

<<林木遗传图谱构建和QTL定位统>>

图书基本信息

书名：<<林木遗传图谱构建和QTL定位统计分析>>

13位ISBN编号：9787030163660

10位ISBN编号：7030163664

出版时间：2006-1

出版时间：科学出版社

作者：施季森

页数：172

版权说明：本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问：<http://www.tushu007.com>

## <<林木遗传图谱构建和QTL定位统>>

### 内容概要

本书包括绪论、上篇和下篇，首次较系统、详细、全面地整理和介绍了近交群体（如回交群体、F2代群体等）的遗传图谱的构建和QTL定位的统计分析模型以及相关的数学方法。

同时，针对目前林木高密度分子遗传图谱的构建和QTL精确定位的需要，着重研究了全同胞群体遗传图谱的构建和QTL定位的统计模型。

本书紧扣遗传图谱构建和QTL定位的前沿研究展开，结构严密，理论性强，在内容安排上考虑到了读者使用的实用性和方便性。

本书适合从事动植物育种的科技工作者、相关专业的本科高年级学生和研究生阅读参考。

## &lt;&lt;林木遗传图谱构建和QTL定位统&gt;&gt;

## 书籍目录

前言绪论	0.1 林木遗传图谱构建研究的现状	0.2 QTL定位统计方法的研究进展	0.2.1 数量遗传学的发展历史	0.2.2 近交群体的QTL作图方法	0.2.3 异交群体的QTL作图方法	0.2.4 林木QTL作图
	上篇 遗传图谱构建的统计方法	第1章 背景知识和基本概念	1.1 遗传背景	1.2 减数分裂	1.3 重组、干扰和遗传距离	1.4 作图函数
	1.5 实验交配群体	1.5.1 回交群体	1.5.2 F <sub>2</sub> 群体	1.6 极大似然法与似然比检验	1.7 EM算法	1.8 皮尔逊卡方统计量
	1.9 显著性检验	1.10 分子标记数据和表型数据	第2章 两点连锁分析	2.1 位点的分离检验	2.1.1 单位点的分离检验	2.1.2 两个位点的连锁检验
	2.2 近交系两点连锁分析	2.2.1 回交群体	2.2.2 F <sub>2</sub> 群体	2.3 全同胞家系两位点连锁分析	2.3.1 全同胞家系标记分离特征	2.3.2 连锁相推断及重组率估计
	第3章 多位点连锁分析	3.1 隐马尔可夫模型	3.1.1 观测数据的概率	3.1.2 重建隐状态	3.1.3 参数估计	3.2 回交群体数据
	3.3 F <sub>2</sub> 群体数据	3.4 全同胞数据	第4章 连锁群划分和基因位点排序	4.1 连锁群的划分	4.2 三位点排序	4.3 多位点排序
	4.3.1 多位点排序的目标函数	4.3.2 多位点排序的计算方法	4.4 模拟构建全同胞群体的遗传连锁图谱	4.5 杉木遗传图谱的构建	下篇 QTL定位的统计方法	第5章 QTL单标记分析
	5.1 回交群体的单标记分析	5.1.1 t检验	5.1.2 方差分析	5.1.3 线性回归模型	5.1.4 极大似然法	5.2 F <sub>2</sub> 群体的单标记分析
	5.2.1 t检验	5.2.2 方差分析	5.2.3 回归分析	5.2.4 极大似然法	第6章 QTL区间作图法	6.1 QTL基因型的条件概率
	6.2 极大似然法	6.2.1 回交群体	6.2.2 R代群体	6.3 线性回归法	6.3.1 回交群体	6.3.2 R代群体
	第7章 复合区间作图	7.1 理论基础	7.2 回交群体作图	7.3 F <sub>2</sub> 群体作图	第8章 异交群体的QTL作图	8.1 半同胞群体QTL作图
	8.1.1 ANOVA方法	8.1.2 极大似然法	8.2 全同胞群体QTL作图	8.3 MCMC作图	8.3.1 Gibbs抽样	8.3.2 Metropolis-Hastings方法
	8.3.3 MCMC方法作图	8.4 林木F <sub>1</sub> 代群体的QTL作图	8.4.1 区间作图和复合区间作图	8.4.2 杉木F <sub>1</sub> 代群体的QTL作图	8.4.3 讨论主要参考文献	附录A 全同胞遗传连锁图谱构建软件FsLinkageMap1.0使用说明
	A1 数据格式	A2 数据分析	A3 遗传连锁图谱的绘制			

<<林木遗传图谱构建和QTL定位统>>

版权说明

本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问:<http://www.tushu007.com>