

DOI: 10.1360/yc-007-0817

猪 F₂ 设计资源家系中 4 条染色体微卫星标记分析

王翀¹, 凌飞¹, 张豪¹, 李加琪¹, 包杰¹, 陈瑶生²

1. 华南农业大学动物科学学院, 广州 510642;
2. 中山大学生命科学学院, 广州 510275

摘要: 利用中国地方猪种蓝塘猪(16 头母猪)与外来品种长白猪(8 头公猪)按 F₂ 设计建立资源家系, 根据美国肉畜中心(USDA-MARC 2.0)公布的猪连锁图谱, 在 1、4、7 和 8 号染色体上间隔 10~20 cM 选择一个微卫星标记, 共 31 个标记, 采用 WAVE[®]核苷酸片段分析系统和 ABI 377 DNA 序列分析仪检测资源群体的 P、F₁ 和 F₂ 代个体微卫星的基因型, 对其基因频率、杂合度和多态信息含量等进行统计分析。结果发现: 利用 ABI 377 检测的猪 1、4 和 8 号染色体上的有效微卫星标记 21 个, 其中 13 个标记的 18 个等位基因片段大小超过了网上已报道的结果, 发现新等位基因的标记占 62%; 在 31 个微卫星标记中, 杂合度(*h*)在 0.043~0.7855 之间, 总平均杂合度为 0.6460, 其中 70% 座位的 *h*>0.60; 总平均多态信息含量(*PIC*)为 0.5949, 有 77.4% 位点的 *PIC*>0.5。统计分析结果表明, 选用的微卫星标记能够较好地提供标记信息, 为进一步在该家系中进行猪重要性状的 QTL 定位打下了良好的基础。

关键词: 蓝塘猪; 微卫星标记; 杂合度; 多态信息含量

Analysis of microsatellite markers on four chromosomes in F₂ design pig resource family

WANG Chong¹, LING Fei¹, ZHANG Hao¹, LI Jia-Qi¹, BAO Jie¹, CHEN Yao-Sheng²

1. College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China;
2. School of Life Science, Sunyetsen University, Guangzhou 510275, China

Abstract: Lantang pig (16 sows) which is one of south China type pig breeds, were crossed with Landrace pig (8 boars) to construct the resource population. According to the pig linkage map of USDA-MARC2.0, 31 microsatellite DNA markers on pig chromosomes 1, 4, 7, and 8 were used to genotype the parents F₁ and F₂. The distance between adjacent markers was about 10 to 20 cM. The gene frequency, heterozygosity (*h*), and polymorphism information content (*PIC*) were calculated. The marker genotype of parents, F₁, and F₂ were obtained with WAVE[®] nucleotide fragment analysis system (DHPLC) and ABI 377 DNA sequencer. Twenty-one microsatellite markers on chromosomes 1, 4, and 8 were genotyped with ABI 377. The length of the DNA fragments of 18 alleles on 13 microsatellite markers were beyond the range reported on the web site. The loci of new alleles were 62% of total markers. The heterozygosities of the 31 microsatellite ranged from 0.043 to 0.7855, the heterozygosities of 70% loci were over 0.6, the average heterozygosity was 0.6460. The average polymorphism information content (*PIC*) of 31 microsatellite markers was 0.5949, the *PIC* of 77.4% loci were over 0.5. The values of *h* and *PIC* suggested that polymorphism information of these markers in the resource population was plentiful. These markers

收稿日期: 2006-10-24; 修回日期: 2006-12-13

基金项目: 广东省自然科学基金团队项目(编号: 04205804)、国家重点基础研究发展计划“973”项目(编号: 2004CB117506)和国家自然科学基金(编号: 30300249)资助[Supported by Group Program of Natural Science Foundation of Guangdong Province (No. 04205804), National Key Project for Fundamental Research and Development (973 Project) (No. 2004CB117506) and National Natural Science Foundation of China (No. 30300249)]

作者简介: 王翀(1968-), 女, 湖北人, 博士, 副教授, 研究方向: 动物遗传育种。Tel: 020-85285703; E-mail: betty@scau.edu.cn

通讯作者: 陈瑶生(1962-), 男, 湖南人, 博士, 教授, 研究方向: 动物遗传育种。Tel: 020-85283519; E-mail: chyaosh@mail.sysu.edu.cn

could be used to map quantitative traits loci of important economic traits in this population.

Keywords: Lantang pig; microsatellite marker; heterozygosity; polymorphism information content

动物的许多重要经济性状都是数量性状,传统数量遗传学只是对影响数量性状变异的基因总效应进行统计分析,不能区分影响性状的主基因及各个单基因的作用^[1,2],也不能在动物生长早期或胚胎期进行选择,很大程度上限制了动物育种的效率,特别对一些低遗传力性状、限性性状、抗病性状以及活体不能测定的性状,传统育种方法的效率更低。在猪育种研究中,使用远交设计,通过性状差异明显的品系或品种间杂交,获得后代分离的群体,进行重要经济性状的 QTL 定位。自 1994 年瑞典的 Anderson 等^[3]首次利用大白猪和欧洲野猪为亲本,进行远交群 F₂ 代设计,通过微卫星标记成功开展较大规模的猪 QTL 定位以来,利用这一模式进行猪遗传图谱构建和 QTL 定位等研究工作便蓬勃开展起来^[4-11]。在一定实验设计建立的参考家系基础上,利用基因图谱和多态性标记可以将控制动物某一数量性状的多个基因剖分为不同的 QTL,将它们一一定位到染色体上,并分析各 QTL 的效应大小。

由国际上许多大规模 QTL 定位结果可知,有一大批影响猪重要经济性状的 QTL 被定位在 1、4、7、8 号染色体上。本研究在此基础上,参考美国肉畜中心(USDA-MARC 2.0)1996 年公布的猪连锁图谱,在猪 1、4、7、8 号性别平均连锁图谱上大约每间隔 10~20 cM 选择一个微卫星标记,利用李加琪等^[11]建立的猪 F₂ 资源群的 257 头 F₂ 代个体,采用 ABI377 序列分析仪和 WAVE[®]核苷酸片段分析系统,利用有效的 31 个标记对这 4 条染色体进行基因组扫描,采用统计方法分析了微卫星多态性标记的基因频率、杂合度(*h*)和多态信息含量(*PIC*)等,以确定这些标记是否适合进一步的 QTL 定位分析,为寻找影响猪重要经济性状的 QTL 定位打下基础。

1 材料和方法

1.1 实验猪群及样品采集

本研究所用的资源群体(SCAU-LL)由李加琪等^[12]建立,其中 P 代 8 头长白公猪、16 头蓝塘母猪。随机

选留 F₁ 代公猪 8 头、母猪 40 头,随机交配,产生 F₂ 代 350 头,完成屠宰测定 285 头,对记录数据进行分析处理,保留合理的测定数据有 257 头,用选择的微卫星标记进行多态性分析。采集参考家系中 P、F₁ 和 F₂ 各个体的耳组织或肌肉组织约 0.5 g,置于 70%酒精中保存备用。

1.2 微卫星标记引物

根据美国肉畜中心(USDA-MARC 2.0)公布的猪连锁图谱,在猪 1、4、7 和 8 号染色体性别平均连锁图谱上大约每间隔 10~20 cM 选择一个微卫星标记,共 39 个微卫星座位,经过实验条件优化,确定 31 个有效微卫星标记用于资源家系所有 P、F₁ 和 F₂ 3 代个体微卫星基因型分析,在 1、4、7 和 8 号染色体上的标记长度分别为 127 cM、120 cM、137 cM 和 128 cM,平均标记间隔分别为 21 cM、15 cM、13.7 cM 和 18 cM。各标记位点在 Rohrer 等^[5,12]图谱中的名称、相对位置、片段范围、有信息减数分裂数、杂合度、等位基因数列入表 1。1、4 和 8 号染色体所用的引物由上海基康生物有限公司提供标记荧光并合成引物,所加荧光标记也列入表 1,7 号染色体所用的引物由上海生工生物工程技术有限公司合成。

1.3 微卫星 DNA 标记多态性的检测

1、4 和 8 号染色体的微卫星扫描是利用 ABI 377 序列分析仪完成的,在 ABI 377 序列分析仪 GS-Run-36C-2400-module 下电泳 3~4 h,收集胶图像。应用 GENE SCAN[™]3.0 软件进行数据收集、泳道线校正、校正分子量内标,及迁移片段大小测量,应用 Genotyper[™]2.5 软件进行基因分型,并根据个体系谱信息人工校对基因型。7 号染色体的微卫星扫描利用 WAVE[®]核苷酸片段分析系统完成。

1.4 微卫星标记检测结果统计

根据 Nei 等^[13]推荐公式计算群体内某一位点的杂合度为:

$$H = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2$$

式中 *i* 为位点数, *p_i* 为等位基因频率, *n* 为等位基因数。

表 1 微卫星标记特点

Table 1 Characteristics of the microsatellite markers

标记 Marker	染色体 Chromosome	荧光标记 Fluorescence marker	位置 Location (cM)	片段范围 Fragment range(bp)	有信息 减数 分裂数 Inf. meio.	杂合度 Heterozygosity	等位基因数 Allele num- ber
SW1515	1	HEX	16.4	115 ~ 150	2752	100	17
SW2185	1	FAM	67.6	145 ~ 175	154	80	8
SW1970	1	HEX	83.2	80 ~ 92	65	60	4
SW1311	1	TET	100.8	156 ~ 178	71	60	7
SW1828	1	FAM	118.5	95 ~ 105	186	100	4
SW2512	1	FAM	144	84 ~ 114	40	89	8
SW2404	4	HEX	0	132 ~ 178	2595	100	12
SW489	4	HEX	8	156 ~ 174	180	90	6
S0301	4	FAM	27.1	250 ~ 262	2236	60	12
SW1678	4	FAM	48.4	111 ~ 119	34	30	4
SW839	4	FAM	62.3	144 ~ 166	78	70	6
S0214	4	TET	79.3	121 ~ 137	1683	80	10
SW524	4	HEX	99.3	178 ~ 198	98	60	4
S0097	4	TET	120	206 ~ 244	747	100	11
S0025	7	—	3.7	104 ~ 120	2707	80	15
S0064	7	—	30.2	93 ~ 160	184	100	10
SW1344	7	—	48.2	118 ~ 136	39	30	3
SWR74	7	—	58.9	147 ~ 168	169	90	9
S0102	7	—	70.1	123 ~ 143	173	90	10
SWR1928	7	—	79.3	83 ~ 107	2917	90	13
SW2040	7	—	90	166 ~ 180	127	80	5
S0115	7	—	102.2	189 ~ 207	875	90	8
SW1083	7	—	109.5	114 ~ 148	1516	50	12
S0212	7	—	141.2	229 ~ 249	166	80	8
SW2410	8	HEX	0	108 ~ 124	1623	80	7
SW905	8	FAM	20.8	125 ~ 174	566	90	9
SW1953	8	FAM	58.2	149 ~ 171	159	80	7
S0069	8	HEX	74	149 ~ 171	85	70	9
S0144	8	TET	96.3	208 ~ 218	83	70	5
SW61	8	HEX	112.3	226 ~ 262	2048	100	13
S0178	8	TET	127.7	110 ~ 128	1831	90	9

根据 Botstein 等^[14]公式计算群体内某一位点的多态信息含量为:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2(p_i p_j)^2$$

式中 p_i 、 p_j 分别为群体中第 i 、 j 个等位基因频率, n 为等位基因数。

按照 Haley 等^[15]的方法计算各标记在 QTL 分析

时能提供的加性信息概率(a)及显性信息概率(d), 通过 <http://latte.cap.ed.ac.uk> 网站在线计算得到。

2 结果

2.1 微卫星标记信息

表 2 列出了本研究的 4 条染色体微卫星标记的等位基因数、加性和显性效应等有关的信息, 有多态的 31 个微卫星标记中, 共获得 138 个等位基因,

等位基因数在 2~7 个的范围, 其中 1 号染色体 SW1970 标记只有 2 个等位基因, 1 号染色体 SW2512 标记、4 号染色体 SW524 标记和 8 号染色体 SW2410 标记各有 7 个等位基因, 各标记的平均等位基因数为 4.45 个。不同世代的多态信息含量和平均杂合度见表 3, 其分布分别如图 1 和图 2 所示。

从表 2 可以看出, 在所有世代群体中, 只有 1 号染色体上 SW1970 标记的 $PIC < 0.25$, 4 号染色体上的 SW2404 和 SW489 标记在 F_2 代的 PIC 值低于 0.5, 7 号染色体 S1344、SWR74 和 SW1083 在 3 个世代、SWR1928 在 P 代和 F_2 代、以及 S0064 在 F_2 代的 PIC

值低于 0.5, 其他各标记位点在所有世代的 PIC 值均大于 0.5, 即在 3 个世代中有 81.7% 的 $PIC > 0.5$, 总平均的 PIC 达到 0.5949, 能够较好地提供遗传标记信息。

在 3 个世代中, 只有 1 号染色体的 SW1970 标记杂合度 < 0.3 , 7 号染色体 S1344 和 SW1083 标记杂合度 < 0.5 , SWR74 在 F_2 代的杂合度 < 0.3 , 其他各标记位点在所有世代的杂合度均大于 0.5, 即在 3 个世代中有 89.2% 的杂合度 > 0.5 , 总平均的杂合度达到 0.6460, 而且有 80.6% 的杂合度大于 0.60。

表 2 染色体微卫星标记位点信息

Table 2 The information of the microsatellite markers

染色体 Chr.	标记 Marker	等位基因数 Allele number	加性信息 概率 a	显性信息 概率 d
1	SW1515	5	0.4377	0.4362
	SW2185	5	0.4439	0.331
	SW1970	2	0.026	0
	SW1311	5	0.6656	0.6168
	SW1828	4	0.3726	0.4245
	SW2512	7	0.6864	0.6145
	SW2404	3	0.2935	0.1391
4	SW489	4	0.3808	0.3836
	S0301	4	0.6576	0.5383
	SW1678	4	0.5192	0.3032
	SW839	4	0.5491	0.359
	SW0214	4	0.7905	0.5245
	SW524	7	0.5193	0.4573
	S0097	5	0.5427	0.4994
	S0025	4	0.4631	0.5158
	S0064	3	0.2809	0.0765
	S1344	3	0.3826	0.1178
7	SWR74	3	0.3836	0.1561
	S0102	4	0.5475	0.5976
	SWR1928	3	0.438	0.4946
	SW2040	4	0.5446	0.3470
	S0115	4	0.3716	0.2001
	SW1083	3	0.2749	0.1474
	S0212	4	0.7829	0.6558
	SW2410	7	0.4235	0.5307
	SW905	5	0.4527	0.2988
	SW1953	6	0.6836	0.487
8	S0069	5	0.6167	0.4757
	S0144	6	0.5867	0.5489
	SW61	5	0.5953	0.5765
	S0178	6	0.4713	0.3142

表 3 各世代多态信息含量和杂合度 (1/10000)

Table 3 PIC and h in each generation (1/10000)

染色体 Chr.	标记 Marker	PIC			H			
		P	F_1	F_2	P	F_1	F_2	
1	SW1515	6191	6476	5625	6690	6999	6323	
	SW2185	5928	6475	6154	6435	6980	6700	
	SW1970	2345	1028	421	2712	1087	430	
	SW1311	6788	7089	6836	7273	7490	7274	
	SW1828	6217	5954	5608	6821	6600	6317	
	SW2512	7598	7233	6948	7910	7605	7391	
	4	SW2404	5311	5316	4326	6090	6067	5151
		SW489	5401	5500	4888	6102	6253	5782
		S0301	6734	6312	6346	7225	6917	6941
		SW1678	6120	5556	5260	6685	6115	6018
7	SW839	6501	6307	5848	7057	6866	6371	
	SW0214	6954	6915	6740	7433	7398	7254	
	SW524	7330	6742	6275	7677	7132	6717	
	S0097	7644	7574	7503	7969	7910	7855	
	S0025	6372	5954	5487	6918	6584	6226	
	S0064	5499	5350	4905	6215	6036	5725	
	S1344	3971	4427	2912	4419	4965	3150	
	SWR74	4775	4486	2522	5591	5099	2706	
	S0102	6097	5835	5504	6728	6520	6237	
	SWR1928	4892	5011	4675	5645	5853	5539	
8	SW2040	6366	5921	5152	6946	6662	5907	
	S0115	5746	5741	5360	6413	6402	6038	
	SW1083	4317	3679	2573	4832	4031	2762	
	S0212	6937	6633	6395	7416	7147	6932	
	SW2410	7485	6979	6371	7788	7273	6655	
	SW905	7292	6637	6593	7665	7102	7091	
	SW1953	7908	7756	7443	8164	8040	7768	
	S0069	7075	6882	6943	7453	7294	7354	
	S0144	7594	7272	6727	7915	7650	7195	
	SW61	7226	6855	6612	7627	7324	7120	
平均 Average		6263	6044	5539	6763	6554	6064	
	总平均 Whole average	5949	6460					

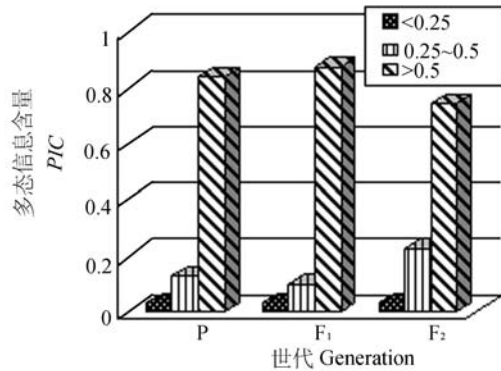


图 1 微卫星标记多态信息含量在不同世代的分布
Fig. 1 PIC distribution of the markers in each generation

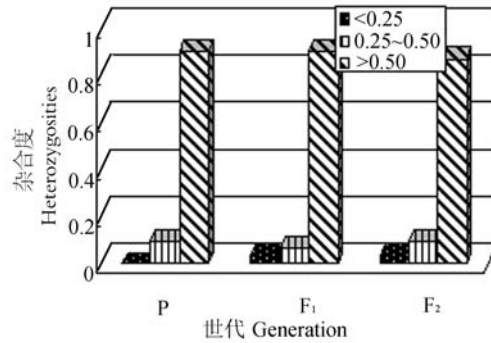


图 2 微卫星标记杂合度在不同世代的分布
Fig. 2 H distribution of the markers in each generation

2.2 微卫星标记的等位基因片段

本实验利用 ABI 377 检测了猪 1、4 和 8 号染色体上的有效微卫星标记 21 个, 其中有 13 个标记的 18 个等位基因片段大小超过了网上报道的结果, 发现有新等位基因的标记占 62%, 新等位基因片段大小列入表 4。已有的研究表明, 同一微卫星标记在不同群体所获得的等位基因片段范围有所不同, 由于本研究所用的杂交母本是我国广东特有的地方猪种, 在较多的标记上获得新的片段是合理的。

表 4 微卫星标记新等位基因片段
Table 4 The new allele of the microsatellite markers

染色体 Chr.	标记 Marker	公布范围 Published fragment range (bp)	新等位基因 New allele (bp)
1	SW1311	156 ~ 178	182
	SW1828	95 ~ 105	112
	SW2512	84 ~ 114	118、122
4	SW1678	111 ~ 119	104、110
	SW839	144 ~ 166	171
	S0214	121 ~ 137	111、145
	SW524	178 ~ 198	174
	S0097	206 ~ 244	246
	S0178	110 ~ 128	131
8	SW2410	108 ~ 124	102、106
	SW1953	149 ~ 171	175
	S0069	149 ~ 171	175、183
	S0144	208 ~ 218	219
	S0178	110 ~ 128	131

3 讨论

3.1 资源家系平台

DNA 分子标记的发展和动物 QTL 定位方法的形成和运用, 为在分子水平上剖析数量性状的遗传

基础提供了有效的手段。建立理想的资源家系, 并结合基因图谱上一定密度的大量标记, 将控制猪重要经济性状的 QTL 进行染色体区间作图, QTL 的精细定位、寻找与 QTL 紧密连锁的标记, 是开展标记辅助选择(MAS)的基础, 也是利用比较基因组寻找候选基因及精细定位 QTL 的基础。一个理想的资源家系, 是指专门为主基因和 QTL 定位而设计的杂交群体, 由多个家系组成, 群体数量足够大, 具有一定的系谱结构, 在待定位的目标性状上有显著的分, 并对这些性状进行准确的测定, 数据记录完整, DNA 储备充足。本研究采用的广东地方品种蓝塘猪与引进猪种长白猪相比, 具有生长速度慢、胴体瘦肉率低、但肌肉品质好等特点, 利用这 2 个品种组建的 F₂ 资源家系, 在猪生长性能和肉质性能方面获得了广泛的遗传变异, F₂ 群体表现出良好的分离状态, 这一资源家系为开展猪生长性状和肉质性状 QTL 定位、遗传图谱构建及遗传效应的分析提供了一个有利的研究平台。

3.2 猪微卫星标记

微卫星标记座位是由微卫星与其两侧的侧翼序列构成, 侧翼序列使微卫星标记特异地定位于染色体某一部分, 微卫星标记广泛地分布在染色体上, 呈复等位基因和共显性特征, 具有高度的多态, 遵循孟德尔遗传规律。本研究根据美国肉畜中心 (USA-MARC 2.0) 公布的猪微卫星连锁图谱, 每间隔 10 ~ 20 cM 选择 1 个微卫星标记, 在猪 1、4、7、8 号染色体上共选择 39 个微卫星标记进行多态性分析, 其中 31 个标记获得了较理想的多态分布。对于有特异性产物的微卫星标记, 也有可能漏检极少数基因频率很低的座位, 故 PCR 扩增效率是影响微卫星标记连锁分析的重要因素之一。另外, 由于目前

检测微卫星的方法是基于等位基因之间只存在重复单位数目的假设,而对于微卫星座位在序列上的变异,如同源异型或异源同型而导致的微卫星多态则无法检测到^[16]。

衡量一个分子遗传标记的多态性程度大小与它在群体中能检测出来的类型多少直接相关,通常用两个指标来衡量:即杂合度(h)和多态信息含量(PIC)。当 $PIC > 0.5$ 时,标记具有高度的可提供信息性; $0.25 < PIC < 0.5$, 标记能较合理的提供信息;当 $PIC < 0.25$ 时,标记提供的信息量较差^[17]。在本研究的 31 个微卫星标记中,杂合度在 0.043~0.7855 之间,总平均杂合度为 0.6460,其中 70%座位的 $h > 0.60$,能够较好地提供信息,为进一步在该资源家系中进行猪重要性状的 QTL 定位打下良好的基础。

参考文献(References):

- [1] SHI Qi-Shun. The progress of major genes research of livestock and poultry. *Journal of Hunan Agricultural University (Natural Science Edition)*, 1999, 25(1):81-86.
施启顺. 畜禽主基因研究进展. 湖南农业大学学报(自然科学版), 1999, 25(1): 81-86.
- [2] PENG Zhong-Zhen, ZHAO Shu-Hong, LI Kui, GONG Yan-Zhang, YANG Xing-Zhu. Recent advances in quantitative trait loci and their markers in pigs. *Animal Science Abroad*, 1999, 26(1): 28-32.
彭中镇, 赵书红, 李奎, 龚炎长, 杨兴柱. 猪数量性状基因及其标记研究进展. 国外畜牧科技, 1999, 26 (1): 28-32.
- [3] Andersson L, Haley CS, Ellegren H, Knott SA, Johansson M, Andersson K, Andersson EL, Edfors LI, Fredholm M, Hansson I. Genetic mapping of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. *Science*, 1994, 263(5154): 1771-1774.
- [4] Rohrer GA, Alexander LJ, Keele JW, Smith TP, Beattie CW. A microsatellite linkage map of the porcine genome. *Genetics*, 1994, 136(1): 231-245.
- [5] Rothschild MF, Liu HC, Tuggle CK, Yu TP, Wang L. Analysis of pig chromosome 7 genetic markers for growth and carcass performance traits. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 1995, 112(5-6): 341-348.
- [6] Geldermann H, Mueller E, Moser G, Reiner G, Bartenschlager H, Cepica S, Stratil A, Kuryl J, Moran C, Davoli R, Brunsh C. Genome-wide linkage and QTL mapping in porcine F2 families generations from pietrain, meishan and wild boar crosses. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 2003, 120(6): 363-393.
- [7] Wada Y, Akita T, Awata T, Furukawa T, Sugai N, Inae Y, Ishii K, Ito Y, Kobayashi E, Kusumoto H, Matsumoto Y, Mikawa S, Miyake M, Murase A, Shimanuki S, Sugiyama T, Uchida Y, Yanai S, Yasue H. Quantitative trait loci (QTL) analysis in a Meishan \times Gottingen cross population. *Animal Geneticst*, 2000, 31(6): 376-384.
- [8] Milan D, Bidanel JP, Iannuccelli N, Riquet J, Amigues Y, Gruand J, Le Roy P, Renard C, Chevalet C. Detection of quantitative trait loci for carcass composition traits in pigs. *Genetics Selection Evolution*, 2002, 34(6): 705-728.
- [9] Óvilo C, Pérez-Enciso M, Barragan C, Rodríguez C, Oliver MA, Toro MA, Noguera JL. A QTL for intramuscular fat and backfat thickness is located on porcine chromosome 6. *Mammal Genome*, 2000, 11(4): 344-346.
- [10] SU Yu-Hong, XIONG Yuan-Zhu, ZHANG Qin, JIANG Si-Wen, YU Li, LEI Ming-Gang, ZHENG Rong, DENG Chang-Yan. Dectection of quatitative trait loci for growth in Large White \times Meishan intercross. *Acta Genetica Sinica*, 2002, 29 (7): 565-570.
苏玉虹, 熊远著, 张勤, 蒋思文, 余雳, 雷明刚, 郑嵘, 邓昌彦. 大白 \times 梅山猪资源家系生长性状 QTL 的检测. 遗传学报, 2002, 29(7): 565-570.
- [11] LI Jia-Qi, LIU Xiao-Hong, WANG Chong, CHEN Zan-Mou, Wu Qiu-Hao, ZHANG Xi-Quan, LIU De-Wu, CHEN Yao-Sheng. Founding and genetic analysis of Landrace-Lantang pig resource population for QTL mapping. *Acta Genetica Sinica*, 2004, 31(12): 1361-1368.
李加琪, 刘小红, 王翀, 陈赞谋, 吴秋豪, 张细权, 刘德武, 陈瑶生. 长白猪 QTL 定位资源群建立及其遗传分析. 遗传学报, 2004, 31(12): 1361-1368.
- [12] Rohrer GA, Alexander LJ, Hu Z, Smith TP, Keele JW, Beattie CW. A comprehensive map of the porcine genome. *Genome Research*, 1996, 6(5): 371-391.
- [13] Nei M, Roychoudhury AK. Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*, 1974, 76(2): 379-390.
- [14] Bostein D, White RL, Skolnick M, Davis R. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal Human Genetics*, 1980, 32(2): 314-331.
- [15] Haley CS, Knott SA, Elsen JM, Mapping quantitative trait loci in crosses between outbred lines using least squares, *Genetics*, 1994, 136(3): 1195-1207.
- [16] Clisson I, Lathuilliere M, Crouau-Roy B. Conservation and evolution of microsatellite loci in primate taxa. *American Journal of Primatology*, 2000, 50(33): 205-214.
- [17] Cooper DN, Schmidtke J. DNA restriction fragment length polymorphism and heterozygosity in the human genome. *Human Genetics*, 1984, 66(1): 1-16.