

# 长蓝猪QTL定位资源群建立及其遗传分析

李加琪, 刘小红<sup>2</sup>, 王 翀<sup>1</sup>, 陈赞谋<sup>1</sup>, 吴秋豪<sup>2</sup>, 张细权<sup>1</sup>, 刘德武<sup>1</sup>, 陈瑶生<sup>1</sup>

1. 华南农业大学动物科学学院; 广州 510642; 2. 广东省畜牧技术推广总站; 广州 510500

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 利用高度选育的8头瘦肉型长白猪为父本, 16头中国优良地方品种蓝塘猪为母本, 采用远交系杂交的F2代设计方法, 建立包括8头F1公猪、40头F1母猪和232头F2个体的猪资源群体。资源群体的遗传分析表明, 所测定的32个性状都有一定的变异, 主要经济性状的变异系数都在10%以上。进一步的方差组分估计表明, 主要经济性状的加性遗传方差较大。在所测定6号染色体连锁群的22个微卫星DNA标记中, 12个表现有多态性, 全群平均杂合度为0.53, 多态信息含量为0.46, 能较好地为QTL检测提供信息。因此, F2代有较好的分离状态, 有可能利用该资源群体检测到较多的QTL。

**关键词** [猪](#) [资源群](#) [F2设计](#) [方差组分](#) [QTL定位](#)

分类号

1. College of Animal Science; South China Agricultural University; Guangzhou 510642; China;  
2. Guangdong Livestock Extension Services; Guangzhou 510500; China

## Abstract

**Key words** [pig](#) [resource population](#) [F2 design](#) [variance component](#) [QTL mapping](#)

DOI:

通讯作者

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(272KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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](#)

- [李加琪](#)
- [刘小红](#)
- [王 翀](#)
- [陈赞谋](#)
- [吴秋豪](#)
- [张细权](#)
- [刘德武](#)
- [陈瑶生](#)