

群体遗传学研究中的数据处理方法 I .RAPD数据的AMOVA分析

张富民,葛颂

中国科学院植物研究所系统与进化植物学重点实验室, 北京 100090

收稿日期 2002-5-20 修回日期 2002-9-29 网络版发布日期 接受日期

摘要 近年来, RAPD数据和AMOVA分析广泛地应用于群体遗传学和保护遗传学研究。然而, 由于RAPD标记具显性特点, 加上目前进行AMOVA分析所依赖的RAPDistance软件不完善, 使得对RAPD数据进行AMOVA分析时存在许多不足。本文介绍了AMOVA分析的基本过程, 同时引入一个新的程序DCFA用以替代RAPDistance, 并详述了将DCFA与WINAMOVA联用, 对RAPD数据进行AMOVA分析的具体步骤与注意事项。最后, 以产自中国和巴西8个普通野生稻 (*Oryza rufipogon*) 天然群体为例, 演示了对RAPD表型数据进行AMOVA分析的过程, 讨论了AMOVA分析结果在群体遗传结构上的意义。通过对AMOVA算法的分析, 同时比较4种距离系数所得AMOVA结果, 我们认为在进行AMOVA分析时选择NEI LI距离和欧氏距离平方较为合适, 而目前国内使用较多的JACCARD系数不适合AMOVA分析。

关键词 [群体遗传结构](#) [RAPDistance](#) [DCFA](#) [进化距离](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: [张富民](#); [葛颂](#)

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(285KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“群体遗传结构”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)
- [张富民](#)
- [葛颂](#)