

农业生物技术科学

利用连锁不平衡发掘作物种质资源中优异基因的研究进展

张鹏, 李金泉

华南农业大学

收稿日期 2009-1-8 修回日期 2009-1-21 网络版发布日期 2009-4-20 接受日期 2009-4-16

**摘要** 作物种质资源中保留着大量的优异基因。由于缺乏合适的统计方法, 作物种质资源中蕴藏的丰富遗传变异还未能充分发掘和利用。连锁不平衡分析是对基因(或已定位的高分辨率QTL)的功能进行鉴定的有效方法。DNA 测序技术和高通量SNP 分析等技术的发展, 使利用连锁不平衡进行优异基因的发掘成为了可能。本文对有关利用连锁不平衡发掘作物种质资源中优异基因的研究进展进行综述。

**关键词** [连锁不平衡](#) [种质资源群体](#) [优异基因](#)

**分类号** [S326](#)

**DOI:**

对应的英文版文章: [2009-0051](#)

通讯作者:

李金泉 [lijinquan@scau.edu.cn](mailto:lijinquan@scau.edu.cn)

作者个人主页: 张鹏; 李金泉

#### 扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(629KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [引用本文](#)
- ▶ [Email Alert](#)

相关信息

- ▶ [本刊中包含“连锁不平衡”的相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [张鹏](#)
- [李金泉](#)