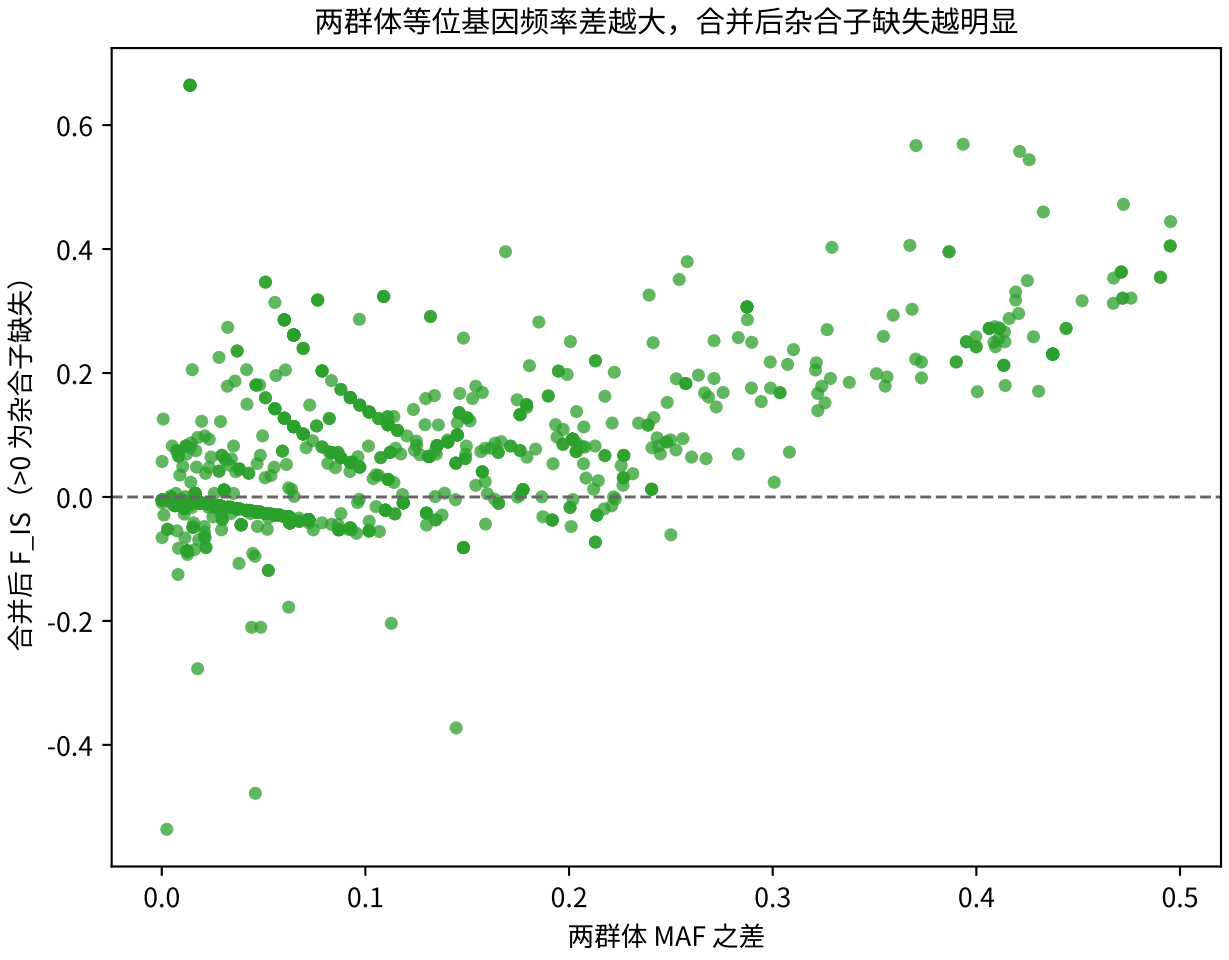
两群体等位基因频率差越大，合并后杂合子缺失越明显
合并后 F_IS（>0 为杂合子缺失）
两群体 MAF 之差
0.6
0.4
0.2
0.0
-0.2
-0.4
0.0
0.1
0.2
0.3
0.4
0.5