



### 利用混合线性模型和BayesCPi进行QTL-MAS2011公共数据集的全基因组关联分析

朱波<sup>1, 2</sup>, 吴洋<sup>2</sup>, 齐欣<sup>2</sup>, 牛红<sup>2</sup>, 张静静<sup>2,3</sup>, 王延晖<sup>2</sup>, 陈燕<sup>2</sup>, 张路培<sup>2</sup>, 高会江<sup>2</sup>, 高雪<sup>2</sup>, 李俊雅<sup>2\*</sup>, 孙少华<sup>1\*</sup>

(1.河北农业大学动物科技学院, 保定 071000; 2.中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100193; 3.吉林农业大学动物科学技术学院, 长春 130118)

#### Genome-wide Association Analyses of the 15th QTL-MAS Workshop Data Using Mixed Linear Model and BayesCPi Method

ZHU Bo<sup>1,2</sup>, WU Yang<sup>2</sup>, QI Xin<sup>2</sup>, NIU Hong<sup>2</sup>, ZHANG Jing-jing<sup>2,3</sup>, WANG Yan-hui<sup>2</sup>, CHEN Yan<sup>2</sup>, ZHANG Lu-pei<sup>2</sup>, GAO Hui-jiang<sup>2</sup>, GAO Xue<sup>2</sup>, LI Jun-ya<sup>2\*</sup>, SUN Shao-hua<sup>1\*</sup>

(1.College of Animal Science and Technology, Agricultural University of Hebei, Baoding 071000, China; 2.Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China; 3.College of Animal Science and Technology, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China)

[摘要](#)[图/表](#)[参考文献\(21\)](#)[相关文章\(15\)](#)

京ICP备07023558号

版权所有 © 2008 《畜牧兽医学报》编辑部

地址: 北京市海淀区圆明园西路2号中国农业科学院北京畜牧兽医研究所 邮政编码: 100193

Tel: 010-62815987 E-mail: xmsyxb@263.net