

用混合模型定位一个复杂家猪家系13号染色体QTL的研究

吴晓林^{1,2}, 施启顺², 柳小春², 彭英林^{1,2}, 蒋隽^{1,2}, 杨仕柳¹, 肖兵南¹

1.湖南省畜牧兽医研究所动物分子生物学实验室;长沙 410131; 2.湖南农业大学动物科技学院;长沙 410128

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 用混合模型方法,分析了一个复杂家猪家系13号染色体上微卫星座位与数量性状间的相关性,结果发现,该家系猪13号染色体上存在一个显著影响屠宰重和日均屠宰重的QTL。区间定位将该QTL定位到SW1898-SW398标记内,相对位置估计为 $p=0.52 \pm 0.36$,在遗传连锁图上的平均位置为75.19cM。该QTL对于屠宰重的加性和显性效应分别为 $1.31 \pm 0.55\text{kg}$ 和 $1.95 \pm 0.80\text{kg}$,对于日均屠宰重的加性和显性效应分别为 $0.018 \pm 0.007\text{kg/d}$ 和 $0.0120.007\text{kg/d}$ 。估计的屠宰重和日均屠宰重QTL方差分别0.9037和0.0010。该区域实际上是测交PIT1基因的区域,PIT1基因是生长激素、催乳激素、促甲状腺激素 β 亚基的一个重要的转录调节因子,为PIT1基因作为重要的生长QTL提供了一个有利的旁证。由此推论,PIT1对于生长的影响不只是早期的,可能延续至个体生长发育的全过程。此外,13号染色体上可能存在一个背膘厚QTL,相距屠宰重QTL约28.3-63.4cM,不确定因素是标记-性状相关在世代间存在差异。

关键词 [复杂家系](#) [混合模型](#) [家猪](#) [连锁图](#) [数量性状座位](#)

分类号

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者

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“复杂家系”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [吴晓林](#)
- [施启顺](#)
- [柳小春](#)
- [彭英林](#)
- [蒋隽](#)
- [杨仕柳](#)
- [肖兵南](#)