

综述

贝叶斯统计在QTL作图中的应用研究进展

敖雁, 朱明星, 徐辰武

扬州大学江苏省作物遗传生理重点实验室, 扬州 225009

收稿日期 2006-10-20 修回日期 2006-12-22 网络版发布日期 2007-6-5 接受日期

摘要

在许多复杂情况下, 贝叶斯统计方法比经典数理统计方法能更直接解决问题, 且可有效整合部分先验信息, 但其需要高强度计算的特性曾限制了其广泛应用。近几十年来, 随着高速计算机的发展以及MCMC算法的不断提出, 贝叶斯方法已被用于群体遗传学、分子进化、连锁作图和数量遗传学等研究领域, 文章综述了数量遗传学中QTL作图的贝叶斯方法从简单到复杂的发展历程。

关键词 [贝叶斯统计](#) [QTL作图](#) [进展](#)

分类号

Advances in researches on application of Bayesian methods to QTL mapping

AO Yan, ZHU Ming-Xing, XU Chen-Wu

Jiangsu Provincial Key Laboratory of Crop Genetics and Physiology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China

Abstract

<P>In many cases, Bayesian methods can solve problems of interest more directly than a classical approach. Its utility lies on the incorporation of prior information. In recent years, with the development of high-speed computer and advances of MCMC algorithm, Bayesian methods have been employed in many genetic areas, such as population genetics, molecular evolution, linkage mapping, and quantitative genetics and so on. In this review, we reviewed the development of Bayesian approaches for quantitative trait locus (QTL) mapping in quantitative genetics.</P>

Key words [Bayesian statistics](#) [QTL mapping](#) [advance](#)

DOI: 10.1360/yc-007-0668

通讯作者 徐辰武 qtls@yzu.edu.cn

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“贝叶斯统计”的 相关文章
▶	本文作者相关文章
·	敖雁
·	朱明星
·	徐辰武