

权 利 要 求 书

1、一种检测基于FSH β 基因与大白猪繁殖性状相关的分子标记的方法，其特征在于，所述方法包括：以大白猪基因组DNA为模板利用引物对进行PCR扩增获得PCR产物；对所述PCR产物进行琼脂糖凝胶电泳；

所述的分子标记位于猪FSH β 基因第3号外显子上，即在3号外显子区域617、746、921处，记为g. 617A>G、g. 746A>G和g. 921A>G；

所述的引物对包括FSH β -E3-F和FSH β -E3-R，其核苷酸序列分别如SEQ ID NO.2和SEQ ID NO.3所示。

2、根据权利要求1所述的方法，其特征在于，PCR扩增反应体系为：2 \times Taq Master Mix 15 μ L，DNA 1.5 μ L，10 μ M上游引物 1.5 μ L，10 μ M下游引物 1.5 μ L，ddH₂O 10.5 μ L。

3、根据权利要求1所述的方法，其特征在于，PCR扩增反应程序为：94 $^{\circ}$ C预变性 1.5 min；94 $^{\circ}$ C变性 20 s，56.4 $^{\circ}$ C退火 20 s，72 $^{\circ}$ C延伸 60s，循环30次；最后72 $^{\circ}$ C再延伸 5 min，4 $^{\circ}$ C保存。

4、权利要求1所述的与大白猪经产活产仔数性状相关的分子标记在鉴定大白猪特定品系个体经产活产仔数性状中的应用，其特征在于，

所述的分子标记位于猪FSH β 基因第3号外显子上，记为g. 511A>G、g. 617A>G、g. 630C>T、g. 652C>T、g. 678C>T、g. 735C>T、g. 746A>G和g. 921A>G；具体位于SEQ ID NO.1的第511、617、630、652、678、735、746、921bp处，其中，

在g. 617A>G、g. 746A>G、g. 921A>G处，GG基因型在大白猪美系个体中的经产活产仔数显著低于AG基因型和AA基因型；

在g. 630C>T位点处，TT基因型在大白猪美系个体中的经产活产仔数显著低于CT基因型和CC基因型；

在g. 652C>T、g. 735C>T位点处，CC基因型在大白猪美系个体中的经产活产仔数显著低于CT基因型和TT基因型；

在g. 678C>T位点处，CT基因型在大白猪加系个体中的经产活产仔数显著高于CC基因型和TT基因型。

带格式的：默认段落字体，字体颜色：自动设置，(中文) 中文(简体，中国)，(其他) 英语(美国)

带格式的：默认段落字体，字体颜色：自动设置

带格式的：默认段落字体，字体颜色：自动设置，(中文) 中文(简体，中国)，(其他) 英语(美国)

带格式的：默认段落字体，字体颜色：自动设置

带格式的：默认段落字体，字体颜色：自动设置，(中文) 中文(简体，中国)，(其他) 英语(美国)

带格式的：默认段落字体，字体颜色：自动设置

带格式的：默认段落字体，字体颜色：自动设置，(中文) 中文(简体，中国)，(其他) 英语(美国)

带格式的：默认段落字体，字体：(中文) 楷体_GB2312，字体颜色：自动设置，英语(美国)

带格式的：默认段落字体，字体颜色：自动设置，(中文) 中文(简体，中国)，(其他) 英语(美国)

分子标记在猪种选育中的应用。