

Zarządzanie populacjami zwierząt

Genetyka populacji

Czym będziemy się zajmować

Struktura genetyczna populacji, prawo równowagi, czynniki wpływające na zmiany struktury i skutki ich stosowania w populacji zależnie od celu jej prowadzenia

Genetyczne relacje między osobnikami w populacji

Efektywna wielkość populacji i sposoby jej maksymalizacji

Konsekwencje fragmentacji i izolacji populacji

Parametry genetyczne cech

Ocena wartości hodowlanej, dokładność i cele

Selekcja naturalna i sztuczna, metody, efekty, cele

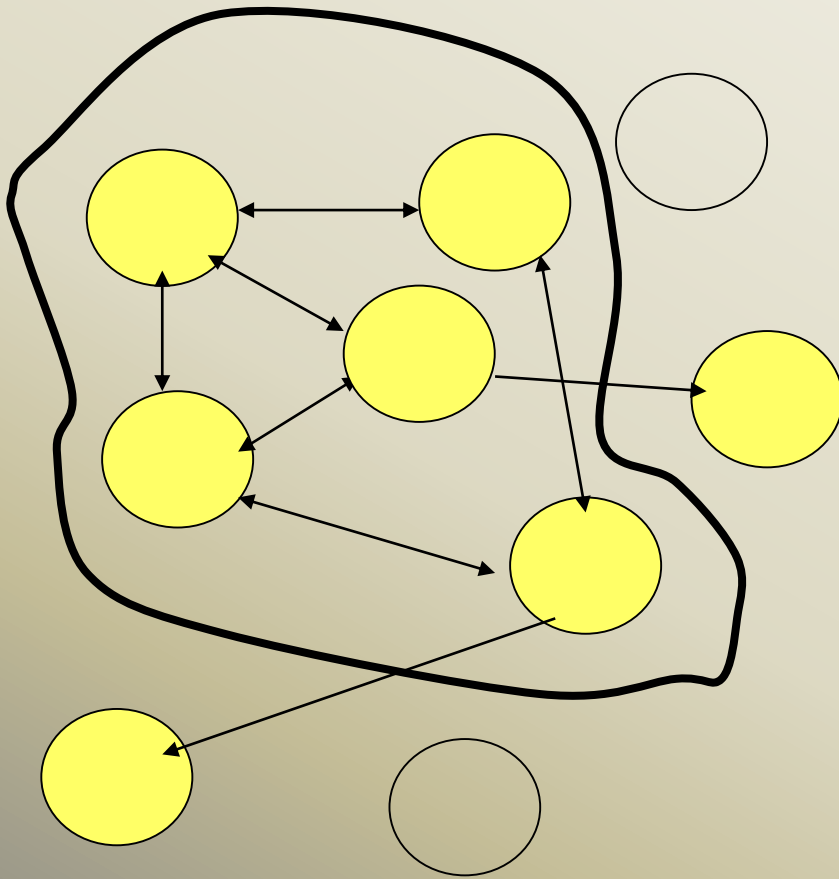
Kojarzenia i krzyżowanie – cele, techniki, osiągnięte rezultaty. Heterozja a depresja inbredowa

Przykłady prowadzenia populacji zwierząt gospodarskich zależnie od celu – uzyskiwanie postępu hodowlanego, zachowanie zmienności

Gospodarowanie populacjami naturalnymi zwierząt gatunków łownych i chronionych

Populacja

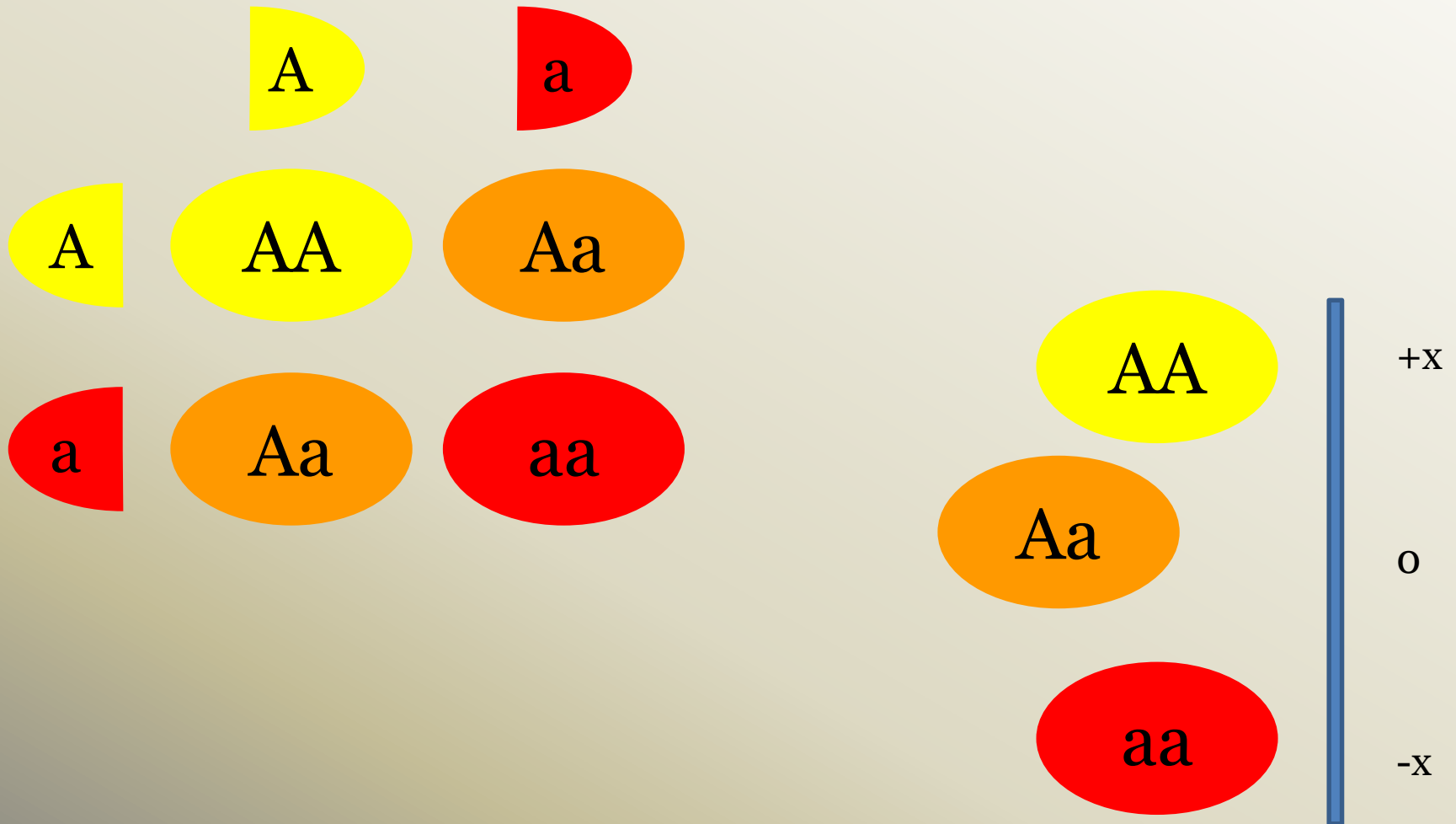
Populacja – zbiór organizmów żywych posiadających pewną własność np. zwierzęta danego gatunku lub rasy



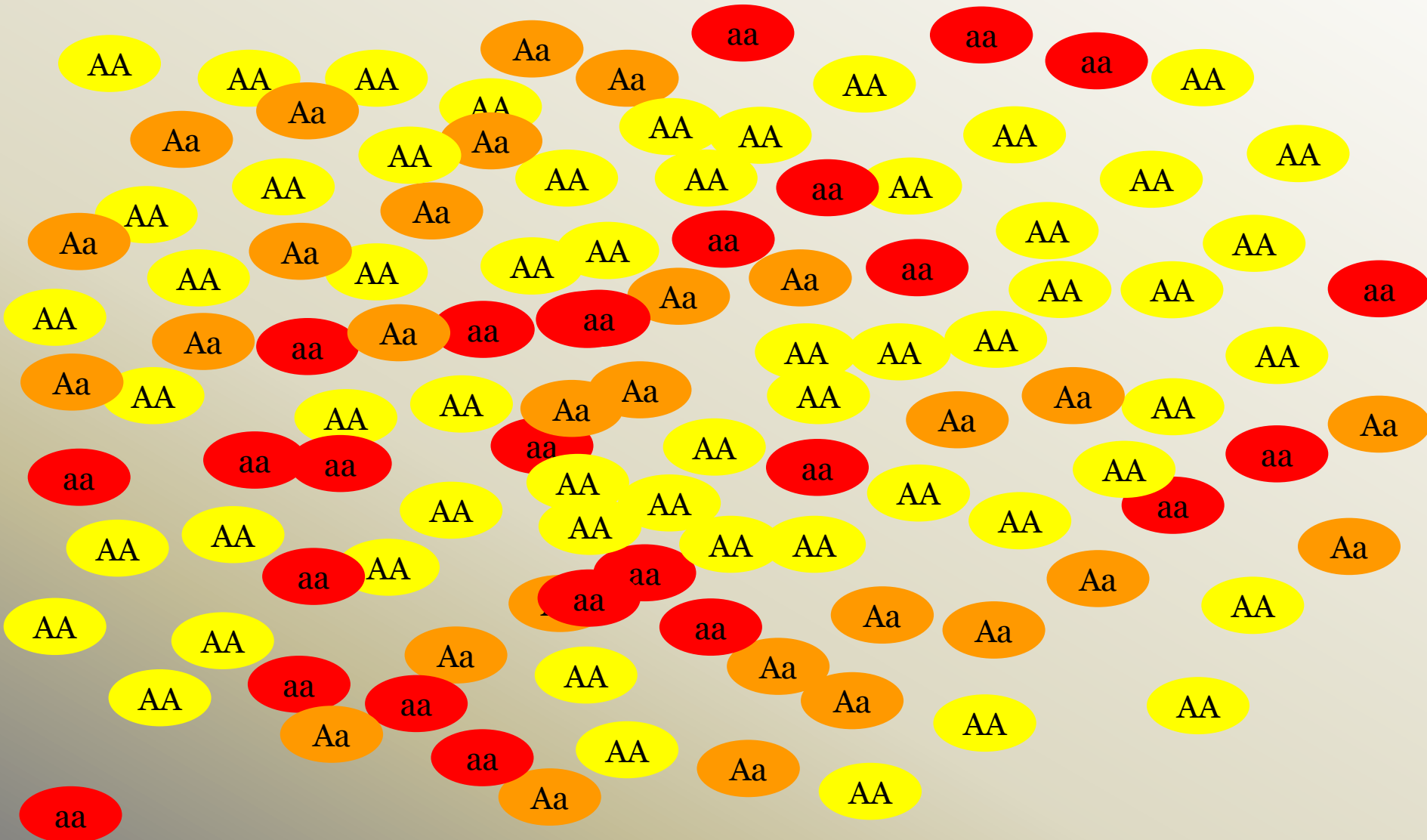




Model 1 *locus*



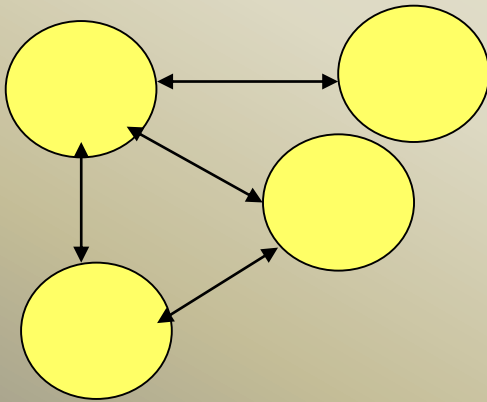
Populacja



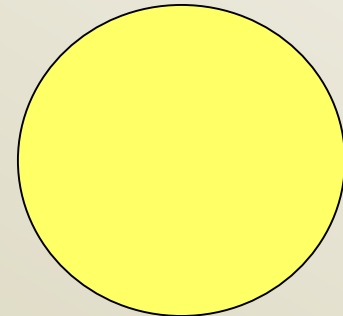
Populacja

Populacja – zbiór organizmów żywych posiadających pewną własność np. zwierzęta danego gatunku lub rasy

otwarta



zamknięta



Genetyka populacji

ocenia genetyczną strukturę populacji oraz zmiany tej struktury pod wpływem różnych czynników uwzględniając znane zasady dziedziczenia

Struktura genetyczna populacji

opis alleli i genotypów w poszczególnych *loci* wraz z częstością (prawdopodobieństwem) ich występowania w populacji

Struktura populacji

Frekwencja genotypów

$$p_{AA} = 12/50 = 0,24$$

$$p_{Aa} = 16/50 = 0,32$$

$$p_{aa} = 22/50 = 0,44$$

Frekwencja alleli:

$$p_A = (2 \times 12 + 16) / 100 = 0,40$$

$$p_a = (2 \times 22 + 16) / 100 = 0,60$$

$$p_{AA} = 12/50 = 0,24$$

Liczba alleli w *locus*

$$A_{\text{obs}} = 2$$

genotyp	liczba osobników
AA	12
Aa	16
aa	22

Model 1 *locus*

Wszystkie osobniki homozygotyczne (AA)

Częstość genotypu AA $P = 1$

Częstość allelu A $p_A = 1$

Dwa allele w populacji : A i a

Częstość genotypów:

AA z częstością P

Aa z częstością Q

aa z częstością R

$$P + Q + R = 1$$

$(p_A \leq 1, p_a \leq 1;)$

$$p_A + p_a = 1$$

$$(p + q = 1)$$

Losowe łączenie gamet

		Gamety męskie		
		allel	A	a
		allel	p	q
		częstość	p	q
Gamety żeńskie	A	p	AA	Aa
			p*p	p*q
	a	q	aA	aa
			q*p	q*q

Prawo Hardy'ego i Weinberga

Częstość (frekwencja) alleli w populacji jest stała w kolejnych pokoleniach. Stałość frekwencji jest równoznaczna z równowagą genetyczną populacji.

$$(p+q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$$

Wzór dotyczy dwóch alleli w *locus*, których frekwencja opisana jest symbolami **p** oraz **q**, więc $p + q = 1$

p^2 = frakcja homozygot allelu o frekwencji **p**

q^2 = frakcja homozygot allelu o frekwencji **q**

$2pq$ = frakcja heterozygot

jeśli $p = 0,8$, $q = 0,2$

$$(0,8 + 0,2)^2 = (0,8)^2 + 2(0,8)(0,2) + (0,2)^2 = 0,64 + 0,32 + 0,04$$

Prawo Hardy'ego i Weinberga

Założenia :

- Populacja jest nieskończenie duża
- W populacji występują organizmy diploidalne
- Kojarzenia są losowe
- Pokolenia nie zachodzą na siebie
- Brak wpływu czynników, które mogą zmieniać strukturę genetyczną populacji

Genotypy występują z częstością **P, Q i R** odpowiednio

Częstość alleli z częstości genotypów:

$$A \quad p = (2P + Q)/2 = P + Q/2$$

$$a \quad q = (2R + Q)/2 = R + Q/2$$

Sprawdzenie czy populacja jest w stanie równowagi HW

Przykład:

W populacji jest 200 osobników, w tym 120 o genotypie AA, 60 heterozygot i reszta homozygot aa.

Częstość allelu A w populacji:

$$p = (2 \times 120 + 60) / (2 \times 200) = 0,75$$

Faktyczne

$$P = 120 / 200 = 0,6$$

$$Q = 60 / 200 = 0,3$$

$$R = 20 / 200 = 0,1$$

Teoretyczne

częstości genotypów

$$P_t = 0,75^2 = 0,5625$$

$$Q_t = 2 \times 0,75 \times 0,25 = 0,375$$

$$R_t = 0,25^2 = 0,0625$$

Kojarzenia losowe - częstość połączeń

		Samce		
		AA	Aa	aa
Samice	AA	P x P	P x Q	P x R
	Aa	Q x P	Q x Q	Q x R
	aa	R x P	R x Q	R x R

			Prawdopodobieństwo genotypów			
			AA	Aa	aa	
AA	x	AA	P x P	1	0	0
AA	x	Aa	P x Q	1/2	1/2	0
AA	x	aa	P x R	0	1	0
Aa	x	AA	Q x P	1/2	1/2	0
Aa	x	Aa	Q x Q	1/4	1/2	1/4
Aa	x	aa	Q x R	0	1/2	1/2
aa	x	AA	R x P	0	1	0
aa	x	Aa	R x Q	0	1/2	1/2
aa	x	aa	R x R	0	0	1

Częstość genotypów
po uporządkowaniu:

$$P' = P^2 + 2PQ \times \frac{1}{2} + Q^2 \times \frac{1}{4} = P^2 + PQ + \frac{1}{4} Q^2 = (P + Q/2)^2 = p^2$$

$$Q' = 2PQ \times \frac{1}{2} + 2PR + Q^2 \times \frac{1}{2} + 2QR \times \frac{1}{2} = PQ + 2PR + \frac{1}{2} Q^2 + QR = \\ = 2(P + Q/2)(R + Q/2) = 2pq$$

$$R' = Q^2 \times \frac{1}{4} + 2QR \times \frac{1}{2} + R^2 = \frac{1}{4} Q^2 + QR + R^2 = (R + Q/2)^2 = q^2$$

Populacja w stanie równowagi

Udział heterozygot w populacji jest równy teoretycznej częstości heterozygot w populacji

$$H_o = H_e$$

Czy populacja jest w stanie równowagi, jeśli liczba poszczególnych genotypów jest równa?

genotyp	liczba osobników
AA	12
AB	16
AC	21
AD	15
BB	18
BC	29
BD	11
CC	26
CD	19
DD	33

p_A	$(2*12+16+21+15)/400$		0,1900
p_B	$(2*18+16+29+11)/400$		0,2300
p_C	$(2*26+21+29+19)/400$		0,3025
p_D	$(2*33+15+11+19)/400$		0,2775

genotyp	liczba osobników	frekwencja	przy losowym kojarzeniu
AA	12	0,060	0,0361
AB	16	0,080	0,0874
AC	21	0,105	0,1150
AD	15	0,075	0,1055
BB	18	0,090	0,0529
BC	29	0,145	0,1392
BD	11	0,055	0,1277
CC	26	0,130	0,0915
CD	19	0,095	0,1679
DD	33	0,165	0,0770
	200	1,00	1,00

Więcej niż 2 allele w danym *locus*

Ogólnie:

Dla allelu o frekwencji p_i

frekwencja układów homozygotycznych = p_i^2

Dla dwóch alleli o frekwencji p_i i p_j

frekwencja układów heterozygotycznych = $2p_i p_j$

W populacji 3 allele np. A_1, A_2, A_3

częstość alleli: p_1, p_2, p_3

Możliwe genotypy:

$A_1A_1, A_1A_2, A_1A_3, A_2A_2, A_2A_3,$

A_3A_3

Częstość genotypów:

$$(p_1 + p_2 + p_3)^2 = p_1^2 + 2p_1p_2 + 2p_1p_3 + p_2^2 + 2p_2p_3 + p_3^2$$

W populacji 3 allele w danym *locus* np. A_1, A_2, A_3
częstość alleli: p_1, p_2, p_3

$$p_1 + p_2 + p_3 = 1$$

Możliwe genotypy:

$$A_1A_1, A_1A_2, A_1A_3, A_2A_2, A_2A_3, A_3A_3$$

Przy m allelach w danym *locus* liczba ich kombinacji w genotypach wynosi:

$$\frac{m(m+1)}{2}$$

Locus sprzężone z płcią

Płeć homogametyczna (samice u ssaków, samce u ptaków)
częstość genotypów zgodna z rozwiniętym dwumianem kwadratowym:

$$\begin{array}{ll} X_A X_A & p^2 \\ X_A X_a & 2pq \\ X_a X_a & q^2 \end{array}$$

Płeć heterogametyczna

Częstość genotypów zgodna z częstością alleli

$$\begin{array}{ll} X_A Y & p \\ X_a Y & q \end{array}$$

Model więcej niż 1 *locus*

Układ dwóch *loci* - w każdym występują dwa allele, *loci* są niezależne

Locus A :

- A_1 z częstością p_1
- A_2 z częstością p_2

Locus B :

- B_1 z częstością q_1
- B_2 z częstością q_2

Gamety powstaną :

- $A_1 B_1$ z częstością $p_1 q_1$
- $A_1 B_2$ z częstością $p_1 q_2$
- $A_2 B_1$ z częstością $p_2 q_1$
- $A_2 B_2$ z częstością $p_2 q_2$
-

Zmienność w modelu 2 loci

Gamety	A ₁ B ₁	A ₁ B ₂	A ₂ B ₁	A ₂ B ₂
A ₁ B ₁	A ₁ A ₁ B ₁ B ₁ $p_1 * p_1 * q_1 * q_1$	A ₁ A ₁ B ₁ B ₂ $p_1 * p_1 * q_1 * q_2$	A ₁ A ₂ B ₁ B ₁ $p_1 * p_2 * q_1 * q_1$	A ₁ A ₂ B ₁ B ₂ $p_1 * p_2 * q_1 * q_2$
A ₁ B ₂	A ₁ A ₁ B ₁ B ₂ $p_1 * p_1 * q_1 * q_2$	A ₁ A ₁ B ₂ B ₂ $p_1 * p_1 * q_2 * q_2$	A ₁ A ₂ B ₁ B ₂ $p_1 * p_2 * q_1 * q_2$	A ₁ A ₂ B ₂ B ₂ $p_1 * p_2 * q_2 * q_2$
A ₂ B ₁	A ₁ A ₂ B ₁ B ₁ $p_1 * p_2 * q_1 * q_1$	A ₁ A ₂ B ₁ B ₂ $p_1 * p_2 * q_1 * q_2$	A ₂ A ₂ B ₁ B ₁ $p_2 * p_2 * q_1 * q_1$	A ₂ A ₂ B ₁ B ₂ $p_2 * p_2 * q_1 * q_2$
A ₂ B ₂	A ₁ A ₂ B ₁ B ₂ $p_1 * p_2 * q_1 * q_2$	A ₁ A ₂ B ₂ B ₂ $p_1 * p_2 * q_2 * q_2$	A ₂ A ₂ B ₁ B ₂ $p_2 * p_2 * q_1 * q_2$	A ₂ A ₂ B ₂ B ₂ $p_2 * p_2 * q_2 * q_2$

Frekwencja genotypów w następnym pokoleniu

Po uporządkowaniu:

$A_1A_1B_1B_1$	$p_1^2q_1^2$	$A_1A_2B_2B_2$	$2 \cdot p_1p_2q_2^2$
$A_1A_1B_2B_2$	$p_1^2q_2^2$	$A_2A_2B_1B_2$	$2 \cdot p_2^2q_1q_2$
$A_1A_1B_1B_2$	$2 \cdot p_1^2q_1q_2$	$A_2A_2B_1B_1$	$p_2^2q_1^2$
$A_1A_2B_1B_1$	$2 \cdot p_1p_2q_1^2$	$A_2A_2B_2B_2$	$p_2^2q_2^2$
$A_1A_2B_1B_2$	$4 \cdot p_1p_2q_1q_2$		

zróżnicowane kombinacje alleli z dwóch par, co przy ich ewentualnym współdziałaniu doprowadzi do różnych efektów genetycznych

Równowaga sprzężeniowa

Jeżeli :

$$p_1 = p_2 = q_1 = q_2 = 0,5$$

Gamety powstaną :

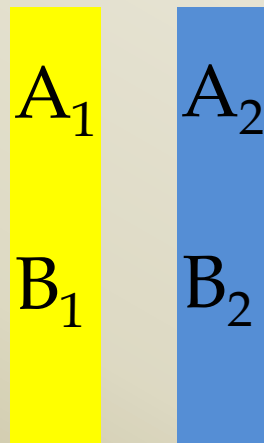
- $A_1 B_1$ z częstością $p_1 q_1 = 0,25$
- $A_1 B_2$ z częstością $p_1 q_2 = 0,25$
- $A_2 B_1$ z częstością $p_2 q_1 = 0,25$
- $A_2 B_2$ z częstością $p_2 q_2 = 0,25$

Wtedy: $A_1 B_1 + A_2 B_2 = A_1 B_2 + A_2 B_1$

$$D = A_1 B_1 + A_2 B_2 - A_1 B_2 - A_2 B_1$$

D współczynnik nierównowagi, $D=0$ stan równowagi

Loci sprzężone



$$A_1 B_1 = A_2 B_2$$

oraz

$$A_1 B_2 = A_2 B_1$$

Udział gamet zrekombinowanych tj. suma częstości $A_1 B_2 + A_2 B_1$ to frakcja rekombinacyjna r .

jeśli *loci* niesprzężone to $r = 0,5$.

dla *loci* sprzężonych frakcja rekombinacyjna zależy od dystansu je dzielącego na chromosomie (częstości crossing over) i r będzie miało wartość od 0 do 0,5

Nierównowaga sprzężeniowa

dla $r=0.5$, gdy jest równowaga sprzężeniowa nie oznacza, że populacja znajduje się w równowadze w rozumieniu równowagi Hardy'ego i Weinberg'a. Różnica obu form nierównowagi, oprócz różnych przyczyn ją wywołujących, różni się tempem dochodzenia do stanu równowagi.

Proces dochodzenia do równowagi w kolejnych pokoleniach (t):

$$D_t = (1 - r)^t \cdot D_0$$

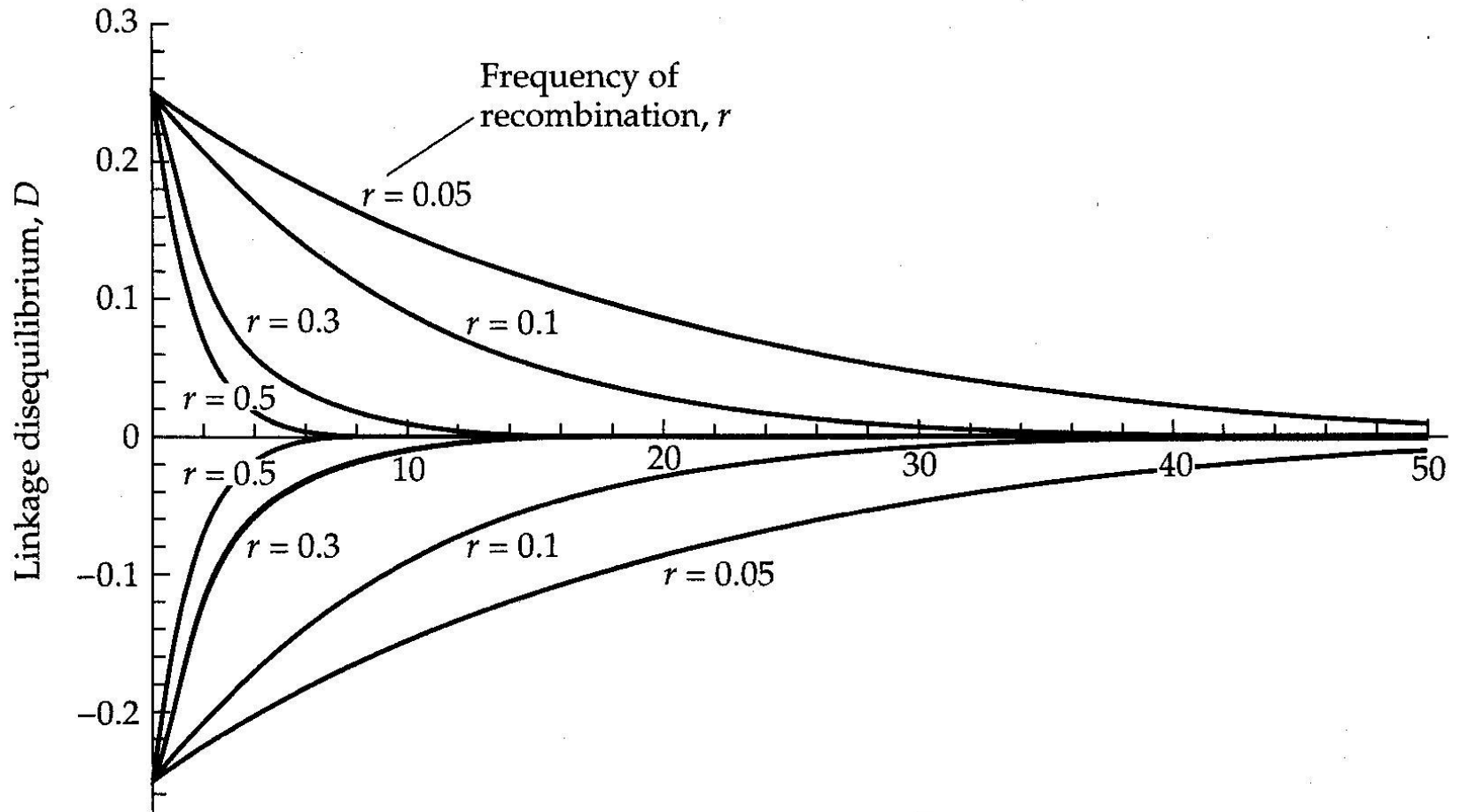
D_t - wielkość nierównowagi w pokoleniu t

D_0 - wielkość nierównowagi w pokoleniu wyjściowym

D_t dąży do 0 jeśli wyrażenie $(1-r)^t$ dąży do 0.

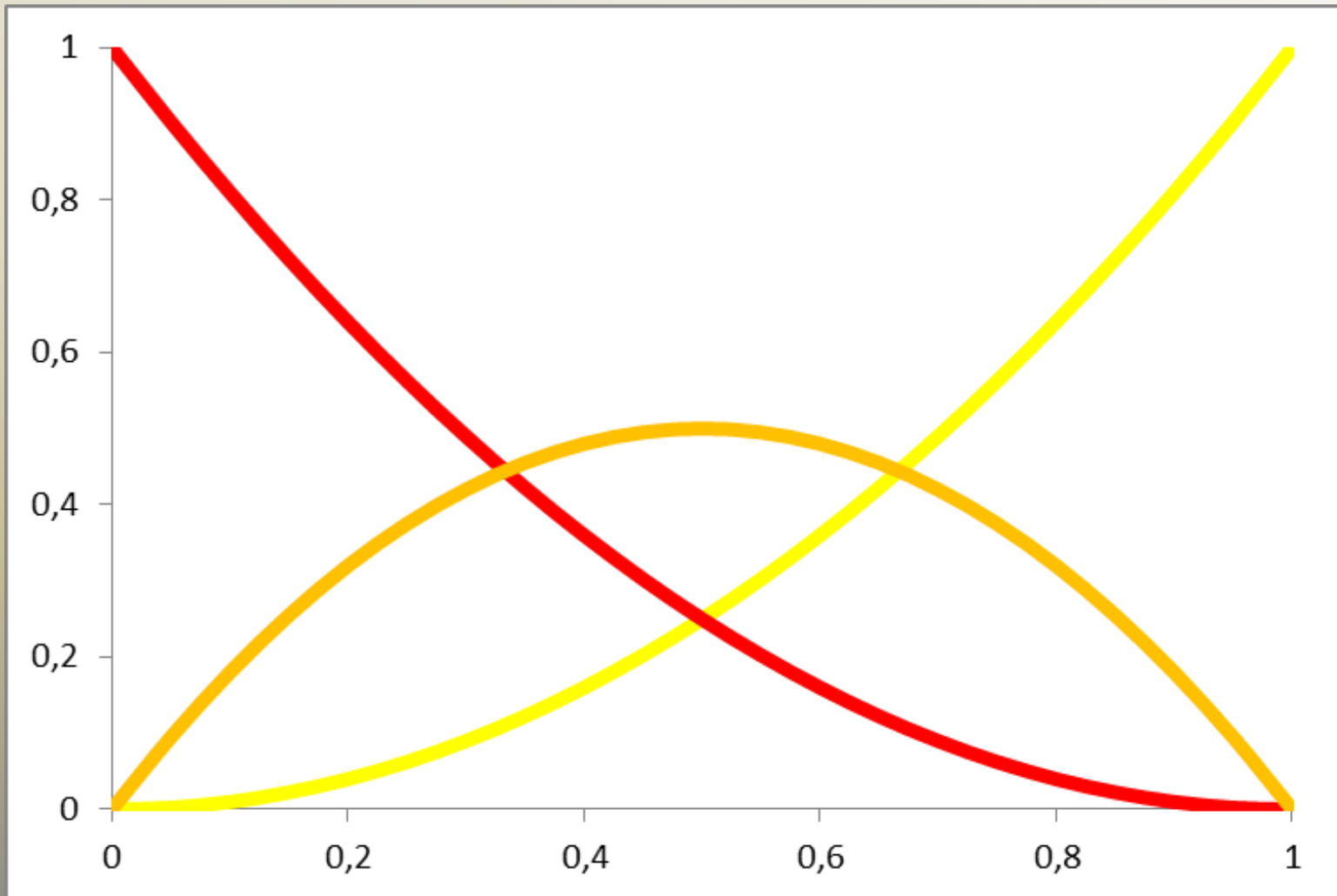
Jeśli $r = 1/2$ (znaczy gdy brak sprzężenia), odchylenie od równowagi zmniejsza się w każdym pokoleniu o połowę.

Tempo dochodzenia do równowagi



Zróżnicowanie genetyczne

Zmienność w obrębie danej populacji $\sigma^2 = pq$



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	p^2	$2pq$	q^2	$p^2+2pq+q^2 = 1$
$W = 1 - s$	w_{11}	w_{12}	w_{22}	
Frekwencja po selekcji	p^2w_{11}	$2pqw_{12}$	q^2w_{22}	$p^2w_{11}+2pqw_{12}+q^2w_{22}$
Frekwencja alleli	$p' = \frac{p^2w_{11} + pqw_{12}}{\bar{w}}$			\bar{w}
	$q' = \frac{pqw_{12} + q^2w_{22}}{\bar{w}}$			

Zmiana frekwencji allelu

$$\begin{aligned}\Delta p &= p' - p = \frac{p^2 w_{11} + pqw_{12}}{\bar{w}} - \frac{p\bar{w}}{\bar{w}} = \frac{p(pw_{11} + qw_{12}) - p(p^2 w_{11} + 2pqw_{12} + q^2 w_{22})}{\bar{w}} = \\ &= \frac{p(pw_{11} + qw_{12} - p^2 w_{11} - 2pqw_{12} - q^2 w_{22})}{\bar{w}} = \frac{p(pw_{11} - p^2 w_{11} + qw_{12} - 2pqw_{12} - q^2 w_{22})}{\bar{w}} = \\ &= \frac{p[pw_{11} - p^2 w_{11} + qw_{12}(1 - 2p) - q^2 w_{22}]}{\bar{w}} =\end{aligned}$$

$$p + q = 1$$

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

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

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

Zmiana frekwencji alleli

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

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

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 $w_{22} > 0$

$$s = 1 - w_{22}$$

Zmiana frekwencji *allelu* a

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

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 $\Delta q < 0$

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

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

$$w_{12} < w_{11} \quad \text{oraz} \quad w_{12} < w_{22}$$

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

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

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

Założmy, 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

$$t = 2; \quad p_2 = p_1 \cdot (1-u); \quad p_2 = p_0 \cdot (1-u)^2$$
$$t \quad p_t = p_0 \cdot (1-u)^t$$

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	0,9990	0,9802	0,9512	0,9048
1 na 1000000	0,9999	0,9980	0,9950	0,9990

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:

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

$$q_e = 0,5$$

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.

N_p

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 Bernoulliego

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

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



dziękuję

Anna Ralicka Perhowska
2005