

Konzervační genetika

GENETIKA MALÝCH POPULACÍ

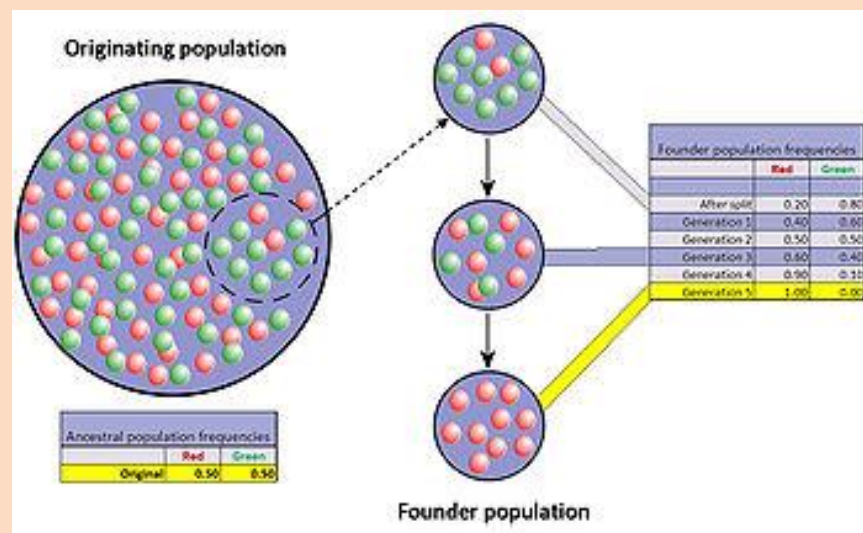
Petr Smýkal

Katedra botaniky, Univerzita Palackého,
Olomouc

Genetický drift a velikost efektivní populace (N_e)

genetický drift ovlivňuje složení populace, ale na rozdíl od přírodního výběru se jedná o naprosto náhodný proces. Proto i když je drift součástí evoluce, nepřispívá k adaptaci.

- genetický drift je důvodem proč máme obavy o přežití kriticky ohrožených druhů (jako je africký leopard) majících jen velmi malou populaci
- genetický drift působí mnohem výrazněji v malých populacích
- malá genetická diverzita snižuje schopnost přizpůsobení se změněným podmínkám



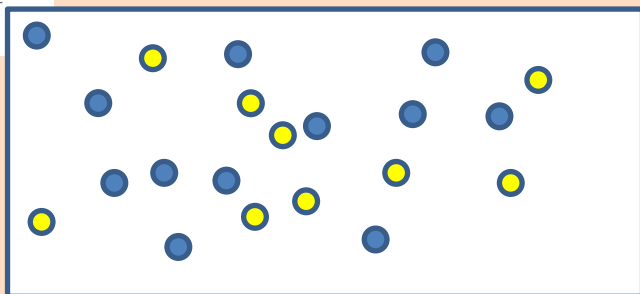
Náhodné vzorkování gamet projevující se genetickým driftem



Generace 0

Četnost (žlutých) (N = 5)

0.5

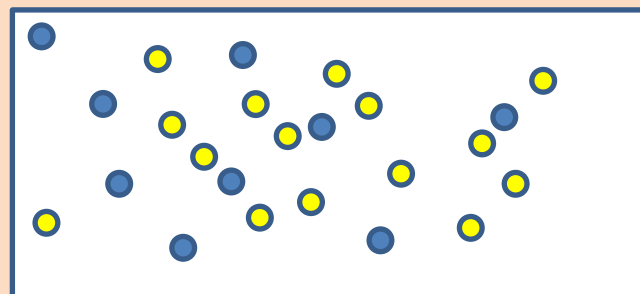


0.5



1

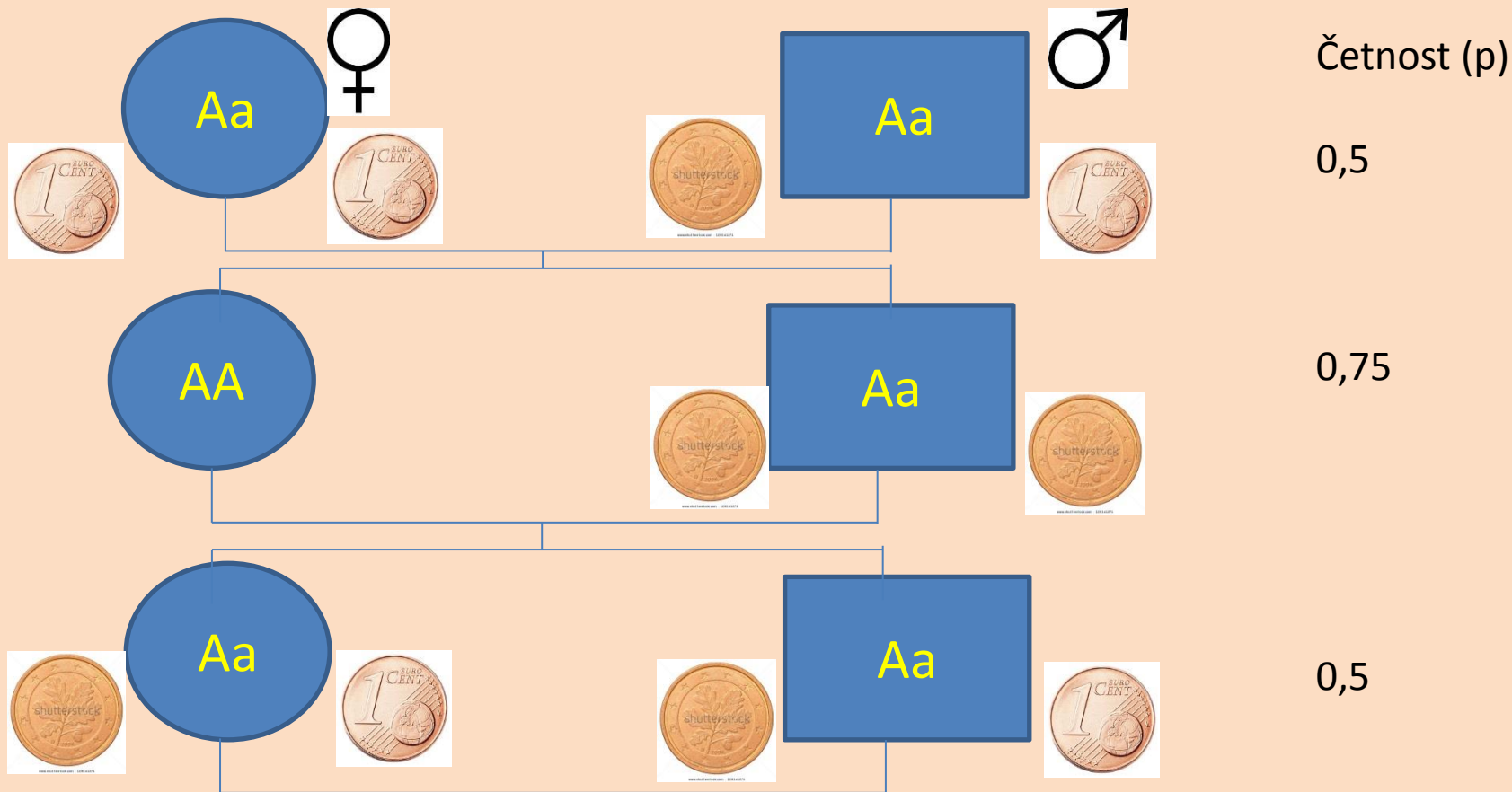
0.8



3

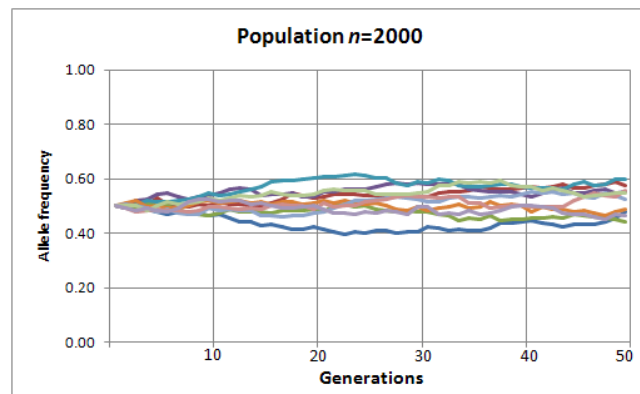
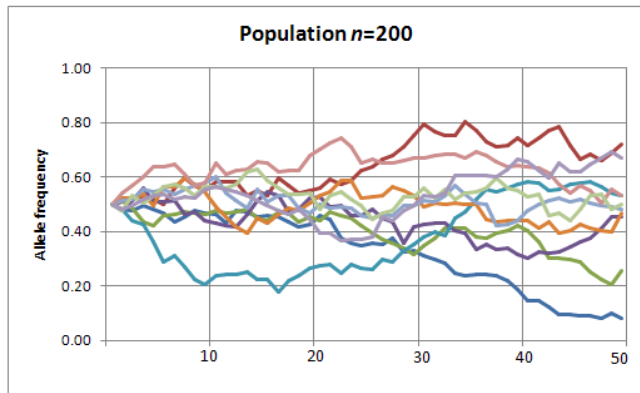
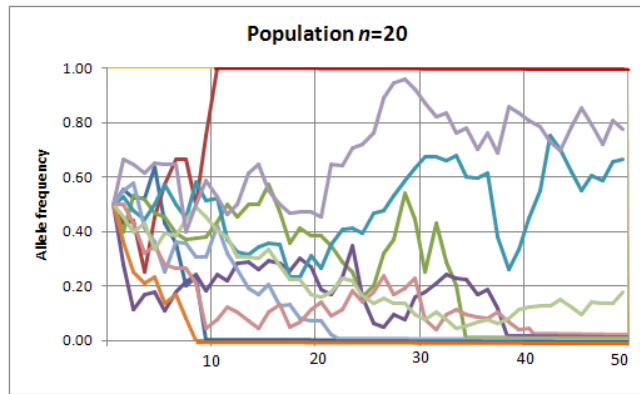
0.4

Simulace stochastického procesu genetického driftu



Simulace stochastického procesu genetického driftu

Generace	Matka	Otec	p	Ho	He
0	Aa (RR)	Aa (RL)	0.50	1.000	0.500
1	AA	AA (LL)	0.75	0.500	0.375
2	Aa (RL)	Aa (RL)	0.50	1.000	0.500
3	Aa (RR)	Aa(LR)	0.50	1.000	0.500
4	Aa (LL)	AA	0.75	0.500	0.375
5	aA (RL)	aA (LL)	0.50	1.000	0.500
6	Aa (LL)	aa	0.25	0.500	0.375
7	aa	aa	0.00	0.000	0.000



Simulace změn četností alel
vlivem genetického driftu
Pro odlišně veliké populace s
počáteční frekvencí 0,5

Malá populace = rychlá fixace
(ztráta alely)

Ztráta genetické variability: efekt inbrídingu v malých populacích

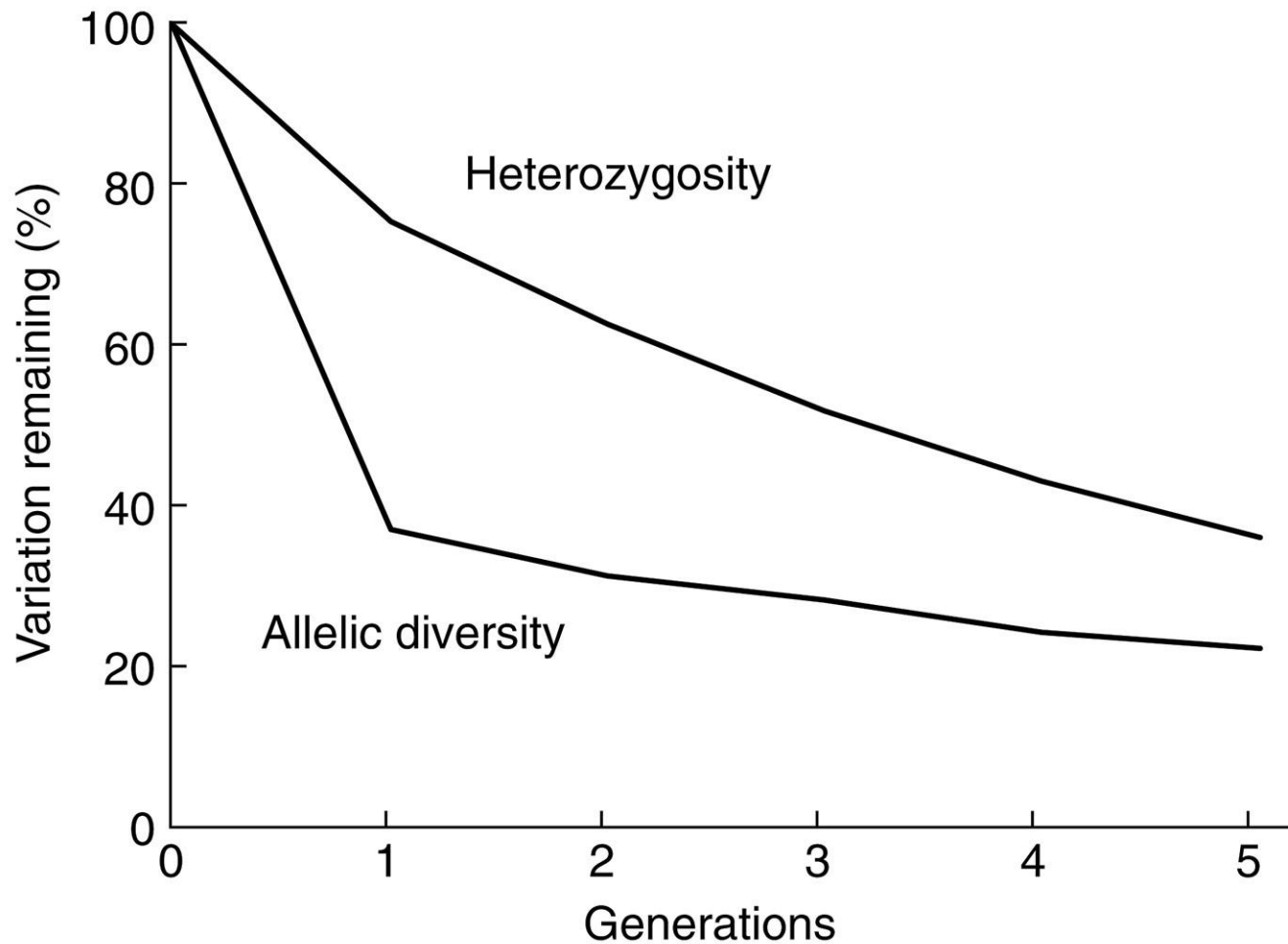
Koeficient inbrídingu (F) je pravděpodobnost, že se 2 alely v daném lokusu budou stejného původu

Zvyšování homozygotnosti v důsledku genetického driftu na generaci se rovná:

$$F = 1 / 2N$$

Generace	Poměr			Homozygotes	Heterozygotes
	AA	Aa	aa		
0	1	2	1	0.500	0.500
1	6	4	6	0.750	0.250
2	28	8	28	0.875	0.125
3	120	16	120	0.938	0.062
4	496	32	496	0.939	0.310
5					
n				$1 - (1/2)^n$	$(1/2)^n$

data: Mendel (1865)



Conservation and the Genetics of Populations, Second Edition. Fred W. Allendorf, Gordon Luikart, and Sally N. Aitken.
© 2013 Fred W. Allendorf, Gordon Luikart and Sally N. Aitken. Published 2013 by Blackwell Publishing Ltd.

Figure 6.7 Simulated loss of heterozygosity and allelic diversity at eight microsatellite loci during a bottleneck of two individuals for five generations. The initial allele frequencies are from a population of brown bears from the Western Brooks Range of Alaska. Redrawn from Luikart and Cornuet (1998).

Velikost efektivní populace (N_e)

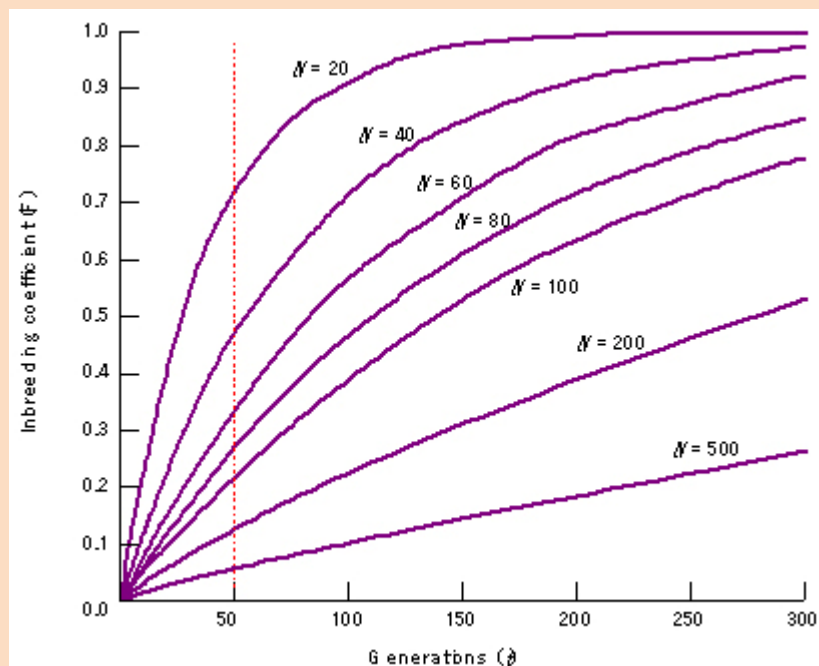
Je průměrný počet jedinců v populaci, kteří skutečně předávají své geny do dalších generací. $N_e \ll N$ (skutečná, zjištěná populace)

= velikost ideální populace, která ztrácí heterozygotitu ve stejné míře jako pozorovaná populace (Wright 1931)

N_e/N poměr je obvykle mnohem menší než 1, v průměru se udává 11%

Velikost efektivní populace může být snížena následujícími faktory:

- Vyšším podílem jednoho pohlaví, které se páří
- Někteří jedinci mohou předávat více genů, díky možnosti vícenásobného páření
- Jakékoliv dramatické snížení velikosti populace může vést k náhodné ztrátě genotypů



Velikost efektivní populace (N_e)

Modely ukazují, že genetická variabilita je ztrácena v míře $1/(2N_e)$ na generaci

$$\frac{H_t}{H_0} = \left[1 - \frac{1}{2N_e}\right]^t \sim e^{-t/2N_e}$$

TABLE 12.1.

Sceloporus population at Tyson from 1996 to 2000.

Year	Population count
1996	140
1997	250
1998	110
1999	26
2000	180

inbreeding effective population size:

$t = 4$ generace

$$N_{ef} \approx \frac{t}{\frac{1}{N(0)} + \frac{1}{N(1)} + \frac{1}{N(2)} + \frac{1}{N(3)}} = \frac{4}{\frac{1}{140} + \frac{1}{250} + \frac{1}{110} + \frac{1}{26}} = \frac{4}{0.058} = 68.9 \approx 69$$

Extinction vortex

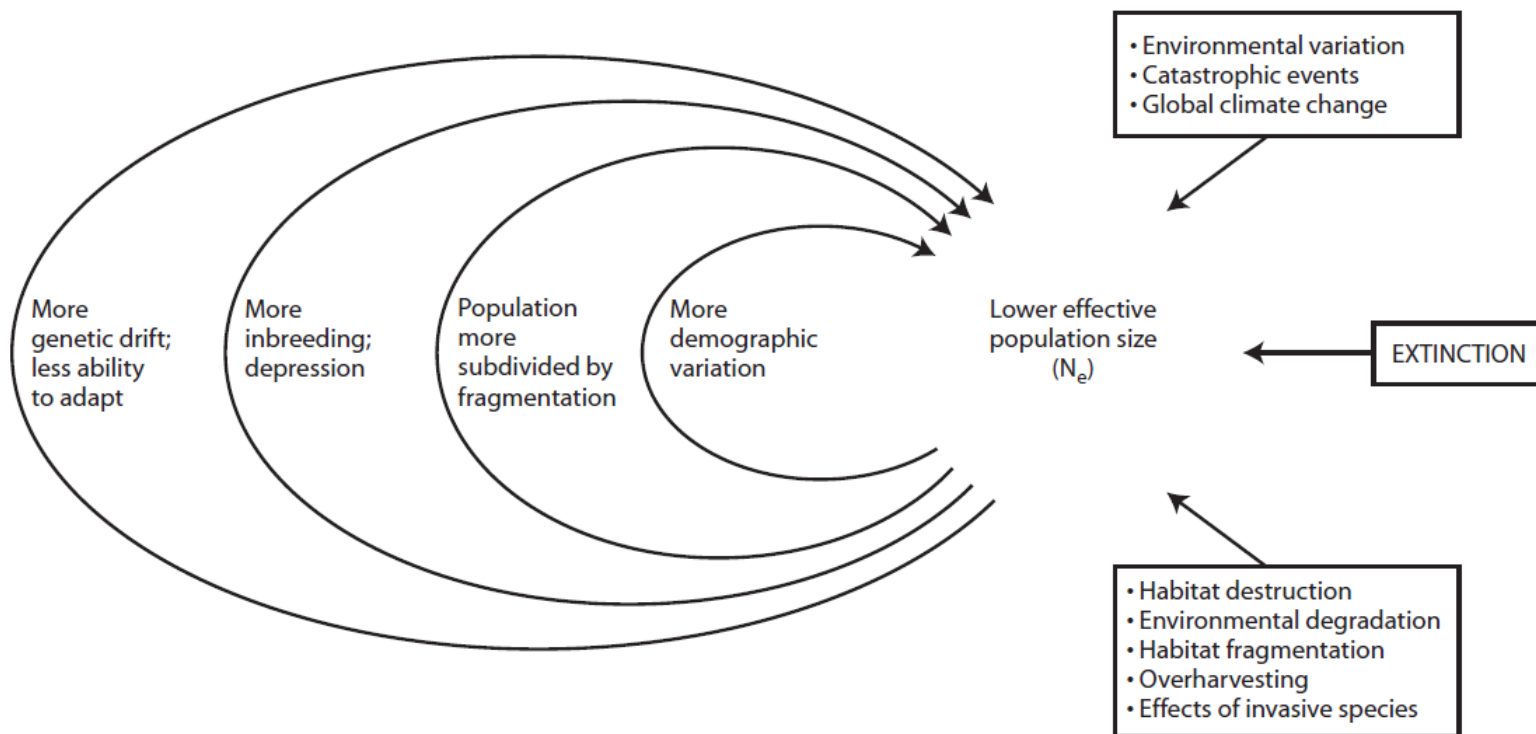
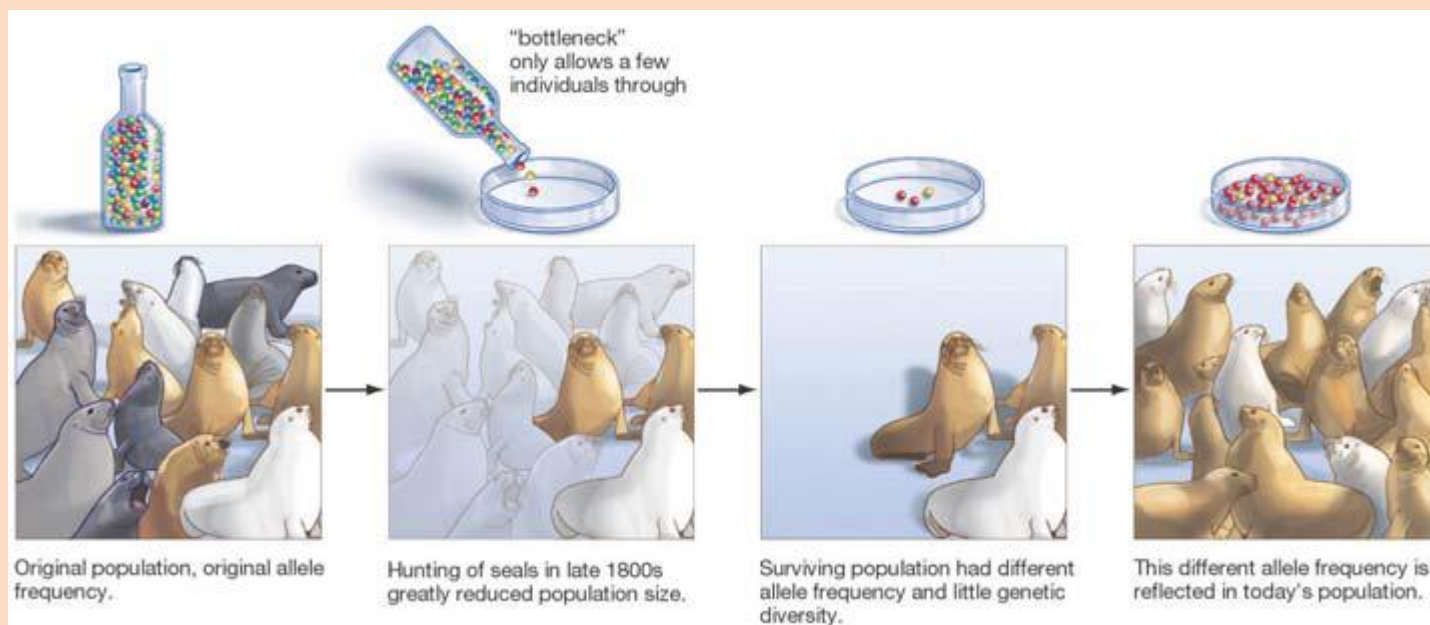


FIGURE 12.1. Extinction vortex. Population size decreases in a positive feedback loop, eventually resulting in the extinction of the population (from Primack, 2000).

Genetický bottleneck

Způsobuje náhodnost genetických změn bez ohledu na jejich adaptační potenciál



Example of Genetic Effects of An Extreme Bottleneck: Mauritius Kestrel

Groombridge et al. 2000. Nature 403:616.

- Severe population decline due to habitat destruction and effects of DDT on hatching success of eggs
- 1974: population = 4 birds; single pair source of all birds in subsequent population
- Under intensive management population increased to 400-500 birds by 1997 but experienced six generations at < 50 birds

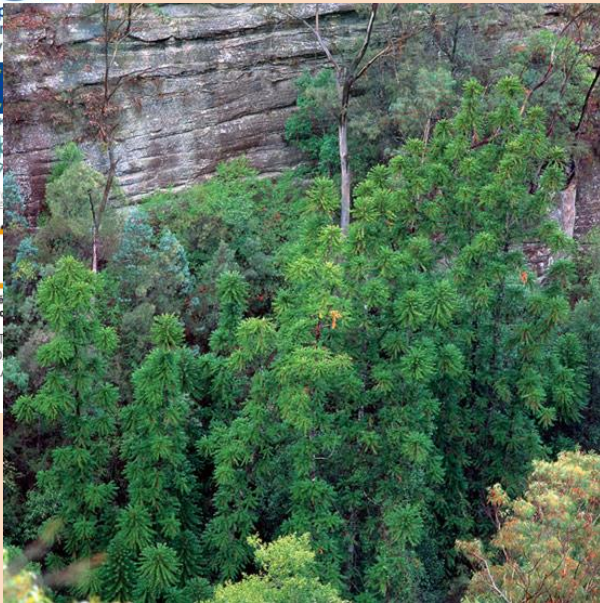


Mauritius Kestrel Exhibits Genetic Scars of Near Extinction

- Mauritius kestrel has 72% lower allelic diversity (A) and 85% lower heterozygosity (H_e) than mean of nonendangered kestrels

- Analysis of museum skins indicates much higher levels of variation before decline

Species	A	H_e	Sample size
<i>Endangered</i>			
Mauritius kestrel			
Restored	1.41	0.10	350
Ancestral	3.10	0.23	26
Seychelles kestrel	1.25	0.12	8
<i>Non-endangered</i>			
European kestrel	5.50	0.68	10
Canary Island kestrel	4.41	0.64	8
South African rock kestrel	5.00	0.63	10
Greater kestrel	4.50	0.59	10
Lesser kestrel	5.41	0.70	8



Genetická diverzita *Wollemia nobillis*

Druh objeven v roce 1994, 150 km západně od Sydney

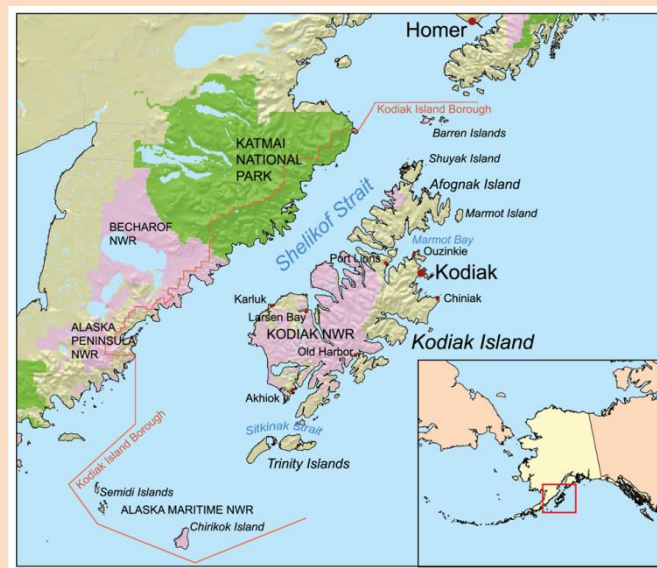
Studium diverzity pomocí 15 izozymů, 800 AFLP, 20 mikrosatelitů
neukázalo žádnou genetickou diverzitu

I když některé stromy jsou až 500 let staré, druh se rozmnožuje také vegetativně

Vysoká náchylnost k houbovým chorobám – striktní zákaz přístupu (utajení lokality)



Genetická diverzita medvěda grizzly



vzorek	Isozomy		Mikrosatelity		mtDNA	
	He	počet alel	He	počet alel	He	počet alel
Aljaška/Kanada	0.032	1.2	0.763	7.5	0.689	5
ostrov Kodiak	0	1	0.265	2.1	0	1
Yellowstone	0.008	1.1	0.554	4.4	0.24	3

zdroj: Allendorf and Luikart-Conservation and Genetics of Populations 2008

Nízká genetická diverzita je důsledek geografické izolace menších populací