

人类细胞遗传学研究的数学方法

1

做人类染色体核型分析时，最感困难的是如何正确区分嵌合体与正常二倍体。在统计学中，如果犯I型错误：如果将病人误诊为正常人，称为犯I型错误。为了能够用最低的工作量，得到可靠的实验结定的范围内，本文提出序贯分析方法，供科研及临床实践参考。

[存档文本](#)