

# 绵羊基因组研究进展 Progress on the Sheep Genome Project

郭晓红<sup>1</sup>, 储明星<sup>2</sup>, 周忠孝<sup>1</sup> GUO Xiao-Hong<sup>1</sup>, CHU Ming-Xing<sup>2</sup>, ZHOU Zhong-Xiao<sup>1</sup>

1.山西农业大学动物科技学院, 山西 太谷 030801; 2.中国农业科学院畜牧研究所, 北京 100094  
1.College of Animal Science and Technology, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, China; 2.Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094, China

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 过去几年中, 家畜基因组计划取得了巨大进展。已经构建了猪、鸡、牛、绵羊、马、鹿的遗传图谱, 其遗传标记间距在5~20cM。这些图谱对于家畜中与重要经济性状相关的基因或遗传标记的鉴定非常重要。该文从绵羊的基因图谱、比较图谱、重要经济性状基因及QTL定位方面对绵羊基因组的研究进展作了简要阐述。

**Abstract:** During the last few years, advances in livestock genome projects have been remarkable. Species-specific genetic maps exist for pig, chicken, cattle, sheep, horse, and deer with marker intervals of 5 to 20 cM. These maps have been essential for the identification of genes and genetic markers associated with importantly economic traits in livestock. In this paper, advances of gene map, comparative map, the genes for importantly economic traits and quantitative trait loci (QTL) mapping were briefly introduced in sheep.

**关键词** [绵羊](#) [基因组](#) [基因图谱](#) [比较图谱](#) [数量性状基因座](#) **Key words** [sheep](#) [genome](#) [gene map](#) [comparative map](#) [quantitative trait loci](#)

分类号

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(0KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

### 服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)

### Email Alert

- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

### 相关信息

- ▶ [本刊中 包含“绵羊”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [郭晓红](#)
- [储明星](#)
- [周忠孝GUO Xiao-Hong](#)
- [CHU Ming-Xing](#)
- [ZHOU Zhong-Xiao](#)

## Abstract

## Key words

DOI:

通讯作者