

<<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>