Zarządzanie populacjami zwierząt

Czynniki zaburzające równowagę

Czynniki wpływające na równowagę genetyczną populacji - SELEKCJA

Zróżnicowane prawdopodobieństwo pozostawienia potomstwa

Wskaźnik reprodukcji netto $R = S * B$

S – przeżywalność rozumiana jako frakcja „genotypów”, które po wszystkich etapach rozwoju mają szansę pozostawienia potomstwa

B – wskaźnik rozrodczości zależny od liczby potomków

Miara względna reprodukcji netto –

w - współczynnik względnego dostosowania

$s = 1 – w$ współczynnik selekcji

SELEKCJA

	Genotypy			
	AA	**Aa**	**aa**	Suma
Pokolenie 0	$\mathbf{p^2}$	$\mathbf{2pq}$	$\mathbf{q^2}$	$p^2+2pq+q^2=1$
W = 1- s	$\mathbf{w_{11}}$	$\mathbf{w_{12}}$	$\mathbf{w_{22}}$	
Frekwencja po selekcji	$\mathbf{p^2w_{11}}$	$\mathbf{2pqw_{12}}$	$\mathbf{q^2w_{22}}$	$p^2w_{11}+2pqw_{12}+q^2w_{22}$ $\overline{w}$
Frekwencja alleli	$p'=\frac{p^2w_{11}+pqw_{12}}{\overline{w}}$			
	$q'=\frac{pqw_{12}+q^2w_{22}}{\overline{w}}$			

Zmiana frekwencji allelu

$$\Delta p = p' - p = \frac{p^2 w_{11} + pqw_{12}}{\overline{w}} - \frac{p\overline{w}}{\overline{w}} = \frac{p(pw_{11} + qw_{12}) - p(p^2 w_{11} + 2pqw_{12} + q^2 w_{22})}{\overline{w}} =$$

$$= \frac{p(pw_{11} + qw_{12} - p^2 w_{11} - 2pqw_{12} - q^2 w_{22})}{\overline{w}} = \frac{p(pw_{11} - p^2 w_{11} + qw_{12} - 2pqw_{12} - q^2 w_{22})}{\overline{w}} =$$

$$= \frac{p[pw_{11} - p_2 w_{11} + qw_{12}(1 - 2p) - q^2 w_{22}]}{\overline{w}} =$$

$$p + q = 1$$

$$p - p^2 = p - p \cdot p = p - (1 - q) \cdot p = p - p + pq = pq$$

$$1 - 2p = 1 - p - p = p + q - p - p = q - p$$

$$\Delta p = \frac{p[pqw_{11} + qw_{12}(q - p) - q^2 w_{22}]}{\overline{w}} = \frac{pq[pw_{11} + w_{12}(q - p) - qw_{22}]}{\overline{w}} =$$

$$= \frac{pq[pw_{11} + qw_{12} - pw_{12} - qw_{22}]}{\overline{w}} = \frac{pq[p(w_{11} - w_{12}) + q(w_{12} - w_{22})]}{\overline{w}}$$

Zmiana frekwencji alleli

$$\Delta p = p' - p = \frac{pq[p(w_{11} - w_{12}) + q(w_{12} - w_{22})]}{\overline{w}}$$

$$\Delta q = q' - q = \frac{pq[q(w_{22} - w_{12}) + p(w_{12} - w_{11})]}{\overline{w}}$$

SELEKCJA

Jeśli $w_{11} = w_{12} = w_{22}$ to $\Delta q = \Delta p = 0$

Jeśli p lub $q = 0$ to $\Delta p\ (\Delta q) = 0$

Jeśli pq (wariancja) $= 0$ to $\Delta p\ (\Delta q) = 0$

Jeśli $p = q = 0{,}5$ to $\Delta p\ (\Delta q)$ największa

Selekcja przeciw jednej z form homozygotycznych np. aa

jeśli $w_{22} = 0$ czyli $s_{22} = 1$

Frekwencja *allelu* a w pokoleniu t zależy od numeru pokolenia t i od częstości wyjściowej q_0

$$q_t = \frac{q_0}{1 + tq_0}$$

Liczba pokoleń potrzebna do zmiany frekwencji z q_0 do q_t:

$$t = \frac{q_0 - q_t}{q_0 q_t}$$

Np. zmiana z q_0=0,5 do q_t=0,05

t = (0,5-0,05)/(0,025) = 0,45/0,025 = 18

Selekcja przeciw jednej z form homozygotycznych np. aa

Jeśli w_{11} $(w_{12}) = 1$ oraz $w_{22} > 0$ $s = 1\text{-}w_{22}$

Zmiana frekwencji *allelu* a

$$\Delta q = \frac{-pq^2 s}{1 - q^2 s}$$

Frekwencja *allelu* a dąży do 0

Przy malejącej frekwencji *allelu* a zmiana frekwencji wolniejsza

q \ s	0,2	0,4	0,6	0,8	1
0,9	0,88	0,85	0,81	0,72	0,47
0,7	0,67	0,63	0,58	0,51	0,41
0,5	0,47	0,44	0,41	0,38	0,33
0,3	0,29	0,27	0,26	0,25	0,23
0,1	0,10	0,10	0,09	0,09	0,09

Selekcja faworyzująca heterozygoty

$w_{11} = 1 - s_{11}$ $w_{12} = 1$ $w_{22} = 1 – s_{22}$

Czy możliwa jest zmiana frekwencji alleli? Na przykład $\Delta q < 0$

$$\Delta q = pq\frac{ps_{11} - qs_{22}}{\overline{w}}$$

Czyli $(ps_{11} – qs_{22}) < 0$

Natomiast częstość allelu a będzie wzrastać ($\Delta q > 0$) jeśli wyrażenie: $(ps_{11} - qs_{22}) > 0$, znaczy będzie to wtedy, gdy częstość allelu A wysoka.

Zatem frekwencja w punkcie równowagi
$$q_e = \frac{s_{11}}{s_{11} + s_{22}}$$

W wyniku takiej selekcji populacja osiąga stan równowagi, a frekwencja w punkcie równowagi zależy od wsp. selekcji obu form homozygotycznych

jeśli $s_{11} = s_{22}$ to $q_e = 0,5$

Selekcja przeciw heterozygotom

$w_{12} < w_{11}$ oraz $w_{12} < w_{22}$

Czy możliwy jest brak zmian we frekwencji alleli? Na przykład $\Delta q = 0$

$$\Delta q = q' - q = \frac{pq[q(w_{22} - w_{12}) + p(w_{12} - w_{11})]}{\overline{w}}$$

Czyli gdy $q(w_{22} - w_{12}) + p(w_{12} - w_{11}) = 0$

Załóżmy, że $w_{12} = 0$ oraz $qw_{22} - pw_{11} = 0$

Równowaga będzie osiągnięta gdy $qw_{22} = pw_{11}$

Ale kiedy zmiana częstości *allelu* a będzie większa od 0?

$$q(w_{22} - w_{12}) + p(w_{12} - w_{11}) > 0$$

$$qw_{22} - pw_{11} > 0$$

$$qw_{22} > pw_{11}$$

Przy większej frekwencji *allelu* a zmiana będzie polegała na dalszym wzroście frekwencji tego *allelu*

W wyniku selekcji przeciw heterozygotom

Populacja może osiągnąć stan równowagi genetycznej

Równowaga ta będzie miała charakter równowagi niestabilnej

Odejście od stanu równowagi – zwiększona (zmniejszona) frekwencja allelu będzie powodować jej dalsze zwiększanie (zmniejszanie)

Migracja

$$p_1 = \frac{p_S + p_m i_m}{1 + i_m}$$

i_m – proporcja liczebności imigrantów w stosunku do populacji wzbogacanej

MIGRACJA

n_s	2000		n_m	200						
$p_m \setminus p_s$	0,1	0,2	0,3	0,4	0,5	0,6	0,7	0,8	0,9	1
0,05	0,095	0,186	0,277	0,368	0,459	0,550	0,641	0,732	0,823	0,914
0,25	0,114	0,205	0,295	0,386	0,477	0,568	0,659	0,750	0,841	0,932
0,45	0,132	0,223	0,314	0,405	0,495	0,586	0,677	0,768	0,859	0,950
0,65	0,150	0,241	0,332	0,423	0,514	0,605	0,695	0,786	0,877	0,968
0,85	0,168	0,259	0,350	0,441	0,532	0,623	0,714	0,805	0,895	0,986

MIGRACJA

n_s	2000		n_m	100						
$p_m \setminus p_s$	0,1	0,2	0,3	0,4	0,5	0,6	0,7	0,8	0,9	1
0,05	0,098	0,193	0,288	0,383	0,479	0,574	0,669	0,764	0,860	0,955
0,25	0,107	0,202	0,298	0,393	0,488	0,583	0,679	0,774	0,869	0,964
0,45	0,117	0,212	0,307	0,402	0,498	0,593	0,688	0,783	0,879	0,974
0,65	0,126	0,221	0,317	0,412	0,507	0,602	0,698	0,793	0,888	0,983
0,85	0,136	0,231	0,326	0,421	0,517	0,612	0,707	0,802	0,898	0,993

MUTACJA

Zakładamy, że wyjściowo występuje tylko *allel* A. W następnym pokoleniu, frekwencja *allelu* A będzie pomniejszona o liczbę zmutowanych

t = 2; $p_2 = p_{1*}(1\text{-}u)$; $p_2 = p_{0*}(1\text{-}\ u)^2$

t $p_t = p_{0*}(1\text{-}u)^{\mathrm{t}}$

u \ t	1000	2000	5000	10000
1 na 1000	0,3677	0,1352	0,0067	0,0000
1 na 10000	0,9048	0,8187	0,6065	0,3679
1 na 100000	0,9900	0,9802	0,9512	0,9048
1 na 1000000	0,9990	0,9980	0,9950	0,9900

MUTACJA

u	tempo mutacji	$A \rightarrow a$
v	tempo mutacji	$a \rightarrow A$

$$q_1 = q + pu - qv$$

$$q_e = \frac{u}{u+v}$$

N - liczba pokoleń na zmianę frekwencji z q_0 do q_N

$$N = \frac{\ln(q_0 q_e) - \ln(q_N - q_e)}{u+v}$$

Przykład:

$u = v = 10^{-6}$

qe = 0,5

q_0	q_N	N
0,6	0,51	2 302 585
0,7	0,51	2 995 732
0,8	0,51	3 401 197
0,9	0,51	3 688 879

Większość mutacji genów występuje bardzo rzadko (10^{-4} do 10^{-6} na pokolenie).
Jednakże nawet przy tak niskiej pojedynczej częstości, wobec ogromu genów i wielu alleli, mutacje mogą tworzyć zmienność.
Wielkość populacji równa jest N, mamy 2N kopii każdego genu.

Np
populacja ludzi N=6 mld, a zatem 2N=12 mld
ludzka gameta zawiera ok. 10^9 par nukleotydów
jeśli w gamecie średnio 3 nowe mutacje to w zygocie 6
w populacji 36 mld nowych form alleli, których mogło nie być we wcześniejszym pokoleniu.

DRYF GENETYCZNY

Przypadkowe zmiany częstości alleli – szczególnie ważne w małych populacjach

DRYF GENETYCZNY

Wybieramy z dużej populacji o p=q=0,5 dwa osobniki na rodziców, prawdopodobieństwo wybrania danej liczby alleli jednego rodzaju jest zgodny z rozkładem Bernouliego

$$P_{n,p}(X = k) = \binom{n}{k} p^k (1-p)^{n-k} \qquad \text{gdy } 0 < p < 1 \text{ oraz } k = 0,1\ldots n$$

liczba alleli	prawdopod.	*p*	*q*
0	0,0039	0	1
1	0,0313	0,125	0,875
2	0,1094	0,25	0,75
3	0,2188	0,375	0,625
4	0,2734	0,5	0,5
5	0,2188	0,625	0,375
6	0,1094	0,75	0,25
7	0,0313	0,875	0,125
8	0,0039	1	0


Na dzisiaj
wystarczy,
dziękuję