

## 大白×梅山猪资源家系生长性状QTL的检测

苏玉虹1, 熊远著1, 张勤2, 蒋思文1, 余雳1, 雷明刚1, 郑嵘1, 邓昌彦1

1.华中农业大学农业部猪遗传育种重点实验室;武汉 430070; 2.中国农业大学动物科技学院;北京 100094

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 以大白猪和梅山猪为父母本建立F<sup>2</sup>资源家系,在2000年,随机选留66头F<sup>2</sup>代个体,获得出生重、60日龄体重、出生至60日龄平均日增重及60日龄至屠宰前平均日增重的表型数据。结合48个微卫星标记构建的猪1、2、3、4、6和7号染色体遗传连锁图谱,用线性模型最小二乘法对各数量性状进行QTL区间作图,利用置换法(permutation)确定显著性阈值。研究发现,猪4号染色体上有一个染色体水平极显著(P<0.01)的QTL影响60日龄至屠宰前平均日增重,并达到基因组显著水平(P<0.05)。在染色体水平,出生至60日龄平均日增重QTL位于2号染色体,60日龄体重QTL位于1号染色体。6号染色体的出生至60日龄平均日增重QTL达到建议显著水平。

**关键词** [猪](#) [区间定位](#) [生长性状](#) [染色体1-4](#) [6-7](#) [微卫星标记](#)

分类号

### Abstract

### Key words

DOI:

通讯作者

### 扩展功能

#### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(133KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“猪”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [苏玉虹](#)
- [熊远著](#)
- [张勤](#)
- [蒋思文](#)
- [余雳](#)
- [雷明刚](#)
- [郑嵘](#)
- [邓昌彦](#)