

遗传繁育

采用全基因组扫描法定位影响猪后腿质量QTL

肖石军, 高军, 祁文杰, 段艳宇, 毛辉荣, 周利华, 李琳, 黄路生*

江西农业大学动物生物技术国家重点实验室培育基地, 南昌 330045

收稿日期 2008-8-4 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要

摘要: 为研究影响猪后腿质量的QTL, 采用分布于猪全基因组19对染色体上的183个微卫星标记, 对白色杜洛克(♂)×二花脸(♀)资源家系群体1 028头F2代个体及其亲本进行基因型检测, 利用最小二乘线性回归分析, 通过置换试验确定显著性域值, 对影响猪后腿质量的数量性状位点(QTL)进行了定位分析。共检测到10个QTL位点, 其中在猪2、4、7、8、18号染色体上检测到5个1%基因组显著水平的QTLs, 在5和7号染色体上检测到2个5%基因组显著水平QTLs。影响效应最大的QTL位于7号染色体58 cM处, 置信区间仅为5 cM, 这些结果为下一步的精细定位和位置候选基因的分离奠定了基础。

关键词

[猪](#); [后腿质量](#); [数量性状位点](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

黄路生 Lushenghuang@hotmail.com

作者个人主页: [肖石军](#); [高军](#); [祁文杰](#); [段艳宇](#); [毛辉荣](#); [周利华](#); [李琳](#); [黄路生*](#)

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF](#) (905KB)
- ▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [引用本文](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“](#)

[猪](#); [后腿质量](#); [数量性状位点](#)

”的 相关文章

- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [肖石军](#)
- [高军](#)
- [祁文杰](#)
- [段艳宇](#)
- [毛辉荣](#)
- [周利华](#)
- [李琳](#)
- [黄路生](#)