

<<动物重要经济性状基因的分离与应用>>

图书基本信息

书名：<<动物重要经济性状基因的分离与应用>>

13位ISBN编号：9787565504679

10位ISBN编号：756550467X

出版时间：2012-2

出版时间：中国农业大学出版社

作者：张勤

页数：369

字数：590000

版权说明：本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问：<http://www.tushu007.com>

<<动物重要经济性状基因的分离与应用>>

内容概要

《动物重要经济性状基因的分离与应用(精)》总结了动物重要经济性状重要基因挖掘和利用方面国内外在理论、方法及应用上的研究进展，系统介绍了本研究团队取得的研究发现和重要成果。内容既涉及经典的复杂性状连锁分析、精细定位、候选基因分析、基因表达分析、标记辅助选择和生物信息学的理论与方法，又涵盖了近年来的研究热点：包括全基因组关联分析、基因组选择、基因聚合的理论与方法。

同时本书阐述了上述理论方法在我国畜禽(包括奶牛、猪、鸡)分子育种和基因检测中的应用及主要结果。

《动物重要经济性状基因的分离与应用(精)》可供高等院校、科研机构等从事动物遗传育种的科研人员和研究生参考。

作者简介

张勤，男，1956-，中国农业大学动物科技学院教授，博士生导师，农业部动物遗传育种与繁殖综合性重点实验室主任，国家杰出青年基金获得者。

国家生猪产业技术体系岗位科学家。

中国畜牧兽医学会动物遗传育种学分会理事长，中国畜牧兽医学会信息技术分会理事长。

《Journal of Animal Breeding and Genetics》、《遗传》、《中国畜牧杂志》编委。

主要研究方向为分子数量遗传学和猪、奶牛分子育种。

书籍目录

第1章 绪论

参考文献

第2章 QTL连锁分析理论和方法

2.1 QTL连锁分析概述

2.2 Bayes统计推断的基本原理

2.3 基于RJ—MCMC进行畜禽远交群体QTL连锁分析

2.3.1 遗传模型

2.3.2 标记基因型和性状表型的数据模拟

2.3.3 QTL的IBI²矩阵推断方法

2.3.4 基于RJ-MCMC的QTL连锁分析

2.3.5 连续性状QTL连锁分析

2.3.6 二级阈性状QTL连锁分析

2.3.7 主要结论

2.4 基于贝叶斯压缩(Bayes shrinkage)技术的QTL连锁分析

2.4.1 基于Bayes压缩技术的连锁分析模型

2.4.2 全条件后验分布推导和M(; MC抽样

2.4.3 基于MCMC参数估计值的统计检验

2.4.4 贝叶斯压缩方法的模拟验证

参考文献

第3章 QTL精细定位理论与方法

3.1 基于IBD方法的基因精细定位

3.1.1 IBD定位方法基本原理

3.1.2 IBD精细定位的分析方法

3.1.3 IBD精细定位的模拟研究

3.2 结合连锁分析(LA)和连锁不平衡分析(LA / LD)的QTL精细定位策略

3.2.1 LD / LA定位的理论基础和方法

3.2.2 基于模拟试验进行LA和LA / LD分析的比较研究

3.2.3 主要结论

参考文献

第4章 基于传递不平衡检验的关联分析方法

4.1 利用系谱传递不平衡检验进行阈性状QTL定位

4.1.1 PTDT方法

4.1.2 PTDT的检验功效和I型错误

4.1.3 影响PTDT检验效力的因素

4.2 利用系谱传递不平衡检验进行数量性状QTL定位

4.2.1 数量性状转化为分类性状方法

4.2.2 选择性基因型测定

4.2.3 数据模拟

4.2.4 数量性状转化方法比较

4.2.5 PTDT、与QTDT和PDT效力比较

4.2.6 PTDT选择性基因型测定基因定位效力

参考文献

第5章 单倍型推断

5.1 基本概念

5.1.1 单倍型(haplotype)、双倍型(diplotype)

<<动物重要经济性状基因的分离与应用>>

- 5.1.2 单倍型推断
- 5.1.3 大片段染色体单倍型推断
- 5.2 利用单亲资料推断单倍型——SPFt{AP法
 - 5.2.1 方法概述
 - 5.2.2 单倍型推断效率
- 5.3 利用全同胞信息推断单倍型——FSHAP法
 - 5.3.1 方法概述
 - 5.3.2 单倍型推断效率
- 5.4 复杂家系单倍型推断
 - 5.4.1 零重组单倍型推断方法(ZRHI)
 - 5.4.2 有重组单倍型推断方法——MRHI
 - 5.4.3 讨论
- 参考文献
- 第6章 生物信息学在重要经济性状的基因分离中应用
 - 6.1 牛全基因组转录因子数据库构建
 - 6.1.1 牛全基因组预测转录因子识别原理
 - 6.1.2 数据与方法
 - 6.1.3 牛全基因组预测转录因子数据库的构架以及应用
 - 6.1.4 数据库特征分析
 - 6.2 后生动物转录因子ETS基因家族的分类与进化分析
 - 6.2.1 数据来源和分析方法
 - 6.2.2 分析结果
 - 6.2.3 讨论
 - 6.3 基因芯片的数据分析
 - 6.3.1 微阵列数据的数学模型
 - 6.3.2 非对数转换方法
 - 6.3.3 检测差异表达的基因
 - 6.3.4 cDNA微阵列数据的模拟
 - 6.3.5 模拟数据研究结果
 - 6.3.6 模拟研究结果分析
 - 6.3.7 实际数据分析应用
- 参考文献
- 第7章 动物分子标记辅助育种技术
 - 7.1 标记辅助选择
 - 7.1.1 MA—BLUP
 - 7.1.2 两阶段选择
 - 7.2 标记辅助导入
 - 7.3 标记辅助基因聚合
 - 7.3.1 基因聚合的基本思路
 - 7.3.2 动物群体的基因聚合方案
 - 7.3.3 基因聚合所需群体规模的计算
 - 7.3.4 不同基因聚合方案的比较
 - 7.3.5 影响基因聚合方案效率的因素
 - 7.3.6 基因聚合的果蝇模拟试验
- 参考文献
- 第8章 基因组选择技术
 - 8.1 基因组选择技术简介

<<动物重要经济性状基因的分离与应用>>

- 8.1.1 基因组选择的基本原理
- 8.1.2 基因组育种值的计算方法
- 8.1.3 基因组选择的准确性及其影响因素
- 8.1.4 基因组选择的应用
- 8.2 利用性状特异关系矩阵的最佳线性无偏预测法(TABLUP)
 - 8.2.1 TABLUP法的基本方法
 - 8.2.2 TABLUP法的性能
- 8.3 利用低密度标记的基因组选择
 - 8.3.1 高密度芯片下GEBV的准确性
 - 8.3.2 标准参数下低密度芯片的GEBV准确性
 - 8.3.3 遗传力对低密度标记GEBV准确性的影响
 - 8.3.4 有效群体大小对低密度标记GEBV准确性的影响
 - 8.3.5 筛选标记数和芯片密度的关系
 - 8.3.6 低密度标记基因组选择的相关问题

参考文献

第9章 猪免疫性状基因定位

- 9.1 猪各种免疫性状的生物学意义
 - 9.1.1 血液指标
 - 9.1.2 细胞因子
 - 9.1.3 T淋巴细胞亚群
 - 9.1.4 IgG与溶菌酶
- 9.2 猪免疫(抗病)性状相关QTL和候选基因的研究现状
 - 9.2.1 猪免疫(抗病)性状相关QTL的研究现状
 - 9.2.2 猪免疫(抗病)性状相关候选基因的研究现状
- 9.3 我国猪群中免疫性状相关的QTL检测
 - 9.3.1 试验猪群及免疫指标测定
 - 9.3.2 微卫星标记的选择及QTL连锁分析
 - 9.3.3 影响猪血常规指标QTL的定位结果
 - 9.3.4 影响猪细胞因子QTL的定位结果
- 9.4 我国猪群中猪免疫性状的候选基因分析
 - 9.4.1 猪CD14基因的克隆和组织表达
 - 9.4.2 TLR4的组织表达
 - 9.4.3 LMP2和MECL-1基因的克隆和组织表达
 - 9.4.4 猪LMP2、LMP7基因与免疫性状的关联分析

参考文献

第10章 仔猪腹泻抗性基因分离与鉴定

- 10.1 致仔猪腹泻大肠杆菌简介
 - 10.1.1 大肠杆菌疾病分类及主要特征
 - 10.1.2 大肠杆菌的致病机理
 - 10.1.3 ETEC的血清分型
 - 10.1.4 产肠毒素的毒力因子及其致病性
- 10.2 仔猪小肠上的大肠杆菌受体
 - 10.2.1 受体的作用
 - 10.2.2 受体的性质
 - 10.2.3 肠道不同部位、日龄等对受体的影响
 - 10.2.4 仔猪产肠毒素F4ab / ac受体的遗传特性
 - 10.2.5 受体的检测以及影响因素

<<动物重要经济性状基因的分离与应用>>

10.3 F4受体候选基因的筛选

10.3.1 DDRT—PCR技术筛选仔F4受体候选基因

10.3.2 抑制性消减杂交(SSH)技术筛选仔猪腹泻抗性候选基因

10.4 仔猪腹泻大肠杆菌F4aD₁ / ac受体候选基因分析

10.4.1 转铁蛋白(Tf)

10.4.2 肿瘤相关钙离子信号转导因子1(TACSTDI)

10.4.3 黏液素4基因(MUC4)

10.5 F4ab / ac受体基因的精细定位

参考文献

第II章 奶牛产奶性状全基因组关联分析

11.1 资源群体

11.2 SNP基因型测定及质量控制

11.3 全基因组关联分析统计方法

11.3.1 关联分析的统计模型

11.3.2 对多重检验的校正

11.3.3 群体分层检验

11.4 与牛产奶性状显著关联的SNPs

11.4.1 产奶量

11.4.2 乳脂量

11.4.3 乳蛋白量

11.4.4 乳脂率

11.4.5 乳蛋白率

11.5 主要结论

参考文献

第12章 鸡生长和产蛋性状候选基因分析

12.1 鸡重要经济性状分子遗传机理研究现状

12.1.1 鸡的基因组图谱

12.1.2 鸡重要经济性状QTL定位研究进展

12.1.3 鸡重要经济性状的候选基因

12.1.4 北京油鸡生长和产蛋性状候选基因分析

12.2 TGFB2和IGF2R基因的遗传效应分析

12.2.1 SNP筛选和测定

12.2.2 SNP与性状的关联分析

12.2.3 TGFB2基因SNP的转录因子结合位点分析

12.3 IGFBPI、IGFBP3和STAT5B基因遗传效应分析

12.3.1 SNP筛选和测定

12.3.2 基因和基因型频率以及Hardy—weinberg平衡检验

12.3.3 SNP与生长和产蛋性状的关联分析

12.3.4 蛋白质结构预测

12.3.5 转录因子结合位点分析

12.4 GHRHR和JAK2基因遗传效应分析

12.4.1 SNP筛选和测定

12.4.2 SNP与生长和产蛋性状关联分析

参考文献

第13章 动物杂种优势分子遗传机理研究

13.1 试验鸡群组建

13.2 试验鸡群主要屠体性状及产蛋性状的杂种优势率

<<动物重要经济性状基因的分离与应用>>

13.2.1 主要屠体性状的杂种优势

13.2.2 主要产蛋性状的杂种优势

13.2.3 主要蛋品质性状的杂种优势率

13.3 心肌和肝脏组织基因差异表达与鸡屠体性状杂种优势的关系

13.3.1 基因差异表达类型与鸡屠体性状杂种优势的关系

13.3.2 差异表达基因的表达量与屠体性状杂种优势的关系

13.3.3 主要研究结论

13.4 卵巢组织基因差异表达与鸡产蛋性状和蛋品质性状杂种优势的关系

13.4.1 基因差异表达模式与鸡产蛋性状和蛋品质性状杂种优势的关系

13.4.2 差异表达基因的表达量与产蛋性状和蛋品质性状杂种优势的关系

13.5 应用荧光定量差异显示技术探索鸡杂种优势的分子机理

13.5.1 利用持家基因的荧光定量分析标定cDNA池的浓度

13.5.2 促卵泡素受体基因(FsHR)的荧光定量检测结果

13.5.3 雌激素受体(ER)基因的荧光定量检测结果

13.5.4 主要研究结论

参考文献

章节摘录

第1章 绪论 动物育种主要有两个方面的工作，一是通过人工的定向选择，使现有的动物品种在主要生产性能上的遗传水平得到不断的提高，从而实现群体的遗传改良。二是通过杂交等手段将不同群体的优良基因整合，生产符合市场需求的产品或培育新的动物品种或品系。

选择的理论和方法历来是动物遗传育种工作者的研究重点。

根据数量遗传学的理论，通过选择所获得的群体遗传进展的速率与选择强度、群体的遗传变异性和选择的准确性成正相关，与世代间隔成反相关，因而对选择理论和方法的研究也主要围绕着这4个方面进行，而其中的核心又是选择的准确性。

选择的基础是个体遗传评估，因此遗传评估方法成为研究的重点。

根据数量遗传学的微效多基因理论，数量性状的表现是由很多基因以及环境的共同作用所决定的，由于基因的数目很多，而每个基因的作用一般都较小，再加上环境因素的干扰，我们不能对每个基因单独地进行分析，而只能将所有的基因作为一个整体来考虑，实际上就是将基因的作用当做一个“黑匣子”。

因此，遗传评估就是对所有基因的整体效应进行估计。

遗传评估方法在过去的50余年中得到了很大的发展，尤其是自20世纪70年代后期以来，由Henderson（1974）提出的最佳线性无偏估计（best linear unbiased prediction, BLUP）理论和方法在全世界范围内得到了广泛的应用，成为动物个体遗传评估的通用和标准方法。

传统的遗传评估（包括BLUP方法）是根据个体的性状表型信息和系谱信息来估计个体育种值，BLUP（尤其是动物模型BLUP）方法为我们提供了利用这种信息的最佳手段，使得动物个体育种值估计的准确性得到了很大提高，因而对于多数动物重要经济性状来说，基于BLUP的选择取得了显著的遗传改良效果。

例如，美国荷斯坦奶牛平均305天的产奶量在过去的近50年中由约6000kg增加到约12000kg，提高了近一倍，而其中由于群体遗传改良所带来的遗传进展约为4000kg（图1-1）。

再如，加拿大长白猪、大白猪和杜洛克3个主要品种猪达100kg体重日龄在过去的近30年中的累计遗传进展达到了近30天（图1-2）。

尽管传统的选择方法在动物育种实践中取得了巨大成就，但它并不完美，在有的情况下这种选择不能取得理想的效果。

例如对于低遗传力的性状（如繁殖性状）和阈性状（如抗病性），由于在表型信息中所包含的遗传信息很有限，除非有大量的各类亲属的信息，很难对个体做出准确的遗传评定。

再如对于限性性状（如产奶、繁殖性状），对不能表达性状的个体一般只能根据其同胞和后裔的成绩对其进行评定，如果仅利用同胞信息，则由于同胞数有限，评定的准确性一般较低，如果利用后裔信息，而且后裔数很多（如在奶牛中的情形），评定的准确性可以达到很高，但世代间隔拖长，每年的遗传进展相对降低，且育种成本很高。

还有对于胴体性状，因为必须屠宰后才能测定，一般也只能进行同胞或后裔测定，而且由于性状测定的难度和费用都很高，测定的规模受到限制，使得评定的准确性和世代间隔都受到影响。

.....

版权说明

本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问:<http://www.tushu007.com>