

ZARZĄDZANIE POPULACJAMI ZWIERZĄT

2. CZYNNIKI ZABURZAJĄCE RÓWNOWAGĘ GENETYCZNĄ POPULACJI



Prowadzący: dr Wioleta Drobik-Czwarńo; mgr Magdalena Kaczmarek-Okrój
Katedra Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt

ZADANIA:

Loci wieloalleliczne:

$$(p+q+r)^2=p^2+2pq+2pr+q^2+2qr+r^2$$

- Grupy krwi u człowieka (ABO) warunkowane są serią trzech alleli wielokrotnych I^A , I^B oraz i .
 - I^A - warunkuje obecność antygeny krwinkowego A, kodominujący z I^B , częstość p
 - I^B - warunkuje obecność antygeny krwinkowego B, kodominujący z I^A , częstość q
 - i - warunkuje brak wymienionych antygenów, allel recesywny, częstość r
- Ile jest możliwych genotypów? Jakich?
- W pewnej wiosce zamieszkaney przez 300 osób, 3 osoby mają grupę krwi 0, a 72 grupę krwi A. Ilu osób o grupie krwi B oczekujemy?



LOCI WIELOALLELICZNE

- Barwa sierści u królików warunkowana jest przez szereg alleli wielokrotnych: C – czarny; C^{ch} – szynszyl, c – albinos. Jaki będzie udział procentowy osobników czarnych, a jaki albinosów w populacji w której frekwencja alleli warunkujących czarne oraz szynszylowe umaszczenie jest równa odpowiednio 0,3 oraz 0,5.

$$(p+q+r)^2$$



C-



C^{ch}C^{ch} ; C^{ch}C



cc



CZYNNIKI ZABURZAJĄCE RÓWNOWAGĘ

1. Czynniki, które mogą zmieniać frekwencję genów i genotypów w populacji:
 - Migracje
 - Selekcja
 - naturalna (dobór naturalny)
 - sztuczna
 - Mutacje
 - Dryf genetyczny
 - Nielosowe kojarzenie



MIGRACJE

- Zmiana frekwencji allelu zależy od **stopnia nasilenia migracji (m)** oraz **różnicy frekwencji** allelu pomiędzy subpopulacjami
- m – **udział osobników migrujących** w populacji miejscowej, wskazuje na tempo przepływu genów
- Udział osobników migrujących liczymy ze wzoru:

$$m = \frac{\text{liczba osobników migrujących}}{\text{liczba osobników w populacji miejscowej} + \text{liczba osobników migrujących}}$$

- Frekwencja allelu po t pokoleniach migracji:

$$p_t = p^* + (1-m)^t (p - p^*)$$

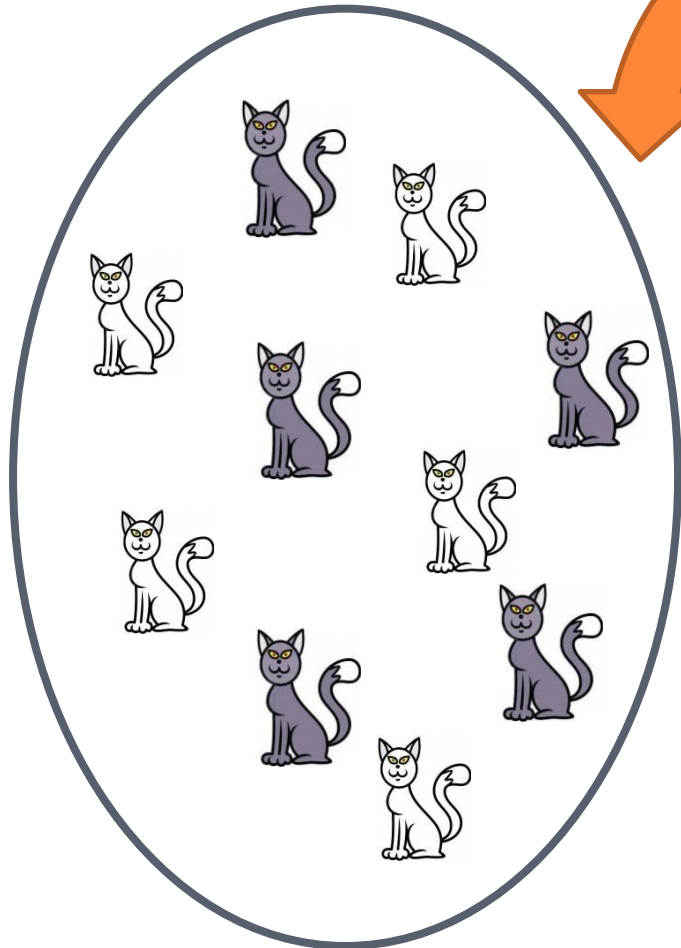
- p - frekwencja allelu w populacji miejscowej
- p_t - frekwencja allelu po t pokoleniach
- p^* - frekwencja allelu w populacji z której pochodzą osobniki migrujące
- t – liczba pokoleń, lat



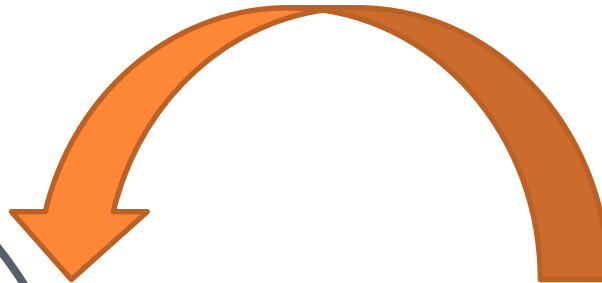
A

$$N_A=1000$$

$$p=q$$

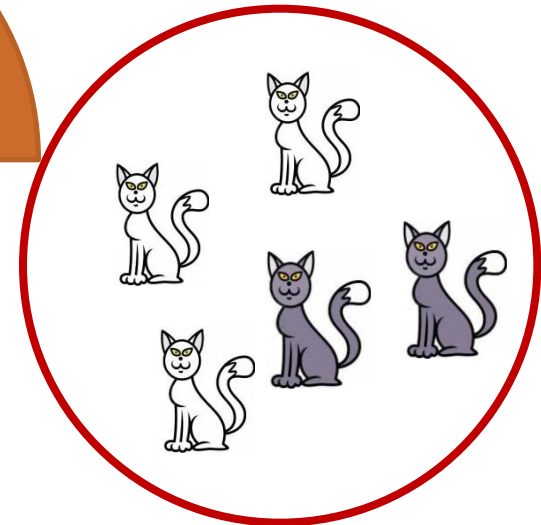


200 osobników

**B**

$$N_B=1000$$

$$p=0,3$$



Ile będzie równa frekwencja p oraz frekwencje genotypów:

1. w następnym pokoleniu
2. po kilkudziesięciu pokoleniach przy założeniu, że:
 - a) imigracja była jednorazowa
 - b) imigracja powtarzała się w każdym pokoleniu



ZADANIA:

Umaszczenie srokate u królików jest wynikiem mutacji genu (K), którego niezmutowana, dzika wersja (k) nie powoduje żadnych zakłóceń w produkcji i dystrybucji barwników skóry i jej przydatków, pozwalając na normalne działanie pozostałym genom wpływającym na ubarwienie królika. Allel K warunkujący srokatość jest dominujący.

- Jak zmieni się frekwencja allelu w miejscowej populacji królików po 5, 10, 50 pokoleniach pod wpływem imigracji jeżeli początkowa frekwencja allelu K była równa $p=0,2$ oraz:
 - $p^*=0,4$; $m=0,2$
 - $p^*=0,4$; $m=0,8$
 - $p^*=0,8$; $m=0,2$
 - $p^*=0,8$; $m=0,8$
- Jakiego udział królików srokatych spodziewamy się w każdym z tych przypadków po 10 pokoleniach?



ZADANIA:

1. Populacja susła moregowanego na pewnej łące liczy 250 osobników. W ramach programu reintrodukcji wypuszczono 13 kolejnych osobników z niewoli. Frekwencja allelu A warunkującego ciemniejsze umaszczenie w populacji dzikiej jest równa 0,3, natomiast u osobników w niewoli $p^* = 0,8$. Jaka będzie zmiana frekwencji genu A? Jak zmieni się frekwencja p po 10 latach jeżeli sytuacja ta będzie się powtarzać w każdym sezonie rozrodczym?



Autor: Maciej Szymański,
http://www.maciej-szymanski.pl/album/Ssaki/Susel/slides/2008_07_13_0219.html



MUTACJE

- Potencjalnie dziedziczne zmiany materiału genetycznego. Mogą zachodzić samorzutnie lub pod wpływem czynników zewnętrznych zwanych mutagenami
- Większość mutacji występuje bardzo rzadko, szacuje się, że jest to rząd wielkości 10^{-4} do 10^{-6} nowych form genu na pokolenie.
- Model dla mutacji neutralnych – nie mających znaczenia dla wskaźnika dostosowania



MUTACJE

Wzory

- u – zmiana allelu A w a
- v – zmiana allelu a w A
- $\Delta p = (1-p) * v$ $p_t = p_0 * (1-u)^t$
- $\Delta q = (1-q) * u$ $q_t = q_0 * (1-v)^t$

Możliwość mutacji odwrotnej:

- $p' = p + v * q - u * p$
- $q' = q - v * q + u * p$
- Jeżeli $p = p'$ to $v * q = u * p$



MUTACJE

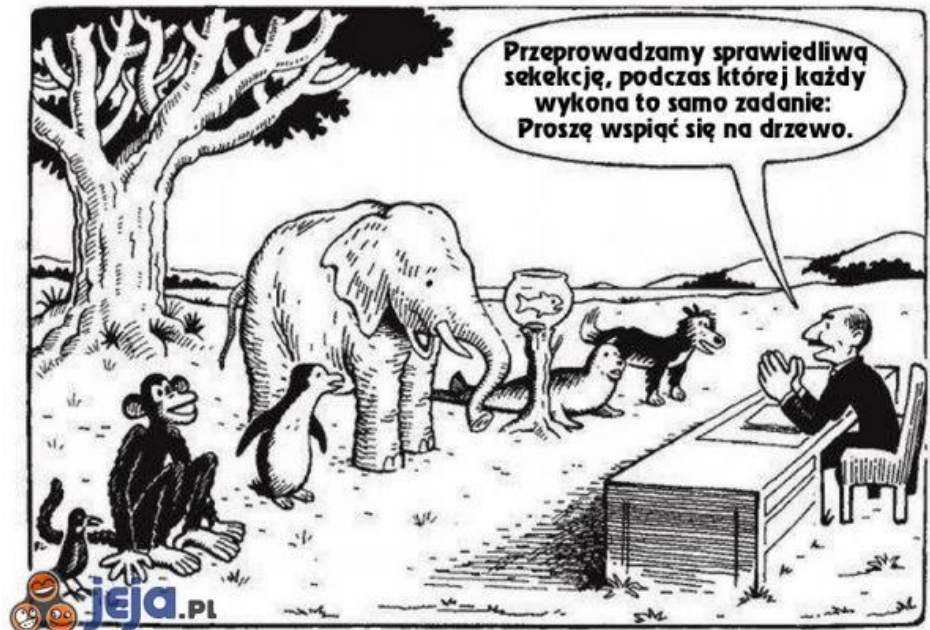
○ Zadania

1. Jaka będzie frekwencja allelu A w populacji homozygotycznej (AA) po 10, a jaka po 100 pokoleniach, jeżeli mutacja A w a zachodzi z częstością 10^{-4} ?
2. Częstość mutacji A w a wynosi 10^{-4} , zaś częstość mutacji a w A 10^{-5} . Oblicz zmianę w częstości allelu a w jednym pokoleniu, jeśli częstość początkowa tego allelu wynosi 5%.
3. W pewnej populacji częstość mutacji $u=0,001$, a częstość $v=0,003$. Przy jakiej frekwencji alleli mutacje nie będą zauważalne?



SELEKCJA

- Dotychczasowe założenie - wszystkie osobniki mają taką samą szansę zostawienia po sobie potomstwa.
- Proces dzięki któremu osobniki mają niejednakową szansę przekazania gamet następnemu pokoleniu nazywamy **selekcją**.
- Selekcję dzielimy na:
 - naturalną
 - sztuczną



WSPÓŁCZYNNIK REPRODUKCJI NETTO

- Współczynnik reprodukcji netto (R)

Liczba potomków przypadających na jednego osobnika, którzy dożywają do następnej reprodukcji

- Iloczyn liczby potomków (B) i ich prawdopodobieństwa przeżycia (S)

$$R = B * S$$

- Jeżeli:

- $R = 1$ – populacja ma stałą liczebność
- $R > 1$ – populacja zwiększa liczebność
- $R < 1$ – populacja zmniejsza liczebność



WSPÓŁCZYNNIK DOSTOSOWANIA

w – współczynnik względnego dostosowania – współczynnik reprodukcji netto danego genotypu (np. R_{aa}) dzielony przez najwyższy współczynnik reprodukcji dla danego zestawu genotypów (R_{max}). Np.:

Genotyp	S	B	R	w
AA	0,75	2	1,5	1
Aa	0,60	2,5	1,5	1
aa	0,50	2	1	0,67



WSPÓŁCZYNNIK SELEKCJI

- Współczynnik selekcji:

$$w=1-s$$

- Mówi w jakim stopniu działające w populacji czynniki selekcyjne wpływają na poszczególne genotypy
- Współczynnik selekcji przeciwko danemu genotypowi – liczba określająca jaką część gamet, które mógłby wytworzyć dany genotyp jest eliminowana na skutek selekcji.
- Wartości od 0 do 1
 - 0 –selekcja nie eliminuje żadnej gamety danego genotypu
 - 1 – selekcja eliminuje wszystkie gamety danego genotypu



ZMIANA FREKWENCJI ALLELI NA SKUTEK SELEKCJI

	Genotyp			Ogółem
	AA	Aa	aa	
Pokolenie 0	p^2	$2pq$	q^2	$p^2+2pq+q^2=1$
Współczynnik dostosowania	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 A i a po jednym pokoleniu selekcji:

$$p' = \frac{p^2w_{11} + pqw_{12}}{p^2w_{11} + 2w_{12}pq + q^2w_{22}}$$

$$q' = \frac{q^2w_{22} + pqw_{12}}{p^2w_{11} + 2w_{12}pq + q^2w_{22}}$$



ZADANIA:

1. W pewnej populacji współczynnik reprodukcji netto wynosi: AA – 5; Aa – 10 i aa – 8:
 - a) Oblicz współczynnik dostosowania (w) i selekcji (s)
 - b) Ile będzie równa frekwencja allelu a w następnym pokoleniu?



MODELE SELEKCJI

Model Dominowanie kompletne

- 1 Selekcja przeciw genotypowi recesywnemu
- 2 Selekcja faworyzująca homozygoty recesywne

Naddominacja

- 3 Selekcja faworująca heterozygoty
- 4 Selekcja faworująca homozygoty

Niepełna dominacja

- 5 Selekcja przeciw genotypowi recesywnemu oraz heterozygotom

W

AA	Aa	aa
----	----	----

1	1	1-s
1-s	1-s	1

1-s	1	1-s
1	1-s	1

1	1-s	1-s
---	-----	-----



DOMINOWANIE KOMPLETNE

SELEKCJA PRZECIWIW GENOTYPOWI RECESYWNEMU

- Zmiana we frekwencji frekwencji allelu a w wyniku selekcji
 - s – selekcja przeciw genotypowi recesywnemu ($s > 0$)
 - Δq – zmiana we frekwencji allelu

$$q_1 = \frac{q(1 - sq)}{1 - sq^2} \quad \Delta q = \frac{-sq^2(1 - q)}{1 - sq^2}$$

- Całkowita eliminacja homozygot:
 - q_0 – frekwencja allelu a w pokoleniu wyjściowym
 - q_t – frekwencja allelu a w pokoleniu t
 - Δq – zmiana we frekwencji allelu
 - t – liczba pokoleń

$$q_t = \frac{q_0}{1 + tq_0} \quad t = \frac{q_0 - q_t}{q_0 q_t}$$



ZADANIA:

1. Jak zmieni się frekwencja genów i genotypów po upływie 1 pokolenia, w populacji w której $p=q$, przy selekcji przeciwko homozygotom recesywnym $s=0,4$?
2. Barwa żółta myszy warunkowana jest dominującym allelem A^Y (dla uproszczenia częstość oznaczymy przez q), który w formie homozygotycznej powoduje śmierć osobnika w rozwoju zarodkowym.
 - a) Jaka będzie frekwencja allelu a po 2, 10, 100 pokoleniach jeżeli jego początkowa frekwencja wynosi $q=0,2$.
 - b) Jaka będzie frekwencja allelu a po 2, 10, 100 pokoleniach jeżeli jego początkowa frekwencja wynosi $q=0,9$.
 - c) Po ilu pokoleniach frekwencja tego allelu spadnie do 0,001 (zakładając $q_0=0,2$ oraz $q_0=0,9$)?

Do punktu a i b stwórz wykres dla frekwencji alleli w zależności od liczby pokoleń, które upłynęły

aa



A^Ya



SELEKCJA FAWORYZUJĄCA HETEROZYGOTY

- Genotyp heterozygotyczny będzie miał wyższe dostosowanie niż każda z homozygot. Sytuację taką określamy mianem **naddominacji**.

$$w_{12} > w_{11} \text{ i } w_{12} > w_{22}$$

- Zmiana we frekwencji allelu q

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

- Frekwencja allelu q w punkcie równowagi

$$q_e = \frac{s_{11}}{s_{11} + s_{22}}$$

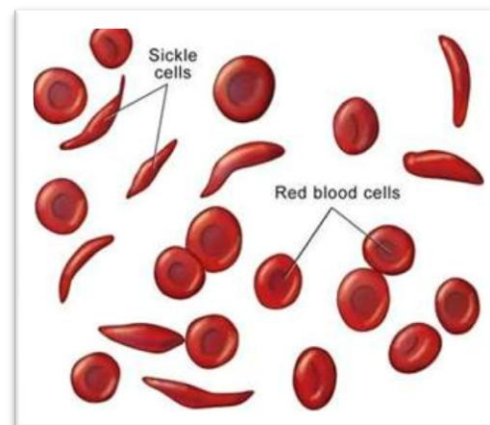
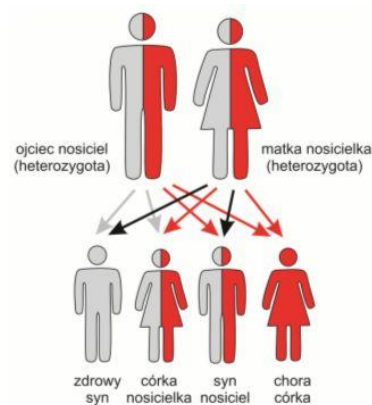


SELEKCJA FAWORYZUJĄCA HETEROZYGOTY

- Dostosowanie genotypów w krajach afrykańskich, w których występuje malaria:

W_{AA}	W_{AS}	W_{SS}
0,8	1	0,2

- Jaka jest frekwencja allelu S (koduje zmienioną formę β -hemoglobiny) w krajach, gdzie malaria jest częsta?
- Zakładając początkową frekwencję allelu S równą $f(S)=0,8$, jak zmieni się ona w jednym pokoleniu przy działaniu powyższych uwarunkowań selekcyjnych?

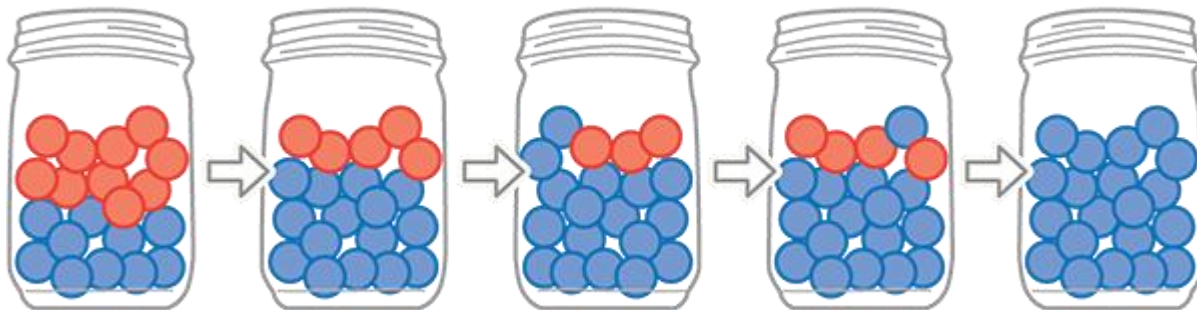


DRYF GENETYCZNY

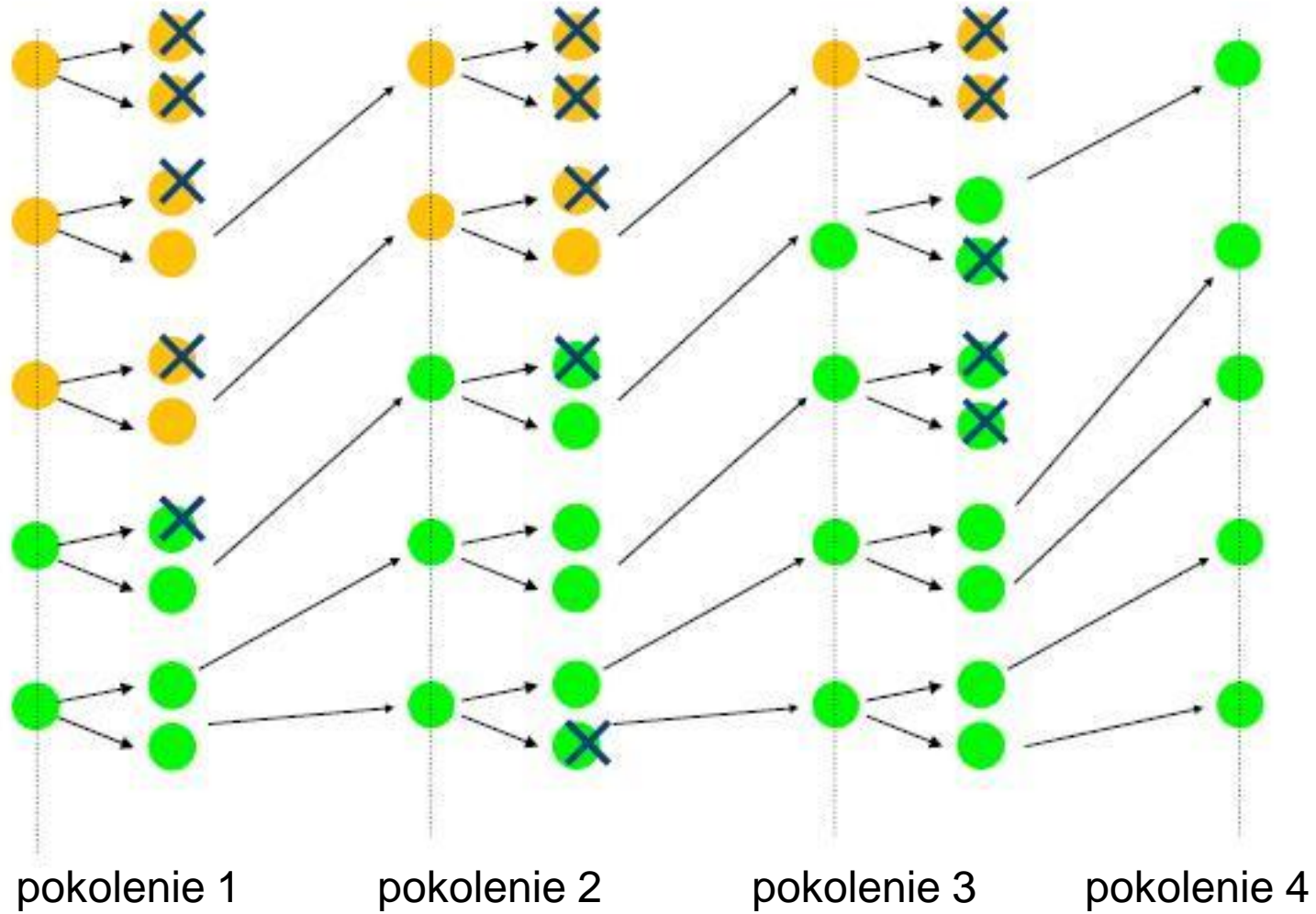
Zmiany częstości występowania genów/alleli w populacji, które nie wynikają z doboru naturalnego, migracji czy mutacji, ale ze zdarzeń losowych



losowe pobieranie prób o ograniczonej liczebności



DRYF GENETYCZNY



DRYF GENETYCZNY

- duża losowo rozmnażająca się populacja

$$p_A=0,5; q_a=0,5$$

$$0,25 AA; 0,5 Aa; 0,25 aa$$

.....**kataklizm**.....

- Cztery losowo wybrane osobniki przeżyły z całej populacji

- Wszystkie cztery AA

– zdarzenie z p-stwem $(0,25)^4=0,0039$

- Wszystkie cztery aa

– zdarzenie z p-stwem $(0,25)^4=0,0039$

.....w efekcie.....

- Dowolna kombinacja genotypów

.....**nowe losowanie**.....

- Częstość alleli w nowym pokoleniu zależy jedynie od genotypów tworzących poprzednie pokolenie, nie od częstości początkowych.



ROZKŁAD BERNOULLIEGO (DWUMIANOWY)

$$P(X = k) = \binom{n}{k} q^k (1 - q)^{n-k} \quad \text{gdzie:} \quad \binom{n}{k} = \frac{n!}{k!(n-k)!}$$

					1										
				1	1										
			1	2	1										
			1	3	3	1									
			1	4	6	4	1								
			1	5	10	10	5	1							
			1	6	15	20	15	6	1						
			1	7	21	35	35	21	7	1					
			1	8	28	56	70	56	28	8	1				
			1	9	36	84	126	126	84	36	9	1			
			1	10	45	120	210	252	210	120	45	10	1		
			1	11	55	165	330	462	462	330	165	55	11	1	
			1	12	66	220	495	792	924	792	495	220	66	12	1
0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12			



DRYF GENETYCZNY

- 1) Każdy żywy organizm wytwarza więcej gamet, niż zdolne jest przetrwać (*Darwin*).
- 2) Przypadek (między innymi) decyduje o tym, która gameta przetrwa i wejdzie w skład nowego pokolenia, a która zginie.
- 3) Przypadek staje się istotnym czynnikiem kształtującym częstość genów w populacjach.
- 4) Zjawisko losowych (przypadkowych) zmian alleli
= dryf genetyczny.

„DRYF”

– proces losowy nie wpływa na zmiany częstości alleli w żaden ustalony sposób.



KULA TOCZĄCA SIĘ PO TORZE DO GRY W KRĘGLE – CZĘSTOŚĆ ALLELU

○ ZAŁOŻENIA:

- nieskończenie długi tor do gry w kręgle
- na powierzchni występują liczne drobne nierówności
- po bokach są dwie rynny

• SKUTEK:

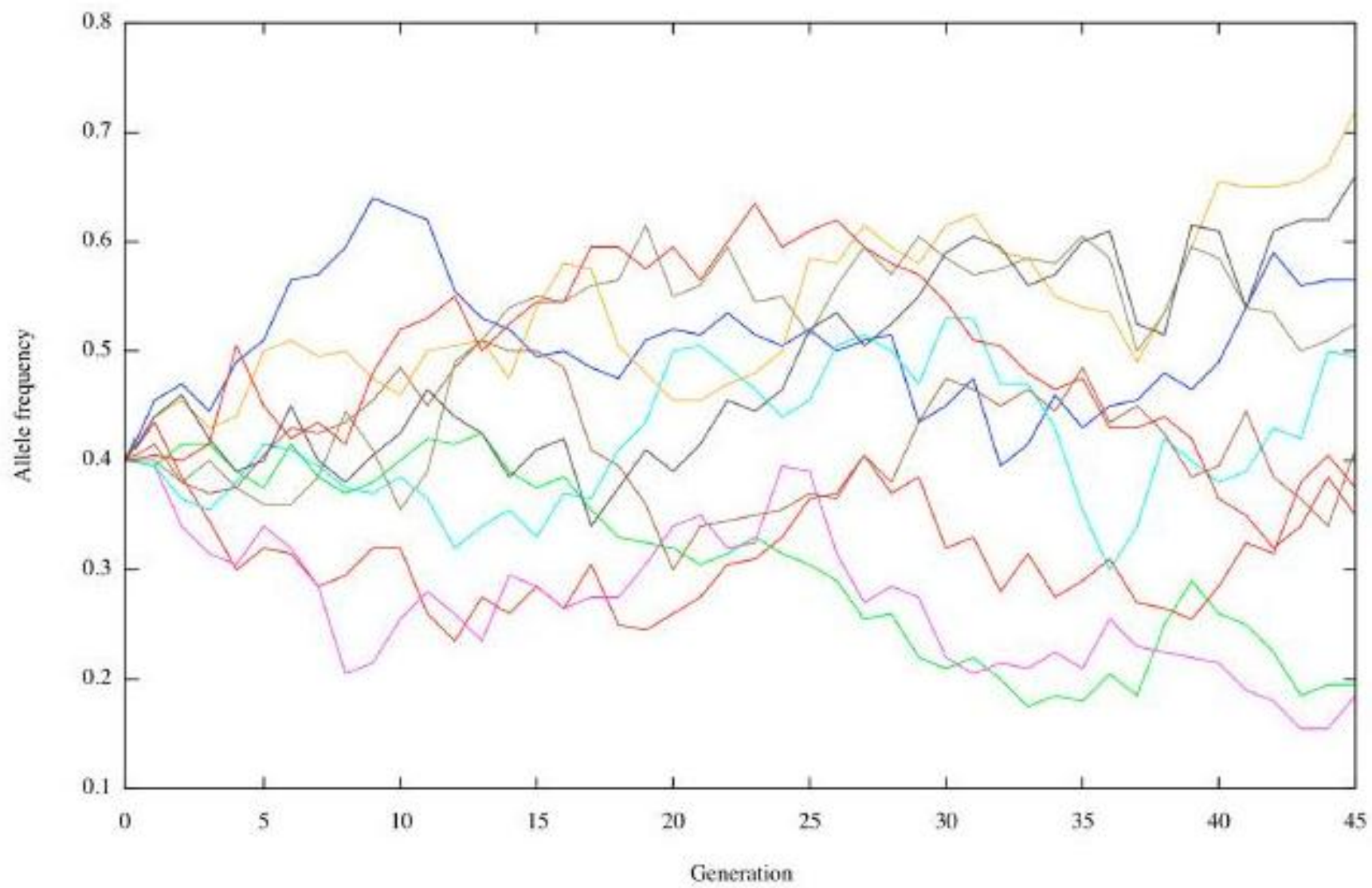
- wady powierzchni (I TYLKO ONE) sprawiają, że niepodlegająca grawitacji kula może zmieniać kierunek ruchu, ewentualnie wpaść do rynny

○ INTERPRETACJA:

- Przyszłe położenie kuli zależy wyłącznie od położenia bieżącego, nie zależy od tego, jak kula osiągnęła położenie bieżące.
- Rynny odpowiadają stanom utrwalenia ($p=0$; $p=1$).
- Szerokość toru odpowiada wielkości populacji. (*w jaki sposób?*)
- Nawet szeroki tor nie zapobiega okazjonalnemu wypadnięciu kuli!



Population size: $N = 200$



BOTTLENECK – EFEKT WĄSKIEGO GARDŁA

- Np. zagłada większości osobników w wyniku katastrofy ekologicznej – te które przeżyją będą losową próbą z istniejącej uprzednio populacji.
- Po wzroście liczebności populacji możemy mieć doczynienia z zupełnie inną populacją niż ta która przed katastrofą żyła na tym terenie.



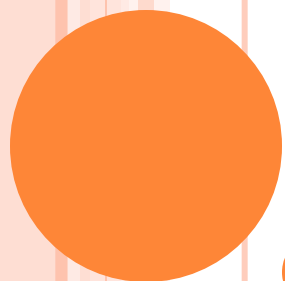
Przykład: Niezwykle mała zmienność genetyczna u gepardów
Drastycznie niska liczebność populacji (szacowana na 10 osobników) w okresie epoki lodowcowej



EFEKT ZAŁOŻYCIELA

- Odłączenie się od populacji wyjściowej niewielkiej grupy osobników, która migruje lub zostaje przeniesiona na nowy, odizolowany obszar.
- Np. z licznej populacji żyjącej na rozległym terenie kontynentu część osobników przedostaje się na odizolowaną wyspę
- Po wielu pokoleniach możemy mieć do czynienia z nową jednostką systematyczną np. podgatunkiem
 - Ewolucyjne przystosowanie do specyficznych warunków wyspy
 - Dryf genetyczny





DZIĘKUJĘ ZA UWAGĘ