

一个实用的群体遗传学分析软件包——GENEPOP 3.1版

刘俊娥, 乔传令, 侯鑫

(中国科学院动物研究所, 北京 100080)

(中国科学院植物研究所系统与进化植物学开放研究实验室, 北京 100093)

收稿日期 1999-3-15 修回日期 1999-10-12 网络版发布日期 接受日期

**摘要** GENEPOP是一个非常实用的群体遗传学分析软件包, 适用于对大量的群体遗传学数据进行分析。它主要有以下3个方面的用途: 1)进行正合检验, 如对哈迪\_温伯格平衡、种群差异和位点间的连锁不平衡进行检验; 2)估算经典的群体遗传学参数, 如 $F_{st}$ 和其它相关指数及基因频率等; 3)可把GENEPOP的输入文件转换为其它常用的群体遗传学分析软件包(如BIOSYS、FSTAT和LINKDOS)所要求的输入文件格式。与软件BIOSYS相比, 它在所用的统计学检验方法、适用的群体遗传学研究数据类型及输入文件等方面具有一定的优点。

**关键词** [群体遗传学](#) [软体包](#)

分类号

**DOI:**

通讯作者:

1999-03-15 [biolog@nmg2.imu.edu.cn](mailto:biolog@nmg2.imu.edu.cn)

作者个人主页: 刘俊娥; 乔传令; 侯鑫

#### 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#)(111KB)

▶ [\[HTML全文\]](#)(0KB)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中包含“群体遗传学”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [刘俊娥](#)

· [乔传令](#)

· [侯鑫](#)