

МИНИСТЕРСТВО НАРОДНОГО ОБРАЗОВАНИЯ БССР
ГОМЕЛЬСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
УЧЕБНО-НАУЧНО-ПРОИЗВОДСТВЕННОЕ ОБЪЕДИНЕНИЕ "ФАУНА ПОДЕСЬЯ"
ГОСУДАРСТВЕННЫЙ КОМИТЕТ СССР ПО ЛЕСУ
БЕЛОРУССКИЙ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ ЛЕСНОГО ХОЗЯЙСТВА

УЧЕБНАЯ ПРОГРАММА
на языке ФОРТРАН для обработки
эволюционно-генетических данных и их
геносистематической интерпретации
(для студентов-биологов)

Гомель 1988

МИНИСТЕРСТВО НАРОДНОГО ОБРАЗОВАНИЯ БССР
ГОМЕЛЬСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
УЧЕБНО-НАУЧНО-ПРОИЗВОДСТВЕННОЕ ОБЪЕДИНЕНИЕ "ФАУНА ПОЛЕСЬЯ"
ГОСУДАРСТВЕННЫЙ КОМИТЕТ СССР ПО ЛЕСУ
БЕЛОРУССКИЙ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ ЛЕСНОГО ХОЗЯЙСТВА

УЧЕБНАЯ ПРОГРАММА
на языке ФОРТРАН для обработки
эволюционно-генетических данных и их
геносистематической интерпретации
'для студентов-биологов'

Гомель 1982

Составители: Г.Г.Гончаренко, кандидат биологических наук,
В.М.Кучмин, кандидат экономических наук,
Б.П.Савицкий, доктор биологических наук,
профессор

Рекомендовано к печати кафедрой зоологии и охраны
природы Гомельского государственного университета

ВВЕДЕНИЕ

Последние годы ознаменовались широким проникновением различных современных методов в биологические науки. Одним из таких методов является метод генетики изоферментов, позволяющий анализировать наследственные признаки на внутривидовом уровне. Особенно перспективны изоферменты для решения эволюционных и популяционных задач, а также вопросов биосистематики.

В результате использования метода изоферментов ученым уже удалось определить уровень изменчивости в популяциях и установить эволюционные и филогенетические взаимоотношения для некоторых видов животных и растений (Левонтин, 1978; Айала, 1984; Nevo et al., 1984). Однако выявление показателей изменчивости и степени родства, которые определяются по специальным формулам, на основании частот изоферментов является трудоемкой задачей, требующей больших временных затрат даже для двух популяций. Если же число популяций превышает десять, вычисление показателей вручную превращается в сложноразрешимую проблему, которая может быть решена только с помощью ЭВМ. В этом случае требуются специально разработанные программы.

В настоящее время многие исследователи пользуются программой biosys-1 составленной Сwoffордом и Селандером на языке ФОРТРАН (Swofford, Selander, 1981). Авторы предоставляют программу за валюту (70 долларов сам текст программы, 20 долларов за обработку данных и их распечатку). Текст этой программы нигде не опубликован. Поэтому для многих отечественных биологов программа biosys-1 практически не доступна. В связи с этим разработка и публикация аналогичных программ, а также методических указаний к ним, доступных преподавателям, научным работникам, студентам старших курсов и всем занимающимся исследованием популяций животных и растений, приобретает особую актуальность.

Наша программа составлена на языке ФОРТРАН-4 и позволяет проводить определение следующих показателей дифференциации и изменчивости популяций: коэффициент генетического сходства I_M по Нем (Нем, 1972), коэффициент генетической дистанции D_M по Нем (Нем, 1972), коэффициент генетической дистанции D_R по Роджерсу (Rogers, 1972), полиморфность P по 95% и 99% критериям, количество аллелей на локусе как всех, так и встречающихся с час-

тотой больше 1%, среднюю гетерозиготность \bar{H} (Prakash, 1977; Айала, 1984) и стандартную ошибку. Кроме того, последние три показателя подчитываются отдельно по локусам, кодирующим ферменты группы 1 (связанные с метаболизмом глюкозы), и локусам, кодирующим ферменты группы 2 (гидролитические и другие неспецифические ферменты).

Специальная подпрограмма проводит кластеризацию невзвешенным парно-групповым методом кластерного анализа (НПГМКА) по Дорану и Оделлу (1977).

Наша программа может служить для обработки данных, представленных в двух видах: а) в виде аллельных частот по каждому аллелю в каждой популяции, как приведено в табл. 1; б) в виде количества геномов, несущих каждый аллель в каждой популяции.

ПОКАЗАТЕЛИ ИЗМЕНЧИВОСТИ И ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ, ОБРАБАТЫВАЕМЫЕ ПРОГРАММОЙ "GENE"

I. Коэффициенты генетического сходства и дистанции между таксономическими единицами

I.1. Коэффициент дистанции по Роджерсу

Коэффициент дистанции Роджерса (Rogers, 1972) подсчитывается по следующей формуле:

$$D_R = \frac{1}{L} \sum_{j=1}^k \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n (P_{ij} - P'_{ij})^2 \frac{1}{2}$$

где P_{ij} и P'_{ij} - частоты i -го аллеля, j -го локуса в сравниваемых двух популяциях; L - количество исследованных локусов.

Коэффициент D_R может принимать значения от 0 до 1. Чем меньше значение D_R , тем большим сходством обладают сравниваемые популяции. При $D_R = 0$ популяции идентичны. Если $D_R = 1$, в популяциях нет ничего родственного.

I.2. Коэффициент сходства I по Ней

Коэффициент сходства Ней (Nei, 1972) вычисляется по формуле:

$$I_N = \frac{\sum_{j=1}^k \sum_{i=1}^n x_{ij} y_{ij}}{\sqrt{\left(\sum_{j=1}^k \sum_{i=1}^n x_{ij}^2\right) \left(\sum_{j=1}^k \sum_{i=1}^n y_{ij}^2\right)}}$$

4

где x_{ij} и y_{ij} - частоты i -го аллеля j -го локуса в сравниваемых популяциях.

Коэффициент сходства I принимает значения от 0 до 1. При $I_N = 0$ популяции максимально различны, а при $I_N = 1$ максимально близки.

I.3. Коэффициент дистанции D по Ней

Коэффициент дистанции Ней (Nei, 1972) подсчитывается по формуле:

$$D_N = -\ln I_N$$

Если $D_N = 0$, то популяции идентичны. Чем больше значение D_N , тем менее родственны сравниваемые популяции. D_N может быть больше единицы. Считается, что коэффициент дистанции Ней самый точный и поэтому он используется практически всеми исследователями.

2. Показатели генетической изменчивости популяций

2.1. Доля полиморфных локусов P (полиморфность)

Показатель полиморфности подсчитывается по следующей формуле:

$$P = \frac{A}{B}$$

где A - количество полиморфных локусов, а B - количество всех исследованных локусов. По 99% критерию локус считался полиморфным, если наиболее общий аллель встречался с частотой не более 99%, а если наиболее общий аллель встречался с частотой не более 95%, то локус считался полиморфным по 95% критерию.

2.2. Количество аллелей на локус

Для вычисления этого показателя число всех найденных аллелей делится на количество локусов. Часто подсчитывают показатель количества не редких аллелей на локус. При этом делится на количество локусов только число аллелей, которые встречаются с частотой более 1%.

2.3. Средняя гетерозиготность \bar{H} (гетерозиготность на особь, на локус, на поколение)

Для расчета гетерозиготности по какому-либо локусу использовали формулу: $\bar{H} = 1 - \sum x_i^2$

где x_i - частота i -го аллеля. Показатель средней гетерозиготности (\bar{H}) вычисляется как среднеарифметическая показателей

5

гетерозиготности по всем локусам $\bar{H} = \frac{1}{L} \sum H_j$,

где H_j - гетерозиготность j-го локуса, а L - количество исследованных локусов.

3. Невзвешенный парно-групповой метод кластерного анализа (НПГМА)

НПГМА является одним из самых простых методов кластерного анализа и проводится следующим образом. В матрице данных по сравниваемым популяциям выбираются две наиболее близкие между собой. Затем данные этих двух популяций относительно какой-либо третьей складываются и делятся пополам (усредняются). Аналогичным образом усредняются значения этих двух популяций по отношению ко всем остальным (табл. 5). После того, как будут получены усредненные значения, данные по двум выбранным популяциям зачеркиваются, а матрица переписывается в новом виде, где вместо двух популяций вписывается новая - усредненная. После этого в новой матрице вновь выбираются две наиболее близкие популяции и вся операция по усреднению повторяется (табл. 5). Процесс объединения происходит до тех пор, пока в матрице не останется только две популяции (Доран, Одедл, 1977).

ПРИМЕР РАБОТЫ ПРОГРАММЫ

Результаты работы и возможности программы "GEN" могут быть продемонстрированы на конкретном примере. В течение нескольких лет нами были проанализированы по 15 генам популяции четырех видов-двойников *Drosophila*, обитающих на территории СССР. В таблице I представлены аллельные частоты 15 генов по 11 таксонам. Три первых таксона - это виды двойники *D. virilis*, *D. montana* и *D. lushei*, морфологические различия между которыми отсутствуют полностью. Четвертый и пятый - подвиды *D. littoralis littoralis* и *D. littoralis imeretensis*. Таксоны 6-8 - это популяции, относящиеся к подвиду *D. l. imeretensis*. Причем, 2 популяции - Геленжик и Убинка расположены недалеко друг от друга (60 км) в Краснодарском крае, а третья - Гумати находится на значительном расстоянии в Грузии. И, наконец, в последних трех столбцах представлены данные по популяциям Гомель-Болотная, Горьель-Ручейная и Мукачево, относящимся к подвиду

ВВОДИЛИСЬ ЧАСТОТЫ АЛЛЕЛЕЙ, КЛВЧ=2

ЧАСТОТЫ АЛЛЕЛЕЙ В ПОПУЛЯЦИЯХ DROSOPHILA												
ЛОКУС :	П О П У Л Я Ц И И											
АЛЛЕЛИ:	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
PGH СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ												
N	128	46	28	510	819	132	350	5	106	156	101	
0.40	0.000	0.000	0.000	0.017	0.011	0.007	0.005	0.000	0.009	0.006	0.029	
0.80	0.000	0.979	0.000	0.964	0.879	0.895	0.905	0.600	0.973	0.969	0.971	
0.85	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
0.95	0.000	0.000	1.000	0.000	0.006	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
1.00	0.961	0.021	0.000	0.015	0.097	0.084	0.074	0.400	0.009	0.019	0.000	
1.20	0.039	0.000	0.000	0.004	0.002	0.000	0.005	0.000	0.009	0.006	0.000	
1.22	0.000	0.000	0.000	0.000	0.004	0.000	0.003	0.000	0.000	0.000	0.000	
ME СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ												
N	128	46	30	549	487	132	350	5	106	156	176	
0.65	0.000	0.000	0.967	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
1.00	1.000	0.979	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
1.10	0.000	0.021	0.000	0.002	0.990	0.985	0.991	1.000	0.000	0.006	0.000	
1.20	0.000	0.000	0.000	0.998	0.010	0.015	0.009	0.000	1.000	0.994	1.000	
HK-1 СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ												
N	128	44	28	479	819	132	350	5	106	136	90	
0.40	0.007	0.000	0.900	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
1.00	0.993	1.000	1.000	0.012	0.001	0.000	0.003	0.000	0.000	0.014	0.011	
1.40	0.000	0.000	0.000	0.976	0.991	0.978	0.991	1.000	0.982	0.979	0.989	
1.80	0.000	0.000	0.000	0.008	0.002	0.007	0.003	0.000	0.009	0.007	0.000	
2.00	0.000	0.000	0.000	0.004	0.006	0.015	0.003	0.000	0.009	0.000	0.000	
FUN СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ												
N	128	44	28	489	819	132	350	5	106	144	90	
1.00	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
HK-8 СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ												
N	128	44	28	479	819	132	350	5	106	136	90	
0.90	0.000	0.000	0.214	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
1.00	1.000	1.000	0.786	0.998	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
1.05	0.000	0.000	0.000	0.002	0.000	0.900	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
L-EST-3 НЕ СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ												
N	128	45	33	558	782	133	352	5	116	149	132	
0.00	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
0.84	0.435	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
0.85	0.000	0.000	0.000	0.000	0.076	0.075	0.068	0.000	0.000	0.000	0.000	
0.89	0.148	0.022	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
0.90	0.000	0.912	0.000	0.002	0.235	0.233	0.237	0.000	0.008	0.000	0.000	
0.92	0.000	0.000	0.151	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
0.94	0.000	0.022	0.060	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
0.95	0.045	0.022	0.060	0.184	0.432	0.482	0.464	1.000	0.155	0.255	0.190	
0.98	0.179	0.000	0.121	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
1.00	0.172	0.000	0.276	0.055	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
1.02	0.000	0.000	0.090	0.348	0.087	0.075	0.102	0.000	0.302	0.315	0.257	
1.07	0.000	0.000	0.121	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
1.10	0.000	0.000	0.121	0.306	0.111	0.135	0.127	0.000	0.379	0.248	0.333	
1.14	0.000	0.000	0.000	0.145	0.000	0.000	0.000	0.000	0.059	0.140	0.197	

B-EST-2 НЕ СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ											
N	128	47	33	549	521	133	352	5	112	154	134
0.00	0.000	0.021	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.00	0.571	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.02	0.000	0.916	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.11	0.257	0.021	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.16	0.000	0.042	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.18	0.172	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.27	0.000	0.000	0.060	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.36	0.000	0.000	0.030	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000
1.39	0.000	0.000	0.060	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.44	0.000	0.000	0.151	0.082	0.001	0.000	0.000	0.000	0.125	0.104	0.045
1.46	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.032	0.023
1.48	0.000	0.000	0.272	0.622	0.008	0.015	0.012	0.000	0.572	0.565	0.701
1.50	0.000	0.000	0.397	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.51	0.000	0.000	0.030	0.269	0.991	0.985	0.989	1.000	0.303	0.292	0.231

ACPH-1 НЕ СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ											
N	110	44	30	542	782	132	350	5	106	152	135
0.00	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.000	0.200	0.000	0.000
1.00	0.991	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.01	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.03	0.000	0.000	0.000	0.021	0.006	0.007	0.003	0.000	0.038	0.040	0.007
1.05	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.07	0.000	0.110	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.08	0.000	0.460	0.000	0.856	0.979	0.979	0.994	0.800	0.840	0.809	0.918
1.14	0.000	0.000	0.000	0.070	0.010	0.007	0.008	0.000	0.094	0.092	0.053
1.20	0.000	0.000	0.000	0.053	0.004	0.007	0.005	0.000	0.028	0.059	0.023
1.26	0.000	0.386	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.35	0.000	0.000	0.867	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.45	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.58	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.80	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

ADM НЕ СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ											
N	128	44	30	475	717	132	322	5	80	112	136
1.00	1.000	1.000	0.000	0.002	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.40	0.000	0.000	1.000	0.998	0.994	0.993	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
1.80	0.000	0.000	0.000	0.000	0.005	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

ODM НЕ СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ											
N	88	32	8	133	180	66	114	3	52	12	28
0.75	0.000	0.031	0.000	0.015	0.005	0.000	0.008	0.000	0.019	0.000	0.035
1.00	0.977	0.969	1.000	0.919	0.941	0.940	0.950	1.000	0.943	0.917	0.895
1.05	0.023	0.000	0.000	0.022	0.016	0.015	0.017	0.000	0.038	0.006	0.035
1.10	0.000	0.000	0.000	0.037	0.033	0.030	0.035	0.000	0.000	0.083	0.035
1.20	0.000	0.000	0.000	0.007	0.005	0.015	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

L-EST-4 НЕ СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ											
N	128	46	33	558	782	133	352	5	114	149	132
0.70	0.000	0.000	0.030	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
0.95	0.000	0.000	0.151	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.00	0.000	0.000	0.768	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.05	0.000	0.000	0.151	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

L-SPIN НЕ СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ											
N	68	18	22	112	62	0	0	0	0	0	0
1.00	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

C-MDN СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ											
N	92	42	28	188	0	0	0	0	0	0	0
0.90	0.000	0.075	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
0.91	0.000	0.000	0.000	0.952	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
0.94	0.000	0.000	1.000	0.048	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
0.96	0.000	0.118	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.00	1.000	0.787	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

M-MDN СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ											
N	92	42	28	188	0	0	0	0	0	0	0
1.00	1.000	1.000	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

IDN СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ											
N	0	42	28	188	0	0	0	0	0	0	0
0.87	0.000	0.000	0.965	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
0.90	0.000	0.000	0.035	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
0.95	0.000	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
0.98	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
1.00	0.000	0.977	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

НАЗВАНИЯ ПОПУЛЯЦИИ

НОМЕР	ИМЯ
1	D.VIRILIS
2	D.LINNET
3	D.MONTANA
4	D.L.LITTORALIS
5	D.L.ITERETENSIS
6	D.L.I.-ГЕЛЕННИК
7	D.L.I.-УВИНКА
8	D.L.I.-ГУМАТИ
9	D.L.L.-ГОМЕЛЬ-В
10	D.L.L.-ГОМЕЛЬ-Р
11	D.L.L.-МУКАЧЕВО

МАТРИЦА ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОЭФФИЦИЕНТОВ ДИСТАНЦИИ ПО РОДЖЕРСУ (1972)

ПОПУЛЯЦИЯ	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1 D. VIRILIS	000.	254.	475.	503.	518.	567.	569.	557.	551.	550.	561.	
2 D. LUMMEI	254.	000.	522.	457.	424.	462.	461.	518.	451.	451.	461.	
3 D. MONTANA	475.	522.	000.	490.	488.	534.	534.	544.	490.	491.	502.	
4 D. L. LITTORALIS	503.	457.	490.	000.	186.	202.	201.	270.	20.	19.	21.	
5 D. L. IMERETENSIS	518.	424.	488.	186.	000.	8.	7.	92.	204.	201.	206.	
6 D. L. I. - ГЕЛЕНЖИК	567.	461.	534.	202.	8.	000.	8.	93.	203.	200.	206.	
7 D. L. I. - УБИНКА	569.	461.	534.	201.	7.	8.	000.	92.	202.	199.	204.	
8 D. L. I. - ГУМАТИ	557.	518.	544.	270.	92.	93.	92.	000.	268.	262.	277.	
9 D. L. L. - ГОМЕЛЬ-Б	551.	451.	490.	20.	204.	203.	202.	268.	000.	26.	34.	
10 D. L. L. - ГОМЕЛЬ-Р	550.	451.	491.	19.	201.	200.	199.	262.	26.	000.	35.	
11 D. L. L. - МУКАЧЕВО	561.	461.	502.	21.	206.	206.	204.	277.	34.	35.	000.	

Таблица 3

МАТРИЦА ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОЭФФИЦИЕНТОВ ДИСТАНЦИИ ПО НЕИ (1972)

ПОПУЛЯЦИЯ	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1 D. VIRILIS	000.	279.	673.	828.	876.	1057.	1062.	757.	1043.	1036.	1071.	
2 D. LUMMEI	279.	000.	764.	577.	590.	683.	682.	823.	697.	695.	707.	
3 D. MONTANA	673.	764.	0.	704.	694.	818.	819.	820.	728.	728.	747.	
4 D. L. LITTORALIS	828.	677.	704.	000.	179.	201.	200.	271.	1.	1.	1.	
5 D. L. IMERETENSIS	876.	590.	694.	179.	000.	0.	0.	37.	198.	194.	212.	
6 D. L. I. - ГЕЛЕНЖИК	1057.	683.	818.	201.	0.	000.	0.	35.	197.	192.	210.	
7 D. L. I. - УБИНКА	1062.	682.	819.	200.	0.	0.	000.	36.	196.	191.	209.	
8 D. L. I. - ГУМАТИ	757.	823.	820.	271.	37.	35.	36.	000.	270.	254.	282.	
9 D. L. L. - ГОМЕЛЬ-Б	1043.	697.	728.	1.	198.	197.	196.	270.	000.	3.	4.	
10 D. L. L. - ГОМЕЛЬ-Р	1036.	695.	728.	1.	194.	192.	191.	254.	3.	000.	4.	
11 D. L. L. - МУКАЧЕВО	1071.	707.	747.	1.	212.	210.	209.	282.	4.	4.	000.	

Таблица 4

МАТРИЦА ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОЭФФИЦИЕНТОВ СХОДСТВА ПО НЕИ (1972)

ПОПУЛЯЦИЯ	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1 D. VIRILIS	1000.	757.	510.	437.	417.	347.	346.	384.	352.	355.	343.	
2 D. LUMMEI	757.	1000.	466.	508.	555.	505.	505.	439.	498.	499.	493.	
3 D. MONTANA	510.	466.	1000.	495.	503.	442.	441.	440.	483.	483.	474.	
4 D. L. LITTORALIS	437.	508.	495.	1000.	836.	818.	818.	743.	999.	999.	999.	
5 D. L. IMERETENSIS	417.	555.	503.	836.	1000.	1000.	1000.	964.	820.	824.	809.	
6 D. L. I. - ГЕЛЕНЖИК	347.	505.	442.	818.	1000.	1000.	1000.	966.	821.	825.	811.	
7 D. L. I. - УБИНКА	346.	505.	441.	818.	1000.	1000.	1000.	964.	822.	826.	811.	
8 D. L. I. - ГУМАТИ	384.	439.	440.	743.	964.	966.	964.	1000.	764.	776.	755.	
9 D. L. L. - ГОМЕЛЬ-Б	352.	498.	483.	999.	820.	821.	822.	764.	1000.	997.	996.	
10 D. L. L. - ГОМЕЛЬ-Р	355.	499.	483.	999.	824.	825.	826.	776.	997.	1000.	996.	
11 D. L. L. - МУКАЧЕВО	343.	493.	474.	999.	809.	811.	811.	755.	996.	996.	1000.	

ду *D. l. littoralis*.

Матрицы данных, показывающие степень родства между 11 сравниваемыми таксонами, выведены машиной на печать и представлены в табл. 2, 3, 4. Поскольку наиболее точным является коэффициент дистанции Неи, то достаточно проанализировать результаты, представленные в табл. 3. Из табл. 3 видно, что наименьшее значение D_N оказалось между популяциями Геленжик и Убинка. Причем, дистанция равная нулю говорит о полной идентичности двух популяций. Практически не отличается от них популяция Гумати. D_N между ними чуть превышает 0,035. (Значения коэффициентов приведены в виде 3-х знаков после запятой, если же значение состоит из 4-х знаков, то первый знак целые).

Очень близки между собой оказались популяции Мукачево, Гомель-Болотная, Гомель-Ручейная. Здесь D_N не превышала 0,004. В то же время, эти популяции существенно отличаются от трех кавказских. Так, например, от популяции Гумати они удалены на D_N более 0,250, а от Убинка и Геленжик на 0,190. Дистанция D_N , превышающая значение 0,150, характеризует популяции на северо-западе, достигших статуса подвидов. Все это позволяет нам безошибочно отнести особей шести проанализированных популяций к двум разным подвидам.

Аналогичным образом, на основе разработанных коэффициентов и с помощью нашей программы "Gen", можно легко определять, в каком таксономическом родстве находятся сравниваемые популяции и даже отдельные особи (близкие рода, виды, виды-двойники, подвиды, популяции).

Программа "Gen" также даст возможность устанавливать филогенетические взаимоотношения между исследованными таксонами.

Рассмотрим первые пять таксонов, приведенные в табл. 1, 2, 3, 4. Опять же сосредоточимся на коэффициенте дистанции Неи - как наиболее точном, и проведем невзвешенный парно-групповой кластерный анализ. Наиболее близкими друг к другу оказываются популяции 4 и 5 (*D. l. littoralis* и *D. l. imeretensis*), дистанция Неи между которыми равна 0,179. В табл. 5 (этап I) машина провела усреднение и объединение этих популяций в одну под номером 4. На втором этапе машина объединила под номером I популяции 1 и 2 (*D. virilis* и *D. lummei*). Просмотрев новую матрицу, мы видим, что наименьшее значение $D_N = 0,699$ наблюдается между популяцией *D. montana* (3) и объединенной популяцией 4.

Таблица 5

АНАЛИЗ МАТРИЦ РАССТОЯНИИ ДЛЯ ПОСТРОЕНИЯ ДРЕВА

Этап I

ОБЪЕДИНЕННЫ СТРОКИ И СТОЛБЦЫ С НОМЕРАМИ: 4 5
 ВЫЧЕРКНУТЫ СТРОКА: 5 И СТОЛБЕЦ: 5 ДИСТАНЦИЯ: 179.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	000.	279.	673.	852.	*****											
2	279.	000.	764.	633.	*****											
3	673.	764.	0.	699.	*****											
4	852.	633.	699.	000.	*****											
5	*****	*****	*****	*****	*****											

Этап 2

ОБЪЕДИНЕННЫ СТРОКИ И СТОЛБЦЫ С НОМЕРАМИ: 1 2
 ВЫЧЕРКНУТЫ СТРОКА: 2 И СТОЛБЕЦ: 2 ДИСТАНЦИЯ: 279.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	000.	*****	718.	742.	*****											
2	*****	*****	*****	*****	*****											
3	718.	*****	0.	699.	*****											
4	742.	*****	699.	000.	*****											
5	*****	*****	*****	*****	*****											

Этап 3

ОБЪЕДИНЕННЫ СТРОКИ И СТОЛБЦЫ С НОМЕРАМИ: 3 4
 ВЫЧЕРКНУТЫ СТРОКА: 4 И СТОЛБЕЦ: 4 ДИСТАНЦИЯ: 699.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	000.	*****	730.	*****	*****											
2	*****	*****	*****	*****	*****											
3	730.	*****	0.	*****	*****											
4	*****	*****	*****	*****	*****											
5	*****	*****	*****	*****	*****											

Этап 4

ОБЪЕДИНЕННЫ СТРОКИ И СТОЛБЦЫ С НОМЕРАМИ: 1 3
 ВЫЧЕРКНУТЫ СТРОКА: 3 И СТОЛБЕЦ: 3 ДИСТАНЦИЯ: 730.

Соответственно объединить нужно именно их. Ход этой операции предстает в табл. 5, этап 3. И, наконец, на четвертом этапе объединяются последние 2 столбца. D_N между ними равна 0,730. На основе проведенного кластерного анализа легко построить дендрограмму, которая наглядно демонстрирует эволюционные взаимоотношения между особями из пяти проанализированных таксонов (рис. I). Еще одним важным достоинством коэффициента дистанции Ней является тот факт, что на его основе можно определить время дивергенции таксонов. Из рис. I хорошо видно время дивергенции между кавказским подвидом *D. l. imeretensis* и европейским подвидом *D. l. littoralis*. Разделение двух подвидов произошло относительно недавно (около 200 тыс. лет назад) в результате наступления ледника, вытеснившего часть популяции на Балканы, а другую часть в горы Кавказа. Географическому воссоединению подвидов препятствовал водный пролив, долгое время существовавший между Каспием и Черным морем, а также образовавшиеся степи. Следует отметить, что репродуктивный барьер между этими подвидами еще не сформировался.

Дистанция Ней между видами-двойниками *D. virilis* и *D. lullei* достигает 0,28, и по шкале Кимур (рис. I) они отделены друг от друга более 400 тыс. лет назад. Между этими видами в лабораторных условиях удается получать фертильных гибридов обоего пола, однако в природных условиях гибриды не встречались.

D. montana отделилась от подвидов *D. l. littoralis* и *D. l. imeretensis* более 800 тыс. лет назад ($D_N = 0,69$), и между ними сформировался уже практически полный репродуктивный барьер.

И, наконец, виды филады *Virilis* и *Montana* отделились друг от друга около миллиона лет назад (рис. I).

Таким образом, кластерный анализ дал нам возможность установить филосгенетические взаимоотношения между пятью таксонами. В табл. 6 приводятся значения D_N для разных таксономических категорий. По этой таблице легко определить, в каком таксономическом родстве находятся любые исследованные популяции и особи.

Кроме разрешения филосгенетических и геносистематических вопросов программа "Ged" дает возможность определять уровень изменчивости, характерный для видов и популяций. В табл. 7 представлены данные, демонстрирующие основные показатели полиморфизма в 11 исследованных таксонах. Рассмотрим 6 локальных популяций европейской части и Кавказа (6 последних таксонов). Из табл. 7

Значение дистанции Неи для различных таксономических групп

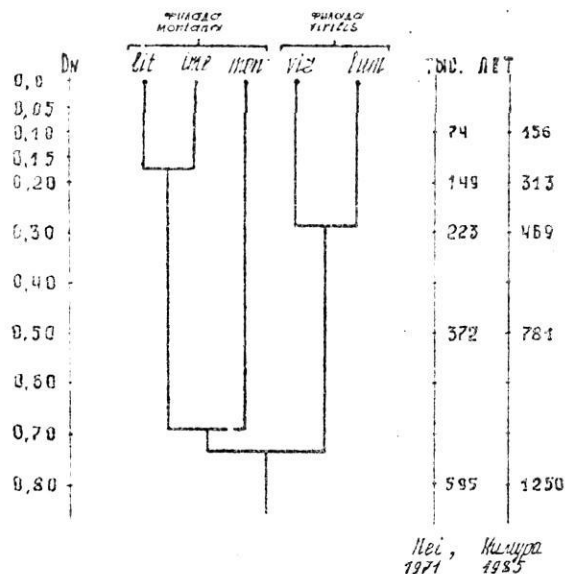
Таксономические группы	Дистанция Неи (D_N)
Локальные популяции	от 0,0 до 0,06
Подвиды	от 0,1 до 0,31
Близкородственные и двойники те виды	от 0,26 до 0,8
Морфологически отличимые, но родственные виды	от 0,3 до 1,3
Четкие виды и близкородственные рода	от 1,2 и более

четко видно, что показатель доли полиморфных локусов, подсчитанный по 99% критерию в трех европейских популяциях (3 последних таксона), равен 0,600. Следовательно, 60% генов в этих популяциях изменчивы. Во всех трех популяциях Кавказа этот показатель имеет разные значения. Наибольшее количество полиморфных генов (70%) обнаружено в популяции Геленжик, а наименьшее (20%) — в популяции Гумати.

Если рассмотреть в целом показатели изменчивости у кавказского и европейского подвидов *D. l. imeretensis* и *D. l. littoralis*, то оказывается, что второй подвид более полиморфен по всем показателям. Так, показатели доли полиморфных локусов и среднего числа нередких аллелей у *D. l. littoralis* равны 0,500 и 2,214, в то время как у *D. l. imeretensis* — 0,455 и 1,727 соответственно.

Наиболее важный параметр изменчивости — средняя гетерозиготность, показывающий, по какой части генов гетерозиготна отдельная особь, был также выше в популяциях европейского подвида. Здесь, в среднем, каждая муха гетерозиготна почти по 14% своих генов, тогда как муха *D. l. imeretensis* гетерозиготна по 11%.

Более высокий уровень изменчивости у *D. l. littoralis* говорит о том, что этот подвид занимает больший ареал по сравнению с кавказским подвидом и менее пострадал в ходе наступления ледников. Кроме того, *D. l. imeretensis* в ледниковый период по видимому прошла через жесткий инбридинг вследствие того, что от



Филогенез видов *Drosophila* группы *Viris*, по дистанции Неи (D_N) на основе электрофоретических различий в 15 генах, кодирующих различные ферменты. Филогенетическое древо включает в себя 4 вида (по 2 из филы *Montana* и *Virilis*), которые обитают в популяциях СССР. Вид *D. littoralis* представлен двумя подвидами — *D. l. littoralis* и *D. l. imeretensis* (lit, ime). Виды *D. virilis*, *D. lummei* и *D. montana* обозначены как vir, lum и mon соответственно.

Рис. I

Таблица 2

ДОЛЯ ПОЛИМОРФНЫХ ЛОКУСОВ, СРЕДНЕЕ ЧИСЛО АЛЛЕЛЕЙ
НА ЛОКУС И СРЕДНЯЯ ГЕТЕРОЗИГОТНОСТЬ В ПРИРОДНОЙ
ПОПУЛЯЦИИ

НАЗВАНИЕ ПОПУЛЯЦИИ	ДОЛЯ ПОЛИМОРФНЫХ ЛОКУСОВ		СРЕДНЕЕ ЧИСЛО АЛЛЕЛЕЙ		СРЕДНЯЯ ОЖИДАЕ- МАЯ ГЕТЕРОЗИ- ГОТНОСТЬ
	95% КРИ- ТЕРИИ	99% КРИ- ТЕРИИ	С ЧАСТО- ТОИ > (ОШИБКА)	С ЧАСТО- ТОИ > (ОШИБКА)	
D.VIRILIS	0.154	0.308	1.769	1.615	0.112
D.LUMEI	0.286	0.571	1.371	1.363	0.028
D.MONTANA	0.333	0.467	2.214	2.214	0.107
D.L.LITTORALIS	0.286	0.500	1.600	1.600	0.046
D.L.ZHERETENSIS	0.273	0.455	2.400	2.400	0.176
D.L.I.-ГЕЛЕННИК	0.300	0.700	2.261	2.261	0.072
D.L.I.-УБИЖКА	0.300	0.500	2.929	2.214	0.137
D.L.I.-ГУНАТИ	0.200	0.200	2.029	1.600	0.015
D.L.L.-ГОМЕЛЬ-Б	0.400	0.600	3.364	1.727	0.107
D.L.L.-ГОМЕЛЬ-Р	0.400	0.600	2.547	1.493	0.011
D.L.L.-МУКАЧЕВО	0.400	0.600	2.900	2.100	0.115
			2.133	1.645	0.028
			2.900	1.800	0.166
			2.235	1.520	0.016
			1.200	1.200	0.080
			0.650	0.650	0.121
			2.700	2.100	0.178
			2.174	1.794	0.037
			2.800	2.300	0.193
			2.155	1.842	0.032
			2.500	2.400	0.163
			1.993	1.892	0.037

популяции сохранилось только очень небольшое количество особей, которые затем и дали потомков, населяющих сейчас Кавказ. О прошедшем инбридинге может свидетельствовать и полный мономорфизм по гену *v-Est-2* (табл. 1) в кавказских популяциях, тогда как в европейских он является одним из самых полиморфных.

Таким образом, анализ параметров изменчивости, проведенный с помощью программы "Gen", позволяет определить не только состояние популяции в данное время, но и узнать кое-что о ее прошлом.

И Н С Т Р У К Ц И Я
ПО ЭКСПЛУАТАЦИИ ПРОГРАММЫ GEN

ПРОГРАММА ПРЕДНАЗНАЧЕНА ДЛЯ ВЫЧИСЛЕНИЯ КОЭФФИЦИЕНТОВ ДИСТАНЦИИ И СХОДСТВА БИОЛОГИЧЕСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ, РАСЧЕТА ПОКАЗАТЕЛЕЙ ПОЛИМОРФИЗМА ПОПУЛЯЦИИ, КЛАСТЕРНОГО АНАЛИЗА ПОПУЛЯЦИИ.

ПРОГРАММА РЕАЛИЗОВАНА НА АЛГОРИТМИЧЕСКОМ ЯЗЫКЕ FORTRAN-4 ЭЛЕКТРОННОЙ ВЫЧИСЛИТЕЛЬНОЙ МАШИНЫ С И - 4.

И С Х О Д Я Щ И Е Д А Н Н Ы Е Д Л Я РАБОТЫ ПРОГРАММЫ ЯВЛЯЮТСЯ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ ДАННЫЕ О РАСПРОСТРАНЕННОСТИ АЛЛЕЛЕЙ РАЗЛИЧНЫХ ЛОКУСОВ, НАБЛЮДАЕМЫХ В ИССЛЕДУЕМЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ. ПОДГОТОВКА ДАННЫХ ДЛЯ РАСЧЕТОВ ПО ПРОГРАММЕ ВЫПОЛНЯЕТСЯ НА ВИДЕОТЕРМИНАЛЬНОМ УСТРОЙСТВЕ С ПОМОЩЬЮ РЕАКТОРА ТЕКСТОВ (EDIT, TED, И ДР.), МАССИВ (ФАЙЛ) ИСХОДНЫХ ДАННЫХ ЗАПИСЫВАЕТСЯ НА НАСТЯННУЮ ДИСК С ПРОИЗВОЛЬНЫМ ИМЕНЕМ, НАПРИМЕР, GEN.D.

П О Р Я Д О К П О Д Г О Т О В К И Д А Н Н Ы Х

П Е Р В А Я С Т Р О К А. В ПЕРВОМ СИМВОЛЕ ЭТОЙ СТРОКИ УКАЗЫВАЕТСЯ ВАРИАНТ ВВОДА ИСХОДНЫХ ДАННЫХ:

1 - ЕСЛИ ПО ОТДЕЛЬНЫМ АЛЛЕЛЯМ ЛОКУСОВ БУДЕТ ВВОДИТЬСЯ КОЛИЧЕСТВО ПОПУЛЯЦИЙ, ИМЕЮЩИХ ТАКОЕ АЛЛЕЛЬ;

2 - ЕСЛИ ПО ОТДЕЛЬНЫМ АЛЛЕЛЯМ ЛОКУСОВ БУДЕТ ВВОДИТЬСЯ ЧАСТОТА АЛЛЕЛЯ.

В Т Р Е Т Ь Я С Т Р О К А. С ПЕРВОГО СИМВОЛА ЭТОЙ СТРОКИ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНО ЗАНОСЯТСЯ:

- КОЛИЧЕСТВО ПОПУЛЯЦИИ - 2 ЗНАКА;
- КОЛИЧЕСТВО ЛОКУСОВ - 2 ЗНАКА;
- ИМЯ ГРУППЫ ПОПУЛЯЦИИ - 25 ЗНАКОВ.

Т Р Е Т Ь Я С Т Р О К А. С ПЕРВОГО СИМВОЛА ТРЕТЬЕЙ СТРОКИ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНО ЗАНОСЯТСЯ ИМЕНА ПОПУЛЯЦИИ. НА КАЖДОЕ ИМЯ ОТВОДИТСЯ 15 ЗНАКОВ. В СТРОКЕ РАЗМЕЩАЕТСЯ НЕ БОЛЕЕ 5 ИМЕН (ВЕСТОЕ ПО СЧЕТУ ИМЯ ЗАНОСИТСЯ С ПЕРВОГО СИМВОЛА ЧЕТВЕРТОЙ СТРОКИ).

П О С Л Е Д У Ю Щ И Е С Т Р О К И. В ПОСЛЕДУЮЩИХ СТРОКАХ УКАЗЫВАЮТСЯ ДАННЫЕ ПО ОТДЕЛЬНЫМ ЛОКУСАМ.

ПО КАЖДОМУ ОЧЕРЕДНОМУ ЛОКУСУ УКАЗЫВАЮТСЯ СЛЕДУЮЩИЕ ДАННЫЕ:

- 1) - ИМЯ ЛОКУСА - 15 ЗНАКОВ;
- КОЛИЧЕСТВО АЛЛЕЛЕЙ В ЛОКУСЕ - 2 ЗНАКА;
- УКАЗАТЕЛЬ СВЯЗИ ЛОКУСА С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ - 1 ЗНАКА.

УКАЗАТЕЛЬ СВЯЗИ ЛОКУСА С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ ПРИНИМАЕТ СЛЕДУЮЩИЕ ЗНАЧЕНИЯ:

- 00 - ЕСЛИ ЛОКУС НЕ СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ;
- 01 - ЕСЛИ ЛОКУС СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ.

2) - КОЛИЧЕСТВО ИССЛЕДОВАННЫХ ГЕНОМОВ В ПОПУЛЯЦИЯХ: НА КАЖДОЕ ЧИСЛЕННОЕ ЗНАЧЕНИЕ ОТВОДИТСЯ 4 ЗНАКА. (ЭТИ ДАННЫЕ УКАЗЫВАЮТСЯ ТОЛЬКО В ТОМ СЛУЧАЕ, КОГДА В МАШИНУ БУДУТ ВВОДИТЬСЯ ЧАСТОТЫ АЛЛЕЛЕЙ. В ПРОТИВНОМ СЛУЧАЕ СТРОКА С УКАЗАНИЕМ ОБЩЕГО КОЛИЧЕСТВА ИССЛЕДОВАННЫХ ГЕНОМОВ ОПУСКАЕТСЯ).

3) ДАЛЕЕ В КАЖДОЙ ОЧЕРЕДНОЙ СТРОКЕ, ОТНОСЯЩЕЙСЯ К ЛОКУСУ УКАЗЫВАЕТСЯ:

- ИМЯ АЛЛЕЛЯ - 5 ЗНАКОВ;
- КОЛИЧЕСТВЕННЫЕ ДАННЫЕ ПО АЛЛЕЛЯМ ДЛЯ РАЗЛИЧНЫХ ПОПУЛЯЦИЙ - ПО 5 ЗНАКОВ НА ЧИСЛО.

В ИЗОбРАЖЕНИИ КАЖДОГО ЧИСЛА, ОПРЕДЕЛЯЮЩЕГО ЗНАЧЕНИЕ ЧАСТОТЫ АЛЛЕЛЯ В ЛОКУСЕ, ДОЛЖНА ПРИСУТСТВОВАТЬ ДЕСЯТИЧНАЯ ТОЧКА. ЧИСЛО (ВМЕСТЕ С ТОЧКОЙ) ДОЛЖНО ЗАНИМАТЬ СТРОГО 5 ЗНАКОВ. НУЛИ МОЖНО ЗАМЕНЯТЬ ПРОБЕЛАМИ.

ЕСЛИ КОЛИЧЕСТВО ИССЛЕДУЕМЫХ ПОПУЛЯЦИЙ БОЛЬШЕ 15, ТО ПО ШЕСТНАДЦАТОЙ И ПОСЛЕДУЮЩИХ ПОПУЛЯЦИЯМ ЧИСЛЕННЫЕ ВЕЛИЧИНЫ СЛЕДУЕТ УКАЗЫВАТЬ В ОЧЕРЕДНОЙ СТРОКЕ, НАЧИНАЯ С 6 ЗНАКА.

Р Е З У Л Ь Т А Т Ы Р А Б О Т Ы П Р О Г Р А М М Ы.

- 1. РАСПЕЧАТКА ИСХОДНЫХ ДАННЫХ;
- 2. МАТРИЦА ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОЭФФИЦИЕНТОВ ДИСТАНЦИИ ПО ФОРМУЛЕ СУ;
- 3. МАТРИЦА ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОЭФФИЦИЕНТОВ ДИСТАНЦИИ ПО НЕИ (1972);

4. МАТРИЦА ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОЭФФИЦИЕНТОВ СХОДСТВА ПО НЕИ (1972);
5. РЕЗУЛЬТАТЫ КЛАСТЕРНОГО АНАЛИЗА;
6. ДОЛЯ ПОЛИМОРФНЫХ ЛОКУСОВ, СРЕДНЕЕ ЧИСЛО АЛЛЕЛЕЙ НА ЛОКУС И СРЕДНЯЯ ГЕТЕРОЗИГОТНОСТЬ В ПРИРОДНЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ (В ТОМ ЧИСЛЕ ДЛЯ ФЕРМЕНТОВ СВЯЗАННЫХ С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ И ДЛЯ ФЕРМЕНТОВ С ШИРОКОЙ СУБСТРАТНОЙ СПЕЦИФИЧНОСТЬЮ).

О Г Р А Н И Ч Е Н И Я П Р О Г Р А М М Ы.

МАКСИМАЛЬНОЕ КОЛИЧЕСТВО ПОПУЛЯЦИИ - 20;
 МАКСИМАЛЬНОЕ КОЛИЧЕСТВО ЛОКУСОВ - 15;
 МАКСИМАЛЬНОЕ КОЛИЧЕСТВО АЛЛЕЛЕЙ В ЛОКУСЕ - 15.

В Н У Т Р Е Н Н И Е П Р О Г Р А М М Ы.

DREVO
 FIGA
 SHAP
 STAT
 TABL

О Б Р А Щ Е Н И Е К П Р О Г Р А М М Е. ОБРАЩЕНИЕ К ПРОГРАММЕ ВЫПОЛНЯЕТСЯ СТАНДАРТНЫМ СПОСОБОМ, ПРИНЯТЫМ В ЭО-Р В(С.О); ПО ИМЕНИ ПРОГРАММЫ; "GEN", НАПРИМЕР: RUN DP1:G300,300IBGEN.

ПРОГРАММА ЗАПРАШИВАЕТ ИМЯ ПОДГОТОВЛЕННОГО МАССИВА ДАННЫХ:

"ВВЕДИТЕ ИМЯ ФАЙЛА С ИСХОДНЫМИ ДАННЫМИ >"

СЛЕДУЕТ ОТВЕЧАТЬ, НАПРИМЕР, ТАК: DP1:G300,300IBIOSD.

ЕСЛИ СУММА ЧАСТОТ В НЕКОТОРОЙ ПОПУЛЯЦИИ ПО ОПРЕДЕЛЕННОМУ ЛОКУСУ НЕ РАВНА 1.0 -- 0.01 МАШИНА ВЫДАЕТ СООБЩЕНИЕ:

"СУММА ЧАСТОТ НЕ РАВНА 1.0"

"ПОПУЛЯЦИЯ ... NN"

"ЛОКУС ... NN"

"ПРОДОЛЖАТЬ ? (ДА, НЕТ) >"

ДЛЯ ПРОДОЛЖЕНИЯ РАБОТЫ ПРОГРАММЫ СЛЕДУЕТ НАБРАТЬ СЛОВО "ДА" И ВВЕСТИ В МАШИНУ, НАЖАВ ПУСКОВУЮ КЛАВИШУ.

П Р И М Е Р П О Д Г О Т О В К И Д А Н Н Ы Х .

ПУСТЬ ТРЕБУЕТСЯ ПОЛУЧИТЬ РЕЗУЛЬТАТЫ РАБОТЫ ПРОГРАММЫ ДЛЯ СЛЕДУЮЩИХ ИСХОДНЫХ ДАННЫХ.

НАЗВАНИЕ ГРУППЫ ПОПУЛЯЦИИ	-	IMERETENSIS
КОЛИЧЕСТВО ПОПУЛЯЦИИ	-	3
КОЛИЧЕСТВО ЛОКУСОВ	-	2
КОЛИЧЕСТВО АЛЛЕЛЕЙ		
- ПО ПЕРВОМУ ЛОКУСУ	-	2 (0.80 И 1.00)
- ПО ВТОРОМУ ЛОКУСУ	-	1 (1.00)
КОЛИЧЕСТВО ИССЛЕДОВАННЫХ ГЕНОМОВ		
- ПО ПОПУЛЯЦИИ "ЛЕРМОНТОВКА"	-	22
- ПО ПОПУЛЯЦИИ "МИРНАЯ"	-	132
- ПО ПОПУЛЯЦИИ "УБИНКА"	-	18

ИНФОРМАЦИОННЫЕ СТРОКИ МАССИВА, ИСХОДНОГО ДЛЯ РАСЧЕТОВ ПО ПРОГРАММЕ,

ДОЛЖНЫ БЫТЬ ТАКИМИ (ВВОДЯТСЯ ЧАСТОТЫ АЛЛЕЛЕЙ):

```

2
0102 IMERETENSIS
ЛЕРМОНТОВКА...МИРНАЯ.....УБИНКА.....
PGM.....0201
0022 132 018
0.80 0.8190.8950.723
1.00 0.1810.1050.277
NE.....0101
0022 132 018
1.00 1.0001.000
  
```

ЕСЛИ В КАЧЕСТВЕ ИСХОДНЫХ ДАННЫХ ВМЕСТО ЧАСТОТ ВВОДЯТСЯ ЧИСЛА, УКАЗЫ-

ВАЮЩИЕ АБСОЛЮТНОЕ КОЛИЧЕСТВО ГЕНОМОВ, ИМЕЮЩИХ СООТВЕТСТВУЮЩИЙ АЛЛЕЛЬ, ТО

ВИД ИСХОДНОГО МАССИВА СЛЕДУЮЩИЙ:

```

1
0102 IMERETENSIS
ЛЕРМОНТОВКА...МИРНАЯ.....УБИНКА.....
PGM.....0201
0.80 000040011800005
1.00 18 14 13
NE.....0101
1.00 22 132 18
  
```

ТЕКСТ ПРОГРАММЫ

ВЫЧИСЛЕНИЕ ХИСТАММЫ РАЗВИТИЯ БИОЛОГИЧЕСКИХ ПОПУЛЯЦИИ

```

INTEGER KLOK           ! КОЛИЧЕСТВО ДОКУСОВ
/,KPPL                ! КОЛИЧЕСТВО ПОПУЛЯЦИИ
/,RKALL
/,KALL(20)           ! КОЛИЧЕСТВО АЛЛЕЛЕЙ ПО ДОКУСАМ
/,K1
/,IND(20)
/,KOLOS(20,20)       ! КОЛИЧЕСТВО ГЕНОМОВ В ПОПУЛЯЦИЯХ ПО ДОКУСАМ
/,GL(20)             ! УКАЗАТЕЛИ СВЯЗИ С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ
/,K3(20)
/,K4(20)
/,K2
/,K
/,KLUCH
REAL
,INEI(20,20)         ! РАБОЧАЯ МАТРИЦА
/,CHAST(20,15,15)   ! ЧАСТОТА АЛЛЕЛЕЙ ПО ДОКУСАМ В ПОПУЛЯЦИЯХ
/,ROD(20,20)        ! РАБОЧАЯ МАТРИЦА
/,NEI(20,20)        ! РАБОЧАЯ МАТРИЦА
/,NEINS(20,20)     ! РАБОЧАЯ МАТРИЦА
/,SHETL
/,X
/,Y
/,SE
/,SNX
/,SNY
/,DR
/,DN
/,SNXY
/,K5(20)
/,SSS
/,SC
LOGICAL*1 DA,LS
DOUBLE PRECISION IALL(15,20) ! ИМЕНА АЛЛЕЛЕЙ
REAL IPPL(4,20)         ! ИМЕНА ПОПУЛЯЦИИ
/,ILOK(4,20)          ! ИМЕНА ДОКУСОВ
/,IVID(6)
LOGICAL*1 FILE(22)

```

ТЕЛО ПРОГРАММЫ
ВВОД ИСХОДНЫХ ДАННЫХ

```

TYPE 206, '* ВВЕДИТЕ ИМЯ ФАЙЛА С ИСХОДНЫМИ ДАННЫМИ *'
ACCEPT 207, (FILE(I), I=1,22)
CALL ASSIGN(1, FILE, 22)
READ(1, 210) KLUCH
IF (KLUCH.GT.1) GOTO 10
WRITE(6, 220) KLUCH
GOTO 20
10 WRITE(6, 230) KLUCH
20 CONTINUE
30 READ(1, 240) NPPL, KLOK, (IVID(I), I=1,6)
READ(1, 250) (IPPL(J,I), J=1,4), I=1, KPPL)
DO 100 I=1, KLOK
READ(1, 260) (ILOK(J,I), J=1,4), KALL(I), GL(I)
DO 35 J=1, KPPL
KOLOS(J,I)=0.
35 CONTINUE
IF (KLUCH.GT.1) READ(1, 270) (KOLOS(J,I), J=1, KPPL)

```

```

RKALL=KALL(I)
60 DO 90 J=1, RKALL
IF (KLUCH.GT.1) GOTO 65
READ(1, 280) IALL(J,I), (IND(L), L=1, KPPL)
DO 63 L=1, KPPL
CHAST(L,J,I)=IND(L)
KOLOS(L,I)=KOLOS(L,I)+CHAST(L,J,I)
63 CONTINUE
GOTO 80
65 READ(1, 282) IALL(J,I), (CHAST(L,J,I), L=1, KPPL)
80 CONTINUE
90 CONTINUE
IF (KLUCH.GT.1) GOTO 100
DO 95 J=1, RKALL
DO 94 L=1, KPPL
IF (KOLOS(L,I).GT.0) CHAST(L,J,I)=CHAST(L,J,I)/KOLOS(L,I)
94 CONTINUE
95 CONTINUE
100 CONTINUE
CALL CLOSE(1)

```

МОДУЛЬКА

```

TYPE *, ' ПОДУШКА?'
DO 105 I=1, KLOK
RKALL=KALL(I)
DO 104 L=1, KPPL
SC=0.
DO 103 J=1, RKALL
SC=SC+CHAST(L,J,I)
103 CONTINUE
LG=(SC.LT.0.99).OR.(SC.GT.1.01)
IF (.NOT.LG) GOTO 104
TYPE 205, ' СУММА ЧАСТОТ НЕ РАВНА 1.0', L, I
TYPE 204, '* ПРОДОЛЖАТЬ ? (ДА, НЕТ) *'
ACCEPT 203, DA
IF (DA.NE.'A') STOP
104 CONTINUE
105 CONTINUE

```

РАСПЕЧАТКА ИСХОДНЫХ ДАННЫХ

```

WRITE(6, 290) (IVID(I), I=1,6)
WRITE(6, 300)
WRITE(6, 310)
WRITE(6, 320)
WRITE(6, 330)
WRITE(6, 300)
DO 120 I=1, KLOK
IF (GL(I).EQ.0) WRITE(6, 360) (ILOK(K,I), K=1,4)
IF (GL(I).NE.0) WRITE(6, 361) (ILOK(K,I), K=1,4)
WRITE(6, 370) IHN, (KOLOS(J,I), J=1, KPPL)
RKALL=KALL(I)
DO 110 J=1, RKALL
WRITE(6, 380) IALL(J,I), (CHAST(L,J,I), L=1, KPPL)
110 CONTINUE
120 CONTINUE
WRITE(6, 300)
WRITE(6, 350)
WRITE(6, 400)

```

```

WRITE(6,410)
WRITE(6,400)
DO 125 I=1,KPPL
  WRITE(6,420)I,(IPPL(K,I),K=1,4)
125 CONTINUE
WRITE(6,400)
C
C
C
  ВМЧИСЛЕНИЯ
DO 160 K1=1,KPPL
  DO 150 K2=K1,KPPL
    SCHETL=0.
    SNX=0.
    SNY=0.
    SNXY=0.
    DR=0.
    DO 140 I=1,KLON
      IF (KOLOS(K1,I).EQ.0) GOTO 140
      IF (KOLOS(K2,I).EQ.0) GOTO 140
      SR=0.
      RKALL=KALL(I)
      DO 130 J=1,RKALL
        Y=CHAST(K2,J,I)
        X=CHAST(K1,J,I)
        SR=SR+(X-Y)*(X-Y)
        SNXY=SNXY+X*Y
        SNX=SNX+X*X
        SNY=SNY+Y*Y
130    CONTINUE
        SCHETL=SCHETL+1
        DR=DR+SQRT(SR/2.)
140    CONTINUE
        DR=DR/SCHETL
        DN=SNXY/SQRT(SNX*SNY)
        INEI(K2,K1)=DN
        INEI(K1,K2)=DN
        DN=-ALOG(DN)
        ROD(K1,K2)=DR
        ROD(K2,K1)=DR
        NEI(K2,K1)=DN
        NEI(K1,K2)=DN
150    CONTINUE
160 CONTINUE
C
C
C
  ВМЗОВ ПОДПРОГРАММ ПЕЧАТИ МАТРИЦ
WRITE(6,430)
CALL FIGA(ROD,KPPL,IPPL)
WRITE(6,450)
CALL FIGA(NEI,KPPL,IPPL)
WRITE(6,470)
CALL FIGA(INEI,KPPL,IPPL)
CALL BREVO(NEI,KPPL)
CALL STAT(CHAST,KPPL,KLOK,KALL,IPPL,KOLOS,GL)
C
C
C
  ФОРМАТ
203 FORMAT(A1)
204 FORMAT(A25)
205 FORMAT(A40/' ПОПУЛЯЦИЯ ...',I4/'

```

```

206 FORMAT(A41)
207 FORMAT(22A1)
210 FORMAT(I1)
220 FORMAT(/////32Н ВВОДИЛИСЬ ГЕНОМЫ АЛЛЕЛЕЙ, КЛЮЧ=,I1)
230 FORMAT(/////33Н ВВОДИЛИСЬ ЧАСТОТЫ АЛЛЕЛЕЙ, КЛЮЧ=,I1)
240 FORMAT(2I2,6A4)
250 FORMAT((5(3A4,A3)))
260 FORMAT(3A4,A3,2I2)
270 FORMAT(20I4)
280 FORMAT(A5,15I5/SX,15I5)
282 FORMAT(A5,15F5.0/SX,15F5.0)
290 FORMAT(/I10,56Н ЧАСТОТЫ АЛЛЕЛЕЙ ПОПУЛЯ
/ И И Я Х ,6A4)
300 FORMAT('
/-----'
/-----')
310 FORMAT(48Н ЛОКУС :
/-----')
320 FORMAT(6X,'
/-----')
330 FORMAT(48Н АЛЛЕЛИ:
* 1 2 3 4 5 6 7
* 42Н 8 9 10 11 12 13 14
* 36Н 15 16 17 18 19 20)
360 FORMAT(/1Н ,4A4,' СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ ')
361 FORMAT(/1Н ,4A4,' НЕ СВЯЗАН С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ ')
370 FORMAT(1Н ,A1,7B,20I4)
380 FORMAT(1Н ,A7,25F6.3)
390 FORMAT(/19Н НАЗВАНИЯ ПОПУЛЯЦИИ)
400 FORMAT(31Н-----)
410 FORMAT(22Н НОМЕР
И И Я)
420 FORMAT(T6,I2,T15,4A4)
430 FORMAT(/63Н МАТРИЦА ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОЭФФИЦИЕНТОВ АИСТАНЦИИ
/ ПО РОЛЛЕЕРСУ(1972))
450 FORMAT(/' МАТРИЦА ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОЭФФИЦИЕНТОВ АИСТАНЦИИ ПО
/'НЕИ(1972)')
470 FORMAT(/58Н МАТРИЦА ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОЭФФИЦИЕНТОВ СХОДСТВА ВО НЕИ
/ (1972))

```

RETURN
END

ПРОЦЕДУРА ПЕЧАТИ ТАБЛИЦ ХАРАКТЕРИСТИК

```

SUBROUTINE STAT(CHAST,KPPL,KLOK,KALL,IPPL,KOLOS,GL)
REAL CHAST(20,15,15)
/,IPPL(4,20)
/,K5(20)
/,SSS,CH,HS
/,R1,R2,R3,R4,R5
/,S3,S4,S5,SNETL
INTEGER I,J,K1,K2,N
/,RKALL,KPPL,KLOK
/,N2,M,U
/,GL(20),KALL(20),KOLOS(20,20)
/,IND(20),IND1(20),IND2(20)
/,K3(20),K4(20)

```

```

C
C
C      ЗАГОЛОВОК ТАБЛИЦ
WRITE(6,200) '      ДОЛЯ ПОЛИМОРФНЫХ ДОКУСОВ, СРЕДНЕЕ ЧИСЛО АЛЛЕЛЕЙ'
/, '      НА ДОКУС И СРЕДНЯЯ ГЕТЕРОЗИГОТНОСТЬ В ПРИРОДНЫХ'
/, '      ПОПУЛЯЦИЯХ'
CALL SHAP
N2=KLOK
DO 10 I=1,N2
  IND(I)=I
10 CONTINUE
CALL TABL(IND,N2,CHAST,KPPL,KLOK,KALL,IPPL,KOLOS,GL)
WRITE(6,210)
/-----'
/-----'
WRITE(6,205)
/, '      ДОЛЯ ПОЛИМОРФНЫХ ДОКУСОВ, СРЕДНЕЕ ЧИСЛО АЛЛЕЛЕЙ НА ДОКУС'
/, '      И СРЕДНЯЯ ГЕТЕРОЗИГОТНОСТЬ ПО ФЕРМЕНТАМ ГРУППЫ 1 И ГРУППЫ 2'
/, '      В ПРИРОДНЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ'
CALL SHAP
WRITE(6,220) ' I. ФЕРМЕНТЫ, СВЯЗАННЫЕ С МЕТАБОЛИЗМОМ ГЛЮКОЗЫ'
/, '      (ГЛИКОЛИЗ, ЦИКЛ КРЕБСА)'
M=0
V=0
DO 20 I=1,KLOK
  IF (GL(I).EQ.1) M=M+1
  IF (GL(I).EQ.1) IND1(M)=I
  IF (GL(I).NE.1) V=V+1
  IF (GL(I).NE.1) IND2(V)=I
20 CONTINUE
CALL TABL(IND1,M,CHAST,KPPL,KLOK,KALL,IPPL,KOLOS,GL)
WRITE(6,230) ' II. ФЕРМЕНТЫ С ШИРОКОЙ СУБСТРАТНОЙ СВЕЩЕННОСТЬЮ'
/, '      (ГИРОЛИТИЧЕСКИЕ И ДРУГИЕ НЕСПЕЦИФИЧЕСКИЕ ФЕРМЕНТЫ)'
CALL TABL(IND2,V,CHAST,KPPL,KLOK,KALL,IPPL,KOLOS,GL)
WRITE(6,240)
/-----'
/-----'
RETURN
END

C
C
C      ФОРМАТ
200 FORMAT (//A55/A55/T15,A25)
205 FORMAT (//A60/A62/T15,A30)
210 FORMAT (A62)
220 FORMAT (T10,A50/T20,A30)
230 FORMAT (T10,A50/T8,A52)
240 FORMAT ('
/-----'
/-----'
RETURN
END

C
C
C      ПОДПРОГРАММА ПЕЧАТИ МАТРИЦ
SUBROUTINE FIGA(NR,KPPL,IPPL)
INTEGER I,J,KPPL,K
REAL IPPL(4,20)
/,NR(20,20)
WRITE(6,500)
WRITE(6,510)
WRITE(6,500)

```

```

DO 170 I=1,KPPL
  WRITE(6,520) I, (IPPL(K,I),K=1,4), (NR(J,I),J=1,KPPL)
170 CONTINUE
WRITE(6,500)

C
C
C      ФОРМАТ
500 FORMAT (' -----'
/-----'
/-----'
510 FORMAT (40H ПОПУЛЯЦИЯ          1  2  3  4 ,
/39H  5  6  7  8  9 10 11 12,
/41H 13 14 15 16 17 18 19 20)
520 FORMAT (I3,I4,3A4,A3,2X,20(3PF5.0))
RETURN
END

C
C
C      ПОДПРОГРАММА ВЫЧИСЛЕНИЯ ХАРАКТЕРИСТИК
SUBROUTINE TABL(IND,N2,CHAST,KPPL,KLOK,KALL,IPPL,KOLOS,GL)
REAL CHAST(20,15,15)
/,IPPL(4,20)
/,KS(20)
/,SSS,CH,HS
/,R1,R2,R3,R4,R5
/,S3,S4,S5,SHTL
INTEGER I,J,K1,K2,N
/,RKALL,KPPL,KLOK
/,N2,M,V
/,GL(20),KALL(20),KOLOS(20,20)
/,IND(20),IND1(20),IND2(20)
/,K3(20),K4(20)
DO 60 L=1,KPPL
  SHTL=0.
  R1=0.
  R2=0.
  R3=0.
  R4=0.
  R5=0.
  DO 40 N=1,N2
    I=IND(N)
    IF (KOLOS(L,I).EQ.0) GOTO 40
    K3(I)=0.
    K4(I)=0
    RKALL=KALL(I)
    SSS=0.
40 CONTINUE
60 CONTINUE
IF (SSS.EQ.0.) GOTO 40

C
C
C      ДОКУСЫ С НУЛЕВЫМИ ЧАСТЯМИ В РАСЧЕТАХ НЕ УЧАСТВУЮТ
DO 25 J=1,RKALL
  SSS=SSS+CHAST(L,J,I)
25 CONTINUE
IF (SSS.EQ.0.) GOTO 40

C
C
K1=1
K2=1

```

```

HS=0.
DO 30 J=1,NALL
  CH=CHAST(L,J,I)
  IF(CH.GT.0.95)K1=0
  IF(CH.GT.0.99)K2=0
  IF(CH.GT.0.)K3(I)=K3(I)+1
  IF(CH.GT.0.01)K4(I)=K4(I)+1
  HS=HS+CH**2
30 CONTINUE
  IF(K1.EQ.1)R1=R1+1
  IF(K2.EQ.1)R2=R2+1
  SHETL=SHETL+1
  K5(I)=1-HS
  R3=R3+K3(I)
  R4=R4+K4(I)
  R5=R5+K5(I)
40 CONTINUE
  R1=R1/SHETL
  R2=R2/SHETL
  R3=R3/SHETL
  R4=R4/SHETL
  R5=R5/SHETL
  WRITE(6,245) (IPPL(K,L),K=1,4),R1,R2,R3,R4,R5
  S3=0.
  S4=0.
  S5=0.
  DO 50 N=1,N2
    I=IND(N)
    S3=(R3-K3(I))**2+S3
    S4=(R4-K4(I))**2+S4
50 CONTINUE
  S3=SQRT(S3/(SHETL-1))
  S4=SQRT(S4/(SHETL-1))
  S5=SQRT(R5*(1.-R5)/KOLOS(L,1))
  WRITE(6,250)S3,S4,S5
60 CONTINUE
245 FORMAT(1H ,4A4,F7.3,5F9.3)
C
C ФОРМАТЫ
C
250 FORMAT(134,5F9.3)
RETURN
END

C ПРОМЕЖУГА ПЕЧАТИ ШАПКИ
C
SUBROUTINE SHAP
WRITE(6,400)
/-----/
WRITE(6,400)
/' : ДЛЯ ПОЛИМОРФНЫХ: СРЕДНЕЕ ЧИСЛО :СРЕДНЯЯ :
WRITE(6,400)
/' НАЗВАНИЕ : ЛОКУСОВ : АЛЛЕЛИ :ОХИМАЕ- :
WRITE(6,400)
/' :-----:МАЯ :
WRITE(6,400)
/' ПОПУЛЯЦИИ :95% КРН-:99% КРН-:С ЧАСТО-:С ЧАСТО-:ПЕТЕРОЗИП

```

```

WRITE(6,400)
/' :ПЕРИИ :ПЕРИИ :ТОР ) ОХ:ТОИ ) ИХ:ПУГНОСТЬ:
WRITE(6,400)
/' : : : (ОШИБКА) : (ОШИБКА) : (ОШИБКА) :
WRITE(6,400)
/-----/
400 FORMAT(A62)
RETURN
END

C ПОДПРОГРАММА АНАЛИЗА МАТРИЦ РАССТОЯНИИ ДЛЯ ПОСТРОЕНИЯ АРЕФА
C
SUBROUTINE DREVU(A,KPPL)
REAL A(20,20),R
INTEGER IN,N,II,JJ,I,J,K
/>,KPPL
LOGICAL*1 DA
WRITE(6,210)
TYPE 270,' ПЕЧАТАТЬ ЛИ УСРЕДНЕННЫЕ МАТРИЦЫ РАССТОЯНИИ? (DA, НЕТ) '
ACCEPT 260,DA
C
C ВУМКА МИНИМАЛЬНОГО ЭЛЕМЕНТА В МАТРИЦЕ
C
N=KPPL
DO 100 IN=1,N-1
  R=11111.
  II=1
  JJ=2
  DO 40 I=1,N
    DO 50 J=1,N
      IF (A(I,J).GE.R.OR.J.EQ.I) GOTO 50
      R=A(I,J)
      II=I
      JJ=J
50 CONTINUE
60 CONTINUE
C
C ВЫЧЕРКИВАНИЕ
C
DO 80 K=1,N
  IF(K.EQ.II) GOTO 80
  A(II,K)=(A(II,K)+A(JJ,K))/2.
  A(K,II)=A(II,K)
80 CONTINUE
DO 85 K=1,N
  A(JJ,K)=11111.
  A(K,JJ)=11111.
85 CONTINUE
C
C ПЕЧАТЬ ПРОМЕЖУТОЧНЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБРАБОТКИ МАТРИЦ
C
WRITE(6,220)II,JJ,JJ,JJ,R
IF (DA.NE.'N')GOTO 99
IF (IN.GE.(N-3))GOTO 99
WRITE(6,230)
WRITE(6,240)1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,15,16,17,18,19,20
WRITE(6,230)

```


ЛИТЕРАТУРА

```

DO 90 J=1,N
WRITE(6,250)J,(A(I,J),I=1,N)
90 CONTINUE
WRITE(6,230)
99 CONTINUE
100 CONTINUE

```

```

C
C
C

```

```

210 FORMAT(//T40,46H АНАЛИЗ МАТРИЦ РАСТОЯНИЙ ИЛИ ПОСТРОЕНИЕ АРЕАЛОВ)
220 FORMAT(/T10,40H ОБЪЕДИНЕНА СТРОКА И СТОЛБЦЫ С ПОБЕЖАМИ)
* 214/T10,19H ВМЧЕРКНУТИ СТОЛБАЦИ:14,
*13H И СТОЛБЕЦИ:14,13H АИСТАВКИ:3P5,0)
230 FORMAT(51H -----)
*51H-----
*30H-----
240 FORMAT(T6,20I5)
250 FORMAT(15,T6,20(3P5,0))
260 FORMAT(A1)
270 FORMAT(1H*1664)
RETURN
END

```

1. Айала Ф. Введение в популяционную и эволюционную генетику. - М.: Мир, 1984. - 230 с.
2. Доран Б., Оделл Н. Кластерный анализ. - М.: Статистика, 1977. - 178 с.
3. Левонтин Р. Генетические основы эволюции. - М.: Мир, 1978. - 350 с.
4. Nevo E., Beiles A., Ben-Shlomo R. The evolutionary significance of genetic diversity: ecological, demographic and life history correlates.- In: Evolutionary dynamics of genetic diversity. Lecture notes in Biomathematic, 1984, v. 53, p. 13-213.
5. Nei M. Genetic distance between population.- Amer. Natur., 1972, v. 106, p. 283-292.
6. Prakash S. Gene polymorphism in natural populations of *Drosophila persimilis*.- Genetics, 1977, v. 85, 4, p. 543-554.
7. Rogers J.S. Measures of genetic similarity and denetic distance. Studies in Genetics, Univ. Texas Publ., 1972, v. 72, p. 145-153.
8. Swofford D.L., Selander R.B. BIOSYS-1: FORTRAN program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics and systematics.- The Journal of Heredity, 1981, v. 72, p. 281-283.

СОДЕРЖАНИЕ

Введение	3
Показатели изменчивости и дифференциации, обрабатываемые программой "GEN"	4
Пример работы программы	6
Текст программы	22
Литература	31

Учебная программа на языке ФОРТРАН для обработки
эволюционно-генетических данных и их геносистематической
интерпретации (для студентов-биологов)

Составители: Гончаренко Григорий Григорьевич,
Кучмин Вячеслав Михайлович,
Савицкий Борис Парфенович

Ответственный за выпуск Б.П.Савицкий

Подписано к печати 25.05.88. Формат 60x84 1/16.

Бумага писчая № 1. Печать офсетная. Усл.п.л. 1,9. Уч.-изд. 1,6.

Тираж 400. Заказ 162. Бесплатно.

Отпечатано на ротапринте ГГУ, г.Гомель, ул.Советская, 104