

研究论文

质量-数量性状遗传参数估计的P1、 P2、 DH联合分析方法

胡中立, 章志宏, 章元明

武汉大学生命科学学院, 湖北武汉, 430072

收稿日期 1999-6-10 修回日期 1999-12-22 网络版发布日期 接受日期

摘要 本文提出利用亲本P1、 P2及其DH三个群体联合分析包括两个位点主基因控制的质量-数量性状遗传的统计方法, 共建立了五类共22个遗传模型, 进而, 可采用AIC信息准则选择最适模型, 并通过适合性检验对所选择的遗传模型做进一步的检验。

关键词 [质量-数量性状](#) [两位点主基因](#) [DH群体](#) [多世代联合分析](#)

分类号

The Joint Analysis of P1, P2, DH Population about Estimation of Genetic Parameters for Qualitative-Quantitative Traits

HU Zhong-Li,ZHANG Zhi-Hong,ZHANG Yuan-Ming

College of Life Science, Wuhan University, Wuhan, 430072

Abstract The statistical method for Qualitative-Quantitative traits controlled by two major gene loci by using joint analysis of P1、 P2、 DH population was proposed in this paper. Twenty-two genetic models were established, which could be classified into five types. The most suitable genetic model could be selected by using Akaike's Information Criterion and could be further tested by using a set of tests of fitness.

Key words [Qualitative-Quantitative trait](#) [Two major gene loci](#) [DH population](#) [Joint analysis of multiple generations](#)

DOI:

通讯作者 胡中立

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(25KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“质量-数量性状”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [胡中立](#)

· [章志宏](#)

· [章元明](#)