

人类细胞遗传学研究的数学方法

杜荣菴

南开大学生物系, 天津

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 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, 如果将正常人误诊为病人, 称为犯I型错误; 如果将病人误诊为正常人, 称为犯II型错误。为了能够用最低的工作量, 得到可靠的实验结果, 并将实验误差控制在一定的范围内, 本文提出序贯分析方法, 供科研及临床实践参考。

关键词

分类号

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者

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 无 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
 - [杜荣菴](#)