

# 人类复杂遗传疾病QTL分析方法的理论探讨

胡中立, 董卫国, 宋运淳

1. 武汉大学生命科学学院发育生物学教育部重点实验室; 武汉 430072; 2. 武汉大学医学院; 武汉 430064

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 利用连锁不平衡理论, 人类遗传学家已能把影响人类疾病的质量基因定位在小至1cM区域内, 有些基因已被克隆出来。罗泽伟等进一步发展统计分析方法检测及估算分子标记与QTL之间的连锁不平衡系数, 从而提出了人类复杂遗传病高解析度基因定位的理论策略。以此为基础, 进一步探讨了供试群体在双亲基因频率存在差异时检测QTL和检测QTL互作的方法, 给出了有关的理论结果。

**关键词** [复杂遗传病](#) [连锁不平衡](#) [基因定位](#) [QTL分析](#)

分类号

## Abstract

## Key words

DOI:

通讯作者

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(106KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“复杂遗传病”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [胡中立](#)
- [董卫国](#)
- [宋运淳](#)