

doi:10. 3969/j. issn. 1671-3168. 2023. 04. 005

基于 R 软件包 (Polysat) 的巴山木竹多倍体植物 微卫星数据处理

余 鸽¹, 龙凤来¹, 张 莹¹, 刘建军²

(1. 杨凌职业技术学院, 陕西 杨凌 712100; 2. 西北农林科技大学, 陕西 杨凌 712100)

摘要:针对目前多倍体植物的微卫星数据等位基因拷贝数据处理困难、数据格式转换等问题,利用 R 语言下 Polysat 软件包,以巴山木竹 13 个种群 260 份样本的微卫星数据为例,进行微卫星数据的导入、输出和基因分析,如微卫星等位基因信息统计 SSR 数据的基因型判断及无性系克隆的划分,种群间的 PCA 分析,种群间的 Fst 值分析等。认为与其它多倍体数据处理软件相比,该软件 R 编程环境具备的多功能性和数据输入、输出方法简单等特性,为相关研究人员提供了方便。

关键词:多倍体;微卫星 DNA 数据处理;Polysat 软件;巴山木竹

中图分类号:S759.9;S722.35;TP311.56;P274 文献标识码:A 文章编号:1671-3168(2023)04-0033-06

引文格式:余鸽,龙凤来,张莹,等. 基于 R 软件包(Polysat)的巴山木竹多倍体植物微卫星数据处理[J]. 林业调查规划,2023,48(4):33-38,136. doi:10.3969/j.issn.1671-3168.2023.04.005

YU Ge, LONG Fenglai, ZHANG Ying, et al. Micro-satellite Data Processing of Polyploid Plant *Bashania fargesii* Based on R Software Package (Polysat) [J]. Forest Inventory and Planning, 2023, 48(4): 33-38, 136. doi:10.3969/j.issn.1671-3168.2023.04.005

Micro-satellite Data Processing of Polyploid Plant *Bashania fargesii* Based on R Software Package (Polysat)

YU Ge¹, LONG Fenglai¹, ZHANG Ying¹, LIU Jianjun²

(1. Yangling Vocational and Technical College, Yangling, Shaanxi 712100, China;
2. Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: In response to the difficulties in processing allele copy data and data format conversion of polyploid plants, the Polysat software package in R language was used to import, output, and analyze micro-satellite data from 260 samples of 13 populations of *Bashania fargesii*, including genotype judgment and clone division of SSR data for micro-satellite allele information statistics, as well as PCA analysis and Fst values analysis between populations. Compared with other polyploid data processing software, the R programming environment of this software had the characteristics of versatility and simplicity of data input and output, providing convenience for relevant researchers.

Key words: polyploid; micro-satellite DNA data processing; Polysat software; *Bashania fargesii*

微卫星 DNA 为简单重复序列(SSR),因其数量 丰富,普遍分布于整个基因组,具有共显性、高多态

收稿日期:2022-03-11.

基金项目:杨凌职业技术学院项目(A2019052);陕西省林业科学院科技创新计划专项项目(SXJK2021-0209).

第一作者:余鸽(1980-),女,陕西长安人,讲师,博士.主要从事生态学研究.

性、重复性,可区分纯合、杂合基因型且可表达生物的倍性信息而被广泛应用于基因分析^[1-2]。然而,对于多倍体植物来说,往往很难确定杂合子等位基因的重复数^[3-4]。复杂的遗传模式和难以确定的等位基因拷贝数,且仅有少量软件可用来处理关于遗传基因多样性的多倍体微卫星数据,使得使用微卫星 DNA 技术研究多倍体生物受到阻碍^[5-7]。因此,研究开发、使用新的软件处理多倍体生物微卫星数据对于多倍体植物基因分析意义重大。

近年来,为了解决这一难题,用来统计多倍体微卫星数据的软件相继被开发,如 Spagedi^[8]、Tetra^[9]、Popdist^[10]、Atetra^[11] 和 Polysat^[12] 等。其中,Polysat 是基于 R 平台下的一个软件包,由 Clark 和 Jasieniuk 于 2011 年开发。相比其他几款软件,在限定同源多倍体和异源多倍体遗传模式下,Polysat 的使用更为简便^[12]。该软件包可以对微卫星扩增植物的倍性进行评估^[12]。它可以处理任何多倍体数据,包含了混合和未知倍体植物的数据。它能够导入和导出数据,可排除特定位点、样本或群体,非常便捷地完成微卫星等位基因信息的统计;能够进行 SSR 数据的基因型判断和无性系克隆的划分;可以计算样本、种群间的遗传距离;完成种群间的 Fst 值分析^[12]。国外使用该软件处理多倍体微卫星数据的做法已趋于成熟^[13-15],而国内在多倍体生物使用微卫星研究分析过程中多数研究仍忽略等位基因频率的计算,使得该项技术失去共显性标记的优势^[16-18]。为了更好地引入 Polysat 处理多倍体生物微卫星数据的方法,本文以巴山木竹的克隆鉴定和遗传多样性数据分析为例,说明 Polysat 软件的数据处理和分析过程,以期为更多研究者处理多倍体微卫星数据提供帮助。

1 数据来源

数据来源于巴山木竹 13 个种群的微卫星数据,每种群 20 份样本。采用 6 对荧光标记的微卫星引物对所有样本进行 DNA 扩增^[19],之后进行毛细管电泳检测(检测仪器 ABI3730XL,Applied Biosystems, USA),读取扩增片段大小(GeneMapper 4.0, ABI, USA 软件),并对扩增片段数据进行矫正,将其输入到 Excel 表格中。

2 数据处理过程

2.1 Polysat 的下载及安装

Polysat 是基于 R 语言环境运行的,使用之前需

要下载安装 R 软件,下载网址: <http://www.r-project.org>。安装 R 软件,运行 R 软件,在 R 环境下加载安装 Polysat。首次安装命令为两步:第一步,安装: `>install.packages("polysat")`;第二步,加载: `>library("polysat")`。退出或重启 R 后,每次需要重新加载 Polysat,使用上述第二步命令即可。

2.2 Polysat 数据的导入、基本信息的输入和数据的导出

2.2.1 Polysat 数据的导入

Polysat 使用纯文本文件输入数据,数据文件要保存于 Polysat 安装文件下的 data 文件夹中,格式同 Polysat 安装文件下的 GeneMapperExample 纯文本文件,可依次命名为 GeneMapperExample1、2、3、... 等。以巴山木竹的 SSR 数据为例,将巴山木竹 SSR 数据输入到 Excel 表中,输入格式如图 1(a)的格式。将图 1(a)转化为纯文本文件格式如图 1(b)的格式,命名为 GeneMapperExample3。

打开 R 软件,加载 Polysat 软件,使用 `getwd` 和 `read.GeneMapper` 命令读取数据。共四步即可读取数据:

第一步: `>library("polysat")`, 加载 Polysat 软件。

第二步: `>getwd()`, 检测数据,可看出数据在 C 盘下的 data 文件中,显示结果: `[1]"C:/Users/我的电脑/Documents/R/win-library/4.1/polysat/data"`。

第三步: `>bashanmuzhu<-read.GeneMapper("GeneMapperExample3.txt")`, 读取文件 GeneMapperExample3 中的数据,将其存于 bashanmuzhu 文件下。

第四步: `>summary(bashanmuzhu)`, 总结文件 bashanmuzhu 的信息,可显示文件的样本数、位点数、种群数信息。

2.2.2 微卫星多倍体基本信息的输入和统计

使用上述四步命令完成数据的基本输入之后,微卫星数据的倍体、种群以及位点碱基重复数的数据需要使用命令来输入。通过 `Samples`、`PopNames`、`PopInfo`、`Ploidies`、`editGenotypes`、`estimatePloidy`、`Usatnts` 和 `Ploidies` 命令来加载,如巴山木竹 13 个种群,每种群 20 个样本,6 个位点的基本信息输入,具体步骤如下:

第一步, `>Samples(bashanmuzhu)`, 统计文件 bashanmuzhu 的样本数据。

第二步, `>viewGenotypes(bashanmuzhu, samples=paste("1", 1:20, sep=""), loci="loc1")`, 查看文件 bashanmuzhu 数据种群 1、位点 1(loc1)、20 个样本的基因型数据。可使用此命令依次查看 13 个种群、6

	A	B	C	D	E	F
1	Sample.Name	Marker	Allele.1	Allele.2	Allele.3	Allele.4
2	A1	loc1	169	182	193	
3	A2	loc1	169	182	193	
4	A3	loc1	166	169	203	212
5	A4	loc1	166	166	185	185
6	A5	loc1	181	181	203	215
7	A6	loc1	169	169	193	193
8	A7	loc1	166	172	177	206
9	A8	loc1	166	172	177	206
10	A9	loc1	166	185	192	200
11	A10	loc1	169	172	206	209
12	A11	loc1	172	181	185	206
13	A12	loc1	169	172	209	212
14	A13	loc1	169	172	209	212
15	A14	loc1	169	169	172	206
16	A15	loc1	172	172	184	209

(a) 巴山木竹SSR数据的Excel输入格式

GeneMapperExample3 - 记事本						
文件(F) 编辑(E) 格式(O) 查看(V) 帮助(H)						
Sample.Name	Marker	Allele.1	Allele.2	Allele.3	Allele.4	
A1	loc1	169	182	193		
A2	loc1	169	182	193		
A3	loc1	166	169	203	212	
A4	loc1	166	166	185	185	
A5	loc1	181	181	203	215	
A6	loc1	169	169	193	193	
A7	loc1	166	172	177	206	
A8	loc1	166	172	177	206	
A9	loc1	166	185	192	200	
A10	loc1	169	172	206	209	
A11	loc1	172	181	185	206	
A12	loc1	169	172	209	212	
A13	loc1	169	172	209	212	
A14	loc1	169	169	172	206	
A15	loc1	172	172	184	209	

(b) 巴山木竹SSR数据的Polysat输入格式

图 1 Polysat 数据的输入格式

Fig. 1 Input format of data in Polysat

个位点、20 个样本数据,只需依次更换上述 paste 命令括号中"1"至"13"和 loci 命令中的"loc1"至"loc6"即可。

第三步,>PopNames(bashanmuzhu) <-c("Pop1", "Pop2", "Pop3", "Pop4", "Pop5", "Pop6", "Pop7", "Pop8", "Pop9", "Pop10", "Pop11", "Pop12", "Pop13"), 输入种群 1 至种群 13 的名称。

第四步,>PopInfo(bashanmuzhu) <-rep(1:13, each=20), 分派 20 个样本给每个种群,共计 13 个种群。

第五步,>Description(bashanmuzhu) <-"Dataset for the tutorial", 添加文件 bashanmuzhu 的描述信息到软件教程中的数据体系里面。

第六步,>Usatnts(bashanmuzhu) <-c(3,2,2,2,2,2), 指出文件 bashanmuzhu 6 个位点微卫星碱基的重复长度,分别是 3、2、2、2、2、2。

第七步,>rep(1:13, each=20), >PopInfo(bas-

hanmuzhu), 使用 rep 完成种群数据的分配之后,可使用 PopInfo 命令查看。

第八步,>bashanmuzhu <-editGenotypes(bashanmuzhu, maxalleles=4), 输入数据的种群信息后,可编辑基因型数据,指出文件 bashanmuzhu 所有位点的样本中最大的倍体数为 4(巴山木竹 6 个位点出峰最多数为 4)。

第九步,>bashanmuzhu <-estimatePloidy(bashanmuzhu), 使用此条命令可输出文件每个样本的等位基因的平均值和最大值,以表格的形式出现。

第十步,>Ploidies(bashanmuzhu) <-c(4), 经过判断输入倍性信息为 4。

第十一步,>summary(bashanmuzhu), 完成数据样本基本信息的添加,输入文件 bashanmuzhu 的数据信息。可显示文件 bashanmuzhu 输入的数据信息:缺失基因型 0、样本数 260、位点数 6、种群数 13、倍性 4,微卫星碱基重复数类型为 3 和 2。

2.2.3 数据输出

在 Polysat 软件中,使用 genambig.to.genbinary 和 Genotypes 命令可将基因型数据输出为 0、1 数据。首先,使用前述四步法命令完成数据的输入,再两步命令即可输出数据:

第一步,>bashanmuzhuC <-genambig.to.genbinary(bashanmuzhu), 转换文件 bashanmuzhu 中基因型数据为 0、1 矩阵。

第二步,>Genotypes(bashanmuzhuC, samples=paste("1", 1:20, sep=""), loci="loc1"; 输出文件 bashanmuzhu 中种群 1 第一个位点(loc1) 20 个样本的 0、1 矩阵。重复此命令并更换种群 2、3、4...13 和位点 loc2、3、4...6 和样本 N 的信息即可。如输出种群"10"位点 2(loc2) 20 个样本的信息命令:>Genotypes(bashanmuzhuC, samples=paste("10", 1:20, sep=""), loci="loc2")。

2.3 Polysat 软件数据的处理

Polysat 软件可用于进行微卫星等位基因信息便捷统计、微卫星数据的基因型判断及无性系克隆的划分、种群间的 PCA 分析和种群间的 Fst 值分析。在统计等位基因、基因型判断、PCA 分析和 Fst 值分析前,应先使用前述命令完成 Polysat 数据的导入和基本信息输入和统计。

2.3.1 统计等位基因信息

使用 simal.alleleDiversity、simal\$count 和 simal\$alleles 命令可便捷地完成等位基因的统计,共三步命令即可输出数据:

第一步, `>simal<-alleleDiversity(bashanmuzhu)`, 统计文件 bashanmuzhu 所有数据的等位基因数。

第二步, `>simal $ counts`, 输出文件 bashanmuzhu 所有数据的等位基因数。

第三步, `>simal $ alleles[["Pop1","loc1"]]`, 输出种群 1 第一个位点 (loc1) 的等位基因, 结果为 160 164 168 170 172 176 180 182 184 186 188 190 192 198 200 202 204 206 208 210。重复此命令并更换种群和位点信息, 可将 13 个种群和 6 个位点的等位基因数据全部输出, 如输出种群“11”位点 2 (loc2) 的等位基因命令: `>simal $ alleles[["Pop11","loc2"]]`。

2.3.2 基因型判断和无性系克隆的划分

使用 `assignClones` 和 `clones` 即可完成无性系克隆的划分, 以种群 5, 20 个样本数据为例, 具体命令如下:

第一步, `>clones<-assignClones(testmat, samples = paste("5", 1:20, sep = ""), threshold = 0.2)`, 按照基因数据划分克隆。

第二步, `>clones`, 显示克隆信息。

2.3.3 种群间的 PCA 分析

使用 `pca`, `cmdscale` (`testmat`), `mycol` 和 `plot` 命令来完成 Bruvo 和 Lynch 遗传距离分析, 以 13 个种群 260 个样本为例, 具体命令如下:

第一步, `>pcaN1<-cmdscale(testmatN1)`, PCA 分析。

第二步, `>mycol<-c("颜色 1", "颜色 2", ..., "颜色 13")`, 给出不同颜色即可, 如“red”, “blue”等。

第三步, `>plot(pcaN1[, 1], pcaN1[, 2], col = mycol[PopInfo(bashanmuzhu)], main = "PCA with Bruvo distance")`, 绘制文件 bashanmuzhu 各种群的 Bruvo 遗传距离 PCA 分析图, 如图 2a。

第四步, `>testmatN2<-meandistance.matrix(bashanmuzhu, distmetric = Lynch.distance)`, 进行 Lynch 遗传距离分析。

第五步, `>pcaN2<-cmdscale(testmatN2)`, 使用 Lynch 遗传距离进行 PCA 分析。

第六步, `>plot(pcaN2[, 1], pcaN2[, 2], col = rep(c("颜色 1", "颜色 2", ..., "颜色 13"), each = 20), main = "PCA with Lynch distance")`, 绘制文件 bashanmuzhu 各种群样本的 Lynch 遗传距离 PCA 分析图, 结果如图 2b。

上述 6 步命令中, `pca` 和 `testmat` 后面的数字 N1 和 N2 为数据做分析的次数, 可采用 1, 2, 3, ..., N, 等数字来替换。

2.3.4 核算种群间的 Fst 值

使用 `simfreqSimple`, `simFstSimple` 和 `calcFst` (`simfreqSimple`) 命令来核算种群间的 Fst 值。首先, 使用 2.3.1 中统计等位基因信息的三步命令完成文件 bashanmuzhu 13 个种群 260 个样本的等位基因信息统计, 再使用如下命令:

第一步, `>simfreqSimple<-simpleFreq(bashanmuzhu, samples = Samples(bashanmuzhu, ploidies = 4))`, 设置文件 bashanmuzhu 的样本及倍体信息。

第二步, `>simFstSimple<-calcFst(simfreqSimple)`, 计算 Fst 值。

第三步, `>simFstSimple`, 输出 13 个种群的 Fst 值。

3 结果与分析

3.1 统计等位基因信息

使用 `simal $ counts` 命令输出文件 bashanmuzhu 的等位基因信息结果 (表 1)。可以看出, 该软件在完成数据的输入之后, 便可以快速统计出 13 个种群每个位点的多态性等位基因数。同时, 表 1 中合计栏还可统计出 13 个种群每个位点的多态性等位基因数。而数据显示的格式为一个无框的表格, 只需要复制粘贴即可在 word 中编辑。

表 1 巴山木竹 13 个种群 6 个位点的等位基因统计信息
Tab. 1 Statistical information of allelic genes at 6 loci in 13 populations of *Bashania fargesii*

种群	位点 1	位点 2	位点 3	位点 4	位点 5	位点 6
种群 1	13	12	8	9	13	10
种群 2	7	8	4	6	6	5
种群 3	9	12	6	11	11	7
种群 4	8	13	8	11	10	14
种群 5	9	9	7	8	10	10
种群 6	14	11	9	8	12	10
种群 7	13	15	10	12	20	21
种群 8	14	16	10	12	20	21
种群 9	11	14	14	11	17	16
种群 10	13	16	7	9	17	13
种群 11	14	17	11	12	20	21
种群 12	12	15	9	13	15	13
种群 13	10	14	9	13	11	11
合计	21	26	26	22	31	32

3.2 基因型判断和无性系克隆的划分

使用 assignClones 和 clones 命令可逐一输出各种群样本的克隆数。表 2 为种群 5 的克隆输出。种群 5(20 个样本)的克隆数为 11 个,其中,样本 5-1 和 5-13 为克隆 1; 5-2、5-3 和 5-14 为克隆 2;5-4 为克隆 3;5-5 和 5-6 为克隆 4;5-7、5-8 和 5-10 为克隆 5;5-9 为克隆 6;5-11 为克隆 7;5-12 和 5-15 为克隆 8;5-16 和 5-17 为克隆 9;5-18 为克隆 10; 5-19 和 5-20 为克隆 11,即种群 5 所采 20 份样本由 11 个无性系组成。

表 2 巴山木竹种群 5 的克隆数
Tab. 2 Number of clones in population 5 of *B. fargesii*

样本	克隆	样本	克隆	样本	克隆	样本	克隆
5-1	1	5-6	4	5-11	7	5-16	9
5-2	2	5-7	5	5-12	8	5-17	9
5-3	2	5-8	5	5-13	1	5-18	10
5-4	3	5-9	6	5-14	2	5-19	11
5-5	4	5-10	5	5-15	8	5-20	11

3.3 种群间的 PCA 分析

图 2 为基于 Polysat 软件的 PCA 分析,不同颜色圆圈代表不同的种群,13 种颜色代表 13 个种群。对比图 2(a)和 2(b)可知,基于 Bruvo 和 Lynch 的 PCA 分析结果一致,其中,显示橙红色的种群 11(3)和棕色的种群 10(4)聚在一起,其余 12 个种群聚为一类。

3.4 核算种群间的 Fst 值

表 3 为采用 Polysat 软件分析巴山木竹 13 个种群的 Fst 值结果。由表中可以清楚地看到,种群之间存在基因的分化;种群间的 Fst 值越小,代表基因分化越小,Fst 值越大代表着存在较高的基因分化。由表 3 可知,成对的 Fst 值整体较大分化出现在种群 3 和种群 1、种群 2,种群 5 直到种群 13 之间以及种群 4 和种群 1、种群 2,种群 5 直到种群 13 之间。这一结果与基于 Bruvo 和 Lynch 的 PCA 分析结果一致,即种群 3 和种群 4 与其余种群之间存在着较大的种群分化。最小 Fst 值为种群 8 和 11,即这两个种群之间遗传分化最小。

4 讨 论

Polysat 软件充分考虑了输出,即使用 genam-
big. to. genbinary 和 Genotypes 命令将微卫星基因型
数据输出为 0、1 数据,进而转入 GenAlEx、Popgen 和

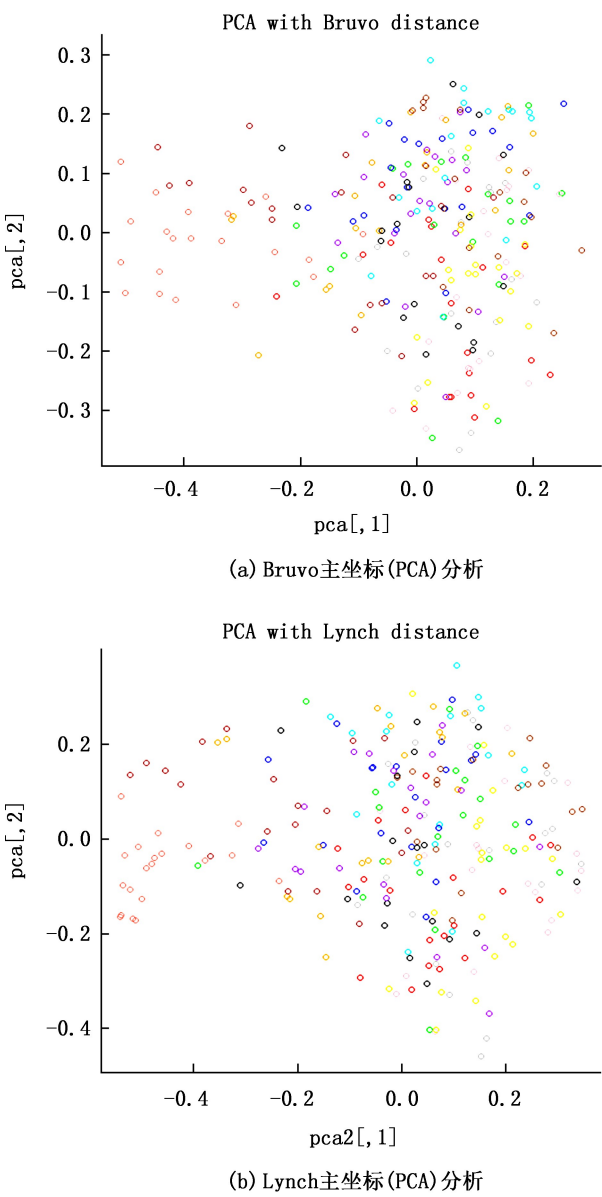


图 2 13 个巴山木竹种群主坐标 (PCA) 分析
Fig. 2 PCA analysis of 13 *B. fargesii* populations

Ntsyspc 等软件做进一步的多维度分析,以增加论点的精确性。
在巴山木竹克隆结构的鉴别研究中,具有相同基因型的样本为同一个克隆,即它们是来自于同一无性系或同一基株的不同分株^[20-21]。使用 assign-Clones 可对样本进行克隆基因型划分^[15],由于其为四倍体,在克隆组划分之前可使用微卫星等位基因峰值比例计量法 (MAC-PR) 确定位点等位基因频率,才能确保准克隆被准确地划分^[19]。基于 Polysat 和 MAC-PR 组合法判定克隆结构,在未知亲本来源情况下,可应用于四倍体生物基因型、等位基因频率的判读,如四倍体玫瑰品种 (*Rosa × hybrida*)、海薰衣草

表 3 巴山木竹 13 个种群的 Fst 值
Tab. 3 Fst values of 13 *B. fargesii* populations

	种群 1	种群 2	种群 3	种群 4	种群 5	种群 6	种群 7	种群 8	种群 9	种群 10	种群 11	种群 12	种群 13
种群 1	0												
种群 2	0.05251	0											
种群 3	0.21147	0.18970	0										
种群 4	0.13809	0.12709	0.09365	0									
种群 5	0.08508	0.08312	0.14536	0.07987	0								
种群 6	0.09198	0.09661	0.19852	0.12474	0.08032	0							
种群 7	0.08126	0.07937	0.18443	0.11153	0.06943	0.06025	0						
种群 8	0.07455	0.07202	0.14798	0.08794	0.05018	0.07199	0.05387	0					
种群 9	0.08029	0.08428	0.18255	0.10703	0.06078	0.06618	0.05540	0.05731	0				
种群 10	0.09967	0.08873	0.16205	0.10481	0.07147	0.07564	0.06983	0.06188	0.05911	0			
种群 11	0.07525	0.07382	0.15528	0.08895	0.05278	0.07778	0.06195	0.04814	0.06319	0.06747	0		
种群 12	0.07484	0.06980	0.15735	0.09079	0.05587	0.07043	0.05195	0.04837	0.05358	0.07098	0.05145	0	
种群 13	0.09318	0.09040	0.18117	0.11295	0.08300	0.07043	0.05526	0.06759	0.06804	0.08009	0.07365	0.05386	0

草 (*Limonium narbonense*) 和巴山木竹 (*Bashania fargesii*) 等^[7,14,19]。而在已知亲本来源的情况下,使用此组合法可判断高于四倍体生物的克隆结构^[15]。

由巴山木竹数据的 PCA 分析结果可以看出, Lynch 和 Bruvo 分析结果保持一致。Polysat 软件的两组 PCA 分析方法分别依据 Lynch 和 Bruvo 方程, Bruvo 分析方法是在忽略等位基因重复数或者默认为所有个体为同一倍体的情况下计算微卫星等位基因遗传距离^[12]。为了弥补这一不足,在数据的处理过程中,Polysat 联合启动 R 的组合工具 (combn 和 permn 功能),匹配所有可能的等位基因组合,计算出等位基因之间几何变换后的最小之和距离,进而保证了分析结果的准确性。

5 结 论

Polysat 是基于 R 平台下的一个软件包,相比其他在限定同源多倍体和异源多倍体遗传模式下使用的软件,Polysat 以等位基因重复数模糊为前提,可处理不同遗传模式和任何倍体生物的微卫星数据。基于 R 编程环境使得数据的输入和导出更为快捷,可便捷地统计等位基因信息,并对克隆植物进行微卫星基因型判断和无性系结构划分;同时,还将 R 其他功能 (如 PCA、Fst 分析) 与 Polysat 连接起来,丰富了数据的分析功能,为相关研究人员提供了方便。

参考文献:

[1] 董胜君,王新鑫,张皓凯,等. 基于 SSR 标记的东北杏

遗传多样性分析及指纹图谱构建[J]. 沈阳农业大学学报,2021,52(5):1-11.

- [2] 余意,王凌,孙嘉惠,等. 基于微卫星群体遗传学的栽培枸杞遗传多样性和遗传结构评价[J]. 中国中药杂志,2020,45(4):838-845.
- [3] BRUVO R, MICHIELS N K, D'SOUZA T G, et al. A simple method for the calculation of microsatellite genotype distances irrespective of ploidy level[J]. Molecular Ecology, 2004,13:2101-2106.
- [4] DE SILVA H N, HALL A J, RIKKERINK E, et al. Estimation of allele frequencies in polyploids under certain patterns of inheritance[J]. Heredity, 2005,95:327-334.
- [5] SOLTIS D E, SOLTIS P S. Polyploidy: recurrent formation and genome evolution[J]. Trends Ecol Evol, 1999,14:348-352.
- [6] SOLTIS D E, SOLTIS P S. The role of genetic and genomic attributes in the success of polyploids[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2000,97:7015-7057.
- [7] ESSELINK G D, NYBOM H, VOSMAN B. Assignment of allelic configuration in polyploids using the MAC-PR (microsatellite DNA allele counting-peak ratios) method[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004,109(2):402-408.
- [8] HARDY O J, VEKEMANS X. SPAGeDi: A versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels[J]. Molecular Ecology Notes, 2002(2):618-620.
- [9] LIAO W J, ZHU B R, ZENG Y F, et al. Tetra: An improved program for population genetic analysis of allotetraploid microsatellite data[J]. Molecular Ecology Resources, 2008(8):1260-1262.

(下转第 136 页)

3.2 数据权威性

全省仅有一个森林资源数据库,各县(区)资源数据都需经过县级、市级和省级的检查后才可进入总数据库。资源数据库随时接受省级检查,若发现数据有变化要对其进行及时处理,以保证资源数据权威性。

3.3 系统兼容性

云南省森林资源监测与预警系统对外提供统一数据对接通道,与全国林地变更等系统和国家级公益林系统等进行对接。通过监测系统资源数据直接制作进入相应国家级数据系统的标准化数据。

3.4 功能扩展性

除了现有的应用平台模板,可利用系统对外提供的统一数据接口根据客户需要定制个性化应用模板,加大应用范围的同时,拓展系统功能。

参考文献:

[1] 地林伟业. 森林资源动态监测系统[EB/OL]. [2021-

05-24]. <http://www.forestar.com.cn/system/detail/32>.

- [2] 陈忠. 浅谈云南省第九次全国森林资源清查[J]. 贵州林业科技, 2018, 46(1): 61-64.
- [3] 孙华倩, 蔡利香. 云南省森林资源监测发展历程及问题分析[J]. 现代园艺, 2021, 44(9): 194-195.
- [4] 云南省林业和草原局. 云南省对 2020 年森林督查、森林资源监测暨森林资源管理“一张图”年度更新等六项工作进行培训[EB/OL]. [2021-05-24]. <http://www.forestry.gov.cn/main/447/20200629/164416773240794.html>.
- [5] 舒江. 五华区 2017—2019 年森林资源监测指标变动分析[J]. 绿色科技, 2020(11): 199-200.
- [6] 丁晓曦, 刘敏, 马勇, 等. 2017—2018 年昆明市森林资源监测指标变化分析[J]. 西部林业科学, 2019, 48(5): 107-112.
- [7] 刘永杰. 省级森林资源监测与评价应用系统建设研究[J]. 林业资源管理, 2014(6): 160-165, 169.

责任编辑: 刘平书

(上接第 38 页)

- [10] TOMIUK J, GULDBRANDTSEN B, LOESCHCKE V. Genetic similarity of polyploids: A new version of the computer program POPDIST (version 1.2.0) considers intraspecific genetic differentiation[J]. Molecular Ecology Resources, 2009(9): 1364-1368.
- [11] VAN PUYVELDE K, VAN GEERT A, TRIEST L. Atetra: A new software program to analyse tetraploid microsatellite data: comparison with TETRA and TETRASAT[J]. Molecular Ecology Resources, 2010(10): 331-334.
- [12] CLARK L V, JASIENIUK. Mpolysat: An R package for polyploid microsatellite analysis[J]. Mol Ecol Res, 2011(11): 562-566.
- [13] ZALAPA J E, BOUGIE T C, BOUGIE T A, et al. Clonal diversity and genetic differentiation revealed by SSR markers in wild *Vaccinium macrocarpon* and *Vaccinium oxycoccos*[J]. Ann Appl Biol, 2015, 166: 196-207.
- [14] PALOP-ESTEBAN M, SEGARRA-MORAGUES J G, GONZÁLEZ-CANDELAS F. Polyploid origin, genetic diversity and population structure in the tetraploid sea lavender *Limonium narbonense* Miller (Plumbaginaceae) from eastern Spain[J]. Genetica, 2011, 139(10): 1309-1322.
- [15] NYBOM H, ESSELINK G D, WERLEMARK G, et al. Microsatellite DNA marker inheritance indicates preferential

pairing between two highly homologous genomes in polyploidy and hemisexual dog-roses, *Rosa L. sect. Caninae* DC[J]. Heredity, 2004, 92: 139-150.

- [16] 黄平, 崔娇鹏, 郑勇奇, 等. 基于月季微卫星标记的 7 个遗传相似系数比较[J]. 林业科学, 2013, 49(1): 68-76.
- [17] 张显波, 傅建军, 胡锦丽, 等. 基于 D-loop 序列和 SSR 的从江田鱼与 6 个鲤群体的遗传分析[J]. 贵州农业科学, 2021, 49(12): 76-85.
- [18] 翟书伟, 邓婷婷, 曹云泉, 等. 基于 SSR 标记的 26 份棉花材料的遗传多样性分析[J]. 种子, 2020, 39(10): 67-72.
- [19] 余鸽, 龙凤来, 刘建军, 等. 不同年龄巴山木竹种群克隆结构[J]. 生态学报, 2017, 37(14): 4743-4753.
- [20] KITAMURA K, KAWAHARA T. Clonal identification by microsatellite loci in sporadic flowering of a dwarf bamboo species, *Sasa cernua*[J]. Journal of Plant Research, 2009, 122(3): 299-304.
- [21] LIAN C L, OISHI R, MIYASHITA N, et al. Genetic structure and reproduction dynamics of *Salix reinii* during primary succession on Mount Fuji, as revealed by nuclear and chloroplast microsatellite analysis[J]. Molecular Ecology, 2003, 12(3): 609-618.

责任编辑: 刘平书