

## 大河猪76个STR基因座的遗传多态性

霍金龙<sup>1</sup>, 霍海龙<sup>1</sup>, 苗永旺<sup>1,2</sup>, 李福泉<sup>3</sup>, 刘丽仙<sup>4</sup>, 伍革民<sup>1</sup>, 欧阳依娜<sup>1</sup>, 钱坤<sup>5</sup>

1. 云南农业大学 动物科学技术学院, 云南 昆明 650201; 2. 云南大学 生物资源保护与利用国家重点实验室, 云南 昆明 650091;

3. 内江职业技术学院 生物技术系, 四川 内江 641100; 4. 云南农业职业技术学院 畜牧兽医系, 云南 昆明 650212; 5. 湖州师范学院, 湖州313000

收稿日期 2008-11-21 修回日期 网络版发布日期 2008-2-22 接受日期 2008-12-26

**摘要** 大河猪是中国西南中海拔地区代表性猪种之一, 长期以来在当地养猪生产中发挥了重要作用。为了阐明其群体遗传变异情况, 为进一步有效保护和合理利用提供科学依据, 采用分布在家猪19对染色体上的76个微卫星标记对该猪种60个随机抽样个体进行了微卫星PCR-聚丙烯酰胺凝胶电泳检测。共检测到347个等位基因, 所有座位都呈现出多态性, 每个座位的等位基因数在3—10个之间, 平均每个座位等位基因数4.57个, 有效等位基因数3.50个, 群体平均杂合度及平均多态信息含量分别为 $0.696\ 2 \pm 0.071\ 6$ 和 $0.644\ 1 \pm 0.091\ 4$ 。结果表明, 大河猪群体遗传多样性较丰富, 选择潜力较大。

**关键词** [微卫星标记](#); [大河猪](#); [遗传多样性](#); [杂合度](#); [多态信息含量](#)

分类号

**DOI: 10.3724/SP.J.1141.2009.01105**

通讯作者:

苗永旺 [yongwangmiao999@yahoo.com.cn](mailto:yongwangmiao999@yahoo.com.cn)

作者个人主页: [霍金龙<sup>1</sup>](#); [霍海龙<sup>1</sup>](#); [苗永旺<sup>1;2</sup>](#); [李福泉<sup>3</sup>](#); [刘丽仙<sup>4</sup>](#); [伍革民<sup>1</sup>](#); [欧阳依娜<sup>1</sup>](#); [钱坤<sup>5</sup>](#)

### 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(371KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“微卫星标记; 大河猪; 遗传多样性; 杂合度; 多态信息含量”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [霍金龙](#)
- [霍海龙](#)
- [苗永旺](#)
- 

- [李福泉](#)

- [刘丽仙](#)

- [伍革民](#)

- [欧阳依娜](#)

- [钱坤](#)