二十五条** 双方约定本合同其他相关事项为：本协议未尽事宜，甲乙双方应本着公平、合理、诚信的态度协商解决，协商不成，可通过诉讼解决。

**第二十六条** 如双方联合申报各项科技项目时，另行签订合作协议。

**第二十七条** 本合同一式肆份，具有同等法律效力。

**第二十八条** 本合同经合作双方签字盖章后生效。

甲方：广州纽晶生物科技有限公司（盖章）

法定代表人/委托代理人：杨玲（签名）

甲方联系人：陈明健（签名）

2024年10月14日

乙方：华南农业大学（盖章）

法定代表人/委托代理人：薛红（签名）

乙方联系人（项目负责人）：182（签名）

2024年9月30日



# 广东省农村科技特派员帮扶工作协议书

甲方：河源市科学技术局

乙方：紫金县好义镇工作队（紫金县好义镇人民政府）

丙方：紫金县好义镇农村科技特派员团队

团队负责人马晓莉（华南农业大学）、成员 1 罗文（华南农业大学）、成员 2 蔺文成（华南农业大学）

为贯彻落实党中央实施乡村振兴战略决策部署，落实省委、省政府关于实施“百县千镇万村高质量发展工程”促进城乡区域协调发展有关部署要求，按照《广东省科技支撑“百县千镇万村高质量发展工程”促进城乡区域协调发展实施方案（试行）》《广东省农村科技特派员科技助力百县千镇万村高质量发展行动计划（2023-2026）》等有关规定，经友好协商，就广东省河源市紫金县好义镇农村科技特派员帮扶工作达成如下协议，由各方共同遵守。

## 一、工作背景

1、乙丙方已于 2024 年 1 月 10 日进行工作对接，对乙



方科技需求进行了充分调研和了解。

2、丙方已于 2024 年 1 月-2024 年 9 月 在乙方地区开展了 畜禽育种与健康产业 方面的科技服务，与康盈种养农民专业合作社 具有较好的合作基础。

## **二、甲方职责和义务**

1、组织和管理农村科技特派员队伍，开展农村科技特派员选派对接、考核评价、培训交流。

2、检查选派的农村科技特派员团队贯彻落实有关情况，发现驻镇帮扶工作中存在的问题，督促各团队落实驻镇帮扶村属地责任，强化监管。

3、根据省下达年度科技支撑“百千万工程”资金按程序将资金转拨派出单位（团队负责人所在单位）。

## **三、乙方职责和义务**

1、帮扶期间，乙方应协调相关资源，创造良好的科技帮扶工作环境，保障农村科技特派员团队在帮扶期间必要的工作条件。

2、帮扶期间，由乙方驻镇工作队统一管理，乙方应指导丙方围绕重点帮扶产业、领域开展科技帮扶，对帮扶内容、时间和成效等进行管理和记录。

3、与丙方协商具体帮扶任务，形成《河源市紫金县好义镇帮扶任务清单》（参考附件）。

## **四、丙方职责和义务**



1、帮扶期间，丙方应认真履行《广东省农村科技特派员科技助力百县千镇万村高质量发展行动计划（2023-2026）》工作职责。

2、帮扶期间，丙方应密切联系和协助乙方开展工作，全力完成乙方安排的科技帮扶任务。

3、帮扶期间，丙方应深入基层一线，实地调研、深度挖掘制约乡镇发展的关键科技问题，完成驻镇帮镇扶村重点派驻任务（“好义三黄鸡新资源鉴定研究及其健康养殖技术应用推广”），并积极开展技术指导、技能培训、成果转化、创业辅导、政策宣传、规划设计等“三农”科技服务，为乡镇产业发展、科技水平提升、关键共性问题解决等提供科技支撑。日常管理中建立必要的工作台账，收集报送农村科技成果和典型案例，开展宣传报道。

4、与乙方协商具体帮扶任务，形成《河源市紫金县好义镇帮扶任务清单》（参考附件）。

## 五、协议履行和争议解决

1、乙丙两方应积极履行协议条款，如出现一方未按协议履行条款，影响帮扶工作开展的，另一方应督促提醒，以免产生严重后果。

2、协议在履行过程中发生争议的，应通过共同协商方式解决，产生严重后果或重大影响、要求变更或解除协议的，应及时报告当地市级科技管理部门，在省、市科技管理部门指导和协调下进行争议事项处理。



## 六、其他

1、本协议应在三方充分沟通、实地调研、细致对接基础之上签订，共一式叁份，三方各执壹份，协议有效期 3 年，自签订之日起生效。

2、每个乡镇只可与一个农村科技特派员团队签订本协议。

3、其他未尽事宜，由三方友好协商解决。

4、丙方派出单位指定的银行账户信息：

户名：华南农业大学

开户行：工商银行广州五山支行

账户：3602002609000310520

附件：1.河源市紫金县好义镇帮扶任务清单

2.丙方派出单位银行开户许可证

（以下无正文）





甲方（盖章）：河源市科学技术局

主要负责人/委托人：



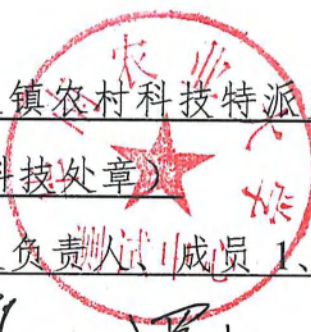
2024 年 11 月 4 日



乙方（盖章）：紫金县好义镇工作队（紫金县好义镇人民政府）

法定代表人/委托人/工作队长：李支军

2024 年 10 月 30 日



丙方（盖章）：紫金县好义镇农村科技特派员团队（加盖团队负责人派出单位学院或科技处章）

主要负责人/委托人：（团队负责人、成员 1、成员 2 签字）

马晓莉、罗文、胡文斌

2024 年 10 月 30 日



检索证明

根据委托人提供的论文材料，委托人华南农业大学动物科学学院 罗文 20 篇论文收录情况如下表。

序号	论文名称	发表刊物及发表的年月卷期/页码等	作者排名	论文等级	作者文中单位	收录情况	影响因子	中科院大类分区
1	TMEM182 interacts with integrin beta 1 and regulates myoblast differentiation and muscle regeneration	JOURNAL OF CACHEXIA SARCOPENIA AND MUSCLE 出版年：2021 出版日期：DEC 卷期：12 6 页码：1704-1723 文献类型：Article	第一作者	T2 类	华南农业大学	SCI	IF2-year=12.063 IF5-year=12.879 (2021)	医学 1 区 Top 期刊：是 (2021)
2	The transmembrane protein TMEM182 promotes fat deposition and alters metabolomics and lipidomics	INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES 出版年：2024 出版日期：FEB 卷期：259 页码：- 文献号：129144 文献类型：Article	通讯作者	A 类	华南农业大学	SCI	IF2-year=8.5 IF5-year=8.7 (2024)	生物学 2 区 Top 期刊：是 (2025)
3	Microplastic exposure induces muscle growth but reduces meat quality and muscle physiological function in	SCIENCE OF THE TOTAL ENVIRONMENT 出版年：2023	通讯作者	T2 类	华南农业大学	SCI	IF2-year=8.2 IF5-year=8.6 (2023)	环境科学与生态学 1 区 Top 期刊：是



	chickens	出版日期: JUL 15 卷期: 882 页码: - 文献号: 163305 文献类型: Article						(2023)
4	Metabolomic, lipidomic, and proteomic profiles provide insights on meat quality differences between Shitou and Wuzong geese	FOOD CHEMISTRY 出版年: 2024 出版日期: APR 16 卷期: 438 页码: - 文献号: 137967 文献类型: Article	通讯作者: 12 类	12 类	华南农业大学	SCI	IF2-year=9.8 IF5-year=9.7 (2024)	农林科学 1 区 Top 期刊: 是 (2025)
5	Bulk and single-cell alternative splicing analyses reveal roles of TRA2B in myogenic differentiation	CELL PROLIFERATION 出版年: 2024 出版日期: FEB 卷期: 57 2 页码: - 文献号: e13545 文献类型: Article	共同通讯作者 (倒数第一)	T2 类	华南农业大学	SCI	IF2-year=5.6 IF5-year=7.6 (2024)	生物学 1 区 Top 期刊: 是 (2025)
6	Chicken muscle antibody array reveals the regulations of LDHA on myoblast differentiation through energy metabolism	INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOLOGICAL MACROMOLECULES 出版年: 2024 出版日期: JAN 卷期: 254 页码: - 文献号: 127629	共同第一作者 (排名第二)	A 类	华南农业大学	SCI	IF2-year=8.5 IF5-year=8.7 (2024)	生物学 2 区 Top 期刊: 是 (2025)



		文献类型: Article						
7	Whole-transcriptome sequencing revealed the ceRNA regulatory network during the proliferation and differentiation of goose myoblast	POULTRY SCIENCE 出版年: 2024 出版日期: NOV 卷期: 103 11 页码: - 文献号: 104173 文献类型: Article	通讯作者	A类	华南农业大学	SCI	IF2-year=4.2 IF5-year=4.5 (2024)	农林科学 2区 Top 期刊: 是 (2025)
8	Effects of long-time and short-time heat stress on the meat quality of geese	POULTRY SCIENCE 出版年: 2024 出版日期: OCT 卷期: 103 10 页码: - 文献号: 104112 文献类型: Article	通讯作者	A类	华南农业大学	SCI	IF2-year=4.2 IF5-year=4.5 (2024)	农林科学 2区 Top 期刊: 是 (2025)
9	Genetic characteristics and selection signatures between Southern Chinese local and commercial chickens	POULTRY SCIENCE 出版年: 2024 出版日期: JUL 卷期: 103 7 页码: - 文献号: 103863 文献类型: Article	通讯作者	A类	华南农业大学	SCI	IF2-year=4.2 IF5-year=4.5 (2024)	农林科学 2区 Top 期刊: 是 (2025)



	A large-scale comparison of the meat quality characteristics of different chicken breeds in South China	POULTRY SCIENCE 出版年: 2024 出版日期: JUN 卷期: 103 6 页码: - 文献号: 103740 文献类型: Article	通讯作者	A类	华南农业大学	SCI	IF2-year=4.2 IF5-year=4.5 (2024)	农林科学 2区 Top 期刊: 是 (2025)
11	Weighted single-step GWAS identified candidate genes associated with carcass traits in a Chinese yellow-feathered chicken population	POULTRY SCIENCE 出版年: 2024 出版日期: FEB 卷期: 103 2 页码: - 文献号: 103341 文献类型: Article	通讯作者	A类	华南农业大学	SCI	IF2-year=4.2 IF5-year=4.5 (2024)	农林科学 2区 Top 期刊: 是 (2025)
12	Transcriptome Data Revealed the circRNA-miRNA-mRNA Regulatory Network during the Proliferation and Differentiation of Myoblasts in Shitou Goose	ANIMALS 出版年: 2024 出版日期: FEB 卷期: 14 4 页码: - 文献号: 576 文献类型: Article	通讯作者	A类	华南农业大学	SCI	IF2-year=2.7 IF5-year=3.2 (2024)	农林科学 2区 Top 期刊: 否 (2025)
13	Transcriptome Sequencing Reveals Pathways Related to Proliferation and Differentiation of Shitou Goose Myoblasts	ANIMALS 出版年: 2022 出版日期: NOV 卷期: 12 21 页码: - 文献号: 2956	通讯作者	A类	华南农业大学	SCI	IF2-year=3.0 IF5-year=3.2 (2022)	农林科学 2区 Top 期刊: 否 (2022)



		文献类型: Article						
	Characterization of Chicken Skin Yellowness and Exploration of Genes Involved in Skin Yellowness Deposition in Chicken	FRONTIERS IN PHYSIOLOGY 出版年: 2021 出版日期: MAR 31 卷期: 12 页码: - 文献号: 585089 文献类型: Article	通讯作者	A类	华南农业大学	SCI	IF2-year=4.755 IF5-year=5.316 (2021)	医学 2区 Top 期刊: 是 (2021)
14	Integrative Analyses of mRNA Expression Profile Reveal SOCS2 and CISH Play Important Roles in GHR Mutation-Induced Excessive Abdominal Fat Deposition in the Sex-Linked Dwarf Chicken	FRONTIERS IN GENETICS 出版年: 2021 出版日期: JAN 14 卷期: 11 页码: - 文献号: 610605 文献类型: Article	通讯作者	B类	华南农业大学	SCI	IF2-year=4.772 IF5-year=4.933 (2021)	生物学 3区 Top 期刊: 否 (2021)
15	Natural antisense transcript of MYOG regulates development and regeneration in skeletal muscle by shielding the binding sites of MicroRNAs of MYOG mRNA 3'UTR	BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL RESEARCH COMMUNICATIONS 出版年: 2023 出版日期: JUN 25 卷期: 662 页码: 93-103 文献类型: Article	通讯作者	B类	华南农业大学	SCI	IF2-year=2.5 IF5-year=2.7 (2023)	生物学 3区 Top 期刊: 否 (2023)
16								



17	Transcriptome profile analysis reveals KLHL30 as an essential regulator for myoblast differentiation	BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL RESEARCH COMMUNICATIONS 出版年: 2021 出版日期: JUN 25 卷期: 559 页码: 84-91 文献类型: Article	通讯作者	B类	华南农业大学	SCI	IF2-year=3.322 IF5-year=3.498 (2021)	生物学 3区 Top 期刊: 否 (2021)
18	PGC 介导的 TMEM182 基因敲除性腺嵌合体鸡的制备	中国家禽 出版年: 2024 出版日期: 2024-03-08 16:55 卷期: 46 09 页码: 18-25 文献号: 文献类型: 期刊论文	共同通讯作者 (倒数第一)	C类	华南农业大学	北大核心	无	无
19	GHR 基因多态性与鸡生长、屠体性状的相关性分析	中国畜牧杂志 出版年: 2024 出版日期: 2024-03-01 16:44 卷期: 60 07 页码: 95-100 文献号: 文献类型: 期刊论文	通讯作者	B类	华南农业大学	北大核心	无	无
20	A 2-bp deletion in intron 1 of TMEM182 is associated with TMEM182 mRNA expression and chicken body	BRITISH POULTRY SCIENCE 出版年: 2023	通讯作者	B类	华南农业大学	SCI	IF2-year=1.6 IF5-year=2.3 (2023)	农林科学 3区 Top 期刊: 否 (2023)



	weight	出版日期: JAN 2 卷期: 64 1 页码: 11-18 文献类型: Article						
--	--------	--	--	--	--	--	--	--

说明: 论文等级和中科院大类分区按《华南农业大学学术论文评价方案(试行)》划分。

报告免责声明: 如未盖章, 报告无效

华南农业大学图书馆SCAULIB202519103





# TMEM182 interacts with integrin beta 1 and regulates myoblast differentiation and muscle regeneration

Wen Luo<sup>1,2,3,5</sup>, Zetong Lin<sup>2,3</sup>, Jiahui Chen<sup>2,3</sup>, Genghua Chen<sup>2,3</sup>, Siyu Zhang<sup>2,3</sup>, Manqing Liu<sup>1,2,3</sup>, Hongmei Li<sup>1,2,3</sup>, Danlin He<sup>1,2,3</sup>, Shadong Liang<sup>1,2,3</sup>, Qingbin Luo<sup>1,2,3</sup>, Dexiang Zhang<sup>1,2,3</sup>, Qinghua Nie<sup>1,2,3,4\*</sup> & Xiquan Zhang<sup>1,2,3,4\*</sup>

<sup>1</sup>Lingnan Guangdong Laboratory of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou, China; <sup>2</sup>Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou, China; <sup>3</sup>Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, and Key Lab of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, South China Agricultural University, Guangzhou, China; <sup>4</sup>State Key Laboratory for Conservation and Utilization of Subtropical Agro-Bioresources, South China Agricultural University, Guangzhou, China; <sup>5</sup>Department of Orthopaedics and Traumatology, The Chinese University of Hong Kong, Hong Kong

## Abstract

**Background** Transmembrane proteins are vital for intercellular signalling and play important roles in the control of cell fate. However, their physiological functions and mechanisms of action in myogenesis and muscle disorders remain largely unexplored. It has been found that *transmembrane protein 182* (*TMEM182*) is dramatically up-regulated during myogenesis, but its detailed functions remain unclear. This study aimed to analyse the function of *TMEM182* during myogenesis and muscle regeneration.

**Methods** RNA sequencing, quantitative real-time polymerase chain reaction, and immunofluorescence approaches were used to analyse *TMEM182* expression during myoblast differentiation. A dual-luciferase reporter assay was used to identify the promoter region of the *TMEM182* gene, and a chromatin immunoprecipitation assay was used to investigate the regulation *TMEM182* transcription by MyoD. We used chickens and *TMEM182*-knockout mice as *in vivo* models to examine the function of *TMEM182* in muscle growth and muscle regeneration. Chickens and mouse primary myoblasts were used to extend the findings to *in vitro* effects on myoblast differentiation and fusion. Co-immunoprecipitation and mass spectrometry were used to identify the interaction between *TMEM182* and integrin beta 1 (ITGB1). The molecular mechanism by which *TMEM182* regulates myogenesis and muscle regeneration was examined by Transwell migration, cell wound healing, adhesion, glutathione-S-transferase pull down, protein purification, and RNA immunoprecipitation assays.

**Results** *TMEM182* was specifically expressed in skeletal muscle and adipose tissue and was regulated at the transcriptional level by the myogenic regulatory factor MyoD1. Functionally, *TMEM182* inhibited myoblast differentiation and fusion. The *in vivo* studies indicated that *TMEM182* induced muscle fibre atrophy and delayed muscle regeneration. *TMEM182* knockout in mice led to significant increases in body weight, muscle mass, muscle fibre number, and muscle fibre diameter. Skeletal muscle regeneration was accelerated in *TMEM182*-knockout mice. Furthermore, we revealed that the inhibitory roles of *TMEM182* in skeletal muscle depend on ITGB1, an essential membrane receptor involved in cell adhesion and muscle formation. *TMEM182* directly interacted with ITGB1, and this interaction required an extracellular hybrid domain of ITGB1 (aa 387–470) and a conserved region (aa 52–62) within the large extracellular loop of *TMEM182*. Mechanistically, *TMEM182* modulated ITGB1 activation by coordinating the association between ITGB1 and laminin and regulating the intracellular signalling of ITGB1. Myogenic deletion of *TMEM182* increased the binding activity of ITGB1 to laminin and induced the activation of the FAK-ERK and FAK-Akt signalling axes during myogenesis.

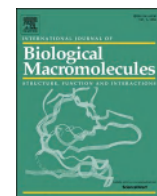
**Conclusions** Our data reveal that *TMEM182* is a novel negative regulator of myogenic differentiation and muscle regeneration.

**Keywords** *TMEM182*; Myogenesis; Muscle regeneration; Integrin beta 1; FAK signalling

Received: 1 March 2021; Revised: 28 May 2021; Accepted: 10 July 2021

\*Correspondence to: Qinghua Nie and Xiquan Zhang, Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China. Email: nqinghua@scau.edu.cn; xqzhang@scau.edu.cn





# Chicken muscle antibody array reveals the regulations of LDHA on myoblast differentiation through energy metabolism

Zihao Zhang<sup>a,b,c,f,1</sup>, Wen Luo<sup>a,b,c,d,e,1</sup>, Genghua Chen<sup>a,b,c</sup>, Jiahui Chen<sup>a,b,c</sup>, Shudai Lin<sup>f</sup>, Tuanhui Ren<sup>a,b,c</sup>, Zetong Lin<sup>a,b,c</sup>, Changbin Zhao<sup>a,b,c</sup>, Huaqiang Wen<sup>a,b,c</sup>, Qinghua Nie<sup>a,b,c,d</sup>, Xun Meng<sup>g,h,\*</sup>, Xiquan Zhang<sup>a,b,c,d,\*\*</sup>

<sup>a</sup> Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

<sup>b</sup> Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, and Key Lab of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

<sup>c</sup> State Key Laboratory of Livestock and Poultry Breeding, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

<sup>d</sup> Lingnan Guangdong Laboratory of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

<sup>e</sup> Department of Orthopaedics and Traumatology, The Chinese University of Hong Kong, Hong Kong 999077, China

<sup>f</sup> College of Coastal Agricultural Sciences, Guangdong Ocean University, Zhanjiang 524088, China

<sup>g</sup> School of Life Sciences, Northwest University, Xi'an 710069, China

<sup>h</sup> Abmart, 333 Guiping Road, Shanghai 200033, China

## ARTICLE INFO

### Keywords:

Muscle antibody array  
Myoblast differentiation  
Energy metabolism regulation

## ABSTRACT

Myoblast proliferation and differentiation are highly dynamic and regulated processes in skeletal muscle development. Given that proteins serve as the executors for the majority of biological processes, exploring key regulatory factors and mechanisms at the protein level offers substantial opportunities for understanding the skeletal muscle development. In this study, a total of 607 differentially expressed proteins between proliferation and differentiation in myoblasts were screened out using our chicken muscle antibody array. Biological function analysis revealed the importance of energy production processes and compound metabolic processes in myogenesis. Our antibody array specifically identified an upregulation of LDHA during differentiation, which was associated with the energy metabolism. Subsequent investigation demonstrated that LDHA promoted the glycolysis and TCA cycle, thereby enhancing myoblasts differentiation. Mechanistically, LDHA promotes the glycolysis and TCA cycle but inhibits the ETC oxidative phosphorylation through enhancing the NADH cycle, providing the intermediate metabolites that improve the myoblasts differentiation. Additionally, increased glycolytic ATP by LDHA induces Akt phosphorylation and activate the PI3K-Akt pathway, which might also contribute to the promotion of myoblasts differentiation. Our studies not only present a powerful tool for exploring myogenic regulatory factors in chicken muscle, but also identify a novel role for LDHA in modulating myoblast differentiation through its regulation of cellular NAD<sup>+</sup> levels and subsequent downstream effects on mitochondrial function.

## 1. Introduction

Skeletal muscle consists of multinucleated myofibers formed through the proliferation and differentiation of mononucleated myoblasts [1,2]. Proliferation and differentiation of myoblasts to produce multinucleated myofibers, as well as their fusion with existing myofibers to augment the

pool of myonuclei, is crucial for the muscle development, postnatal growth and repair [1,3]. Myoblasts proliferation and differentiation are highly dynamic and regulated processes that involve coordination among cell cycle, muscle-specific transcriptional program, cell elongation, and fusion [2,4].

Past researches on myoblast and skeletal muscle development

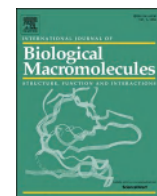
\* Correspondence to: X. Meng, School of Life Sciences, Northwest University, Xi'an 710069, China.

\*\* Correspondence to: X. Zhang, Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China.

E-mail addresses: [xun.meng@ab-mart.com](mailto:xun.meng@ab-mart.com) (X. Meng), [xqzhang@scau.edu.cn](mailto:xqzhang@scau.edu.cn) (X. Zhang).

<sup>1</sup> Co-first author.





# The transmembrane protein TMEM182 promotes fat deposition and alters metabolomics and lipidomics

Genghua Chen<sup>1</sup>, Zetong Lin<sup>1</sup>, Haoqi Peng, Shuai Zhang, Zihao Zhang, Xiquan Zhang, Qinghua Nie, Wen Luo<sup>\*</sup>

College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou, Guangdong 510642, China

Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, Key Laboratory of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture, Guangzhou, Guangdong 510642, China

State Key Laboratory of Livestock and Poultry Breeding, Lingnan Guangdong Laboratory of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

## ARTICLE INFO

### Keywords:

TMEM182

Fat formation

Metabolomics

Lipidomics

## ABSTRACT

*TMEM182*, a transmembrane protein highly expressed in muscle and adipose tissues, plays a crucial role in muscle cell differentiation, metabolism, and signaling. However, its role in fat deposition and metabolism is still unknown. In this study, we used overexpression and knockout models to examine the impact of *TMEM182* on fat synthesis and metabolism. Our results showed that *TMEM182* overexpression increased the expression of fat synthesis-related genes and promoted the differentiation of preadipocytes into fat cells. In *TMEM182* knockout mice, there was a significant decrease in abdominal fat deposition. RNA sequencing results showed that *TMEM182* overexpression in preadipocytes enhanced the activity of pathways related to fat formation, ECM-receptor interaction, and cell adhesion. Furthermore, our analysis using UPLC-MS/MS showed that *TMEM182* significantly altered the metabolite and lipid content and composition in chicken breast muscle. Specifically, *TMEM182* increased the content of amino acids and their derivatives in chicken breast muscle, promoting amino acid metabolic pathways. Lipidomics also revealed a significant increase in the content of glycerophospholipids, sphingolipids, and phospholipids in the breast muscle after *TMEM182* overexpression. These findings suggest that *TMEM182* plays a crucial role in regulating fat deposition and metabolism, making it a potential target for treating obesity-related diseases and animal breeding.

## 1. Introduction

Adipose tissue is the primary organ for storing energy in the body, converting fatty acids and glycerol in the blood into TG through esterification and storing them in lipid droplets. When energy is needed by other organs, TG can be broken down into free fatty acids and glycerol and released into the bloodstream. Studies have shown that the TG content in visceral and subcutaneous fat is higher than in intramuscular fat [1] and the fat cell volume in visceral and subcutaneous fat (diameter of 50–200  $\mu\text{m}$ ) is significantly larger than in intramuscular fat (diameter of 25–50  $\mu\text{m}$ ) [2]. The increase in fat is primarily due to an increase in fat cell volume. Excessive energy intake or a high-fat diet can lead to rapid proliferation or enlargement of fat cells, resulting in a rapid increase in fat tissue weight and potential functional impairments such as local inflammation, immune cell infiltration, fibrosis, and metabolic disorders

[2]. Appropriate intramuscular fat can improve the tenderness, flavor, and texture of meat [3–5], while excessive fat deposition and high body fat ratios can affect carcass quality and consumer acceptance [6]. Additionally, excess fat is often discarded and can increase the difficulty of meat processing. In the farming process, excessive fat deposition can reduce feed utilization and commodity prices, increasing the cost of farming. Therefore, investigating the genetic regulation and factors involved in fat deposition can provide insight into the molecular mechanisms of fat formation.

During the differentiation process from preadipocytes to mature adipocytes, many genes are involved in the regulation. Among them, *PPAR $\gamma$*  and members of the C/EBPs family are the most crucial transcription regulators in adipose development, and many factors participate in fat formation by regulating or being regulated by C/EBPs and *PPAR $\gamma$* . *PPAR $\gamma$*  plays a key role in adipocyte differentiation, lipid

<sup>\*</sup> Corresponding author at: College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, Guangdong Province, China.

E-mail address: [luowen729@scau.edu.cn](mailto:luowen729@scau.edu.cn) (W. Luo).

<sup>1</sup> These authors equally contributed to this work.





# Microplastic exposure induces muscle growth but reduces meat quality and muscle physiological function in chickens

Jiahui Chen<sup>b,c,d,1</sup>, Genghua Chen<sup>b,c,d,1</sup>, Haoqi Peng<sup>b,c,d</sup>, Lin Qi<sup>b,c,d</sup>, Danlu Zhang<sup>b,c,d</sup>, Qinghua Nie<sup>a,b,c,d</sup>, Xiquan Zhang<sup>a,b,c,d</sup>, Wen Luo<sup>a,b,c,d,\*</sup>

<sup>a</sup> Lingnan Guangdong Laboratory of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

<sup>b</sup> Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

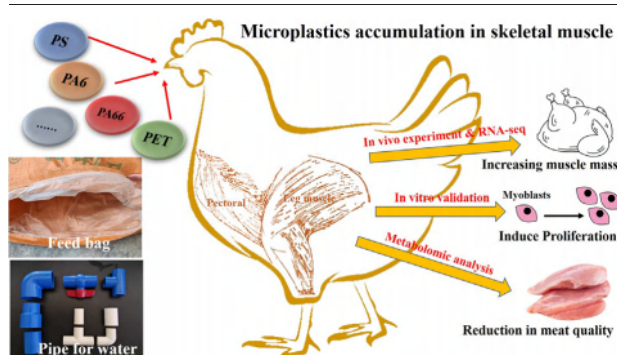
<sup>c</sup> Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, and Key Lab of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

<sup>d</sup> State Key Laboratory of Livestock and Poultry Breeding, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

## HIGHLIGHTS

- Microplastics accumulate in the muscles of farmed broilers.
- Polystyrene microplastics (PS-MPs) promote the muscle growth of broilers.
- PS-MP exposure reduced meat quality but increased the muscle weight of chickens.
- PS-MPs feeding can affect the expression of genes related to neural function.

## GRAPHICAL ABSTRACT



## ARTICLE INFO

Editor: Jay Gan

### Keywords:

Microplastic pollution  
Polystyrene microplastics  
Chicken  
Muscle growth  
Meat quality  
Gene expression

## ABSTRACT

Microplastic (MP) pollution has become one of the global environmental concerns, but the contamination and effect of MP on chicken skeletal muscle are scarcely researched. Here, we found MP contamination in the chicken skeletal muscles, which were directly collected from a large-scale chicken farm. Using Pyrolysis-Gas Chromatography-Mass Spectrometry and Agilent 8700 laser direct infrared imaging spectrometer, we found that polystyrene (PS) and polyamide are the significant type of MPs detected in chicken skeletal muscle. Constant PS-MP oral feeding for >21 days increases the content of MP deposited in chicken breast muscle, but the MP content in the leg muscle was gradually decreased. Surprisingly, the chicken's body and skeletal muscle weight was increased after constant PS-MP feeding. Physiological results showed that PS-MP exposure inhibited energy and lipid metabolism, induced oxidative stress, and potential for neurotoxicity in the skeletal muscle. Metabolomic analysis of the liquid chromatography-tandem mass spectrometry and gas chromatography coupled with the mass spectrometer results showed that PS-MP exposure changed the metabolomic profile and reduced meat quality. *In vitro*, experimental results showed that PS-MP exposure induced chicken primary myoblasts proliferation and apoptosis but decreased myoblasts differentiation. Transcriptome analysis of the skeletal muscle indicates that PS-MP exposure affects skeletal muscle function by regulating genes involved in neural function and muscle development. Considering that chicken is one of the most important meat foods in the world, this study will provide an essential reference for protecting meat food safety.

\* Corresponding author at: College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, Guangdong Province, China.  
E-mail address: [luowen729@scau.edu.cn](mailto:luowen729@scau.edu.cn) (W. Luo).

<sup>1</sup> These authors contributed equally to this work.

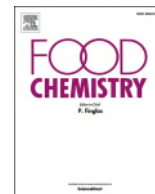
<http://dx.doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.163305>

Received 4 February 2023; Received in revised form 31 March 2023; Accepted 1 April 2023

Available online 11 April 2023

0048-9697/© 2023 Elsevier B.V. All rights reserved.





# Metabolomic, lipidomic, and proteomic profiles provide insights on meat quality differences between Shitou and Wuzong geese

Genghua Chen, Lin Qi, Shuai Zhang, Haoqi Peng, Zetong Lin, Xiquan Zhang, Qinghua Nie, Wen Luo\*

State Key Laboratory of Livestock and Poultry Breeding, and Lingnan Guangdong Laboratory of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou, Guangdong 510642, China

Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, Key Laboratory of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture, Guangzhou, Guangdong 510642, China

## ARTICLE INFO

### Keywords:

IMF content

Goose

Meat quality

Metabolomics

Lipidomics

Proteomics

## ABSTRACT

A comprehensive comparison of metabolomic, lipidomic, and proteomic profiles was conducted between the breast and leg muscles of Shitou goose (STE) and Wuzhong goose (WZE), which exhibit significant variations in body size and growth rate, to evaluate their impact on meat quality. WZE had higher intramuscular fat content in their breast muscles, which were also chewier and had higher drip and cooking losses than STE. Metabolomic analysis revealed differential regulation of amino acid and purine metabolism between WZE and STE. Lipidomic analysis indicated a higher abundance of PE and PC lipid molecules in WZE. Integration of proteomic and metabolomic data highlighted purine metabolism and amino acid biosynthesis as the major distinguishing pathways between STE and WZE. The primary differential pathways between breast and leg muscles were associated with energy metabolism and fatty acid metabolism. This comprehensive analysis provides valuable insights into the distinct meat quality of STE and WZE.

## 1. Introduction

China holds the position of the world's foremost producer and consumer of geese. Within Guangdong province, the indigenous goose breeds of Shitou (STE) and Wuzong (WZE) hold significant prominence. STE geese are widely recognized for their larger size, often weighing 4–6 times more than the comparatively smaller WZE geese at marketable age (Zhang et al., 2023). Despite their economic significance, it is crucial to conduct scientific research on these breeds, especially in terms of their meat quality characteristics. Ensuring the economic sustainability of the industry heavily relies on meeting consumer demand for high-quality and flavorful goose meat. By aligning with consumer preferences for superior meat quality, the industry can increase market demand and subsequently enhance its financial profitability. Consequently, conducting scientific research on meat quality attributes and their improvement is crucial for the progress and prosperity of the goose meat sector. The weight gain and growth-related indicators of Shitou Goose and Wuzong Goose exhibited significant differences during the initial 13-week period (Tang et al., 2023). Therefore, these two goose breeds,

which demonstrate significant differences in growth rate and body size, are suitable for studying the impact of size and growth variations on the quality of goose meat. Meanwhile, muscles differ in appearance, size and leanness for their particular physiological functions. Therefore, the muscle types differ in physicochemical compositions, which further affect meat quality and eating quality (Ba et al., 2014).

The quality of meat is primarily influenced by various factor such as intramuscular fat content (IMF), drip loss, cooking loss, tenderness, pH value, and meat color (Hou et al., 2023). A higher IMF content is closely linked to enhanced meat flavor, while a lower IMF content indicates lower levels of flavor precursors in animal meat (Hou et al., 2023). The lipids present in IMF play a crucial role in regulating the development of meat flavor, which is determined by the abundance and composition of volatile compounds generated during meat processing (Khan et al., 2015). In addition, the flavor and quality of meat are influenced by a diverse assay of metabolites, including peptides, organic acids, and nucleotides (Ramalingam et al., 2019). Previously study have demonstrated that peptides play a crucial role in enhancing the flavor of meat through their association with Maillard reaction products, which

\* Corresponding author at: College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou, Guangdong 510642, China.

E-mail address: [luowen729@scau.edu.cn](mailto:luowen729@scau.edu.cn) (W. Luo).

<https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2023.137967>

Received 28 July 2023; Received in revised form 5 October 2023; Accepted 9 November 2023

Available online 11 November 2023

0308-8146/© 2023 Elsevier Ltd. All rights reserved.





## ORIGINAL ARTICLE

Cell  
Proliferation

WILEY

# Bulk and single-cell alternative splicing analyses reveal roles of TRA2B in myogenic differentiation

Genghua Chen<sup>1,2,3</sup>  | Jiahui Chen<sup>1,2,3</sup> | Lin Qi<sup>1,2,3</sup> | Yunqian Yin<sup>1,2,3</sup> |  
Zetong Lin<sup>1,2,3</sup> | Huaqiang Wen<sup>1,2,3</sup> | Shuai Zhang<sup>1,2,3</sup> | Chuanyun Xiao<sup>4</sup> |  
Semiu Folaniyi Bello<sup>1,2,3</sup>  | Xiquan Zhang<sup>1,2,3</sup> | Qinghua Nie<sup>1,2,3</sup> | Wen Luo<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup>College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou, Guangdong, China

<sup>2</sup>Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, Lingnan Guangdong Laboratory of Modern Agriculture & State Key Laboratory for Conservation and Utilization of Subtropical Agro-Bioresources, Key Laboratory of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture, Guangzhou, Guangdong, China

<sup>3</sup>State Key Laboratory of Livestock and Poultry Breeding, and Lingnan Guangdong Laboratory of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou, China

<sup>4</sup>Human and Animal Physiology, Wageningen University, Wageningen, The Netherlands

## Correspondence

Qinghua Nie and Wen Luo, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, Guangdong, China.  
Email: [nqinghua@scau.edu.cn](mailto:nqinghua@scau.edu.cn) and [luowen729@scau.edu.cn](mailto:luowen729@scau.edu.cn)

## Funding information

National Key Research and Development Program of China, Grant/Award Numbers: 2021YFD1300102, 2022YFF1000201; National Scientific Foundation of China, Grant/Award Number: 31972544; Science and Technology Program of Guangdong Province, Grant/Award Number: 2020B1212060060; China Agriculture Research System of MOF and MARA, Grant/Award Number: CARS-41; Local innovative and Research Teams Project of Guangdong Province, Grant/Award Number: 2019BT02N630

## Abstract

Alternative splicing (AS) disruption has been linked to disorders of muscle development, as well as muscular atrophy. However, the precise changes in AS patterns that occur during myogenesis are not well understood. Here, we employed isoform long-reads RNA-seq (Iso-seq) and single-cell RNA-seq (scRNA-seq) to investigate the AS landscape during myogenesis. Our Iso-seq data identified 61,146 full-length isoforms representing 11,682 expressed genes, of which over 52% were novel. We identified 38,022 AS events, with most of these events altering coding sequences and exhibiting stage-specific splicing patterns. We identified AS dynamics in different types of muscle cells through scRNA-seq analysis, revealing genes essential for the contractile muscle system and cytoskeleton that undergo differential splicing across cell types. Gene-splicing analysis demonstrated that AS acts as a regulator, independent of changes in overall gene expression. Two isoforms of splicing factor *TRA2B* play distinct roles in myogenic differentiation by triggering AS of *TGFBR2* to regulate canonical TGF- $\beta$  signalling cascades differently. Our study provides a valuable transcriptome resource for myogenesis and reveals the complexity of AS and its regulation during myogenesis.

## 1 | INTRODUCTION

Skeletal muscle is a crucial organ that enables animal movement, ingestion and metabolic processes, constituting over 30% of the overall mass of vertebrates.<sup>1</sup> During embryonic myogenesis, muscle progenitors migrate to the limb bud terminal, where they undergo differentiation and generate muscle tissue under the regulation of

various signalling pathways. Upon reaching the final destination, muscle progenitors undergo proliferation, differentiation into myoblasts and initial fusion to generate primary myotubes, characterised by a limited number of myocyte nuclei. The number of foetal myoblasts with enhanced proliferative capacity increases rapidly, utilising primary muscle fibres as a scaffold before amalgamating and differentiating into multinucleated muscle fibres.<sup>2</sup> The development of skeletal

This is an open access article under the terms of the [Creative Commons Attribution](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/) License, which permits use, distribution and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

© 2023 The Authors. *Cell Proliferation* published by Beijing Institute for Stem Cell and Regenerative Medicine and John Wiley & Sons Ltd.



# Whole-transcriptome sequencing revealed the ceRNA regulatory network during the proliferation and differentiation of goose myoblast

Liangchao Xiao,<sup>†,‡</sup> Jiahui Chen,<sup>†,‡</sup> Xueying He,<sup>†,‡</sup> Xiquan Zhang,<sup>\*,†,‡</sup> and Wen Luo<sup>\*,†,‡,1</sup>

<sup>\*</sup>State Key Laboratory of Livestock and Poultry Breeding, and Lingnan Guangdong Laboratory of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; <sup>†</sup>Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; and <sup>‡</sup>Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, and Key Lab of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

**ABSTRACT** The Shitou goose, the largest meat-type goose breed, is an ideal model for offering insights into enhancing meat production efficiency through understanding its genetic regulation of muscle development. Here, through whole-transcriptomic analysis of embryonic leg muscles, we identified 847 differentially expressed genes (**DEG**), 244 differentially expressed lncRNAs (**DEL**), 37 differentially expressed circRNAs (**DEC**), and 84 differentially expressed miRNAs (**DEM**). Gene ontology (**GO**) analysis highlighted the significant enrichment of differentially expressed RNAs in muscle structure development, actin filament-based processes, and the actin cytoskeleton pathway. Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (**KEGG**) analysis identified pathways associated with the FoxO signaling pathway, AMPK signaling pathway, Wnt signaling pathway and calcium signaling pathway. Furthermore, we utilized Miranda, TargetScan, and miRDB to identify regulatory networks that

involve interactions between lncRNA-mRNA, circRNA-mRNA, miRNA-mRNA, lncRNA-miRNA-mRNA, and circRNA-miRNA-mRNA, which regulated the growth and development of skeletal muscle. Notably, differentially expressed genes within the ceRNA network were most significantly enriched in the regulation of actin cytoskeletal organization. Additionally, a lncRNA/circRNA-miRNA-mRNA ceRNA network related to muscle growth and development was constructed based on protein-protein interaction (**PPI**) analysis and hub genes selection using Cytoscape. This further elucidated the regulatory roles of noncoding RNAs (**ncRNA**) in the formation of muscle fibers in Shitou goose. In summary, this study provides a valuable transcriptional regulatory network for goose muscle development laying the groundwork for further exploration of the molecular regulatory mechanisms underlying the excellent meat production performance of Shitou goose.

**Key words:** Shitou goose, skeletal muscle, whole-transcriptome sequencing, lncRNA, ceRNA network

2024 Poultry Science 103:104173

<https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104173>

## INTRODUCTION

China, as the world's largest producer of goose and the meat goose market, enjoys high consumer demand for its goose meat due to its rich nutritional qualities, including high protein and unsaturated fatty acid content, coupled with low-fat content (Gendaszewska-Darmach et al., 2012; Razmaite et al., 2022). The Shitou goose is primarily raised in the eastern coastal areas of

Guangdong Province, China, and is one of the largest goose breeds globally. This breed is characterized by its rapid growth, large body size, well-developed muscles, and high meat production, with an average weight ranging from 8 to 13 kg at 70 to 90 d old (Deng et al., 2014; Tang et al., 2023; Zhang et al., 2023). Therefore, the investigation into the molecular mechanisms underlying the skeletal muscle growth and development of Shitou goose holds significant economic value for improving both the quantity and quality of goose meat production.

Skeletal muscle constitutes approximately 40% of an animal's total body weight, plays a vital role in facilitating animal movement and metabolic functions (Guller and Russell, 2010). Its genetic characteristics directly influence both the quantity and quality of meat production in livestock. The development of skeletal muscle in

© 2024 The Authors. Published by Elsevier Inc. on behalf of Poultry Science Association Inc. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Received May 26, 2024.

Accepted July 31, 2024.

<sup>1</sup>Corresponding author: [luowen729@scau.edu.cn](mailto:luowen729@scau.edu.cn)



# Effects of long-time and short-time heat stress on the meat quality of geese

Ying Yang,<sup>†,‡,1</sup> Shuai Zhang,<sup>†,‡,1</sup> Haoqi Peng,<sup>†,‡</sup> Genghua Chen,<sup>†,‡</sup> Qinghua Nie,<sup>\*,†,‡</sup> Xiquan Zhang,<sup>\*,†,‡</sup> and Wen Luo<sup>\*,†,‡,2</sup>

<sup>\*</sup>State Key Laboratory of Livestock and Poultry Breeding, and Lingnan Guangdong Laboratory of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; <sup>†</sup>Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; and <sup>‡</sup>Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, and Key Lab of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

**ABSTRACT** This investigation sought to reveal the effects of heat stress on the meat quality of geese. Wuzong geese were subjected to heat stress at 35°C for 25 d or 4 h to examine different heat stress time on meat quality. Short-time heat stress reduced muscle drip loss and meat color L\* value while increasing pH value and meat color a\* and b\* values. Long-time heat stress decreased body weight and increased leg muscle pH value and meat color b\* value. Amino acid profile of geese breast muscle revealed that both LHS and SHS can induce L-Cystine but reduced L-Cystathionine, which were positive correlated with cooking loss and

meat color lightness, respectively. Lipidome analysis indicated that heat stress would alter the synthesis of unsaturated fatty acids, and the difference between LHS and SHS on lipids mainly focused on Hex1Cer and TG. Non-target metabolome analysis indicated effects of heat stress on Glycerolipid metabolism, Arachidonic acid metabolism, and Pyrimidine metabolism. Proteome analysis showed that heat stress mainly affects cellular respiration metabolism and immune response. These findings highlight the diverse effects of heat stress on meat quality, amino acid composition, lipidome, metabolome, and proteome in geese.

**Key words:** heat stress, meat quality, goose, multiomics

2024 Poultry Science 103:104112

<https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104112>

## INTRODUCTION

Geese, a species of waterfowl, have been domesticated for their meat, eggs, and feathers (Zhu et al., 2021). Goose meat has a rich culinary history and is enjoyed in various preparations such as roasted, braised, and stewed. In recent years, the market share and sales of goose meat have shown a steady increase, particularly in China (Weng et al., 2021). Compared to chicken or turkey meat, goose meat typically exhibits a darker color, a more robust flavor, and a denser, chewier texture (Weng et al., 2021). Goose meat has long been recognized as a valuable source of protein, essential vitamins, and minerals, and has been a staple in various cultures for centuries. One notable health benefit of goose meat is its high content of healthy fats, including monounsaturated and

polyunsaturated fats (Nemati et al., 2020). Both mono-unsaturated and polyunsaturated fats have been associated with a reduced risk of heart disease and stroke (Lada and Rudel, 2003; Larsson et al., 2012). Furthermore, the omega-3 fatty acids present in goose meat may contribute to the reduction of inflammation in the body (Massaro et al., 2010), which is linked to various chronic diseases.

Heat stress occurs when the body fails to regulate its internal temperature effectively in response to elevated environmental temperatures. This condition can have various detrimental effects on bodily functions, including alterations in cardiovascular, renal, and immune function (Crandall and Wilson, 2015; Gonzalez-Rivas et al., 2020; Knochel et al., 1974). The harmful impact of heat stress on the body is attributed to a range of underlying mechanisms. One primary mechanism involves the activation of the body's stress response system, resulting in the release of stress hormones like cortisol and adrenaline (Mazlomi et al., 2017). These hormones can elevate heart rate, blood pressure, and respiration, thereby placing additional strain on the cardiovascular system (Tianlong and Sim, 2019; Wang et al., 2022). Moreover,

© 2024 The Authors. Published by Elsevier Inc. on behalf of Poultry Science Association Inc. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Received April 7, 2024.

Accepted July 13, 2024.

<sup>1</sup>These authors contributed equally to this work.

<sup>2</sup>Corresponding author: [luowen729@scau.edu.com](mailto:luowen729@scau.edu.com)



# Genetic characteristics and selection signatures between Southern Chinese local and commercial chickens

Lin Qi,<sup>\*,†,‡</sup> Liangchao Xiao,<sup>\*,†,‡</sup> Rong Fu,<sup>\*,†,‡</sup> Qinghua Nie,<sup>\*,†,‡</sup> Xiquan Zhang,<sup>\*,†,‡</sup> and Wen Luo<sup>\*,†,‡,1</sup>

<sup>\*</sup>State Key Laboratory of Livestock and Poultry Breeding, <sup>‡</sup>Lingnan Guangdong Laboratory of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; <sup>†</sup>Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, and Key Lab of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, South China Agricultural University, 510642, China; and <sup>‡</sup>Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

**ABSTRACT** The introduction of exotic breeds and the cultivation of new lines by breeding companies have posed challenges to native chickens in South China, including loss of breed characteristics, decreased genetic diversity, and declining purity. Understanding the population genetic structure and genetic diversity of native chickens in South China is crucial for further advancements in breeding efforts. In this study, we analyzed the population genetic structure and genetic diversity of 321 individuals from 10 different breeds in South China. By comparing commercial chickens with native ones, we identified selection signatures occurring between local chickens and commercial breeds. The analysis of population genetic structure revealed that the native chicken populations in South China exhibited a considerable level of genetic diversity. Moreover, the commercial lines of Xiaobai chicken and Huangma chicken displayed even higher levels of genetic diversity, which distinguished them from other native varieties at the clustering level. However, certain individuals within these commercial varieties showed a discernible genetic relationship with

the native populations. Notably, both commercial varieties also retained a significant degree of genetic similarity to their respective native counterparts. In order to investigate the genomic changes occurring during the commercialization of native chickens, we employed 4 methods (Fst, ROD, XPCLR, and XPEHH) to identify potential candidate regions displaying selective signatures in Southern Chinese native chicken population. A total of 168 (identified by Fst and ROD) and 86 (identified by XPCLR and XPEHH) overlapping genes were discovered. Functional annotation analysis revealed that these genes may be associated with reproduction and growth (*SAMSN1*, *HYLS1*, *ROBO3*, *FGF14*, *PRSS23*), musculoskeletal development (*DNER*, *MYBPC1*, *DGKB*, *ORC1*, *KLF10*), disease resistance and environmental adaptability (*PUS3*, *CRB2*, *CALD1*, *USP15*, *SGCD*, *LTBP1*), as well as egg production (*ADGRB3*, *ACSF3*). Overall, native chickens in South China harbor numerous selective sweep regions compared to commercial chickens, enriching valuable genomic resources for future genetic research and breeding conservation.

**Key words:** population structure, genetic diversity, selection signature, South China native chicken, commercialization

2024 Poultry Science 103:103863  
<https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.103863>

## INTRODUCTION

Chicken is one of the most important economic varieties of livestock and poultry, providing essential resources such as eggs and meat to the populace. In recent years, the demand for agricultural products like chicken

and eggs has gradually surged due to economic development and improved living standards. China boasts a diverse range of indigenous chicken breeds that possess various traits enabling adaptation to local environments and low-input high-output production systems. South China harbors numerous native chicken varieties, with this study encompassing eight specific ones: Ningdu Huang Chicken (NDH), Xinghua Chicken (XH), Huaixiang Chicken (HX), Shalan Chicken (SL), Huiyang Huxu Chicken (HHX), Yangshan Chicken (YS), Qingyuan Ma Chicken (QYM), Wenchang Chicken (WC). Additionally, 2 commercial varieties—Xiaobai Chicken (XB) and Mahuang Chicken (MH)—

© 2024 The Authors. Published by Elsevier Inc. on behalf of Poultry Science Association Inc. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Received January 22, 2024.

Accepted May 13, 2024.

<sup>1</sup>Corresponding author: [luowen729@scau.edu.cn](mailto:luowen729@scau.edu.cn)



# A large-scale comparison of the meat quality characteristics of different chicken breeds in South China

Liangchao Xiao,<sup>†,‡,1</sup> Lin Qi,<sup>†,‡,1</sup> Rong Fu,<sup>†,‡</sup> Qinghua Nie,<sup>\*,†,‡</sup> Xiquan Zhang,<sup>\*,†,‡</sup> and Wen Luo<sup>\*,†,‡,2</sup>

<sup>\*</sup>State Key Laboratory of Livestock and Poultry Breeding, and Lingnan Guangdong Laboratory of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; <sup>†</sup>Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; and <sup>‡</sup>Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, and Key Lab of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

**ABSTRACT** Meat quality traits are essential for producing high-quality broilers, but the genetic improvement has been limited by the complexity of measurement methods and the numerous traits involved. To systematically understand the meat quality characteristics of different broiler breeds, this study collected data on slaughter performance, skin color, fat deposition, and meat quality traits of 434 broilers from 12 different breeds in South China. The results showed that there was no significant difference in the live weight and slaughter weight of various broiler breeds at their respective market ages. Commercial broiler breeds such as Xiaobai and Huangma chickens had higher breast muscle and leg muscle rates. The skin and abdominal fat of Huangma chickens cultivated in the consumer market in South China exhibited significantly higher levels of yellowness compared to other varieties. Concerning fat traits, we observed that Wenchang chickens exhibited a strong ability to fat deposition, while the younger breeds

showed lower fat deposition. Additionally, there were significant positive correlations found among different traits, including traits related to weight, traits related to fat, and skin color of different parts. Hierarchical clustering analysis revealed that fast-growing and large broiler Xiaobai chickens formed a distinct cluster based on carcass characteristics, skin color, and meat quality traits. Principal component analysis (PCA) was used to extract multiple principal components as substitutes for complex meat quality indicators, establishing a chicken meat quality evaluation model to differentiate between different breeds of chickens. At the same time, we identified 46, 22, and 20 SNP loci and their adjacent genes that were significantly associated with muscle mass traits, fat deposition, and skin color through genome-wide association studies (GWAS). The above results are helpful for systematically understanding the differences and characteristics of meat quality traits among different breeds.

**Key words:** South China, meat quality, broiler, cluster analysis, GWAS

2024 Poultry Science 103:103740

<https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.103740>

## INTRODUCTION

Chicken is one of the most economically valuable domesticated animals in the world (Lawal and Hanotte, 2021). Due to the increasing interest of consumers in healthier diets, the per capita consumption of poultry meat (especially chicken) has been increasing (Petracci and Cavani, 2012). Meat quality is a broad concept that

encompasses the assessment of muscle and food quality. For chicken, meat quality is assessed based on various traits such as meat color, pH value, drip loss, cooking loss, intramuscular fat (IMF), and flavor. The growing emphasis on health awareness among people has spurred an augmented demand for high-quality food, thereby raising standards for poultry meat quality. However, over the past few decades, there has been a decline in the meat quality and flavor of chicken due to genetic selection for faster growth rates and higher feed conversion efficiency (Li et al., 2008).

In recent decades, the standard practice for improving profits in the poultry industry has been selective breeding and feeding of chickens with high body weight and meat volumes (Sell-Kubiak et al., 2017). This approach has spurred the creation of commercial breeds like

© 2024 The Authors. Published by Elsevier Inc. on behalf of Poultry Science Association Inc. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Received January 19, 2024.

Accepted April 3, 2024.

<sup>1</sup>These authors contributed equally to this work.

<sup>2</sup>Corresponding author: [luowen729@scau.edu.cn](mailto:luowen729@scau.edu.cn)



# Weighted single-step GWAS identified candidate genes associated with carcass traits in a Chinese yellow-feathered chicken population

Rongyang Pan,<sup>\*,†,‡,§,1</sup> Lin Qi,<sup>\*,†,§,1</sup> Zhenqiang Xu,<sup>\*,†,§</sup> Dexiang Zhang,<sup>\*,†,§</sup>  
Qinghua Nie,<sup>\*,†,§</sup> Xiquan Zhang,<sup>\*,†,§</sup> and Wen Luo<sup>\*,†,§,2</sup>

<sup>\*</sup>State Key Laboratory of Livestock and Poultry Breeding, <sup>‡</sup>Lingnan Guangdong Laboratory of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; <sup>†</sup>Guangdong Xugang Yellow Poultry Seed Industry Group Co., Ltd, Suzhou City, Jiangsu Province, China; <sup>‡</sup>Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, and Key Lab of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; and <sup>§</sup>Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

**ABSTRACT** Carcass traits in broiler chickens are complex traits that are influenced by multiple genes. To gain deeper insights into the genetic mechanisms underlying carcass traits, here we conducted a weighted single-step genome-wide association study (**wssGWAS**) in a population of Chinese yellow-feathered chicken. The objective was to identify genomic regions and candidate genes associated with carcass weight (**CW**), eviscerated weight with giblets (**EWG**), eviscerated weight (**EW**), breast muscle weight (**BMW**), drumstick weight (**DW**), abdominal fat weight (**AFW**), abdominal fat percentage (**AFP**), gizzard weight (**GW**), and intestine length (**IL**). A total of 1,338 broiler chickens with phenotypic and pedigree information were included in this study. Of these, 435 chickens were genotyped using a 600K single nucleotide polymorphism chip for association analysis. The results indicate that the most significant regions for 9 traits explained 2.38% to 5.09% of the phenotypic variation, from which the region of 194.53 to 194.63Mb on chromosome 1 with the gene *RELT* and *FAM168A* identified on it was significantly associated with CW, EWG, EW, BMW, and DW.

Meanwhile, the 5 traits have a strong genetic correlation, indicating that the region and the genes can be used for further research. In addition, some candidate genes associated with skeletal muscle development, fat deposition regulation, intestinal repair, and protection were identified. Gene ontology and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes enrichment analyses suggested that the genes are involved in processes such as vascular development (*CD34*, *FGF7*, *FGFR3*, *ITGB1BP1*, *SEMA5A*, *LOXL2*), bone formation (*FGFR3*, *MATN1*, *MEF2D*, *DHRS3*, *SKI*, *STC1*, *HOXB1*, *HOXB3*, *TIPARP*), and anatomical size regulation (*ADD2*, *AKT1*, *CFTR*, *EDN3*, *FLII*, *HCLS1*, *ITGB1BP1*, *SEMA5A*, *SHC1*, *ULK1*, *DSTN*, *GSK3B*, *BORCS8*, *GRIP2*). In conclusion, the integration of phenotype, genotype, and pedigree information without creating pseudo-phenotype will facilitate the genetic improvement of carcass traits in chickens, providing valuable insights into the genetic architecture and potential candidate genes underlying carcass traits, enriching our understanding and contributing to the breeding of high-quality broiler chickens.

**Key words:** Chinese yellow-feathered chicken, weighted single-step GWAS, carcass traits, SNP

2024 Poultry Science 103:103341

<https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.103341>

## INTRODUCTION

Carcass traits in chickens which encompass characteristics such as meat texture, body weight, muscle proportion, and muscle fat content are of critical importance in meat production affecting meat quality, yield, and nutritional value directly, and are all closely linked to the economic benefits and market competitiveness of broiler chickens. Therefore, genetic improvement studies focusing on carcass traits are of great significance. Carcass traits are primarily regulated by genetic factors

© 2023 The Authors. Published by Elsevier Inc. on behalf of Poultry Science Association Inc. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Received September 17, 2023.

Accepted November 28, 2023.

<sup>1</sup>These authors contributed equally to this work.

<sup>2</sup>Corresponding author: [luowen729@scau.edu.cn](mailto:luowen729@scau.edu.cn)



## Article

# Transcriptome Data Revealed the circRNA–miRNA–mRNA Regulatory Network during the Proliferation and Differentiation of Myoblasts in Shitou Goose

Rongqin Huang <sup>1,2</sup> , Jiahui Chen <sup>1,2</sup>, Xu Dong <sup>1,2</sup> , Xiquan Zhang <sup>1,2</sup> and Wen Luo <sup>1,2,\*</sup>

<sup>1</sup> College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; 20223139032@stu.scau.edu.cn (R.H.)

<sup>2</sup> Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, and Key Laboratory of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture, Guangzhou 510642, China

\* Correspondence: luowen729@scau.edu.cn

**Simple Summary:** The Shitou goose, derived from the swan goose (*Anser cygnoides*), is an excellent large goose breed in China and has high economic value. Therefore, it is imperative to delve into the study of its muscle characteristics. Circular RNA (CircRNA), acting as a molecular sponge, binds to miRNA, thereby intricately modulating targeted gene expression and influencing muscle growth and development. To unravel these complexities, we employed transcriptome sequencing to scrutinize the myoblasts and myotubes of Shitou geese, generating comprehensive circRNA and mRNA maps for two distinct developmental stages. In the subsequent analysis, a circRNA–miRNA–mRNA interaction network emerged, delineating a regulatory framework for muscle growth and development. This network is pivotal in understanding the underlying mechanisms of goose myogenesis and contributes new ideas and perspectives concerning the role of non-coding RNAs in the regulation of growth in geese.

**Abstract:** CircRNA, a recently characterized non-coding RNA (ncRNA) variant, functions as a molecular sponge, exerting regulatory control by binding to microRNA (miRNA) and modulating the expression of downstream proteins, either promoting or inhibiting their expression. Among poultry species, geese hold significant importance, prized by consumers for their delectable taste and rich nutritional content. Despite the prominence of geese, research on the growth and development of goose muscle, particularly the regulatory role of circRNAs in goose muscle formation, remains insufficiently explored. In this study, we constructed comprehensive expression profiles of circRNAs and messenger RNAs (mRNAs) within the myoblasts and myotubes of Shitou geese. We identified a total of 96 differentially expressed circRNAs (DEcircRNAs) and 880 differentially expressed mRNAs (DEmRNAs). Notably, the parental genes of DEcircRNAs and DEmRNAs exhibited enrichment in the Wnt signaling pathway, highlighting its potential impact on the proliferation and differentiation of goose myoblasts. Employing RNAhybrid and miRDB, we identified circRNA–miRNA pairs and mRNA–miRNA pairs that may play a role in regulating myogenic differentiation or muscle growth. Subsequently, utilizing Cytoscape, we constructed a circRNA–miRNA–mRNA interaction network aimed at unraveling the intricate regulatory mechanisms involved in goose muscle growth and development, which comprises 93 circRNAs, 351 miRNAs, and 305 mRNAs. Moreover, the identification of 10 hub genes (*ACTB*, *ACTN1*, *BDNF*, *PDGFRA*, *MYL1*, *EFNA5*, *MYSM1*, *THBS1*, *ITGA8*, and *ELN*) potentially linked to myogenesis, along with the exploration of their circRNA–miRNA–hub gene regulatory axis, was also conducted. These competitive endogenous RNA (ceRNA) regulatory networks elucidate the molecular regulatory mechanisms associated with muscle growth in Shitou geese, providing deeper insights into the reciprocal regulation of circRNA, miRNA, and mRNA in the context of goose muscle formation.

**Keywords:** Shitou goose; myogenesis; ceRNA; circRNA



**Citation:** Huang, R.; Chen, J.; Dong, X.; Zhang, X.; Luo, W. Transcriptome Data Revealed the circRNA–miRNA–mRNA Regulatory Network during the Proliferation and Differentiation of Myoblasts in Shitou Goose. *Animals* **2024**, *14*, 576. <https://doi.org/10.3390/ani14040576>

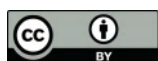
Academic Editor: Michael E. Davis

Received: 5 January 2024

Revised: 5 February 2024

Accepted: 6 February 2024

Published: 8 February 2024




**Copyright:** © 2024 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).



## Article

# Transcriptome Sequencing Reveals Pathways Related to Proliferation and Differentiation of Shitou Goose Myoblasts

Jiahui Chen <sup>1,2,†</sup>, Shuai Zhang <sup>1,2,†</sup>, Genghua Chen <sup>1,2</sup>, Xianqi Deng <sup>1,2</sup>, Danlu Zhang <sup>1,2</sup>, Huaqiang Wen <sup>1,2</sup>, Yunqian Yin <sup>1,2</sup>, Zetong Lin <sup>1,2</sup>, Xiquan Zhang <sup>1,2</sup>  and Wen Luo <sup>1,2,\*</sup>

<sup>1</sup> Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

<sup>2</sup> Guangdong Provincial Key Laboratory of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, and Key Laboratory of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

\* Correspondence: luowen729@scau.edu.cn

† These authors contributed equally to this work.

**Simple Summary:** The Shitou goose, the largest cultivated goose breed in China, has high research value in meat traits. Muscle development is regulated by genes related to myoblast proliferation and differentiation. In this study, the mRNA and lncRNA expression profiles of Shitou goose myoblast in proliferation and differentiation were constructed by Illumina sequencing. A total of 1664 differentially expressed (DE) mRNAs and 244 DE-lncRNAs were identified between the two periods. Functional annotation showed that the DE-mRNAs and DE-lncRNAs were mainly enriched in the Wnt signaling pathway. These results provide new insights into the mechanism of muscle growth and development in large goose breeds.



**Citation:** Chen, J.; Zhang, S.; Chen, G.; Deng, X.; Zhang, D.; Wen, H.; Yin, Y.; Lin, Z.; Zhang, X.; Luo, W. Transcriptome Sequencing Reveals Pathways Related to Proliferation and Differentiation of Shitou Goose Myoblasts. *Animals* **2022**, *12*, 2956. <https://doi.org/10.3390/ani12212956>

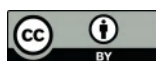
Academic Editor: Sang Hong Lee

Received: 10 August 2022

Accepted: 24 October 2022

Published: 27 October 2022

**Publisher's Note:** MDPI stays neutral with regard to jurisdictional claims in published maps and institutional affiliations.



**Copyright:** © 2022 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

**Abstract:** Chinese Shitou goose is a type of large goose with high meat yield. Understanding the genetic regulation of muscle development in Shitou goose would be beneficial to improve the meat production traits of geese. Muscle development is regulated by genes related to myoblast proliferation and differentiation. In this study, the RNA-seq method was used to construct the mRNA and lncRNA expression profiles of Shitou goose myoblasts and myotubes. A total of 1664 differentially expressed (DE) mRNAs and 244 DE-lncRNAs were identified. The alternative mRNA splicing in proliferation and differentiation stages was also analyzed. Notably, pathways enriched in DE-mRNAs, DE-splicing transcripts, and DE-lncRNAs all point to the Wnt signaling pathway, indicating that the Wnt signaling is a key regulatory pathway of muscle development in Shitou goose. We also constructed the interactive network of DE-lncRNAs and DE-mRNAs and revealed some key genes of lncRNAs regulating the proliferation and differentiation of myoblasts. These results provide new insights for the study of the muscle development of the Shitou goose.

**Keywords:** Shitou goose; RNA-seq; mRNA; long non-coding RNAs; alternative splicing

## 1. Introduction

In animal husbandry, meat is the main product [1], and most of the selection and breeding of meat-raised animals is focused on improving the percentage of retail cuts of the animals. As the main component of the animal body, skeletal muscle accounts for about 35% of body weight [2], and the development and growth of muscle is the key factor to provide enough meat for humans. Understanding the growth and development of skeletal muscle is important to improve the percentage of retail cuts of livestock. The growth and development of skeletal muscle is an extremely complex process, including the directed differentiation of progenitor cells, the proliferation and differentiation of myoblasts, the fusion of myocytes, and finally the formation of multinucleated muscle fibers with contractile function [3]. There have been many reports on the muscle development of





# Characterization of Chicken Skin Yellowness and Exploration of Genes Involved in Skin Yellowness Deposition in Chicken

Jingwen Wu<sup>1,2</sup>, Zetong Lin<sup>1,2</sup>, Genghua Chen<sup>1,2</sup>, Qingbin Luo<sup>1,2</sup>, Qinghua Nie<sup>1,2</sup>, Xiquan Zhang<sup>1,2</sup> and Wen Luo<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup> Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou, China, <sup>2</sup> Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, and Key Lab of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, South China Agricultural University, Guangzhou, China

## OPEN ACCESS

### Edited by:

Gergely Zachar,  
Semmelweis University, Hungary

### Reviewed by:

Nina Ockendon-Powell,  
University of Bristol, United Kingdom  
Lu Dong,  
Beijing Normal University, China

### \*Correspondence:

Wen Luo  
luowen729@scau.edu.cn

### Specialty section:

This article was submitted to  
Avian Physiology,  
a section of the journal  
Frontiers in Physiology

**Received:** 19 July 2020

**Accepted:** 05 March 2021

**Published:** 31 March 2021

### Citation:

Wu J, Lin Z, Chen G, Luo Q,  
Nie Q, Zhang X and Luo W (2021)  
Characterization of Chicken Skin  
Yellowness and Exploration of Genes  
Involved in Skin Yellowness  
Deposition in Chicken.  
Front. Physiol. 12:585089.  
doi: 10.3389/fphys.2021.585089

Skin color is an important economic trait in meat-type chickens. A uniform bright skin color can increase the sales value of chicken. Chickens with bright yellow skin are more popular in China, especially in the broiler market of South China. However, the skin color of chickens can vary because of differences in breeds, diet, health, and individual genetics. To obtain greater insight into the genetic factors associated with the process of skin pigmentation in chickens, we used a colorimeter and high-resolution skin photographs to measure and analyze the skin color of chickens. By analyzing 534 chickens of the same breed, age, and feed condition, we found that the yellowness values of the chickens varied within this population. A significant positive correlation was found between the cloacal skin yellowness values before and after slaughter, and the cloacal skin yellowness value of live chickens was positively correlated with the overall body skin yellowness value. Additionally, chicken skin yellowness exhibited low heritability, ranging from 0.07 to 0.27. Through RNA sequencing, 882 genes were found to be differentially expressed between the skin with the highest and lowest yellowness values. Some of these differentially expressed genes may play an important role in yellow pigment deposition in chicken skin, which included *TLR2B*, *IYD*, *SMOC1*, *ALDH1A3*, *CYP11A1*, *FHL2*, *TECRL*, *ACACB*, *TYR*, *PMEL*, and *GPR143*. In addition, we found that the expression and variations of the *BCO2* gene, which is referred to as the yellow skin gene, cannot be used to estimate the skin yellowness value of chickens in this population. These data will help to further our understanding of chicken skin yellowness and might contribute to the selection of specific chicken strains with consistent skin coloration.

**Keywords:** chicken, skin color, yellowness value, pigmentation, candidate gene





# Integrative Analyses of mRNA Expression Profile Reveal *SOCS2* and *CISH* Play Important Roles in *GHR* Mutation-Induced Excessive Abdominal Fat Deposition in the Sex-Linked Dwarf Chicken

## OPEN ACCESS

### Edited by:

Xian Yao Li,  
Shandong Agricultural University,  
China

### Reviewed by:

Ed Smith,  
Virginia Tech, United States  
Yadong Tian,  
Henan Province Poultry Germplasm  
Resources Innovation Engineering  
Research Center, China

### \*Correspondence:

Wen Luo  
luowen729@scau.edu.cn

<sup>†</sup> These authors have contributed  
equally to this work

### Specialty section:

This article was submitted to  
Livestock Genomics,  
a section of the journal  
Frontiers in Genetics

**Received:** 26 September 2020

**Accepted:** 30 November 2020

**Published:** 14 January 2021

### Citation:

Chen G, Chen J, Wu J, Ren X,  
Li L, Lu S, Cheng T, Tan L, Liu M,  
Luo Q, Liang S, Nie Q, Zhang X and  
Luo W (2021) Integrative Analyses  
of mRNA Expression Profile Reveal  
*SOCS2* and *CISH* Play Important  
Roles in *GHR* Mutation-Induced  
Excessive Abdominal Fat Deposition  
in the Sex-Linked Dwarf Chicken.  
*Front. Genet.* 11:610605.  
doi: 10.3389/fgene.2020.610605

Genghua Chen<sup>1,2†</sup>, Jiahui Chen<sup>1,2†</sup>, Jingwen Wu<sup>1,2</sup>, Xueyi Ren<sup>1,2</sup>, Limin Li<sup>1,2</sup>, Shiyi Lu<sup>1,2</sup>,  
Tian Cheng<sup>1,2</sup>, Liangtian Tan<sup>1,2</sup>, Manqing Liu<sup>1,2</sup>, Qingbin Luo<sup>1,2</sup>, Shadong Liang<sup>1,2</sup>,  
Qinghua Nie<sup>1,2</sup>, Xiquan Zhang<sup>1,2</sup> and Wen Luo<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup> Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou, China, <sup>2</sup> Key Lab of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou, China

Sex-linked dwarf (SLD) chicken, which is caused by a recessive mutation of the growth hormone receptor (*GHR*), has been widely used in the Chinese broiler industry. However, it has been found that the SLD chicken has more abdominal fat deposition than normal chicken. Excessive fat deposition not only reduced the carcass quality of the broilers but also reduced the immunity of broilers to diseases. To find out the key genes and the precise regulatory pathways that were involved in the *GHR* mutation-induced excessive fat deposition, we used high-fat diet (HFD) and normal diet to feed the SLD chicken and normal chicken and analyzed the differentially expressed genes (DEGs) among the four groups. Results showed that the SLD chicken had more abdominal fat deposition and larger adipocytes size than normal chicken and HFD can promote abdominal fat deposition and induce adipocyte hypertrophy. RNA sequencing results of the livers and abdominal fats from the above chickens revealed that many DEGs between the SLD and normal chickens were enriched in fat metabolic pathways, such as peroxisome proliferator-activated receptor (PPAR) signaling, extracellular matrix (ECM)-receptor pathway, and fatty acid metabolism. Importantly, by constructing and analyzing the *GHR*-downstream regulatory network, we found that suppressor of cytokine signaling 2 (*SOCS2*) and cytokine-inducible SH2-containing protein (*CISH*) may involve in the *GHR* mutation-induced abdominal fat deposition in chicken. The ectopic expression of *SOCS2* and *CISH* in liver-related cell line leghorn strain M chicken hepatoma (LMH) cell and immortalized chicken preadipocytes (ICP) revealed that these two genes can regulate fatty acid metabolism, adipocyte differentiation, and lipid droplet accumulation. Notably, overexpression of *SOCS2* and *CISH* can rescue the hyperactive lipid metabolism and excessive lipid droplet accumulation of primary liver cell and





# Natural antisense transcript of *MYOG* regulates development and regeneration in skeletal muscle by shielding the binding sites of MicroRNAs of *MYOG* mRNA 3'UTR

Yunqian Yin<sup>a, b</sup>, Genghua Chen<sup>a, b</sup>, Zetong Lin<sup>a, b</sup>, Danlu Zhang<sup>a, b</sup>, Wujian Lin<sup>a, b</sup>, Wen Luo<sup>a, b, \*</sup>

<sup>a</sup> Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou, 510642, Guangdong Province, China

<sup>b</sup> Guangdong Provincial Key Laboratory of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, and Key Laboratory of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, South China Agricultural University, Guangzhou, 510642, China

## ARTICLE INFO

### Article history:

Received 28 February 2023

Accepted 17 April 2023

Available online 18 April 2023

### Keywords:

Natural antisense transcript

*MYOG*

Third-generation full-length transcriptome sequencing

Muscle differentiation

Muscle regeneration

Myoblast

## ABSTRACT

Natural antisense transcripts (NATs) are endogenous RNAs opposite to sense transcripts, and they can significantly contribute to regulating various biological processes through multiple epigenetic mechanisms. NATs can affect their sense transcripts to regulate the growth and development of skeletal muscle. Our analysis of third-generation full-length transcriptome sequencing data revealed that NATs represented a significant portion of the lncRNA, accounting for up to 30.19%–33.35%. The expression of NATs correlated with myoblast differentiation, and genes expressing NATs were mainly involved in RNA synthesis, protein transport, and cell cycle. We found a NAT of *MYOG* (*MYOG*-NAT) in the data. We found that the *MYOG*-NAT could promote the differentiation of myoblasts in vitro. Additionally, knockdown of *MYOG*-NAT in vivo led to muscle fiber atrophy and muscle regeneration retardation. Molecular biology experiments demonstrated that *MYOG*-NAT enhances the stability of *MYOG* mRNA by competing with miR-128-2-5p, miR-19a-5p, and miR-19b-5p for binding to *MYOG* mRNA 3'UTR. These findings suggest that *MYOG*-NAT plays a critical role in skeletal muscle development and provides insights into the post-transcriptional regulation of NATs.

© 2023 Elsevier Inc. All rights reserved.

## 1. Introduction

Skeletal muscle is a vital component of an animal's body weight and is composed of multinucleated muscle fibers. The processes of growth and development in muscle tissue encompass the formation of embryonic myofibers and the hypertrophy of postnatal myofibers [1]. The number of muscle fibers remains constant after birth. Notably, the fusion of muscle fibers with satellite cells results in the formation of multinucleated myotubes. It significantly promotes myogenesis, muscle development and growth, and regeneration after injury [2,3]. The expression of muscle differentiation marker genes, primarily the members of the myogenic regulatory

factor (MRF) and myocyte-specific enhancer-binding factor (MEF2) families, is instrumental in regulating skeletal muscle growth and development and ultimately impacts muscle mass. Among these marker genes, *MYOG*, a member of the MRF family, is selectively expressed during the terminal differentiation stage of muscle and serves as a critical transcription factor that promotes differentiation. *MYOG* cannot be replaced by other MRFs and is essential for inducing the transcription of Myomaker, a crucial factor in myoblast fusion. In mouse embryos, *MYOG* knockdown results in perinatal lethality [4].

Natural Antisense Transcripts (NATs) are a group of transcripts found in eukaryotic genomes, transcribed from the opposite strand of DNA compared to the sense transcripts and categorized as long non-coding RNAs (lncRNAs) [5]. They are often complementary to the sequences of the sense transcripts. NATs lack specific motifs and show poor sequence conservation across species. The regulation of gene expression by NATs can be accomplished through five main mechanisms: transcriptional interference [6,7], RNA masking [8,9],

\* Corresponding author. Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou, 510642, Guangdong Province, China.

E-mail address: [luowen729@scau.edu.cn](mailto:luowen729@scau.edu.cn) (W. Luo).





# Transcriptome profile analysis reveals *KLHL30* as an essential regulator for myoblast differentiation

Genghua Chen<sup>a, b</sup>, Yunqian Yin<sup>a, b</sup>, Zetong Lin<sup>a, b</sup>, Huaqiang Wen<sup>a, b</sup>, Jiahui Chen<sup>a, b</sup>, Wen Luo<sup>a, b, \*</sup>

<sup>a</sup> Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou, 510642, Guangdong Province, China

<sup>b</sup> Guangdong Provincial Key Laboratory of Agro-Animal Genomics and Molecular Breeding, and Key Laboratory of Chicken Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, South China Agricultural University, Guangzhou, 510642, China

## ARTICLE INFO

### Article history:

Received 20 March 2021

Accepted 20 April 2021

### Keywords:

KLHL30

Differentially expressed genes

Proliferation

Myogenesis

Differentiation

Myoblast

## ABSTRACT

Skeletal muscle development is a sophisticated multistep process orchestrated by diverse myogenic transcription factors. Recent studies have suggested that Kelch-like genes play vital roles in muscle disease and myogenesis. However, it is still unclear how Kelch-like genes impact myoblast physiology. Here, through integrative analysis of the mRNA expression profile during chicken primary myoblast and C2C12 differentiation, many differentially expressed genes were found and suggested to be enriched in myoblast differentiation and muscle development. Interestingly, a little-known Kelch-like gene *KLHL30* was screened as skeletal muscle-specific gene with essential roles in myogenic differentiation. Transcriptomic data and quantitative PCR analysis indicated that the expression of *KLHL30* is upregulated under myoblast differentiation state. *KLHL30* overexpression upregulated the protein expression of myogenic transcription factors (*MYOD*, *MYOG*, *MEF2C*) and induced myoblast differentiation and myotube formation, while knockdown of *KLHL30* caused the opposite effect. Furthermore, *KLHL30* was found to significantly decrease the numbers of cells in the S stage and thereby depress myoblast proliferation. Collectively, this study highlights that *KLHL30* as a muscle-specific regulator plays essential roles in myoblast proliferation and differentiation.

© 2021 Elsevier Inc. All rights reserved.

## 1. Introduction

Skeletal muscle, a form of striated muscle tissue occupying half of vertebrate body mass, is essential for movement, metabolism and body shape creation. Skeletal muscle development is a complicated process orchestrated by genetic regulation and environmental factors [1]. Several steps are required for myofiber formation, including muscle stem cell (myoblast) proliferation, withdrawal of the cell cycle, early differentiation, alignment and fusion with each other and expression of contractile proteins and muscle-specific genes [2].

Well-known genetic factors associated with myogenesis include the highly conserved members of the myogenic basic helix-loop-

helix family, such as *MyoD*, *Myf5*, *MyoG* and *MRF4*. *MyoD* and *Myf5* commit cells to the myogenic fate, while *MyoG* and *MRF4* are expressed in the terminal differentiation stage [3]. *MyoD* and *MyoG* can directly induce *Myomaker* transcription, which is essential for myoblast fusion. *MEF2C*, one isoform of *MEF2*, is necessary for sarcomere integrity and muscle growth [4,5]. All of these genes that are important for muscle development have a common character; that is, they exhibit muscle-specific expression.

Next-generation sequencing approaches are widely used to reveal which genes are involved in muscle development and disease [6]. Recently, emerging evidence has suggested that the Kelch-like (*KLHL*) genes play important roles in skeletal muscle development [7]. *KLHL* genes encode proteins containing a bric-a-brac, tramtrack, broad complex (BTB)/poxvirus and zinc finger (POZ) domain, a back domain and five or six Kelch motifs [8]. The BTB/POZ domain is responsible for recruiting Cullin3 to form E3 ligase, which mediates the ubiquitination of substrate proteins, while the Kelch repeat domain interacts with a diversity of substrate proteins

\* Corresponding author. Department of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou, 510642, Guangdong Province, China.

E-mail address: [luowen729@scau.edu.cn](mailto:luowen729@scau.edu.cn) (W. Luo).



# PGC介导的 *TMEM182* 基因敲除性腺嵌合体鸡的制备

温华强<sup>1,2</sup>, 陈家辉<sup>1,2</sup>, 黄振文<sup>3</sup>, 钟 菁<sup>3</sup>, 陈庚华<sup>1,2</sup>, 聂庆华<sup>1,2</sup>, 张细权<sup>1,2</sup>,  
张德祥<sup>1,2</sup>, 陆阳清<sup>3\*</sup>, 罗 文<sup>1,2\*</sup>

(1. 华南农业大学动物科学学院, 广东广州 510642;  
2. 广东省农业动物基因组学与分子育种重点实验室, 广东广州 510642;  
3. 广西大学动物科学技术学院, 广西南宁 530004)

**摘 要:** 为深入研究 *TMEM182* 基因在鸡体内的功能和表现, 试验采用原始生殖细胞介导法, 利用 CRISPR/Cas9 介导的 *HMEJ* 基因编辑技术, 对体外培养的原始生殖细胞 *TMEM182* 基因进行敲除, 以期产生 *TMEM182* 基因缺陷性腺嵌合体鸡。选择 3 个 sgRNA 靶向 *TMEM182* 基因的第二外显子, 利用 T7E1 进行基因打靶效率检测。对体外培养的 PGCs 进行外源基因 mCherry 定点插入, 引起 *TMEM182* 基因插入突变, 通过流式分选获得 mCherry+PGCs。将 mCherry+PGCs 注射到发育至 2.5 d 的受体鸡胚, 观察外源 PGCs 的性腺整合情况。结果显示: *TMEM182*-sgRNA1 的打靶效率最高; 通过将 sgRNA1 与模板质粒共转染 PGCs, 得到能稳定表达红色荧光的 mCherry+PGCs; 孵化第 6 天, 在受体鸡胚性腺能明显观察到发出红色荧光的 PGCs, 最终孵化出 10 只小鸡。研究表明: 利用 CRISPR/Cas9 技术对鸡 PGCs 进行基因编辑, 制备性腺嵌合体鸡是一种高效、稳定的制备基因编辑鸡的方法。

**关键词:** 鸡; CRISPR/Cas9; PGCs; *TMEM182* 基因; 基因编辑

中图分类号: S831.2

文献标识码: A

文章编号: 1004-6364(2024)09-18-08

## PGC-mediated Preparation of *TMEM182* Knockout Gonadal Chimeric Chickens

WEN Huaqiang<sup>1,2</sup>, CHEN Jiahui<sup>1,2</sup>, HUANG Zhenwen<sup>3</sup>, ZHONG Jing<sup>3</sup>, CHEN Genghua<sup>1,2</sup>, NIE Qinghua<sup>1,2</sup>,  
ZHANG Xiquan<sup>1,2</sup>, ZHANG Dexiang<sup>1,2</sup>, LU Yangqing<sup>3\*</sup>, LUO Wen<sup>1,2\*</sup>

(1. College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou, Guangdong 510642;  
2. Guangdong Provincial Key Lab of Agro-Animal Genomics and  
Molecular Breeding, Guangzhou, Guangdong 510642;  
3. College of Animal Science and Technology, Guangxi University, Nanning, Guangxi 530004)

**Abstract:** In order to deeply investigate the function and expression of the *TMEM182* gene in chickens, the experiment was conducted using a primordial germ cell-mediated assay to knockdown the *TMEM182* gene in primordial germ cells cultured *in vi-*

收稿日期: 2023-08-03; 修回日期: 2023-11-11

基金项目: 广东省重点领域研发计划项目(2022B0202100001); 国家自然科学基金项目(31972544)

作者简介: 温华强(1996-), 男, 硕士研究生, 研究方向为家禽遗传育种, E-mail: 757472743@qq.com

\*通讯作者: 陆阳清(1976-), 博士, 研究员, 主要从事动物遗传育种与繁殖研究, E-mail: lyq@gxu.edu.cn; 罗文(1988-), 博士, 副教授, 主要从事家禽遗传育种研究, E-mail: luowen729@scau.edu.cn



# GHR 基因多态性与鸡生长、屠体性状的相关性分析

张 帅<sup>1,2</sup>, 郑子健<sup>1,2</sup>, 罗 文<sup>1,2\*</sup>

(1. 华南农业大学动物科学学院, 广东广州 510642;

2. 广东省农业动物基因组学与分子育种重点实验室, 广东广州 510642)

**摘 要:** 鸡的生长轴上, GH (生长激素) 作为调节动物生长的重要激素, 具有促进生长的功能。GH 通过结合靶细胞表面的 GHR (生长激素受体), 形成 GHR 传导信号进入细胞产生生理功能。因此, *GHR* 基因是 GH 调节细胞生理功能的关键基因。为了解 *GHR* 基因多态性与肉鸡生长、屠体性状的关联, 本试验以“杏花鸡×隐性白洛克鸡”F<sub>2</sub> 代资源群作为试验材料, 通过 PCR 扩增和直接测序方法对 *GHR* 基因外显子的多态性进行检测, 在第 10 外显子区域中发现 2 个 SNP 位点: A1514T 和 G1595A。关联分析结果显示, A1514T 与鸡的活重、胸重、腿重、翅膀重、屠体重、胸肌剪切力等多个与生长和肉质相关的性状显著关联, G1595A 与鸡的活重、腿肉重、屠体重、腿肌肉色、腿肌剪切力、胸肌剪切力、腿肌 pH 值和腿肌电导率等多个性状显著相关。生物信息学分析表明, 2 个 SNPs 属于同义突变, 其可能导致 *GHR* mRNA 二级结构改变, 还将导致 *GHR* mRNA 翻译过程中选择使用频率更低的密码子, 从而可能影响 *GHR* mRNA 的翻译效率, 进而影响 *GHR* 蛋白含量。综上所述, 鸡 *GHR* 基因第 10 外显子上的 2 个同义突变可影响肉鸡生长和屠体性状。

**关键词:** 生长激素受体基因 (*GHR*); SNP; 生长性状; 同义突变; 鸡

**中图分类号:** S831.2

**文献标识码:** A

**DOI 编号:** 10.19556/j.0258-7033.20230429-02

家禽是世界肉产品的主要来源之一, 其肉产品受到广大消费者的喜爱。随着生活水平的提高, 人们对于优质肉产品的需求量越来越高。我国地方黄羽肉鸡肉质优良, 但生长缓慢, 因此如何提高我国地方鸡的生长性能是家禽育种工作亟待解决的重要问题。生长激素 (GH)

是调节动物生长的重要激素, 具有重要的促生长作用, GH 能够结合靶细胞表面的 GH 受体 (GHR), 然后通过 GHR 传导信号进入细胞, 进而激活细胞内生长相关通路<sup>[1]</sup>。在禽类中 GH 同样对生长发育过程起关键性作用<sup>[2]</sup>。研究表明, GH 同肉鸡的生长性能显著正相关<sup>[3]</sup>, 并能够促进代谢和生长发育<sup>[4]</sup>。

GHR 是一种重要的跨膜糖蛋白, 由单一基因编码, 含有 620 个氨基酸, 广泛存在于动物体细胞膜上<sup>[5]</sup>。在鸡中, *GHR* cDNA 全长 13 kb, 共编码 608 个氨基酸<sup>[6]</sup>。有研究表明, GH 能够与 GHR 的胞外结构结合, 通过启动信号转导机制进而促进细胞生长和分化<sup>[7]</sup>。为

收稿日期: 2023-04-29; 修回日期: 2023-05-31

资助项目: 国家自然科学基金 (32272861)

作者简介: 张帅 (1997-), 男, 河南驻马店人, 硕士, 主要从事家禽肌肉发育调控研究, E-mail: 1678872644@qq.com

\* 通讯作者: 罗文 (1988-), 男, 广东兴宁人, 博士, 副教授, 硕士研究生导师, 主要从事家禽遗传育种, E-mail: luowen729@scau.edu.cn

数估计 [D]. 武汉: 华中农业大学, 2019.

[7] Hu Z L, Dracheva S, Jang W, et al. A QTL resource and comparison tool for pigs: PigQTLDB[J]. Mamm Genome, 2005, 16(10): 792-800.

[8] 张笑科, 廖伟莉, 李瑶, 等. 品种、季节、胎次、采精月龄及采精间隔对猪精液品质的影响 [J]. 中国畜牧兽医, 2022, 49(10): 3879-3890.

[9] 陈清森, 陈瑶生, 张豪, 等. 公猪精液性状的遗传分析: 展望与可持续发展—第二届全球猪业论坛暨第九届 (2011)

中国猪业发展大会 [C]. 中国: 青岛, 2011.

[10] 刘桂武, 王连想, 张灿菲. 两广地区不同品种公猪精液品质季节变化规律的研究 [J]. 养猪, 2014(5): 44-46.

[11] Marques D, Bastiaansen J, Broekhuijsen M, et al. Weighted single-step GWAS and gene network analysis reveal new candidate genes for semen traits in pigs[J]. Genet Sel Evol, 2018, 50(1): 40.

(责任编辑: 赵楠)





## A 2-bp deletion in intron 1 of *TMEM182* is associated with *TMEM182* mRNA expression and chicken body weight

Z. T. Lin, G. H. Chen, X. Peng, Z. H. Zhang, T. Li, H. X. Lin, S. S. Liang, Y. B. Zheng, Z. P. Yao & W. Luo

To cite this article: Z. T. Lin, G. H. Chen, X. Peng, Z. H. Zhang, T. Li, H. X. Lin, S. S. Liang, Y. B. Zheng, Z. P. Yao & W. Luo (2022): A 2-bp deletion in intron 1 of *TMEM182* is associated with *TMEM182* mRNA expression and chicken body weight, British Poultry Science, DOI: [10.1080/00071668.2022.2094217](https://doi.org/10.1080/00071668.2022.2094217)

To link to this article: <https://doi.org/10.1080/00071668.2022.2094217>



Accepted author version posted online: 27 Jun 2022.



Submit your article to this journal [↗](#)



Article views: 20



View related articles [↗](#)



View Crossmark data [↗](#)





## AVAILABLE NOW

### About the book

This collection addresses the wealth of recent research on the genetic and environmental factors affecting the development of quality traits in poultry meat and their potential implications for breeding, husbandry and postharvest processing. The book also reviews recent advances in understanding colour, texture and flavour development in poultry meat.

### About the editors

#### **Professor Massimiliano Petracci**

is Professor in the Department of Agricultural and Food Sciences at the Alma Mater Studiorum - Università di Bologna, Italy.

**Dr Mario Estévez** is Professor in the Department of Animal Production and Food Science at the Universidad de Extremadura, Spain.

### Improving poultry meat quality

Available in print and digital formats:

ISBN - print	978-1-80146-103-0
Pages	414
Pub. Date	December 2022
Price	£150/\$195/€180/C\$255
Series No	AS127

For a complete list of titles visit [www.bdspublishing.com](http://www.bdspublishing.com)

T: +44 (0)1223 839365

E: [info@bdspublishing.com](mailto:info@bdspublishing.com)

[www.bdspublishing.com](http://www.bdspublishing.com)

 @bdspublishing

 Burleigh Dodds Science Publishing



## Improving poultry meat quality

Edited by: Professor Massimiliano Petracci, Alma Mater Studiorum – Università di Bologna, Italy and Dr Mario Estévez, Universidad de Extremadura, Spain

### Part 1 Poultry muscle development and meat quality

1. Advances in understanding the development and morphology of the poultry breast muscle: impact on meat quality: Sandra G. Velleman, *The Ohio State University, USA*
2. ~~Understanding the genetics of poultry muscle development: Wen Luo, Qinghua Nie and Xiguan Zhang, South China Agricultural University, China~~
3. Nutritional strategies and management practices to improve poultry meat quality: Marco Zampiga and Federico Sirri, *Alma Mater Studiorum – Università di Bologna, Italy*

### Part 2 Individual quality attributes: sensory, nutrition and health

4. Advances in understanding color development in poultry meat: Ranjith Ramanathan and Frank Kiyimba, *Oklahoma State University, USA*; Surendranath Suman, *University of Kentucky, USA*; and Gretchen Mafi, *Oklahoma State University, USA*
5. Understanding texture development in poultry meat: Clay J. Maynard and Casey M. Owens, *University of Arkansas, USA*
6. Advances in understanding flavour development in poultry meat: Dinesh D. Jayasena, *Uva Wellassa University, Sri Lanka*; and Cheorun Jo, *Seoul National University, Republic of Korea*

### Part 3 Poultry myopathies and shelf life

7. Breast meat abnormalities associated with ischaemic necrosis: dorsal cranial myopathy and deep pectoral myopathy: Liris Kindlein, *Federal University of Rio Grande do Sul, Brazil*
8. Quality defects associated with poultry muscle development: pale, soft and exudative meat: Giulia Baldi, Francesca Soglia and Massimiliano Petracci, *Alma Mater Studiorum – Università di Bologna, Italy*
9. Quality defects associated with poultry muscle development: white striping: Yuwares Malila, Krittaporn V. Thanatsang and Yanee Srimarut, *National Center for Genetic Engineering and Biotechnology, Thailand*
10. Quality defects associated with poultry muscle development: wooden breast: Martina Bordini, Francesca Soglia, Martina Zappaterra, Adele Meluzzi and Massimiliano Petracci, *Alma Mater Studiorum – Università di Bologna, Italy*
11. Quality defects associated with poultry muscle development: spaghetti meat: Giulia Tasoniero and Brian Bowker, *USDA-ARS, USA*
12. Factors affecting shelf life of poultry meat: Alberto González-Mohino and Mario Estévez, *Universidad de Extremadura, Spain*



# 中国畜禽种业发展报告2024

ZHONGGUO CHUQIN ZHONGYE FAZHAN BAOGAO 2024

农业农村部种业管理司 组编  
全国畜牧总站



中国农业大学出版社  
China Agricultural University Press

· 北京 ·



内 容 简 介

本书分为综合篇和7个分篇，分篇包括生猪、奶牛、肉牛、肉羊、蛋鸡、肉鸡和水禽7部分。作为反映我国畜禽种业发展的白皮书，本书系统梳理、回顾了2023年我国畜禽种业发展状况，紧紧围绕“三年打基础”目标任务而撰写。本书辅以文字、图表、数据等多种形式，反映2023年畜禽种业发展的新情况、新举措、新成效和新问题，通过分析当前畜禽种业发展形势，研判未来发展趋势。本书是对全国畜禽种业发展形势分析研判的重要参考，对于总结梳理2023年畜禽种业发展成果，促进现代畜禽种业发展有重要意义，适合畜禽行业管理人员、种业生产相关从业者阅读、参考。

图书在版编目（CIP）数据

中国畜禽种业发展报告. 2024 / 农业农村部种业管理司，全国畜牧总站组编. -- 北京：中国农业大学出版社，2024.10. -- ISBN 978-7-5655-3312-9  
I . S813.2  
中国国家版本馆 CIP 数据核字第 20247J3G89 号

书 名 中国畜禽种业发展报告 2024

作 者 农业农村部种业管理司 组编  
全 国 畜 牧 总 站

策划编辑 刘 聪 责任编辑 石 华 刘 聪 蔡恩嘉  
封面设计 麦莫瑞文化  
出版发行 中国农业大学出版社  
社 址 北京市海淀区圆明园西路 2 号 邮政编码 100193  
电 话 发行部 010-62818525, 8625 读者服务部 010-62732336  
编辑部 010-62732617, 2618 出 版 部 010-62733440  
网 址 <http://www.caupress.cn> E-mail cbsszs@cau.edu.cn  
经 销 新华书店  
印 刷 河北朗祥印刷有限公司  
版 次 2024 年 11 月第 1 版 2024 年 11 月第 1 次印刷  
规 格 210mm × 285mm 16 开本 14.5 印张 324 千字  
定 价 120.00 元

图书如有质量问题本社发行部负责调换



《中国畜禽种业发展报告 2024》

编审委员会

主任：刘莉华  
副主任：魏宏阳 左玲玲 黄路生  
委员：孙好勤 谢 焱 杨海生 储玉军 张冬晓 何庆学 王兆国 王 枬 陶伟国  
吴凯锋 周晓鹏 聂善明 于福清 张桂香 杜桂林 陆 健 陈瑶生 杨 宁  
文 杰 李俊雅 李发弟 宫桂芬

编写委员会

主 编：谢 焱 左玲玲  
副 主 编：聂善明 张冬晓 何庆学 于福清 李立望  
委 员：张桂香 杜桂林 陆 健 刘小红 孙东晓 高会江 王维民 孙从佼 郑麦青  
王晓峰 侯卓成 孟 飞  
参编人员：马 毅 马亚宾 王 枬 王 健 王 然 王 磊 王兆国 王启贵 王济民  
王起山 王晓峰 王继文 王维民 王雅春 文 杰 计 坚 尹华东 邓 超  
厉建萌 田 蕊 田连杰 史建民 白 皓 白文娟 包呼格吉乐图 冯海永  
曲 亮 朱 波 朱 砺 刘 刚 刘 杰 刘 瑶 刘一帆 刘大鹏 刘小红  
刘丰泽 刘天飞 刘冉冉 刘剑锋 刘婷婷 闫青霞 江宵兵 孙 伟 孙 雯  
孙从佼 孙东晓 孙夜晴 孙研研 杜桂林 李 剑 李 亮 李 姣 李 超  
李 辉 李 强 李广栋 李发弟 李庆贺 李志超 李转见 李建斌 李俊雅  
李慧芳 杨 宁 杨 洋 杨润军 杨朝武 束婧婷 连 玲 吴 健 吴凯锋  
邱小田 何 洋 何小龙 何珊珊 余春林 邹剑敏 辛翔飞 汪聪勇 宋 伟  
张 哲 张 慧 张 毅 张艺琳 张巧荟 张细权 张桂香 张淑二 张雅惠  
陆 健 陈 燕 陈绍祜 陈瑶生 罗 文 周正奎 周思旋 周晓鹏 郑麦青  
孟 飞 赵 华 赵小丽 赵书红 赵玉民 赵永聚 赵桂苹 赵善江 侯卓成  
咎林森 饶泉钦 姜润深 顾华兵 高会江 高海军 陶伟国 黄 昕 黄加祥  
曹永春 曹伟胜 常 卓 常国斌 崔焕先 阎 萍 梁春年 隋鹤鸣 蒋 尧  
蒋 琳 韩 旭 韩 威 韩红兵 覃广胜 程文强 程俐芬 舒鼎铭 腰文颖  
蔡更元 廖 明





目 录

综合篇

第一章	我国畜禽种业发展概况·····	001
第二章	畜禽遗传资源保护取得新成效·····	003
第三章	畜禽种业创新攻关深入实施·····	006
第四章	企业扶优取得新成效·····	008
第五章	种源保供基地建设扎实推进·····	010
第六章	种业质量安全监管更加有力·····	012

生猪篇

第一章	发展概况·····	017
第二章	生猪遗传资源保护和利用·····	018
第三章	生猪种业创新攻关·····	022
第四章	生猪种业企业扶优·····	028
第五章	生猪种业基地提升·····	031
第六章	生猪种业质量监管·····	035
第七章	生猪种业国际合作·····	037
第八章	生猪种业发展展望·····	040

奶牛篇

第一章	发展概况·····	045
第二章	奶牛遗传资源保护和利用·····	046
第三章	奶牛种业创新攻关·····	048
第四章	奶牛种业企业扶优·····	058
第五章	奶牛种业基地提升·····	063



第六章	奶牛种业质量监管·····	069
第七章	奶牛种业国际合作·····	074
第八章	奶牛种业发展展望·····	075

肉牛篇

第一章	发展概况·····	079
第二章	牛遗传资源保护和利用·····	080
第三章	肉牛种业创新攻关·····	084
第四章	肉牛种业企业扶优·····	092
第五章	肉牛种业基地提升·····	095
第六章	肉牛种业质量监管·····	104
第七章	肉牛种业国际合作·····	107
第八章	肉牛种业发展展望·····	109

肉羊篇

第一章	发展概况·····	113
第二章	肉羊遗传资源保护和利用·····	114
第三章	肉羊种业创新攻关·····	119
第四章	肉羊种业企业扶优·····	124
第五章	肉羊种业基地提升·····	127
第六章	肉羊种业质量监管·····	131
第七章	肉羊种业发展展望·····	133

蛋鸡篇

第一章	发展概况·····	137
第二章	蛋鸡遗传资源保护和利用·····	138
第三章	蛋鸡种业创新攻关·····	141
第四章	蛋鸡种业企业扶优·····	145
第五章	蛋鸡种业基地提升·····	149
第六章	蛋鸡种业国际合作·····	152
第七章	蛋鸡种业发展展望·····	153



肉鸡篇

第一章	发展概况·····	157
第二章	肉鸡遗传资源保护和利用·····	158
第三章	肉鸡种业创新攻关·····	161
第四章	肉鸡种业企业扶优·····	165
第五章	肉鸡种业基地提升·····	169
第六章	肉鸡种业国际合作·····	175
第七章	肉鸡种业发展展望·····	177

水禽篇

第一章	发展概况·····	183
第二章	水禽遗传资源保护和利用·····	184
第三章	水禽种业创新攻关·····	189
第四章	水禽种业企业扶优·····	195
第五章	水禽种业基地提升·····	198
第六章	水禽种业质量监管·····	203
第七章	水禽种业国际合作·····	205
第八章	水禽种业发展展望·····	207

附 录

·····	208
-------	-----





# 广东畜禽种业

《广东种业》编委会◎编著



广东经济出版社  
GUANGDONG ECONOMY PUBLISHING HOUSE



## 《广东畜禽种业》编写人员

主 编：蔡更元

副 主 编：刘德武 孙京臣 聂庆华

参编人员（按姓氏笔画排序）：

第一章 生猪种业 卫恒习 叶 健 刘小红 李绍云

李紫聪 杨 杰 杨 明 杨化强

吴珍芳 张 茂 张献伟 武 亮

孟繁明 赵云翔 洪林君 聂维维

黄思秀 谢水华

第二章 家禽种业 王 艳 王 燕 伍仲平 米见对

严 霞 李秀金 吴银宝 沈 栩

张细权 张续勳 张德祥 欧阳宏佳

罗 文 罗成龙 罗庆斌 郑 茗

徐海平 黄运茂 谢青梅 詹惠娜

黎镇晖

第三章 草食家畜种业 邓 铭 孙宝丽 李大刚 李耀坤

赵志辉 柳广斌 郭勇庆

第四章 特种经济动物种业 王先燕 冯 敏 刘 芳 李文峰

李林山 杨 琼 肖 阳 陈剑雄

赵红霞 钟杨生

第五章 畜禽种业发展趋势和未来展望 蔡更元 杨 杰





# 目 录

## 第一章 生猪种业

### 第一节 基本情况 /2

一、生猪养殖业基本情况 /3

二、生猪种业基本情况 /6

### 第二节 生猪种业科技创新 /9

一、创新平台 /10

二、创新团队 /19

三、生猪育种与繁殖技术 /20

四、生猪种业相关重大项目 /31

五、创新成果 /33

### 第三节 地方猪种质资源保护与开发利用 /49

一、地方猪种质资源概况 /49

二、国家和省级基因库、保种场 /66

三、地方猪种质资源保存和恢复技术 /71

四、地方猪种质资源开发利用 /77

### 第四节 猪生物育种概况及新材料创制 /84

一、猪生物育种发展基本情况 /85

二、生物育种与常规育种 /87

三、广东省猪生物育种新材料创制典型案例 /90



- 四、广东省克隆猪技术发展 /106
- 五、生物育种政策监管 /109
- 第五节 瘦肉型猪专门化品系和配套系选育 /112
  - 一、我国瘦肉型猪育种基本情况 /113
  - 二、广东省瘦肉型猪育种基本情况 /118
  - 三、瘦肉型猪配套系选育 /121
- 第六节 生猪种业企业育种情况 /132
  - 一、现有国家生猪核心育种场及种业阵型企业情况 /132
  - 二、省级生猪核心育种场情况 /134
  - 三、国家级和省级生猪核心育种场概况 /134

## 第二章 家禽种业

- 第一节 基本情况 /146
  - 一、肉鸡产业及种业基本情况 /147
  - 二、蛋鸡产业及种业基本情况 /151
  - 三、水禽产业及种业基本情况 /153
  - 四、特种珍禽产业及种业基本情况 /155
- 第二节 家禽种业科技创新 /157
  - 一、创新平台 /157
  - 二、创新团队 /163
  - 三、家禽育种技术 /166
  - 四、家禽种业相关重大项目 /173
  - 五、创新成果 /176
- 第三节 地方家禽种质资源保护与开发利用 /183
  - 一、地方家禽种质资源概况 /184
  - 二、家禽国家级和省级种质资源库、保种场 /206
  - 三、地方家禽种质资源保存和恢复技术 /211
  - 四、地方家禽种质资源开发利用 /213



第四节	基因工程禽育种新材料创制	/222
一、	基因工程鸡育种新材料创制	/222
二、	基因工程水禽育种新材料创制	/226
第五节	家禽商业品种专门化品系及配套系选育	/226
一、	通过国家审定的肉鸡配套系	/227
二、	白羽肉鸡商业化品种专门化品系及配套系	/229
三、	黄羽肉鸡商业化品种专门化品系及配套系	/230
四、	蛋鸡商业化品种专门化品系及配套系	/233
五、	水禽商业化品种专门化品系及配套系	/236
六、	特种珍禽商业化品种专门化品系及配套系	/240
第六节	家禽种业企业概况	/242
一、	肉鸡种业企业	/243
二、	蛋鸡种业企业	/259
三、	水禽种业企业	/261
四、	特种珍禽种业企业	/265

### 第三章 草食家畜种业

第一节	基本情况	/270
一、	肉牛产业与种业发展概况	/271
二、	肉羊产业与种业发展概况	/275
三、	奶牛产业与种业发展概况	/281
四、	水牛产业与种业发展概况	/285
五、	家兔产业与种业发展概况	/288
第二节	草食家畜种业科技创新	/291
一、	创新平台	/291
二、	创新团队	/293
三、	草食动物育种与繁殖技术	/293
四、	创新成果	/299



### 第三节 草食家畜种质资源保护与开发利用 /300

- 一、种质资源介绍 /301
- 二、地方牛、羊保种场（保护区） /315
- 三、草食家畜种质资源库 /318
- 四、地方牛、羊种质资源保存和恢复技术的研究与应用 /319
- 五、地方优良品种种质资源的开发利用 /326

### 第四节 草食家畜生物育种技术 /329

- 一、家畜转基因技术与育种新材料创制 /330
- 二、家畜基因编辑技术及育种新材料创制 /332

### 第五节 草食家畜的良种选育 /335

- 一、雷琼牛的良种选育 /335
- 二、雷琼牛的杂交利用 /338
- 三、陆丰牛的保种选育与杂交利用 /343
- 四、雷州山羊的良种选育与杂交利用 /344
- 五、湖羊的良种选育与杂交利用 /347
- 六、本地优良肉兔品种的选育与杂交利用 /348

### 第六节 主要种业企业 /349

- 一、荷斯坦奶牛主要种业企业 /349
- 二、娟姗牛主要种业企业 /353
- 三、肉牛主要种业企业 /354

## 第四章 特种经济动物种业

### 第一节 基本情况 /356

- 一、蚕桑产业的总体情况 /356
- 二、蚕种业的总体情况 /359
- 三、蜂产业的总体情况 /362
- 四、鹇鹇产业的总体情况 /364
- 五、鸵鸟产业的总体情况 /366



第二节	特种经济动物种业科技创新	/367
一、	创新平台	/367
二、	创新团队	/370
三、	育种技术	/371
四、	主要育成品种	/377
五、	创新成果	/380
第三节	特种经济动物种质资源保护与开发利用	/381
一、	家蚕种质资源保存与开发利用	/381
二、	蜜蜂种质资源保护与开发利用	/387
第四节	特种经济动物基因工程育种新材料创制	/391
一、	家蚕基因工程育种新材料创制	/391
二、	蜜蜂基因工程育种新材料创制	/393
第五节	特种经济动物商业化品种良种选育与杂交利用	/395
一、	育成蚕品种的选育与性能	/396
二、	家蚕品种育种方向	/404
三、	蜜蜂良种选育与杂交利用	/405

## 第五章 畜禽种业发展趋势和未来展望

第一节	畜禽种业发展现状	/408
一、	畜禽种业发展成就	/409
二、	畜禽产业发展中存在的问题	/414
第二节	畜禽种业发展趋势	/416
一、	种业市场向多元化、区域化方向发展	/416
二、	育种体系向专业化、商业化发展	/417
三、	种业企业向集团化、国际化发展	/418
四、	种业科技向高投入、高回报方向发展	/419
五、	产学研合作向更紧密、更长远方向发展	/420



第三节 畜禽种业未来展望 /421

一、生猪种业率先突破 /422

二、肉鸡种业优势牢固 /423

三、畜禽种业全方位发展 /423

附录

附录1 广东省畜禽种业纪事 /426

附录2 广东省畜禽品种图谱 /436

附录3 畜禽遗传资源保种场和种畜禽核心场 /456

附录4 家蚕遗传资源各发育阶段 /483

第四章 特种经济动物种业



国科奖社证字第0191号

2021年中国产学研合作创新与促进奖  
产学研合作创新成果奖  
获奖证书

为表彰在产学研深度融合中取得的重要科技创新成果，  
特颁发此证书。

项目名称：屠宰型高敏优质肉鸡育种技术创新与应用

奖项等级：一等奖

完成单位：华南农业大学、

温氏食品集团股份有限公司、

广东温氏南方家禽育种有限公司

主要完成人：聂庆华、张德祥、张细权、罗文、徐振强、  
罗庆斌、张哲、季从亮、林东、彭志军

证书号：20216050

中国产学研合作促进会

2022年1月





## 广东省农业技术推广奖

# 获奖证书

为表彰在农业技术推广工作中做出贡献  
的单位和个人，特颁发此证书，以资鼓励。

获奖项目：畜禽种质资源保护与利用技术示范推广

奖励等级：一等奖

奖励个人：罗文

奖励日期：2022年12月15日

证书号：2021-1-X04-R06





证书号第 4561843 号



# 发明专利证书

发明名称：一种影响鸡的腹脂率的分子标记及其应用

发明人：罗文;吴静文;张细权;聂庆华

专利号：ZL 2020 1 0681793.3

专利申请日：2020 年 07 月 15 日

专利权人：华南农业大学

地址：510642 广东省广州市天河区五山路 483 号

授权公告日：2021 年 07 月 20 日

授权公告号：CN 112226516 B

国家知识产权局依照中华人民共和国专利法进行审查，决定授予专利权，颁发发明专利证书并在专利登记簿上予以登记。专利权自授权公告之日起生效。专利权期限为二十年，自申请日起算。

专利证书记载专利权登记时的法律状况。专利权的转移、质押、无效、终止、恢复和专利权人的姓名或名称、国籍、地址变更等事项记载在专利登记簿上。



局长  
申长雨

申长雨



第 1 页 (共 2 页)

其他事项参见续页



证书号第 4633556 号



# 发明专利证书

发明名称：一个鸡分子标记组合作为鉴定鸡的肌间脂肪宽的检测位点的应用

发明人：罗文;吴静文;张细权;聂庆华

专利号：ZL 2020 1 0680901.5

专利申请日：2020 年 07 月 15 日

专利权人：华南农业大学

地址：510642 广东省广州市天河区五山路 483 号

授权公告日：2021 年 08 月 24 日

授权公告号：CN 112226515 B

国家知识产权局依照中华人民共和国专利法进行审查，决定授予专利权，颁发发明专利证书并在专利登记簿上予以登记。专利权自授权公告之日起生效。专利权期限为二十年，自申请日起算。

专利证书记载专利权登记时的法律状况。专利权的转移、质押、无效、终止、恢复和专利权人的姓名或名称、国籍、地址变更等事项记载在专利登记簿上。



局长  
申长雨

申长雨



第 1 页 (共 2 页)

其他事项参见续页



证书号第 5512862 号



# 发明专利证书

发明名称：一种鸡皮肤黄度选育方法

发明人：罗文；吴静文；林泽桐；张细权；聂庆华；罗庆斌

专利号：ZL 2021 1 0473297.3

专利申请日：2021 年 04 月 29 日

专利权人：华南农业大学

地址：510000 广东省广州市天河区五山华南农业大学

授权公告日：2022 年 10 月 14 日

授权公告号：CN 113218884 B

国家知识产权局依照中华人民共和国专利法进行审查，决定授予专利权，颁发发明专利证书并在专利登记簿上予以登记。专利权自授权公告之日起生效。专利权期限为二十年，自申请日起算。

专利证书记载专利权登记时的法律状况。专利权的转移、质押、无效、终止、恢复和专利权人的姓名或名称、国籍、地址变更等事项记载在专利登记簿上。



局长  
申长雨

申长雨



第 1 页 (共 2 页)

其他事项参见续页



证书号第 5553717 号



# 发明专利证书

发明名称：一种肉鸡体重和胫长性状相关的 SNP 分子标记及其应用

发明人：罗文;林泽桐;张细权;聂庆华

专利号：ZL 2021 1 0473354.8

专利申请日：2021 年 04 月 29 日

专利权人：华南农业大学

地址：510000 广东省广州市天河区五山华南农业大学

授权公告日：2022 年 11 月 01 日

授权公告号：CN 113215271 B

国家知识产权局依照中华人民共和国专利法进行审查，决定授予专利权，颁发发明专利证书并在专利登记簿上予以登记。专利权自授权公告之日起生效。专利权期限为二十年，自申请日起算。

专利证书记载专利权登记时的法律状况。专利权的转移、质押、无效、终止、恢复和专利权人的姓名或名称、国籍、地址变更等事项记载在专利登记簿上。



局长  
申长雨

申长雨



第 1 页 (共 2 页)

其他事项参见续页



证书号第5787780号



# 发明专利证书

发明名称：一种鸡胫长性状相关的SNP分子标记及其应用

发明人：罗文;林泽桐;张细权;聂庆华

专利号：ZL 2021 1 0472799.4

专利申请日：2021年04月29日

专利权人：华南农业大学

地址：510000 广东省广州市天河区五山华南农业大学

授权公告日：2023年03月17日

授权公告号：CN 113215270 B

国家知识产权局依照中华人民共和国专利法进行审查，决定授予专利权，颁发发明专利证书并在专利登记簿上予以登记。专利权自授权公告之日起生效。专利权期限为二十年，自申请日起算。

专利证书记载专利权登记时的法律状况。专利权的转移、质押、无效、终止、恢复和专利权人的姓名或名称、国籍、地址变更等事项记载在专利登记簿上。



局长  
申长雨

申长雨





证书号第7159166号



专利公告信息

# 发明专利证书

发明名称：与家禽生长和肉质性状相关的SNP分子标记及其应用

专利权人：华南农业大学

地址：510000 广东省广州市天河区五山华南农业大学

发明人：罗文;张丹璐;张细权;聂庆华;罗庆斌

专利号：ZL 2022 1 0434909.2

授权公告号：CN 114717332 B

专利申请日：2022年04月24日

授权公告日：2024年07月02日

申请日时申请人：华南农业大学

申请日时发明人：罗文;张丹璐;张细权;聂庆华;罗庆斌

国家知识产权局依照中华人民共和国专利法进行审查，决定授予专利权，并予以公告。

专利权自授权公告之日起生效。专利权有效性及专利权人变更等法律信息以专利登记簿记载为准。

局长  
申长雨

申长雨





证书号第7152209号



专利公告信息

# 发明专利证书

发明名称：家禽SNP分子标记选择及其应用

专利权人：华南农业大学

地址：510000 广东省广州市天河区五山华南农业大学

发明人：罗文;邓先旗;张细权;聂庆华

专利号：ZL 2022 1 0434248.3

授权公告号：CN 114717331 B

专利申请日：2022年04月24日

授权公告日：2024年07月02日

申请日时申请人：华南农业大学

申请日时发明人：罗文;邓先旗;张细权;聂庆华

国家知识产权局依照中华人民共和国专利法进行审查，决定授予专利权，并予以公告。  
专利权自授权公告之日起生效。专利权有效性及专利权人变更等法律信息以专利登记簿记载为准。

局长  
申长雨

申长雨





证书号第5231535号



# 发明专利证书

发明名称：一种基于计算机视觉的鸡肤色表型测定方法

发明人：张细权;何世梓;符蓉;曾宪军;陈杰;莫治新;罗文;聂庆华  
罗庆斌

专利号：ZL 2021 1 1275928.7

专利申请日：2021年10月29日

专利权人：华南农业大学

地址：510000 广东省广州市天河区华南农业大学

授权公告日：2022年06月14日

授权公告号：CN 113810617 B

国家知识产权局依照中华人民共和国专利法进行审查，决定授予专利权，颁发发明专利证书并在专利登记簿上予以登记。专利权自授权公告之日起生效。专利权期限为二十年，自申请日起算。

专利证书记载专利权登记时的法律状况。专利权的转移、质押、无效、终止、恢复和专利权人的姓名或名称、国籍、地址变更等事项记载在专利登记簿上。



局长  
申长雨

申长雨



第1页(共2页)

其他事项参见续页





# 获奖证书

华南农业大学

刘婷婷、赵昌滨、谭淇方、孔逸冰、黄俊雄、陈江俊 同学：

你(们)的作品《天赐良鸡》在第十七届“挑战杯”广东大学生课外学术科技作品竞赛红色  
专项赛中荣获

## 三等奖

指导老师：罗文、杨殷一、黄国胜

第十七届“挑战杯”广东大学生课外  
学术科技作品竞赛组委会  
(共青团广东省委员会代章)

2023年10月



# 荣誉证书

罗文 老师：

在第一届广东省本科高校动物  
生产类大学生创新与设计大赛中  
带领学生团队成绩优秀，荣获：

## 特等奖

(动物生产类大学生创新项目)

特发此证，以兹表彰。

广东省本科高校动物生产类专业教学指导委员会  
(华南农业大学代章)

二〇二〇年一月



合同编号: 2019TQ05N470

密级:



004072974006

## “广东特支计划”科技创新青年拔尖人才合同书

管理单位(甲方):	广东省科学技术厅		
入选人才(乙方):	罗文		
用人单位(丙方):	华南农业大学		
归口管理部门(丁方):	省属单位		
研究技术领域:	第一领域:	N. 现代种业和精准农业-N03. 现代种业	
	第二领域:		
研究所属类型:	基础与应用基础研究		
联系方式:	手机:	13710789890	邮箱: luowen729@scau.edu.cn
实施年限:	自合同生效之日起至之后三年		

广东省科学技术厅制  
2020年3月



## 二、基本信息

姓名	罗文	性别	男	
民族	汉族	出生日期	1988-06-14	
职务	无	最高学历	博士研究生	
籍贯	广东兴宁	政治面貌	中共党员	
职称	副高级-副教授	最高学位	博士	
证件类型	身份证	证件号码	441481198806144150	
电话	13710789890	手机	13710789890	
电子邮箱	luowen729@scau.edu.cn	通信地址	广东省广州市天河区五山路华南农业大学动物科学学院	
全职在粤工作	是	在粤工作起始时间	2016-07-04	
主要研发类别	基础与应用基础研究	从事专业	家禽遗传育种	



#### 四、预期目标

- 1、发表论文6-8篇，其中SCI收录5篇或以上，影响因子大于10的文章1篇，影响因子5~10的文章2篇；
- 2、培养硕士研究生4-6名，参与培养博士研究生1-2名；
- 3、申请国家发明专利4-6项，授权国家发明专利2项；
- 4、建立种鸡基因编辑技术1套，获得快大型基因编辑实验肉种鸡1批；
- 5、挖掘和验证与鸡肌肉生长发育显著关联的SNP 5-10个，新功能基因4个以上，新转录本或可变剪切体4个以上，新蛋白标记2个以上，新的遗传调控机制1个。

004072974006



## 五、用人单位信息

单位名称	华南农业大学	成立日期	1952-07-01
主营业务	高等教育	法定代表人	刘雅红
注册资本	311733.00万元	实际到位资本	0万元
注册地址	广东省-广州市-天河区五山路483号	单位类型	高校
开户银行:	广东广州工行五山支行		
开户户名:	华南农业大学	开户银行账号:	3602002609000310520
用人单位特性	高校		

## 用人单位在入选人才所属学科、科研领域或行业领域的布局及发展状况

申报人所属的华南农业大学“畜牧学”学科，是广东省一级优势重点学科和广东省“高水平大学重点建设学科”。在长期的办学过程中，本学科立足国家社会经济发展的重大需求，以服务我国特别是华南地区的畜牧业发展为目标，以培养高水平畜牧科技人才、培育重大创新性成果、推动我国畜牧业发展为首要任务，立足华南，面向全国，努力将本学科建设成为国内一流、国际先进的高水平学科，成为我国特别是华南地区最重要的畜牧科技人才培养基地、畜牧科技创新与成果转化的制高点。本学科在近年取得了巨大的进步，在第四次学科评估中，本单位“畜牧学”学科获得B+的成绩，排名全国第三档。

## 用人单位为入选人才已提供和拟提供的主要支撑保障条件

申报人具有很好的研究基础和科研成果，有利于本学科的发展，本单位以首聘副教授职称与其签约，提供副教授待遇，同时相继提供了6万元的科研启动金和20万元的青年科技人才培养专项支持。在科研场所和实验平台上，申报人已加入家禽遗传育种研究团队，该团队负责“农业农村部鸡遗传育种与繁殖重点实验室”和“广东省农业动物基因组学与分子育种重点实验室”两个省部级重点实验室平台，同时也是国家级实验平台“畜禽育种国家地方联合工程研究中心”的一部分。这三个平台具有完善的实验设备和仪器，充足的科研经费支持，可为申报人科研项目的实施提供强有力的保障。



## 六、资助经费安排

资助额度:	50万元
资助方式:	省财政采取一次性资助方式下达
经费类型:	生活补贴
支配方式:	由用人单位与入选人才协商一致,将资助经费按规定缴纳税费后,分期或一次性发放,用于入选人才在粤工作期间生活补贴,已发放经费由入选人才自由支配。



## 七、合同签约各方意见

甲方	单位名称	广东省科学技术厅	 (单位公章)
	法定代表人或法人代理	签名(签章)	2020年7月27日
乙方	入选人才签名	本人自愿接受2019年“广东特支计划”科技创新青年拔尖人才项目资助, 保证本合同书及其附件材料真实、合法、有效, 资助期间全职在粤工作, 坚持严肃的学术和科研态度, 遵守科研诚信、科研伦理规范, 遵守有关知识产权约定, 积极开展科学研究工作, 力争在本学科领域取得创造性成就。 签名: 罗文 2020年6月1日	
丙方	单位名称	华南农业大学	本单位同意承担2019年“广东特支计划”科技创新青年拔尖人才项目, 保证本合同书及其附件材料真实、合法、有效, 支持、督促乙方全职在岗工作并确保持续落实合同约定有关保障条件, 建立健全相关管理制度, 支持并协助乙方完成预期目标。  (用人单位公章) 2020年06月12日
	法定代表人或法人代理	签名(签章)	
丁方	单位名称	华南农业大学	地级以上市科技部门
	法定代表人或法人代理	签名(签章)	(单位公章)
	单位名称	广东省教育厅	地级以上市委组织部
	法定代表人或法人代理	签名(签章)	(单位公章)



