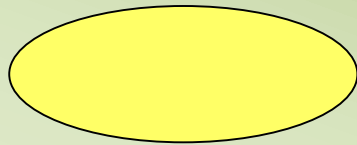


Zarządzanie populacjami zwierząt

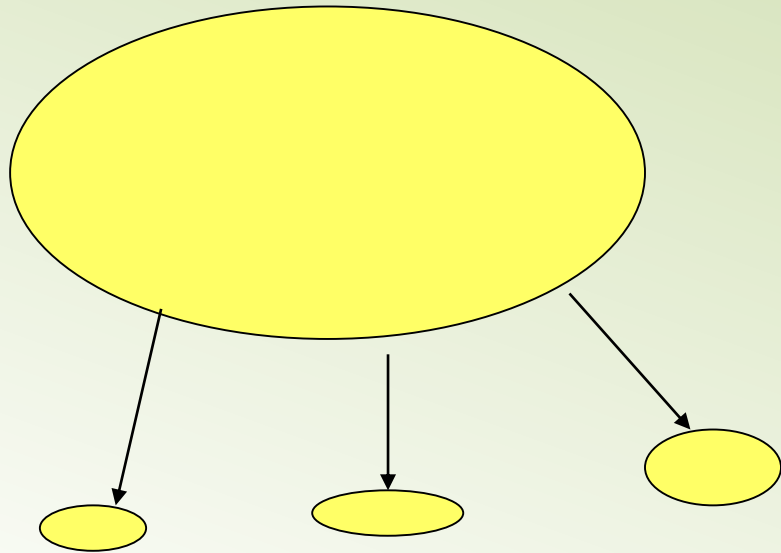
Zróżnicowanie między
populacjami

Fragmentacja

Układ przestrzenny fragmentów



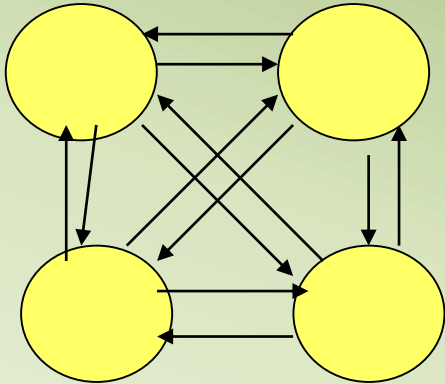
1. Całkowita izolacja populacji



2. układ źródło – ujście
lub łąd – wyspy

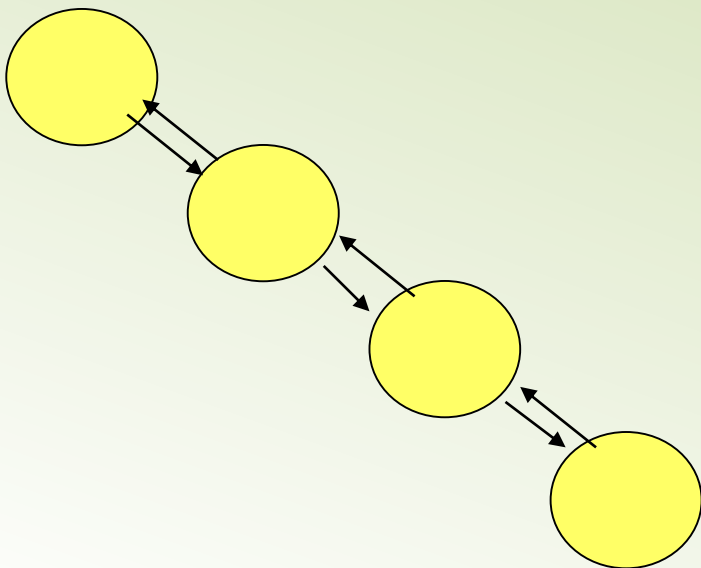
Przepływ genów w
jednym kierunku od
źródła do ujścia

Układ przestrzenny fragmentów



3. Model wyspowy

Przepływ genów jest jednakowy między każdą parą fragmentów



4. układ liniowy

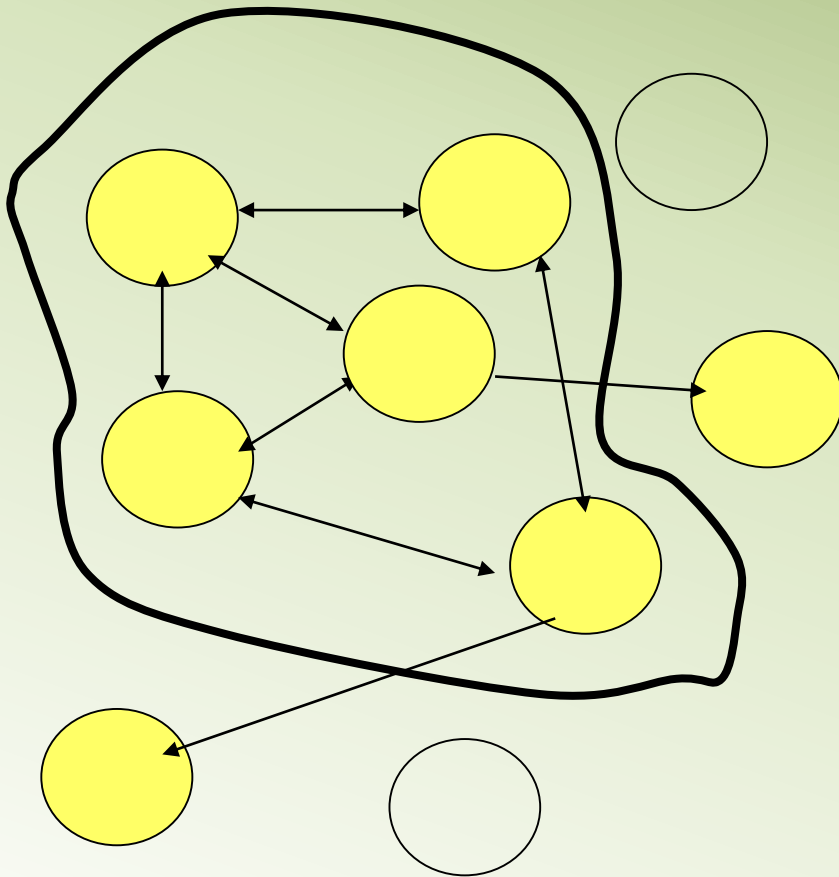
Przepływ genów jedynie między sąsiednimi fragmentami

Taki układ może być dwuwymiarowy

Układ przestrzenny fragmentów

3. Metapopulacja

Przepływ genów jest między fragmentami w obrębie metapopulacji, ale charakterystyczne jest ginięcie i rekolonizacja na obrzeżu metapopulacji



Podział zmienności allelicznej między fragmentami populacji

Zmienność częstości allelu w subpopulacji wynika z frekwencji początkowej i wielkości fragmentu:

$$\sigma_p^2 = \frac{p(1-p)}{2N}$$

p	N	σ^2	σ	Wahania ($p \pm \sigma$)	
0,6	5	0,024	0,155	0,445	0,755
0,6	10	0,012	0,110	0,490	0,710
0,6	15	0,008	0,089	0,511	0,689
0,6	20	0,006	0,077	0,523	0,677
0,6	25	0,005	0,069	0,531	0,669
0,6	30	0,004	0,063	0,537	0,663
0,6	35	0,003	0,059	0,541	0,659
0,6	40	0,003	0,055	0,545	0,655

SL czy SS

- SL – single large – jedna duża populacja
- SS – several small – kilka małych populacji

Retencja heterozygotyczności w SS vs. SL

f - liczba izolowanych fragmentów

$$H_t / H_{0:SS} = \left(1 - \frac{1}{2N / f} \right)^t \approx e^{-tf / 2N}$$

$$H_t / H_{0:SL} = \left(1 - \frac{1}{2N} \right)^t \approx e^{-t / 2N}$$

Retencja heterozygotyczności w SS vs. SL

$$H_t / H_{0:SS/SL} \approx \left(e^{t/2N} \right)^{1-f}$$

$$\ln \left(H_t / H_{0:SS/SL} \right) \approx (1-f)t / 2N$$

Proporcja zachowanej heterozygotyczności w SS w porównaniu do SL zmniejsza się gdy f rośnie lub t maleje

Procent zachowanej heterozygotyczności w podzielonej populacji

f	N/f	H ₁₀ [%]	H ₅₀ [%]
1	500	99,0	95,1
2	250	98,0	90,5
3	167	97,0	86,1
4	125	96,1	81,8
5	100	95,1	77,8
6	83	94,2	74,0
7	71	93,2	70,4
8	63	92,3	66,9
9	56	91,4	63,6
10	50	90,4	60,5

Zróżnicowanie między populacjami

Izolacja poszczególnych grup (subpopulacji) tworzących populację sprzyja ich zróżnicowaniu.

Różnice objawiają się jako:

- inna frekwencja alleli w subpopulacjach,
- występowanie innych form alleli w subpopulacjach (opowiada to maksymalnej różnicy frekwencji).

Dystans dzielący subpopulacji można wyrazić przy pomocy indeksu F Wrighta (*fixation index*)

Ocena stopnia fragmentacji (statystyki F)

Inbred – skutek fragmentacji – może być wykorzystany do oceny stopnia podziału.

Wright podzielił całkowity inbred F_{IT} na dwie części

1. Inbred osobników w relacji do subpopulacji do której należą F_{IS} , inaczej można wyjaśnić jako średnią wartość współczynnika inbredu dla wszystkich osobników we wszystkich subpopulacjach
2. Inbred z powodu różnic między subpopulacjami względem całej populacji F_{ST} inaczej można wyjaśnić jako „fixation index” – efekt podziału na subpopulacje na wielkość inbredu czyli prawdopodobieństwo wylosowania dwóch identycznych genów z danej subpopulacji

Ocena stopnia fragmentacji (statystyki F)

$$F_{IT} = 1 - (H_I / H_T)$$

$$F_{IS} = 1 - (H_I / H_S)$$

$$F_{ST} = 1 - (H_S / H_T)$$

H_I - obserwowana Het średnia dla wszystkich subpopulacji

H_S - oczekiwana Het średnia dla wszystkich subpopulacji

H_T - oczekiwana Het dla średniej frekwencji alleli dla wszystkich subpopulacjami

Zróźnicowanie między populacjami

$$p_1 = 0,5 \quad q_1 = 0,5$$

$$2p_1q_1 = 0,5$$

$$p_2 = 0,5 \quad q_2 = 0,5$$

$$2p_2q_2 = 0,5$$

Średnia oczekiwana heterozygotyczność z obu subpopulacji

$$H_S = 0,50$$

Średnia frekwencja allelu A (lub a) = 0,50

Heterozygotyczność wyznaczona ze średniej frekwencji alleli

$$H_T = 0,50$$

$$(2\bar{p}\bar{q} - \overline{2pq}) / 2\bar{p}\bar{q} = (H_T - H_S) / H_T = 1 - H_S / H_T = F_{ST} = 0$$

Zróźnicowanie między populacjami

$$p_1 = 1 \quad q_1 = 0$$

$$2p_1q_1 = 0$$

$$p_2 = 0 \quad q_2 = 1$$

$$2p_2q_2 = 0$$

Średnia oczekiwana heterozygotyczność z obu subpopulacji

$$H_S = 0$$

Średnia frekwencja allelu A (lub a) = 0,50

Heterozygotyczność wyznaczona ze średniej frekwencji alleli

$$H_T = 0,50$$

$$(2\overline{p\overline{q}} - \overline{2pq}) / 2\overline{p\overline{q}} = (H_T - H_S) / H_T = 1 - H_S / H_T = F_{ST} = 1$$

Zróźnicowanie między populacjami

$$p_1 = 0,5 \quad q_1 = 0,5$$

$$2p_1q_1 = 0,5$$

$$p_2 = 0 \quad q_2 = 1$$

$$2p_2q_2 = 0$$

Średnia oczekiwana heterozygotyczność z obu subpopulacji

$$H_S = 0,25$$

Średnia frekwencja allelu A (lub a) = 0,25

Heterozygotyczność wyznaczona ze średniej frekwencji alleli

$$H_T = 0,375$$

$$(2\overline{pq} - \overline{2pq}) / 2\overline{pq} = (H_T - H_S) / H_T = 1 - H_S / H_T = F_{ST} = \frac{1}{3}$$

subpopulacja	genotypy			frekwencja alleli		F-inbred	Het _{exp}
	AA	Aa	aa	A	a		
1	0,25	0,5	0,25	0,5	0,5	0	0,5
2	0,4	0,2	0,4	0,5	0,5	0,6	0,5
3	0,35	0,3	0,35	0,5	0,5	0,4	0,5
4	0,2	0,6	0,2	0,5	0,5	-0,2	0,5

średnia

H_I 0,4

H_S 0,5

H_T 0,5

0,5

0,5

F_{IS} 0,2

F_{ST} 0

F_{IT} 0,2

subpopulacja	genotypy			frekwencja alleli		F-inbred	Het _{exp}
	AA	Aa	aa	A	a		
1	0,2	0,4	0,4	0,4	0,6	0,167	0,48
2	0,3	0,3	0,4	0,45	0,55	0,394	0,495
3	0,4	0,2	0,4	0,5	0,5	0,6	0,5
4	0,5	0,3	0,2	0,65	0,35	0,341	0,455

średnia

H_I 0,3

0,5

0,5

H_S 0,483

H_T 0,5

F_{IS}	0,378238342
F_{ST}	0,035
F_{IT}	0,4

subpopulacja	genotypy			frekwencja alleli		F-inbred	Het _{exp}
	AA	Aa	aa	A	a		
1	0,95	0	0,05	0,95	0,05	1	0,095
2	0,7	0,1	0,2	0,75	0,25	0,733	0,375
3	0,4	0,1	0,5	0,45	0,55	0,798	0,495
4	0,15	0,2	0,65	0,25	0,75	0,467	0,375

średnia

H_I 0,1

H_S 0,335

0,6

0,4

H_T 0,48

F_{IS} 0,701492537

F_{ST} 0,302083333

F_{IT} 0,791666667

Powiązanie między statystykami F

$$F_{IT} = F_{IS} + F_{ST} - F_{IS} F_{ST}$$

$$F_{ST} = \frac{F_{IT} - F_{IS}}{1 - F_{IS}}$$

Zróżnicowanie między populacjami

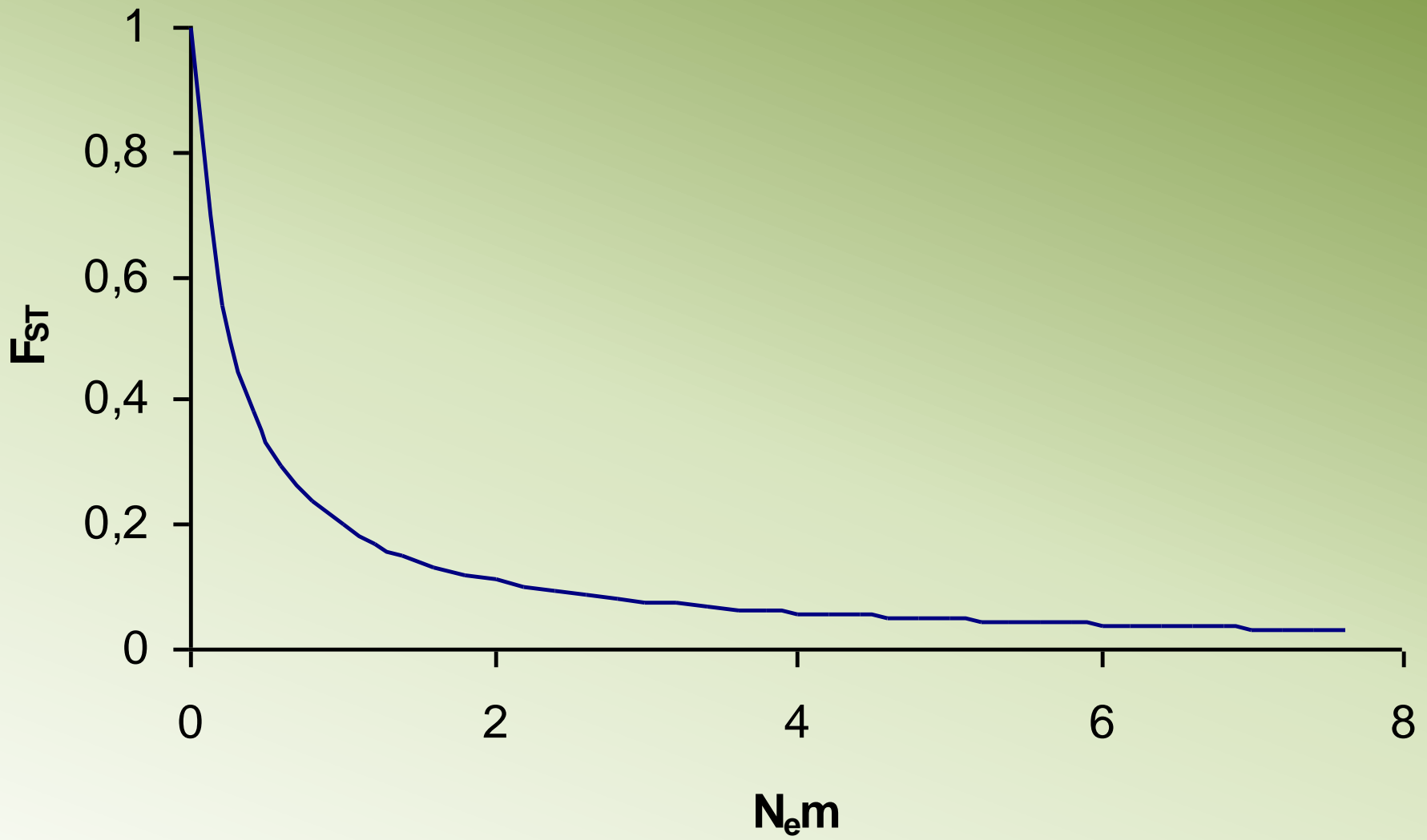
Interpretacja wartości indeksu F_{ST}

0 – 0,05	małe różnice między populacjami
0,05 -0,15	średnie różnice
0,15 -0,25	duże różnice
> 0,25	bardzo duże różnice

Równowaga między inbredem a migracją

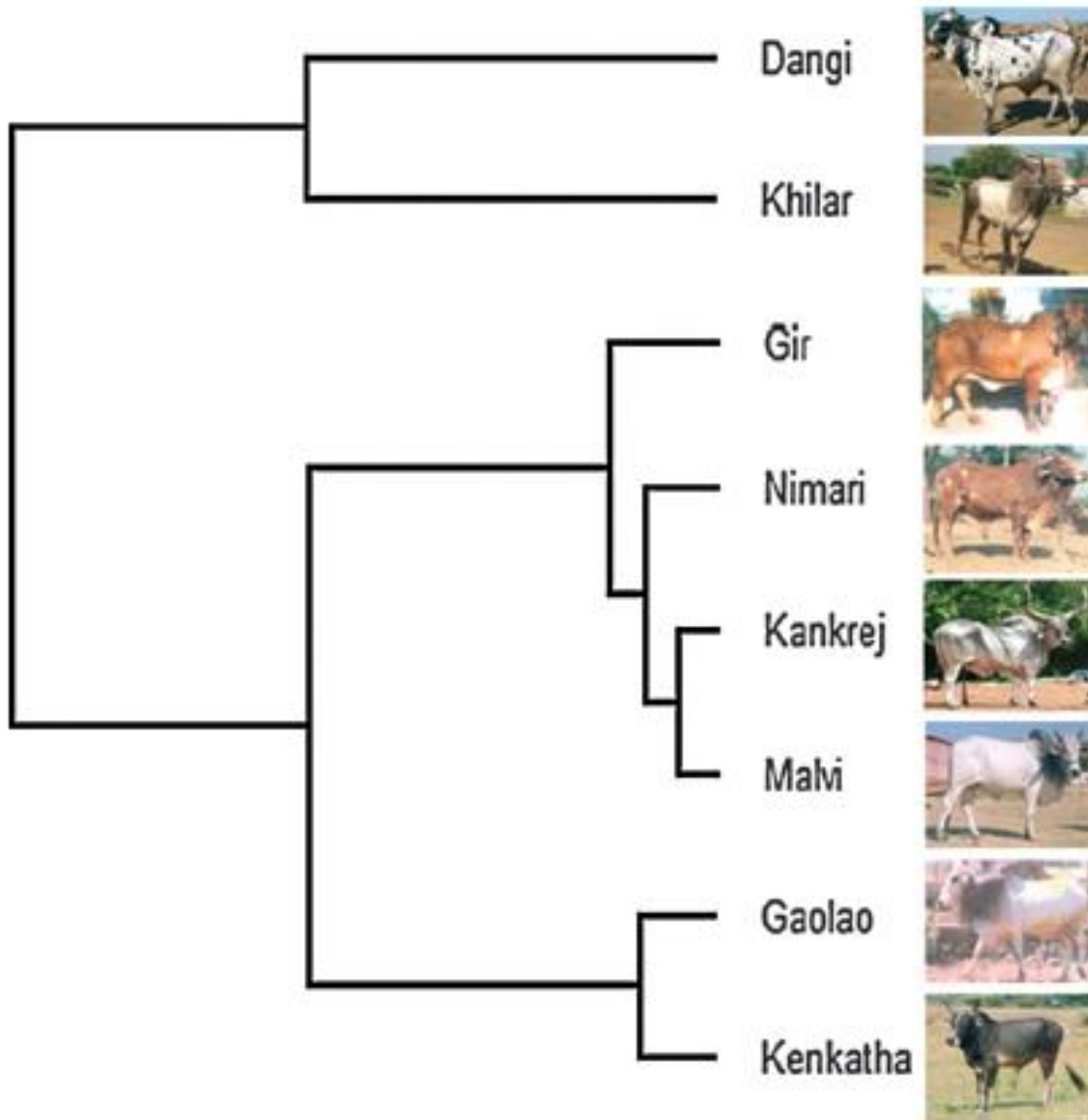
$$F_{ST} = \frac{1}{4N_e m + 1}$$

$N_e m$ – liczba osobników migrujących na pokolenie



Przykład wartości indeksu F_{ST}

	Liczba gatunków	F_{ST}	$N_e m$
Ssaki	57	0,24	3,2
Ptaki	23	0,05	19,0
Gady	22	0,26	2,8
Płazy	33	0,32	2,1
Ryby	79	0,24	3,2
Owady	46	0,10	9,0



Porównanie ras
bydła
azjatyckiego
(materiał 500
osobników, 22 *loci*
mikrosatelitarne

Wyniki:

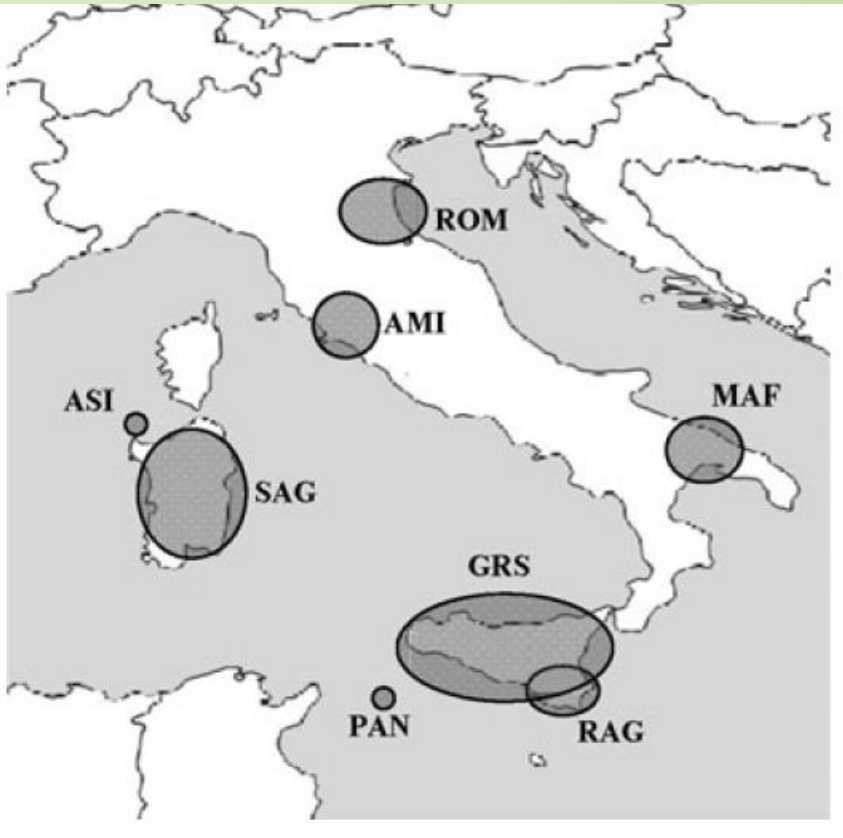
$$F_{st} = 0,159$$

$$F_{is} = 0,238$$

$$F_{it} = 0,359$$

Figure 1 Neighbor-joining (NJ) tree summarizing the Nei's distances among eight native cattle breeds from western-central India.

Ocena struktury populacji ras rodzimych osła we Włoszech (Colli *et al.* 2012)



8 ras, 258 osobników, 16 *loci* mikrosatelitarnych

Table 3 Summary statistics averaged over 15 loci for the eight analyzed donkey breeds.

Breed	AR	<i>n</i>	Fixed loci	$H_O \pm SD$	$H_E \pm SD$	F_{IS}
Asinara	4.150 ± 2.631	4.267 ± 3.035	2	0.453 ± 0.254	0.522 ± 0.263	0.134 ^{***}
Sardo Grigio	4.611 ± 2.912	4.667 ± 3.222	2	0.392 ± 0.206	0.559 ± 0.242	0.301 ^{***}
Amiatino	5.490 ± 3.081	6.000 ± 3.854	2	0.568 ± 0.143	0.618 ± 0.167	0.081 ^{***}
Ragusano	4.778 ± 2.696	5.200 ± 3.052		0.399 ± 0.224	0.536 ± 0.268	0.258 ^{***}
Martina Franca	4.013 ± 2.363	4.133 ± 2.696	2	0.536 ± 0.209	0.559 ± 0.185	0.026
Romagnolo	4.721 ± 2.927	4.600 ± 3.135	2	0.631 ± 0.177	0.639 ± 0.171	0.013
Grigio Siciliano	5.304 ± 3.237	5.400 ± 3.481	1	0.544 ± 0.277	0.594 ± 0.237	0.086 ^{**}
Pantesco	3.599 ± 1.933	3.600 ± 2.098	1	0.388 ± 0.256	0.457 ± 0.263	0.152 ^{***}

AR = allelic richness (based on minimum sample size of 26 individuals), *n* = number of alleles, number of fixed loci, H_O = observed heterozygosity ± standard deviation (SD), H_E = expected heterozygosity (unbiased values according to Nei 1987) ± standard deviation (SD), F_{IS} = inbreeding coefficient, HWE deviations = number of loci departing from HWE equilibrium expectations (^ negative and positive values indicate the number of loci showing heterozygote deficiency and excess, respectively). Different thresholds of statistical significance are as follows:

** $P < 0.01$,

*** $P < 0.001$.

Table 4 Matrix of F_{ST} index values (below diagonal, all statistically significant at $P < 0.05$) and number of migrants between breeds (above diagonal).

	Asinara (ASI)	Sardo Grigio (SAG)	Amiatino (AMI)	Ragusano (RAG)	Martina Franca (MAF)	Romagnolo (ROM)	Grigio Siciliano (GRS)	Pantesco (PAN)
ASI	–	5.38	1.93	1.79	0.99	1.65	1.49	0.84
SAG	0.041	–	3.07	3.53	1.41	3.07	3.13	1.43
AMI	0.113	0.072	–	3.38	1.31	4.51	3.33	1.18
RAG	0.119	0.062	0.067	–	2.20	9.20	10.44	1.35
MAF	0.201	0.149	0.160	0.101	–	2.88	2.77	0.79
ROM	0.130	0.073	0.051	0.024	0.081	–	15.30	1.56
GRS	0.143	0.072	0.069	0.022	0.084	0.015	–	1.75
PAN	0.228	0.146	0.172	0.153	0.241	0.137	0.123	–

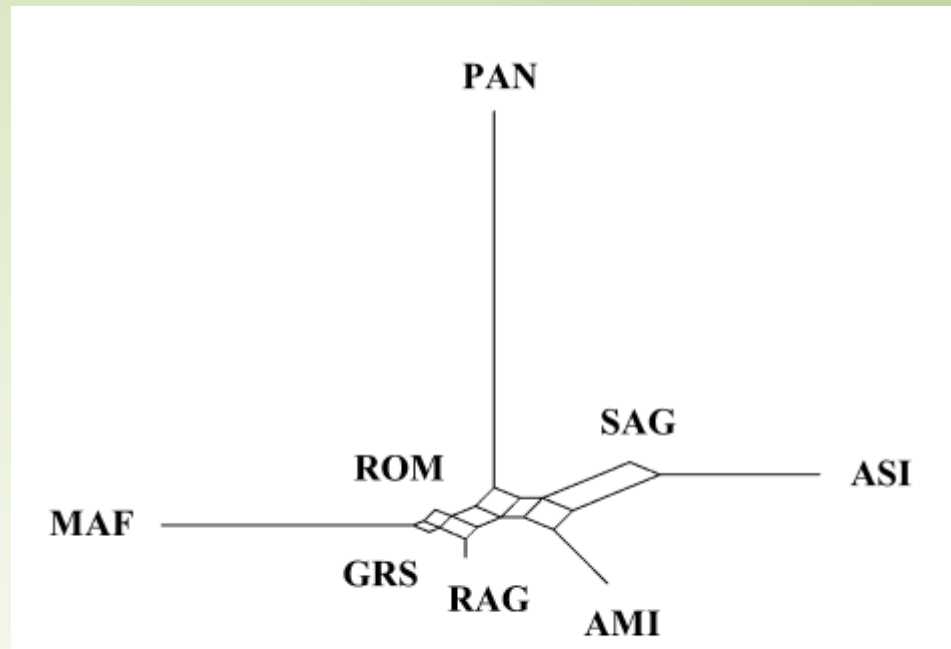


Figure 2 Neighbor-net based on Reynolds distance matrix between breeds.

Genetic structure and patterns of gene flow among populations of the endangered Ethiopian wolf (*Gottelli et al. 2012*)



Materiał: 72 próby z 8 stanowisk, badania 14 loci mikrosatelitarnych

Population	<i>n</i>	#loci	<i>A</i> -obs	<i>A</i> -sim	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>F_{IS}</i>
S Rift Valley							
Arsi recent (2000)	6(f)	8	2.75 ± 0.89	2.44 ± 0.60	0.67 ± 0.28	0.55 ± -0.17	-0.312
Arsi historic (1910)	8(t)	14	3.14 ± 1.17	2.58 ± 0.76	0.47 ± 0.29	0.54 ± 0.22	0.187
Bale (1990)	25(t)	14	2.71 ± 1.44	2.01 ± 0.65	0.33 ± 0.35	0.38 ± 0.22	0.172**
NW Rift Valley							
Choket (1910)	3(t)	14	2.93 ± 1.27	2.62 ± 1.00	0.32 ± 0.20	0.49 ± 0.24	0.348**
Gunat (1999)	2 (t)	12					
Simien (1999)	7(f) 6(t)	14	3.36 ± 1.65	2.03 ± 1.03	0.44 ± 0.27	0.51 ± 0.25	0.149*
NE Rift Valley							
N Wollo (1999)	5(t)	14	2.43 ± 1.02	2.30 ± 0.87	0.40 ± 0.25	0.47 ± 0.25	0.117
Menz (1999)	10(t)	14	2.64 ± 1.45	2.17 ± 0.83	0.40 ± 0.25	0.39 ± 0.25	0.055

n, sample size; f, faecal; t, tissue; #loci, number of genotyped loci; *a*, total number of alleles observed across loci; *A*, mean; *H_o*, observed heterozygosity; *H_e*, expected heterozygosity; *F_{IS}*, deviation from Hardy–Weinberg equilibrium; *A_i*, number of

Podsumowanie

Wpływ fragmentacji populacji na jej zmienność genetyczną zależy od:

- Liczby „fragmentów” czyli subpopulacji
- Wielkości subpopulacji i ich rozproszenia
- Odległości między subpopulacjami i barier (możliwość migracji)
- Zdolności migracyjnych gatunku
- Czasu, który upłynął od fragmentacji



Dziękuję,
na dzisiaj
wystarczy

23.01.2004