

reached 1/10, 1/5 and 1/2 of 15 g/kg body weight. No statistically significant difference in the mouse teratogenicity test was observed. According to our experi-

mental results, KINGPANAX fresh *Panax notoginseng* juice is safe for drinking and has no poisonous side effect.

Key words: KINGPANAX fresh *Panax notoginseng* juice, Evaluation of security, Bone marrow cells, Mouse testicle cells, Chromosomal aberration, Teratogenicity test in mice

Rflp: 分析群体 RFLP 数据的软件 A COMPUTER PROGRAM FOR ANALYZING RFLP DATA FROM POPULATION STUDY

关键词: RFLP, π , 遗传距离

Key words: RFLP, π , Genetic distance

中图分类号: Q783.1 文献标识码: A 文章编号: 0254-5853(1999)-05-0326-01

限制性酶切长度多态 (RFLP) 近年来在国内进化遗传学研究中得到了普遍的应用，并且许多研究是针对物种群体水平的。然而，由于 RFLP 最初在生物进化方面的应用，主要集中于物种之间相互关系的研究，为此目的而发展的计算机软件，如常用的 MEGA、PAUP 和 PHYLIP 等，远远不能满足目前研究的需要。因此，我们发展了 Rflp 软件，以帮助计算生物物种群体内和群体间的一些参数。对 RFLP 数据的分析，基于数据类型的不同，可分为位点法和片段法。Rflp 是基于位点法的分析软件。对于物种群体内的分析，可以根据两种方法估计群体的 π 值 (Nei 等, 1983, 1990)，给出碱基错配的分布 (mismatchdistribution)，计算 Watterson 的 θ 值，并生成一个新的文件，以便用 Fu (1994) 的方法

计算出 θ 。对于物种群体间的分析，可以计算群体间的每个位点的净核苷酸替代数、Intermatch 以及 Nst (Lynch 等, 1990)。并且，可以对群体进行重新抽样，计算出新的遗传距离，即每个位点的净核苷酸替代数，作为 PHYLIP 中 Neighbor 程序的输入，以计算出每个分支的置信度。另外，Rflp 也可计算出单倍型或个体间的每个核苷酸位点的碱基替换数。

该程序用 C++ 语言编写而成，附有说明文档的源程序和 Windows 环境下的可执行程序。需要者可从 <ftp://evolution.kiz.ac.cn/pub/Rflp/> 处免费下载，或发电子邮件给作者联系索取。

参 考 文 献

- Fu Y X, 1994. An phylogenetic estimator of effective population size or mutation rate [J]. *Genetics*, 136: 685-692.
Lynch M, Crease T J, 1990. The analysis of population survey data on DNA sequence variation [J]. *Mol. Biol. Evol.*, 7: 377-394.
Nei M, Tajima F, 1983. Maximum likelihood estimation of the number of

- nucleotide substitutions from restriction sites data [J]. *Genetics*, 105: 207-217.
Nei M, Miller J C, 1990. A simple method for estimating average number of nucleotide substitutions within and between populations from restriction data [J]. *Genetics*, 125: 873-879.

李海鹏 张亚平

LI Hai-peng ZHANG Ya-ping

(中国科学院昆明动物研究所细胞与分子进化开放研究实验室 昆明 650223 zhangyp@public.km.yn.cn)
(*Lab. of Cellular and Molecular Evolution, Kunming Institute of Zoology, the Chinese Academy of Sciences, Kunming 650223*
zhangyp@public.km.yn.cn)