

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“链孢霉”的相关文章](#)

► [本文作者相关文章](#)

· [李友勇](#)

· [赵元增LI You-Yong](#)

· [ZHAO Yuan-Zeng](#)

链孢霉四分体分析连锁基因距离矫正的一种简便方法和计算数据的修正

A Simple Method to Correct Genetic Distance Between Linked Genes and a Correction of Calculating Data in Tetrad Analysis in *Neurospora crassa*

李友勇, 赵元增 LI You-Yong, ZHAO Yuan-Zeng

河南职业技术师范学院农学系,河南 新乡 453003 Henan Vocation Technical Teacher's College, Henan Xinxiang 453003, China

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 本文探讨一个在链孢霉四分体分析中连锁基因距离矫正的简便方法。并提出在计算交换值时,当遇到着丝粒在两基因中间的类型时,应该把基因与着丝粒之间发生的四线双交换类型分别计入两个单交换内。

Abstract: The present paper is dealing with a simple method to correct the distance of linked genes in tetrad analysis in *Neurospora crassa*. It is suggested that the data of 4-thread double crossing over should be added in two single crossing over respectively in centromere maping when calculating crossover value of the two genes locating across the centromere.

关键词 链孢霉 四分体 连锁基因 交换值 纠正 Key words [Neurospora crassa](#) [tetrad analysis](#) [linked genes](#) [crossing over value](#) [correction](#)

分类号

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者