

扩展功能

本文信息

► [Supporting info](#)

► [PDF\(0KB\)](#)

► [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

► [参考文献](#)

服务与反馈

► [把本文推荐给朋友](#)

► [加入我的书架](#)

► [加入引用管理器](#)

► [复制索引](#)

► [Email Alert](#)

► [文章反馈](#)

► [浏览反馈信息](#)

相关信息

► [本刊中包含“数量性状基因图谱”的相关文章](#)

► [本文作者相关文章](#)

- [何小红](#)
- [徐辰武](#)
- [蒯建敏](#)
- [李韬](#)
- [孙长森He Xiao-hong](#)
- [XU Chen-wu](#)
- [KUAI Jian-min](#)
- [LI Tao](#)
- [SUN Chang-sen](#)

构建数量性状基因图谱的几种统计方法 Statistical Methods for Mapping Quantitative Trait Loci

何小红, 徐辰武, 蒯建敏, 李韬, 孙长森 He Xiao-hong, XU Chen-wu, KUAI Jian-min, LI Tao, SUN Chang-sen

扬州大学数量遗传研究室, 江苏扬州 225009 Lab of Quantitative Genetics, Yangzhou University, Jiangsu 225009

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 以线性数学模型为线索, 概述了用于构建数量性状基因图谱的几种主要统计方法, 包括方差分析法、标记回归法、区间作图法、复合区间作图法、Jansen的复合区间作图法、双侧标记回归法以及新近发展的多区间作图法和多亲本作图法等。讨论了各种方法的优缺点。

Abstract: Statistical methods for mapping QTLs were summarized, including one marker analysis, marker regression analysis, interval mapping (IM), composite interval mapping (CIM), Jansen's composite interval mapping, flanking marker regression analysis, multiple interval mapping (MIM) and multiple families mapping. Their advantages and disadvantages were discussed.

关键词 [数量性状基因图谱](#) [统计方法](#) Key words [mapping QTLs](#) [statistical methods](#)

分类号

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者