

簡介「族群遺傳學」研究上常用之分析軟體

張湧泉、劉富光

水產試驗所淡水繁養殖研究中心

族群遺傳學

族群遺傳學 (Population genetics) 主要是研究生物族群在演化或人為養殖過程中，遺傳對偶子 (Allele) 之分布及變化情形，進而探討族群間之親緣關係。目前文獻報告上比較廣泛應用的方法是以微衛星 DNA 基因座 (Microsatellite DNA locus) 作為分子標記，分析、比較所採樣相同族群內或不同族群間微衛星 DNA 基因座對偶子之分布頻率及遺傳結構等。

微衛星 DNA 之遺傳方式為共顯性 (Co-dominant)，每個基因座有 2 個對偶子，分別來自父親或母親，如果此 2 個對偶子為同源的 (Homozygous)，則分子量相同，電泳帶只呈現 1 條，在基因型判讀 (Genotyping) 時只有 1 個分子量；否則電泳帶有 2 條，在基因型判讀時有 2 個不同之分子量。針對每個樣品在幾種不同微衛星 DNA 基因座之基因型，所得到之原始資料 (分子量)，可運用一些分析項目之計算公式將其轉換為可以互相比較及分析之數據或圖型等。

分析項目包括族群內 (Intra-population) 所選定各種微衛星 DNA 基因座之不同對偶子出現之次數及分佈頻率、觀測異質度 (Observed heterozygosity, H_o)、期望異質度

(Expected heterozygosity, H_e) 連鎖不平衡 (Linkage disequilibrium) 及哈溫平衡 (Hardy-Weinberg equilibrium; HWE) 等，可以了解族群內各種基因座之變異性及檢定對偶子在不同基因座或在個體之出現是否為非隨機 (non-random) 等。另外，也包括族群間 (Inter-population) 之分子變方分析 (Analysis of Molecular Variance; AMOVA)、族群比較 (Population comparisons) 及族群分化 (Population differentiation) 等，可以研判族群之遺傳結構，近親交配係數 (Inbreeding coefficient)，計算族群間之遺傳距離 (Genetic distance) 及檢定同種生物在不同地點或時間採樣到之檢體，是否源自於在同一產卵場隨機交配 (Panmixia)、繁衍之族群等。

分析軟體

關於「族群遺傳學」之分析項目，多年來有些研究人員建立了各種學理及計算公式，有些人員則以各種學理及計算公式為基礎，研發了相關之電腦軟體輔助快速運算或繪圖。茲就所接觸文獻報告常見之幾種相關之計算與分析軟體做個簡單介紹，謹供參考。

一、Arlequin

分析項目多。先依照其所定格式將相同

或不同族群中，採樣個體在各個選定微衛星 DNA 基因座之對偶子分子量分別輸入到微軟記事本 (Notepad) 等文字編輯器存檔後，再上傳至此軟體執行計算。軟體之操作步驟較多，執行過程中需轉換幾個副檔名存檔，初學者不易進入狀況，不過有詳細之操作說明書及範例供參考、練習，對所分析之項目也有一些學理上之說明與論述。本軟體之特點是可以將欲分析之各個項目全部選定後一起計算，並將結果在短時間內一起呈現在電腦螢幕供閱讀及列印。分析結果會自動存檔，若無法分析，也會列出可能原因。網址：<http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3/>

二、Genepop

分析項目也不少，需要先依照其所定格式將相同或不同族群中，採樣個體在不同微衛星 DNA 基因座之對偶子分子量本身或不同分子量編號 (2 位數 01—99 或 3 位數 001—999) 輸入到微軟記事本等文字編輯器存檔後，再上傳至此軟體執行計算。軟體操作步驟比 Arlequin 簡單，也有操作說明書及範例供參考、練習。對所分析之項目也有一些學理上之說明與論述。分析項目分成 8 個單元而且每個單元再細分次單元，每執行一個次單元必須上傳一次資料，計算結果可選擇是用 e-mail 寄給輸入資料之研究人員或直接以 HTML 格式馬上呈現在電腦螢幕。若無法分析，也會列出可能原因。網址：<http://genepop.curtin.edu.au/>

三、POPULATIONS

可以用來製作族群間之親緣系統樹 (Phylogenetic tree)，以瞭解各族群之演化與親緣關係。將已用 POPULATIONS 軟體本身

或上述 Genepop 軟體格式儲存之文字檔資料上傳至此軟體，先選定要用何種方式計算遺傳距離 (選項一共有 15 種!)，接著選擇製作親緣系統樹之方法為非加權算術平均組對法 (UPGMA) 或鄰近連接法 (Neighbor Joining Method) 後，將結果儲存到另一個文字檔，此時尚無法繪出親緣系統樹。軟體是 DOS 版本，相當有趣，操作過程中會不自覺地年輕了許多。網址：<http://bioinformatics.org/~tryphon/populations/>

四、TreeView

將已用上述 POPULATIONS 軟體或其它軟體製作之親緣系統樹文字檔上傳至此軟體，即可以真正繪製出幾種不同形式之系統樹。可依照自己之需求選擇所要之圖型，或者繪製出幾種圖型做比較與分析。本軟體也是 DOS 版本。網址：<http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/treeview.html>

結語

族群遺傳學之相關軟體眾多，以上簡述幾種所認知且可直接自網際網路下載之免費應用軟體。初次接觸時，不妨先利用軟體所提供之範例，針對各個分析項目按部就班地實施演練，逐步進入情況。事實上，一些分析項目在執行過程會有幾種不同條件之選項供選擇，也會因選項之差異而產生不同之結果；另外，在分析項目、執行過程及結果之敘述中，常出現一些專有名詞或代號。需進一步詳閱軟體說明書、文獻報告及其它相關資料才能瞭解需選擇何種條件，正確地操作軟體與判讀結果。