

权 利 要 求 书

1、一种检测基于 PRLR 基因鉴定大白猪繁殖性状的分子标记的方法，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 PRLR 基因第 10 号外显子上，即在 362、584、765、934bp 处，记为 g.362C>T、g.584A>G、g.765C>T 和 g.934A>G；

所述引物对包括 PRLR-E10-F 和 PRLR-E10-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×Taq Master Mix 15 μL，DNA 1.5 μL，10 μM 上游引物 1.5 μL，10 μM 下游引物 1.5 μL，ddH₂O 10.5 μL。

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：94℃预变性 1.5 min；94℃变性 20 s，50-60℃退火 20 s，72℃延伸 1Kb/60 s，循环 30 次；最后 72℃再延伸 5 min，4℃保存。

4、与大白猪初产产仔数性状相关的分子标记在鉴定初产产仔数性状中的应用，其特征在于，

所述的分子标记位于猪 PRLR 基因第 10 号外显子上，记为 g.362C>T、g.584A>G、g.765C>T 和 g.934A>G；具体位于 SEQ ID NO.1 第 362、584、765、934bp 处；

在 g.362C>T 处，CC 基因型在大白猪美系个体中的初产活产仔数显著高于 TT 基因型，CT 基因型在大白猪丹系个体中的初产活产仔数显著高于 TT 基因型；在 g.584A>G 处，AG 基因型在大白猪丹系个体中的初产活产仔数显著高于 AA 基因型；在 g.765C>T 处，CC 基因型在大白猪加系个体中的初产总产仔数显著高于 CT 基因型和 TT 基因型；在 g.934A>G 处，AA 基因型在大白猪加系个体中的初产总产仔数显著高于 AG 基因型和 GG 基因型。

权利要求 1 所述的分子标记在猪种选育中的应用。