

病理性近视的家系研究

于志强^{1, 2}, 付朝伟³, 沈福民³, 褚仁远^{1, 2, ①}

1. 复旦大学附属眼耳鼻喉科医院眼科;上海 200031; 2. 复旦大学附属眼耳鼻喉科医院 卫生部近视眼重点实验室;上海 200031; 3. 复旦大学公共卫生学院流行病学教研室;上海 200032

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 为了探讨我国病理性近视的遗传模式, 对90个病理性近视大家系进行了分离分析。简单分离分析采用先验法和SEGRAN-B软件, 进行拟合优度卡方检验, 比较实际分离比与理论分离比的符合程度; 复合分离分析运用SAGE-REGD软件进行孟德尔遗传模型(主基因、显性、隐性、共显性)和非孟德尔遗传模型(非传递、环境、一般)的拟合。结果显示, 婚配类型为A*N的家系符合常染色体显性遗传, 散发概率为13.8%, 婚配类型为N*N的家系符合常染色体隐性遗传, 散发概率为16.3%, 但常染色体显性遗传不能除外, 复合分离分析接受孟德尔遗传的显性、隐性、共显性和主基因模型, 共显性模型的可能性最大, 基因频率为0.21442999。因此, 我国病理性近视存在常染色体显性和隐性遗传模式, 并有一定比例的散发病例, 具有遗传异质性。

关键词 [病理性近视](#) [分离分析](#) [遗传模式](#)

分类号

Research Center for Molecular & Developmental Biology; Key Laboratory of Photosynthesis and Environmental Molecular Physiology; Institute of Botany; Chinese Academy of Sciences; Beijing 100093; China

Abstract

Key words [DNA microarray](#) [stress](#) [gene expression profile](#) [signal network](#)

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(221KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“病理性近视” 的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [于志强](#)
-
- [付朝伟](#)
- [沈福民](#)
- [褚仁远](#)
-
-