**注：根据以下各公式用 perl 编程计算得到各指标的值。**

1. 观测等位基因数 Na（ Number of observed alleles）：是指各个位点的等位基因总和除以位点的总数，一般来说，等位基因数越多，其群体多态性就越丰富。

Na = ∑x/n，∑x 为包括非多态位点在内的所测定位点上的等位基因数目的总和，

n 为测定位点的总个数。

1. 有效等位基因数 Ne/ae（ effective numbers of alleles）：指各位点上的等位基因的有效数目 Nei 的算术平均值。是反映群体遗传变异大小的一个指标，其数值越接近所检测到的等位基因的绝对数，表明等位基因在群体中分布越均匀，两者差异大说明等位基因在群体中分布不均匀。

Ne=1/∑ Pi2，Pi 为第 i 个等位基因的频率（下同），分别计算每个位点的有效等位基因数，取平均值代表该群体的有效等位基因数

1. 观测杂合度 Ho（Observation heterozygosity）：指随机抽取的两个样本的等位基因不相同的概率，观察杂合度(Ho)=观察得到杂合个体数/样本个体数总数。

Ho=b/n，其中 b 为某位点上检测到的杂合基因型数量，n 为某位点检测基因型总数，按以上公式分别计算获得每个位点的观测杂合度，取平均值代表该群体的观测杂合度

1. 期望杂合度 He（expected heterozygosity）：指理论计算得出的杂合度，He值的范围从0（说明无多态性）到1（说明无限多个等位形式具有相同的频率，是个极限值）。常用期望杂合度来衡量群体的遗传多样性的高低。期望杂合度值越高，反映群体的遗传一致性就越低，其遗传多样性就越丰富。

He=1-∑Pi2，计算每个位点的期望杂合度，取平均值代表该群体的期望杂合度

5）固定指数 F (Fixed index)：由F统计量演变而来，反映群体等位基因杂合性水

平，用于衡量种群分化程度。F=1- (Ho/ He)，Ho为实际观察杂合度，He 为期望杂合度。

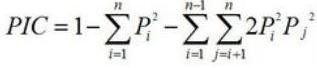
1. 基因多样性指数Nei：即通过计算单倍型多样性指数来计算群体间的核苷酸序列歧化距离，是根据种群间不同基因所占的比例算出的遗传多样性。：

nei 多样性指数，Nei=2nHe/(2n-1)，n 为样品数，He 为期望杂合度；

1. 核苷酸多样性π：任意两序列间的平均核苷酸差异数。



Xi和 Xj分别表示 DNA 序列的第i种和第j种类型的频率； πij表示 DNA 序列间第 i 和第 j 种类型不同核苷酸的比率.

1. 多态信息含量PIC（Polymorphysm\_information\_content）：一个标记用于在群体检测多态性的价值。PIC取决于检测的等位基因的数目和它们的频率分布。其值等于1减去所有等位基因频率的平方的总和。等位基因数越大，PIC就越大；等位基因频率越平等，PIC的值就越高。用于对标记基因多态性的估计，是表示DNA变异程度高低的-一个指标。PIC> 0.5为高度多态，0.25<PIC <0.5为中度多态，PIC <0.25为低度多态。

n 为等位基因的个数，Pi 和Pj分别为第 i 和 j 个等位基因的频率

1. Shannon 信息指数 ：又叫香农-威纳指数（Shannon-Wiener Index），是反映丰富度和均匀度的综合指标（越高丰富度和均匀度越好）。应用多样性指数时，具低丰富度和高均匀度的群落与具高丰富度与低均匀度的群落，可能得到相同的多样性指数。群体遗传多态度用Shannon’s 多样性指数表示， Shannon’s 多样性指数

=SHI=-∑(Pi×lnPi)，分别计算获得各位点的SHI

1. 最小等位基因频率 MAF(minor allele frequency)：

MAF= Xi/X

Average\_MAF=∑Xi / n

Xi为某位点上检测到的次要基因型数量，X为某位点检测基因型总数，n 为测定位点的总个数

1. 遗传分化指数（Fst）：



其中 πBetween 表示群体间的两两个体差异的均值，πWithin 表示群体内两两个体差异的均值。Fst的理论值应该在0-1的区间内变化，当Fst=0的时候，表示两个群体之间不存在遗传分化差异，如果Fst=1，则两个群体间的分化达到最大（即，相比于某个群体，另一个群体完全丧失某种能力或某个性状完全发生了变化）。

1. 基因流（Nm）：指生物个体从其发生地分散出去而导致不同种群之间基因交流的过程，可发生在同种或不同种的生物种群之间。基因流的基本作用是消弱了种群间的遗传差异。岛屿模型中的Nm为每代迁入的有效个体数，即基因流的估计值， Nm=1/4（1/Fst-1)。
2. 遗传距离 D（genetic distance）：衡量品种间若干性状综合遗传差异大小的指标。利用 MEGA7.0 中的Kimura 2-parameter模型（1,000次bootstrap），按种属分组得到的遗传距离矩阵，衡量群体间的遗传相似性
3. PLN(Polymorphic loci number) 多态性位点数
4. PPL： PLN/loci