

表2. 加性效应协方差、显性效应协方差、父源印记协方差和母源印记协方差的计算方法

加性协方差=1/2 (P _{cc} -P _{ii})
显性协方差 = P _{ci} +P _{ic}
父系协方差 = (P _{cc} +P _{ci})-(P _{ii} +P _{ic})
母系协方差 = (P _{cc} +P _{ic})-(P _{ii} +P _{ci})

^a 计算方法中的概率定义如下:

P_{ii} 是指父方和母方等位基因均来自I家系的概率。

P_{ic} 是指父方等位基因来自I家系而母方等位基因来自C家系的概率。

P_{ci} 是指父方等位基因来自C家系而母方等位基因来自I家系的概率。

P_{cc} 是指父方和母方等位基因均来自C家系的概率。

表3. 将新发现的QTL代入模型估算出的效应及染色体区间

性状 ^a	顺序 ^b	染色体数 ^c	染色体上的相对区间(cM) ^d	双侧标记 ¹	双侧标记 ²	LOD值 ^e	a ^f	d ^f
NSB	1	13	101	SW1056	SW38	4.04**	-0.26 ± 0.12	-0.51 ± 0.21
NSB	2	12	60	SW874	S0090	2.58**	0.08 ± 0.13	-0.19 ± 0.22
FF	1	11	52	SW151	SW435	2.80**	-0.11 ± 0.24	-0.40 ± 0.43
FF	2	6	108	SW122	SW2173	2.91**	-0.49 ± 0.22	-0.39 ± 0.34
OR	1	9	1	SW21	S0024	2.64**	-0.25 ± 0.21	0.49 ± 0.36
OR	2	15	48	SW1989	SW1945	2.89**	0.15 ± 0.24	-0.57 ± 0.37
OR	3	8	20	SY23	SW905	2.57*	0.23 ± 0.26	-1.58 ± 0.47

^a NSB=死产仔猪数; FF=完全成熟胎儿数; OR=排卵数。

^b 顺序是指估测的QTL代入模型的先后顺序。

^c 染色体号

^d 用Kosambi centimorgan作单位的染色体相对位置。

^e QTL代入模型其对应的LOD值。

^f 用合适的QTL代入全模型的估计效应值和用窝性状和黄体数估计出的排卵数共同估测出的印记效应。

* 在全基因组水平上的显著性阈值为P<0.10

** 在全基因组水平上的显著性阈值为P<0.05

表4. 将印记效应代入模型的估计结果

性状 ^a	染色体号 ^b	染色体上的相对区间(cM) ^c	双侧标记1	双侧标记2	LOD值 ^d	p ^e	m ^e
NBA	18	25	SW1984	SW787	3.48**	0.34 ± 0.11	-0.37 ± 0.10
AP	3	71	SW2047	S0002	3.51**	3.44 ± 1.10	-2.95 ± 1.03
NN	10	75	SW1991	SW951	2.81*	-0.07 ± 0.04	NA
BWT	1	91	Sw952	Sw307	2.88*	NA	-3.25 ± 0.91
WWT	4	149	Sw445	Mp77	2.94*	NA	7.67 ± 2.25

^a NBA=出生仔猪数；AP=性成熟年龄；NN=乳头数；BWT=个体出生重；WWT=个体断奶重。

^b 染色体号

^c 用Kosambi centimorgan作单位的染色体相对位置。

^d QTL代入模型其对应的LOD值。

^e 指将窝性状、性成熟年龄、乳头数和体重性状作为单元，代入适当的QTL模型估计出的印记效应。

* 在全基因组水平上的限制阈值为P<0.10

** 在全基因组水平上的限制阈值为P<0.05

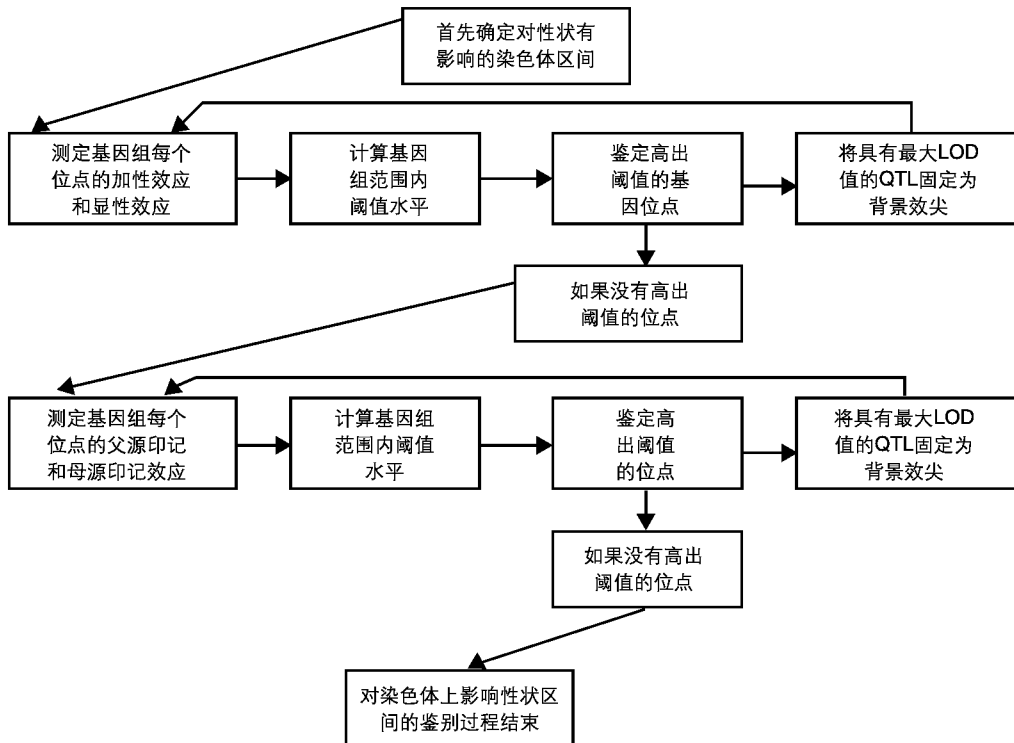


图1 比较模式分析步骤