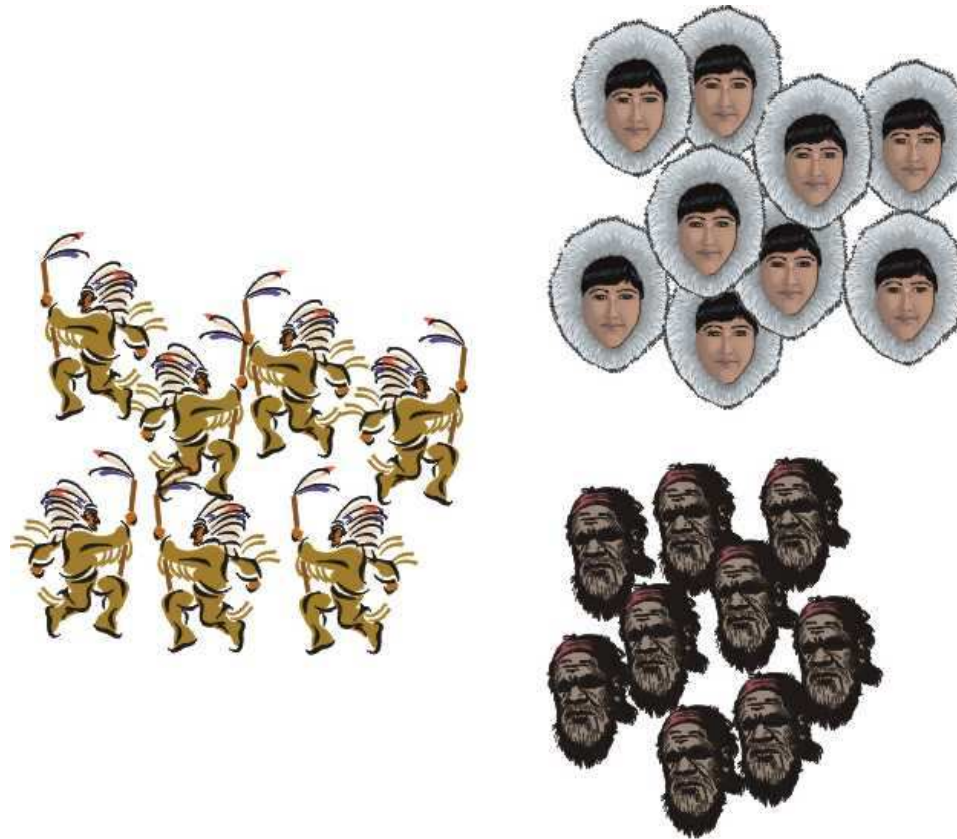


2. Analysis of population subdivision (mezipopulační variabilita)



Hierarchická populační struktura

Druh → populace → subpopulace (demy)

Předpoklady studia populačně-genetické struktury

- lokusy používané pro analýzu populační struktury jsou neutrální vůči selekci
- **klasický populačně-genetický přístup** = jednotlivé populace jsou předem známy (např. chceme zjistit úroveň genetických rozdílů mezi dvěma lokalitami = populacemi)

Genetická struktura populací

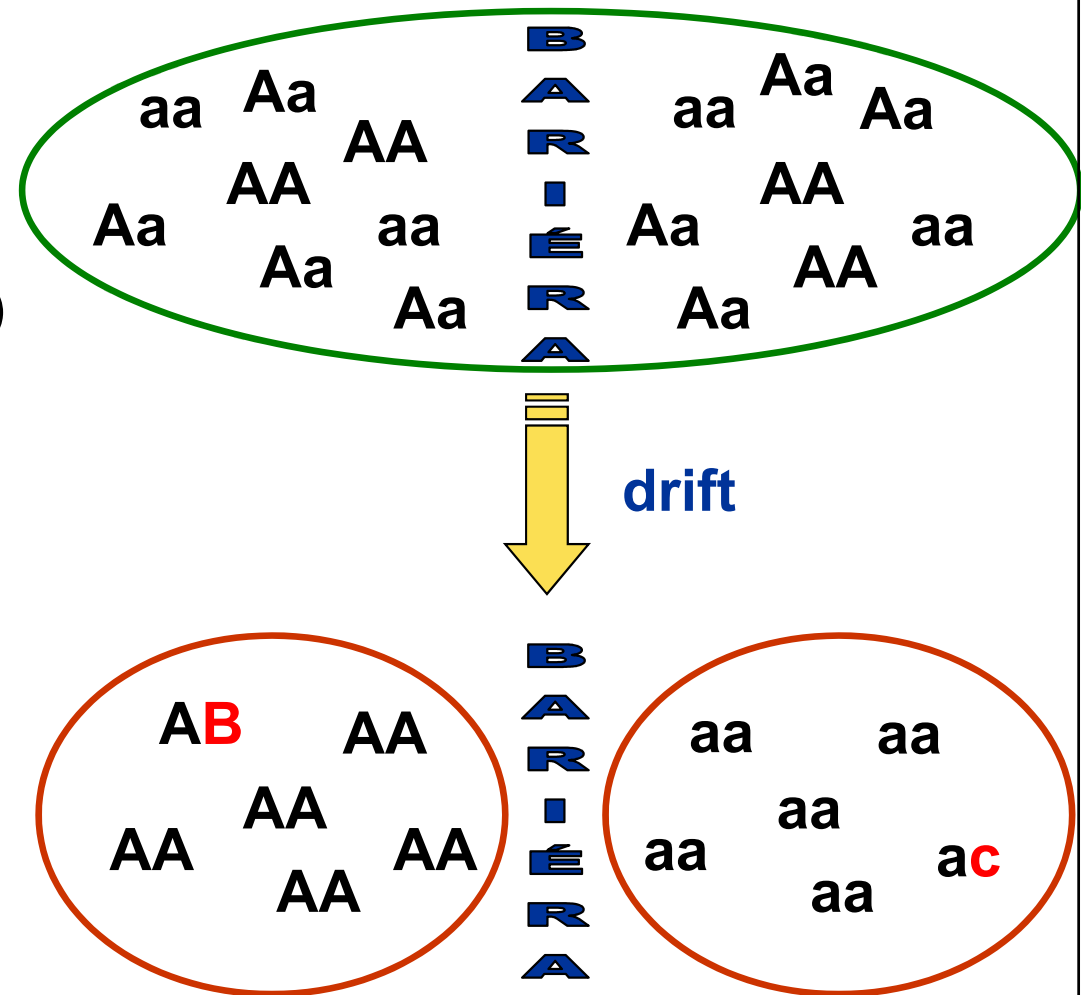
drift, mutace

- Drift**

→ diferenciace subpopulací díky změnám frekvencí (až fixaci) alternativních alel

- Mutace**

mohou zvýšit diferenciaci (nebo ne – homoplázií)

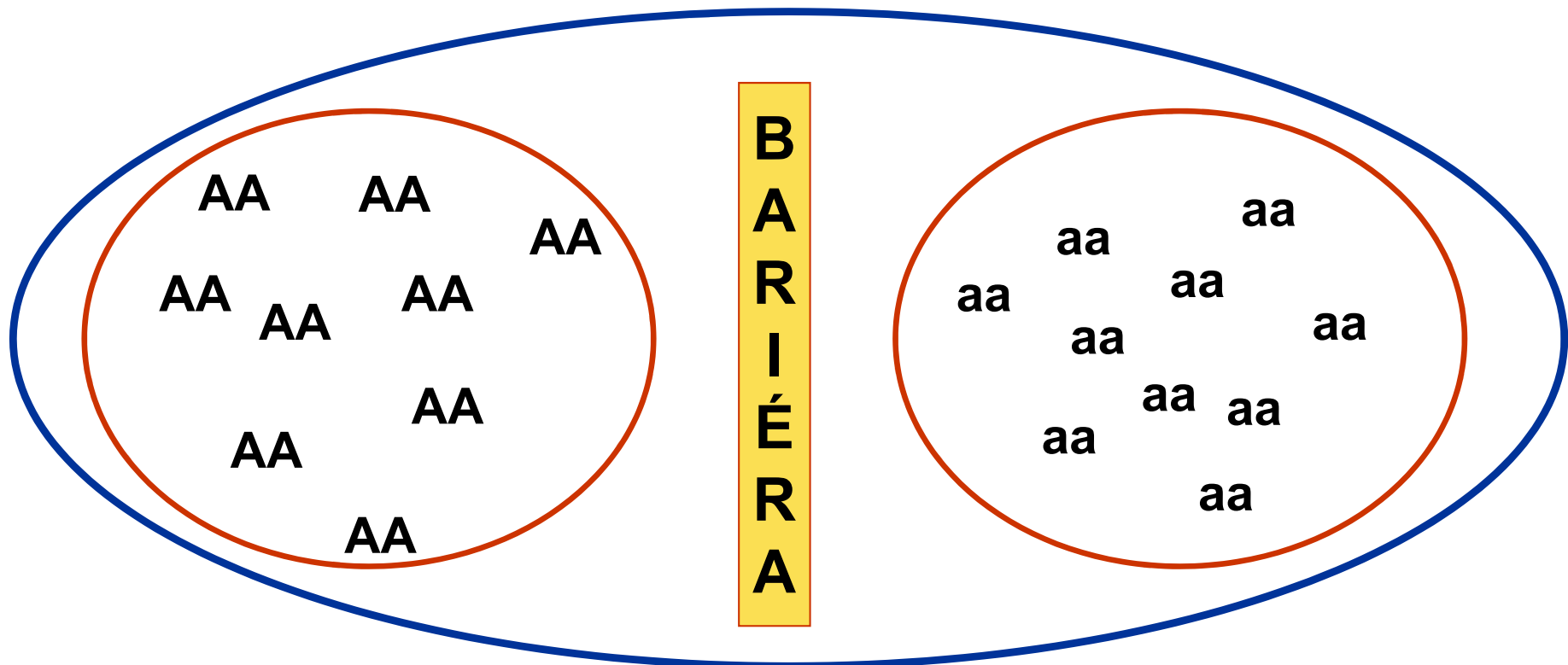


Migrace (genový tok)

- působí proti diferenciaci subpopulací

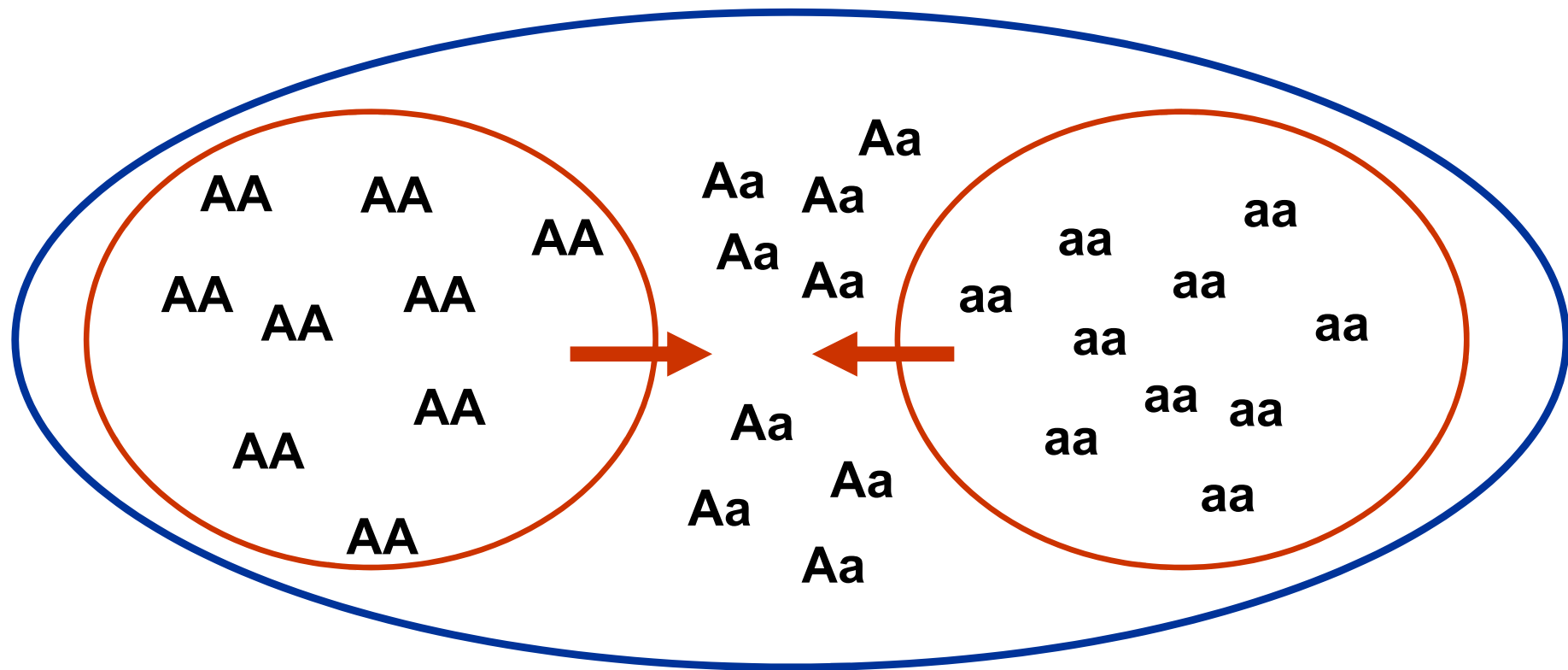
Vliv populační struktury na heterozygotnost

- Wahlundův princip
- Dvě izolované subpopulace s fixovanými alelami
- **Subpopulace v HW**, celkově v populaci však nedostatek heterozygotů



Wahlundův princip (isolate breaking)

- Pokles homozygotnosti při sloučení subpopulací



Wahlundův princip - příklad

- Jezero Bunnersjöarna (severní Švédsko) – „brown trout“
- 2 alely na jednom znaku

	170/170	170/172 (= Ho)	172/172	Total	p	2pq (=He)
Přítok	50	0 (0)	0	50	1.000	0.000
Odtok	1	13 (0.26)	36	50	0.150	0.255
Celé jezero (expected)	51 (33.1)	13 (0.13) (48.9)	36 (18.1)	100	0.575	0.489

$$p^2 = 0.575^2$$

$$q^2 = 0.425^2$$



Factorial correspondence analysis

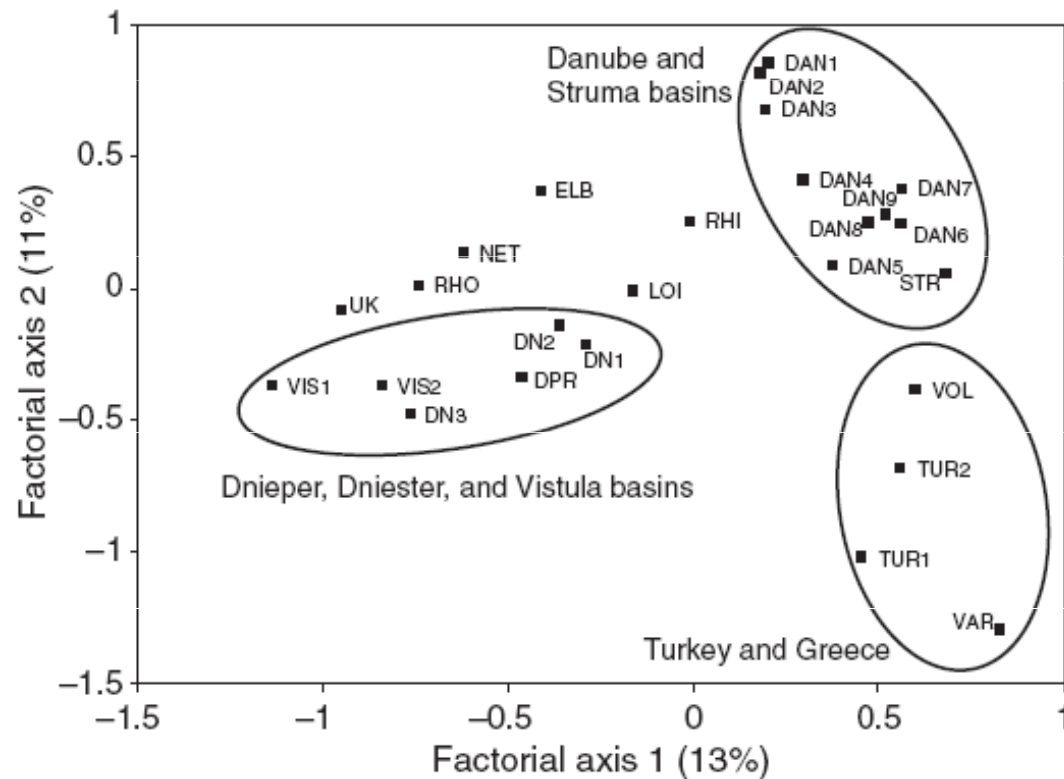


Fig. 2 A two-dimensional plot of the factorial correspondence analysis performed using GENETIX based on 12 microsatellite loci. Three geographical groups are bounded by grey lines.

- each locus as one variable, reduction of number of variables
- **Genetix** – orientační zjištění strukturovanosti populace
- individuals vs. populations

F-statistiky



Masatoshi Nei
*1931

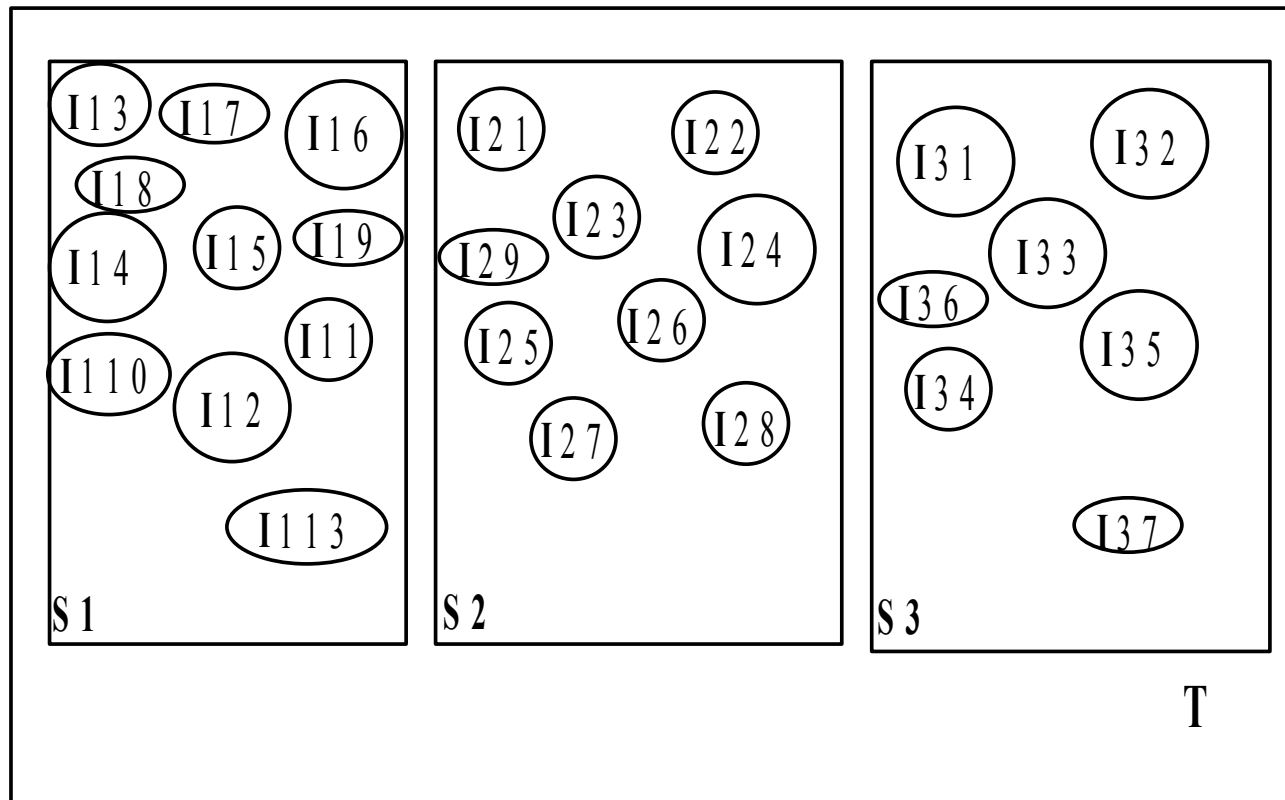


Sewall Wright
1889 - 1988

- Wright, Nei F_{IS} , F_{ST} , F_{IT}
- Popisují heterozygotnost (odchyly od HW) na různých měřítkách

Odhad vlivu populační struktury na genetický make-up populace

Celková populace



- 3 úrovně (T, S, I)
- x subpopulací ($x = 1$ až k ; zde $k = 3$)
- každá subpopulace má N_x jedinců
- AA, AB, BB – odlišný symbol
- př. I1-13 = 13. jedinec z první subpopulace

Koncept heterozygotnosti

H_I – průměrná pozorovaná heterozygotnost jedince v subpopulaci

H_S - očekávaná heterozygotnost jedince v subpopulaci za předpokladu náhodného páření

H_T - očekávaná heterozygotnost jedince v celé populaci za předpokladu náhodného páření

$$H_I = \sum_{x=1}^k H_x / k \quad H_x = \text{pozorovaná heterozygotnost v subpopulaci } x$$

$$H_S = 1 - \sum_{i=1}^j p_{i,x}^2 \quad p_{i,x}^2 = \text{frekvence } i\text{-té alely v subpopulaci } x \quad \bar{H}_S = \sum_{x=1}^k H_S / k \quad \text{průměrná oček. heterozygotnost v populaci (tj. průměr ze všech subpopulací)}$$

$$H_T = 2p_0q_0 \quad p_0 = \text{frekvence alely v celé populaci}$$

- pouze pro dvě alely na jednom lokusu (Wright 1931)
- pro více alel je výpočet složitější (Nei 1987)

F statistiky

$$F_{IS} = \frac{\overline{H}_S - H_I}{\overline{H}_S}$$

Snížení heterozygotnosti jedince kvůli nenáhodnému páření v subpopulaci (~ HWE)

$$F_{ST} = \frac{H_T - \overline{H}_S}{H_T}$$

Vliv rozdělení populace na subpopulace

$$F_{IT} = \frac{H_T - H_I}{H_T}$$

Celkový koeficient inbreedingu F_{IT} - měří redukci heterozygotnosti jedince ve vztahu k celkové populaci

$$(1-F_{IT}) = (1-F_{ST})(1-F_{IS})$$

Weir & Cockerham (1984) f, θ, F

Korekce na velikost vzorku a počet subpopulací

Výpočet F statistik - příklad

Průměrná frekvence alely A v celé populaci

Lokus	Subpopulace 1 (N ₁ =40)				Subpopulace 2 (N ₂ =20)				$p_{0(i)}$	Pozn.
	AA	AB	BB	$p_{1(i)}$	AA	AB	BB	$p_{2(i)}$		
Loc I	10	20	10	0.5	5	10	5	0.5	0.5	H.-W. rovnováha
Loc II	16	8	16	0.5	4	4	12	0.3	0.4	deficit heterozygotů
Loc III	12	28	0	0.65	6	12	2	0.6	0.625	přebytek heterozygotů
Loc IV	0	0	40	0.0	20	0	0	1.0	0.5	alternativně fixované alely

Výpočet alelových frekvencí

Lokus	Pozorovaná heterozygotnost		Očekávaná heterozygotnost			Wrightova F-statistika		
	$H_{1(i)}$	$H_{2(i)}$	$H_{I(i)}$	$H_{S(i)}$	$H_{T(i)}$	$F_{IS(i)}$	$F_{ST(i)}$	$F_{IT(i)}$
Loc I	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.0	0.0	0.0
Loc II	0.2	0.2	0.2	0.46	0.48	0.565	0.042	0.583
Loc III	0.7	0.6	0.65	0.4675	0.46875	-0.39	0.0027	-0.387
Loc IV	0.0	0.0	0.0	0.0	0.5	---	1.0	1.0
Průměr						0.058	0.261	0.300

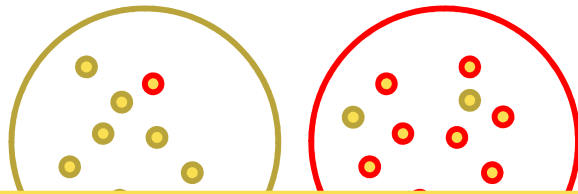
Průměrné hodnoty F statistik mohou maskovat odlišnou evoluční historii na různých lokusech

F-statistiky

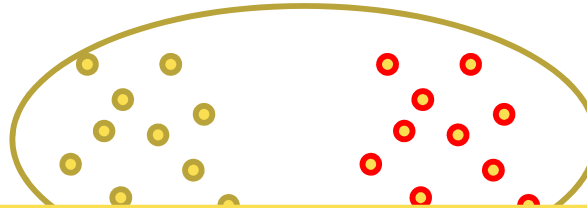
- F_{IS} snížení heterozygotnosti v lokální subpopulaci
vysoké hodnoty – inbreeding
- F_{IT} souhrnná hodnota, heterozygotnost v celé populaci
- F_{ST} míra „rozdělenosti“ = snížení toku mezi
subpopulacemi (tj. existence bariéry – Wahlundův
princip)
Vliv driftu – fixuje odlišné alely v subpopulacích

„Bootstrap“ test významnosti F_{ST}

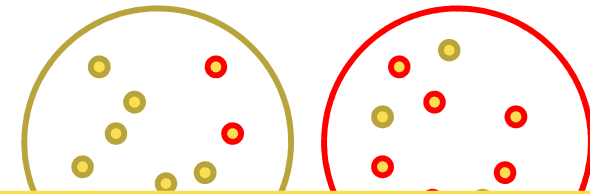
1. Skutečné populace



2. Sloučení jedinců



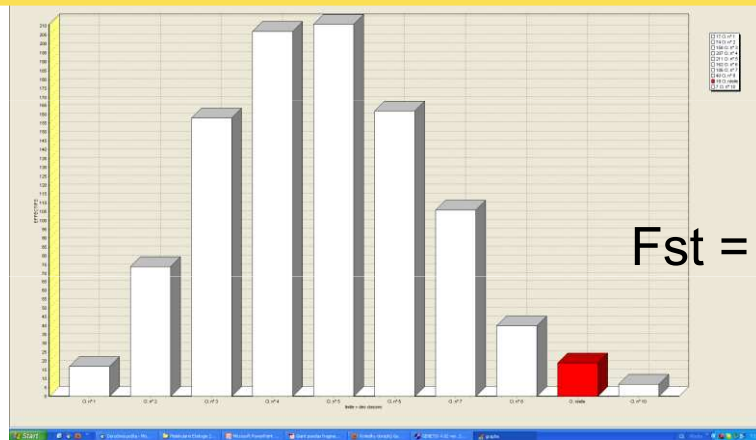
3. 1000 x náhodně vytvořené populace



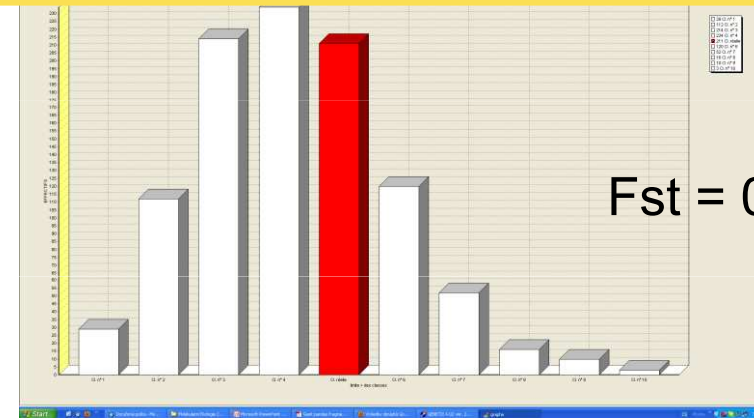
Absolutní hodnoty závisí na heterozygotnosti !!!

Nutno standardizovat: $F_{ST}' = F_{ST}/F_{STmax}$ (Hedrick 2005)

Silně ovlivněno nulovými alelami (např. software FREENA)



0,80 % simulovaných hodnot větších než skutečné F_{ST}
 $p = 0,008$ (tj. významný rozdíl)



35.40 % simulovaných hodnot větších než skutečné F_{ST}
 $p = 0,354$ (tj. nevýznamný rozdíl)

Výpočet F_{ST} - příklad

	A/A	A/B (=H _o)	B/B	Total	p	2pq (=H _e)
Přítok	50	0 (0)	0	50	1.000	0.000
Odtok	1	13 (0.26)	36	50	0.150	0.255
Celé jezero	51	13 (0.13)	36	100	0.575	0.489
(expected)	(33.1)	(48.9)	(18.1)			

$$F_{ST} = \frac{H_T - \overline{H_s}}{H_T} = \frac{0.489 - 0.128}{0.489} = 0.728$$

V důsledku bariéry toku genů je heterozygotnost o 72.8% nižší než by byla v panmiktické populaci



Zdroje chyb při analýze Fst

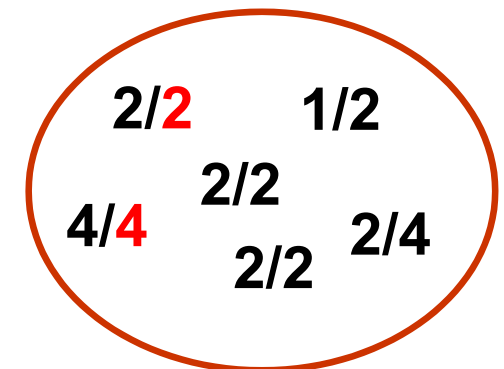
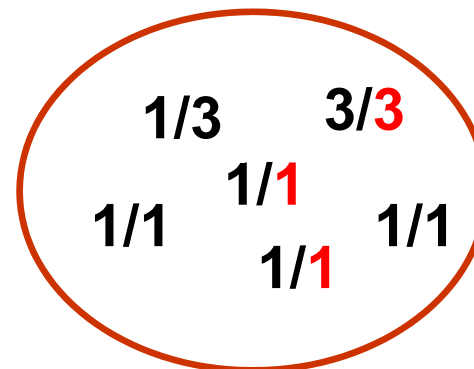
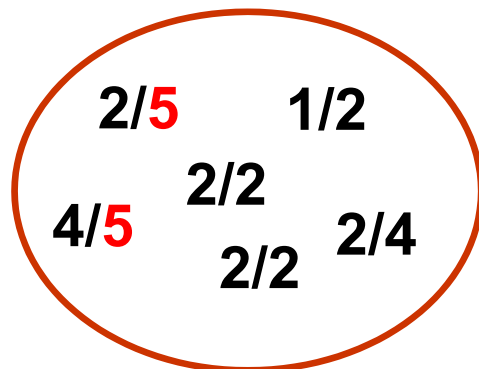
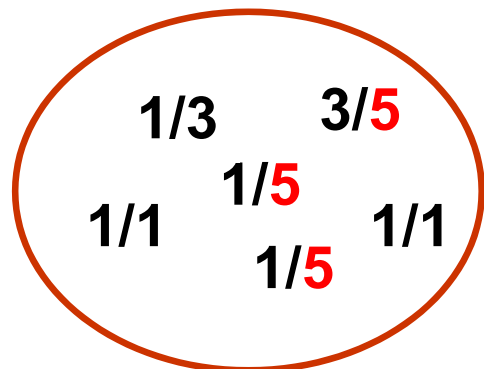
Global vs. pairwise indices

Absolutní hodnoty závisí na heterozygotnosti !!!

(např. nelze srovnávat alozomy s mikrosatelity)

Nutno standardizovat: $F_{ST}' = F_{ST}/F_{STmax}$ (Hedrick 2005)
– např. GenAlex

Nutno korigovat na přítomnost nulových alel
(většinou uměle zvyšují Fst – zvýšení homozygotnosti) - FreeNA



Panda velká



- 192 vzorků trusu → 136 genotypů → 53 unikátních genotypů
- rozdělení řekou (cca 26 tisíc let) a cestami (recentně)
- i cesty jsou významná bariéra, i když menší

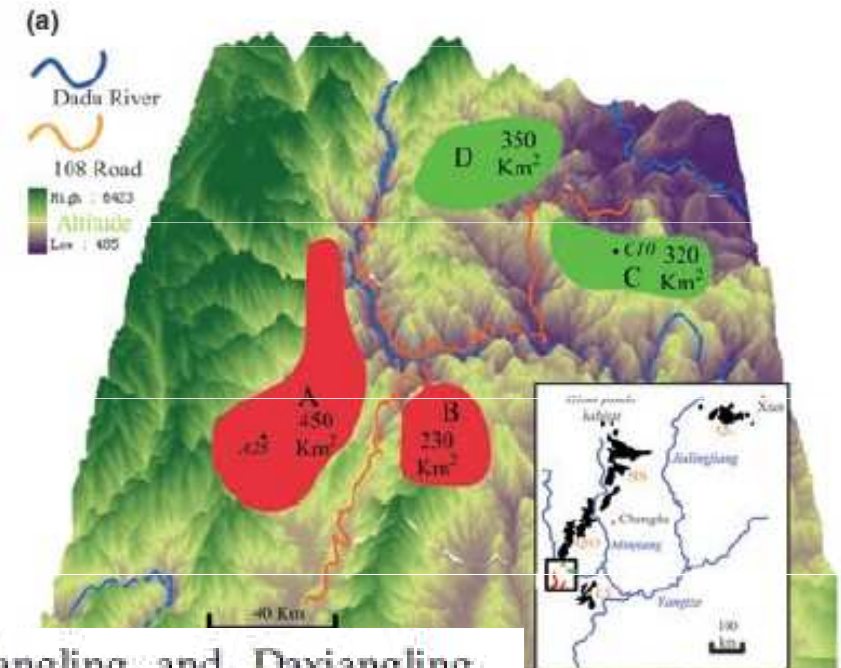


Table 3 Pairwise F_{ST} in the Xiaoxiangling and Daxiangling populations

Patch	A	B	C	D
A				
B	0.033*			
C	0.107*	0.062*		
D	0.107*	0.097*	0.037*	

*Significant level after Bonferroni correction ($P < 0.01$).

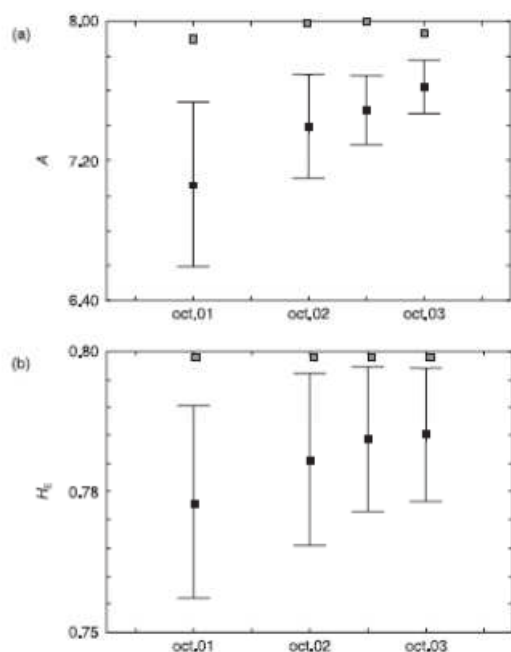


Populační cykly hrabošovitých hlodavců (Berthier et al. 2006)

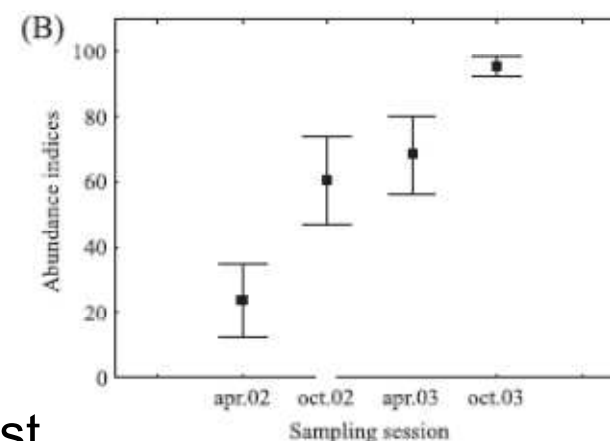
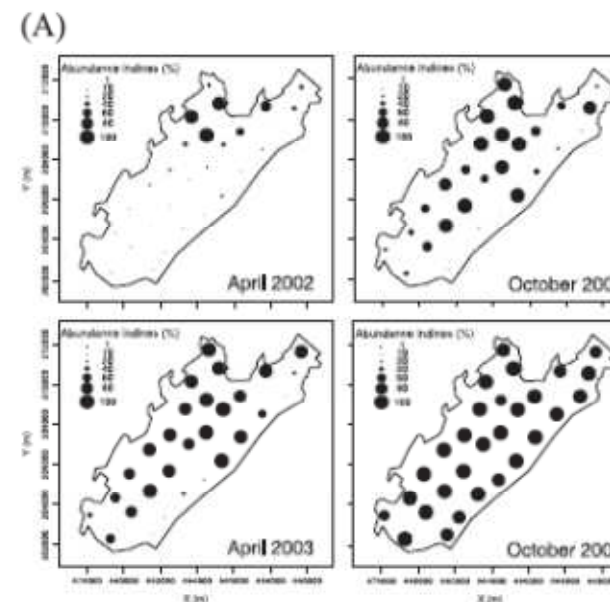


Arvicola terrestris

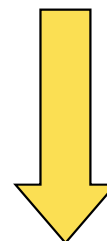
- Výrazné cyklické změny v početnosti populací – střídají se období „izolovanosti“ s „kontinuálním rozšířením“



- Nízká hustota – extrémní vliv driftu
- S nárůstem populační hustoty se zvyšuje intenzita toku genů mezi subpopulacemi a narůstá genetická variabilita subpopulací



Sampling session	Min. pairwise F_{ST}	Max. pairwise F_{ST}	Overall F_{ST}
October 2001	0.018	0.058	0.037
October 2002	0.010	0.047	0.026
April 2003	0.002	0.033	0.020
October 2003	0.007	0.035	0.017



Snižování F_{ST}

G_{ST} (Nei 1973)

- Analogie F_{ST}
- Haploidní (haplodiploidní) organismy, sekvence mtDNA
- Počítá s „gene diversity“ místo heterozygotnosti
- Pracuje tedy jen s frekvencemi alel, ne s procentem heterozygotů



Myotis bechsteinii

Kerth et al. 2002

Table 2 Genetic differentiation based on nuclear and mitochondrial DNA among 10 maternity colonies of the Bechstein's bat

Loci	No. of alleles	$F_{ST} \pm SE$	Population differentiation
Nuclear DNA			
b15	23	0.023 ± 0.009	$P < 0.0005$
b22	12	0.003 ± 0.005	$P = 0.07$
b23	20	0.008 ± 0.007	$P = 0.02$
MM5	10	0.010 ± 0.006	$P = 0.01$
NNS	10	0.031 ± 0.012	$P = 0.001$
p20	20	0.014 ± 0.007	$P < 0.0005$
paur3	10	0.012 ± 0.008	$P = 0.002$
All		0.015 ± 0.003	$P < 0.0005$
Mitochondrial DNA			
AT-1	10	0.658 ± 0.058	$P < 0.0005$
AT-2	3	0.961 ± 0.050	$P < 0.0005$

- Letní kolonie samic (15-40 jedinců)
- Vzorky - jen ♀♀
- Nukleární i mitochondriální mikrosatelity
- ♀♀ filopatrie
- ♂♂ disperze

Wright's fixation index F_{ST} ($\pm SE$) was calculated for seven nuclear and two mitochondrial microsatellite loci. Significant deviations from zero, indicating population differentiation, were assessed using permutation tests (see Materials and methods for details).

R_{ST}

- Obdoba F_{ST}
- Pracuje však s velikostí alel (počet repeatů u mikrosatelitů)
- Předpoklad známého mutačního modelu jen při platnosti SMM (*stepwise mutation model*)
- „Paměť“ mutací v minulosti
 - $R_{ST} > F_{ST}$ větší vliv mutací
 - $R_{ST} = F_{ST}$ větší vliv driftu
- Potvrzení významnosti rozdílu randomizačními testy (Hardy et al. 2003, program SPAGeDi 1.1)

AMOVA

Excoffier et al. 1992

Arlequin ver. 2.000

A software for
population genetics
data analysis

Authors:

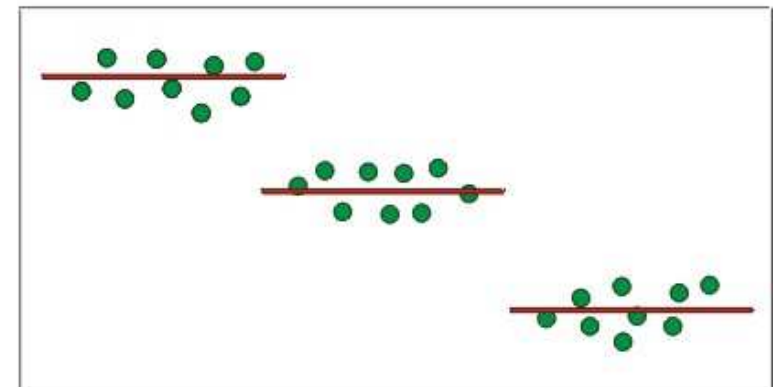
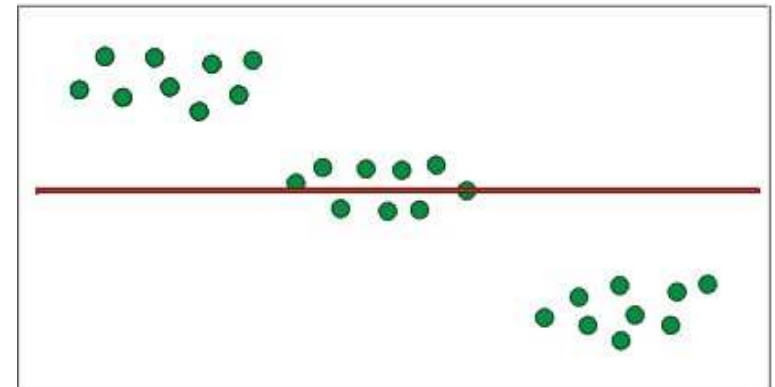
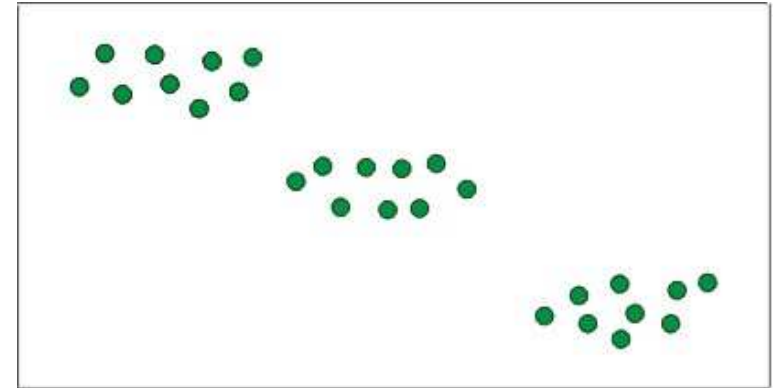
Stefan Schneider
David Roessli
Laurent Excoffier

Contact Arlequin:

Url: <http://anthropologie.unige.ch/arlequin/>
Mail: arlequin@sc2a.unige.ch

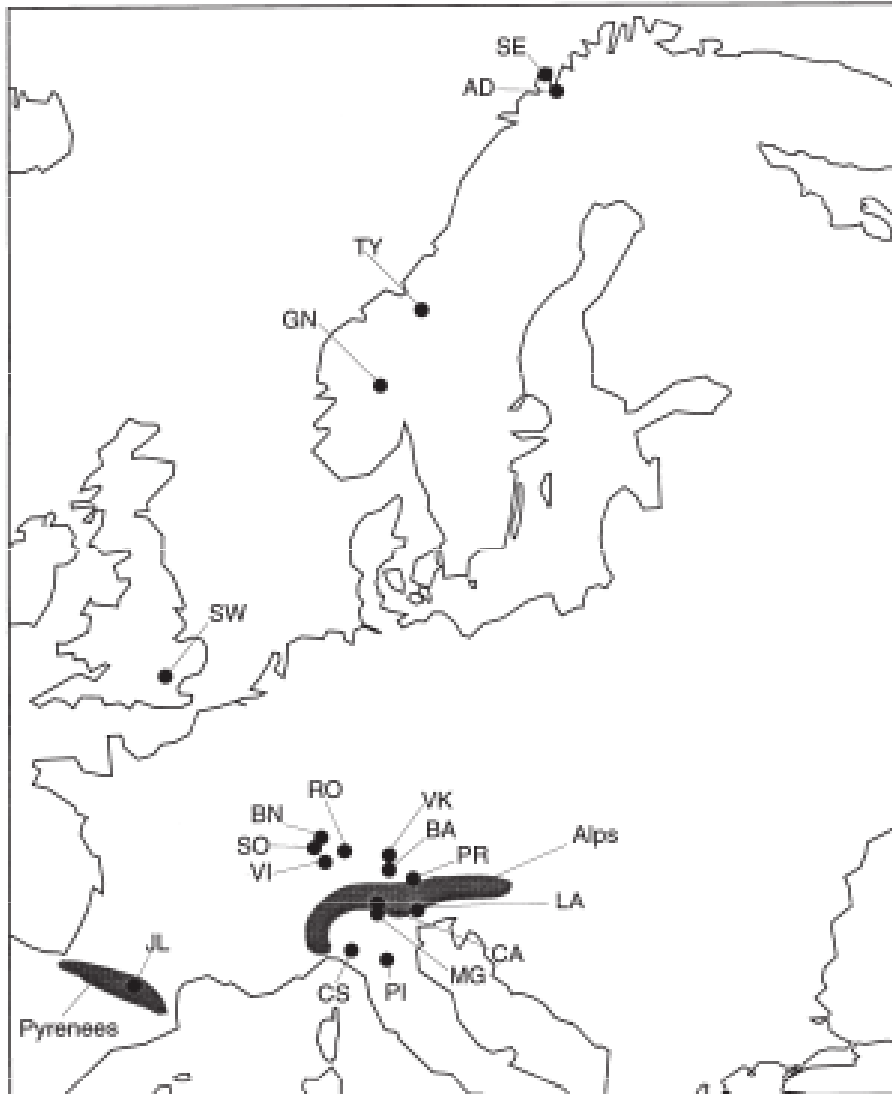


- **A**nalýza **M**olekulární **V**ariance
- Analýza variance alelických frekvencí
(již dříve Cockerham & Weir
1987, 1993)
- Započítává se ale rozdílnost (mutace)
alel
- Program ARLEQUIN
- Data:
sekvence
mikrosatelity (jen při platnosti SMM
stepwise mutation model)



Bombus pascuorum

Widmer & Schmid-Hempel 1999



	<i>F</i> / Φ	d.f.	SSD†	Variance component	% Total variance*
Among populations	<i>F</i>	17	77.71	0.07	4.51*
	Φ	17	5198.20	5.02	8.74*
Among regions	<i>F</i>	4	56.15	0.08	5.16*
	Φ	4	3464.94	4.58	7.49*
Among populations within regions	<i>F</i>	11	24.35	0.02	1.11*
	Φ	11	1773.71	2.16	3.53*
Between north and south of Alps	<i>F</i>	1	38.57	0.11	7.12*
	Φ	1	2622.89	7.25	11.74*
Among populations north and south of the Alps, respectively	<i>F</i>	16	39.14	0.02	1.46*
	Φ	16	2575.31	2.18	3.53*

†Sum of squared deviations.

* $P < 0.001$.

**Mikrosatelity, AMOVA
Nejvíc vysvětlují Alpy**

Genetické distance počítané z mikrosatelitů

- Cavali-Sforza distance
- Nei distance
- matice vzdáleností použita jako podklad pro shlukovou analýzu

	BAB	BOS	CHU	CIZ	HOY	LIB	RUS	SNM	SOL	STO	ZOF
BAB	0										
BOS	0.17998	0									
CHU	0.08554	0.08577	0								
CIZ	0.11156	0.20013	0.10766	0							
HOY	0.13450	0.24225	0.14540	0.11834	0						
LIB	0.10217	0.20261	0.10440	0.10788	0.08338	0					
RUS	0.16936	0.30052	0.18397	0.14058	0.15678	0.15849	0				
SNM	0.11112	0.21954	0.12681	0.11694	0.14152	0.12954	0.13172	0			
SOL	0.07938	0.16033	0.07327	0.12089	0.14451	0.12927	0.18082	0.12236	0		
STO	0.35150	0.45493	0.34786	0.31332	0.24435	0.15538	0.35639	0.34219	0.33740	0	
ZOF	0.42645	0.53505	0.42230	0.38181	0.42714	0.41567	0.41956	0.41053	0.40468	0.61480	0

- dendrogram



Genetic distance - Neighbour-joining

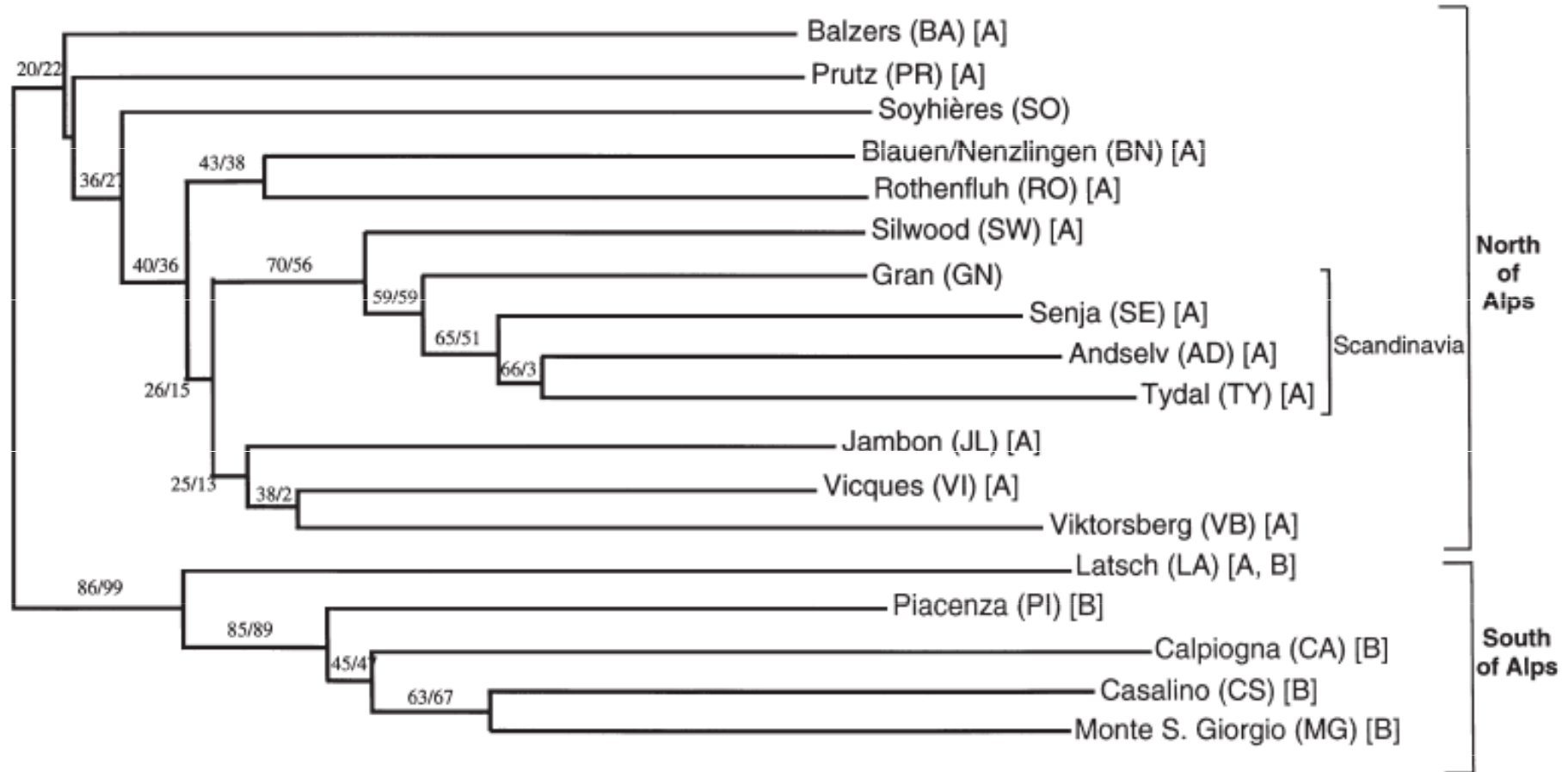
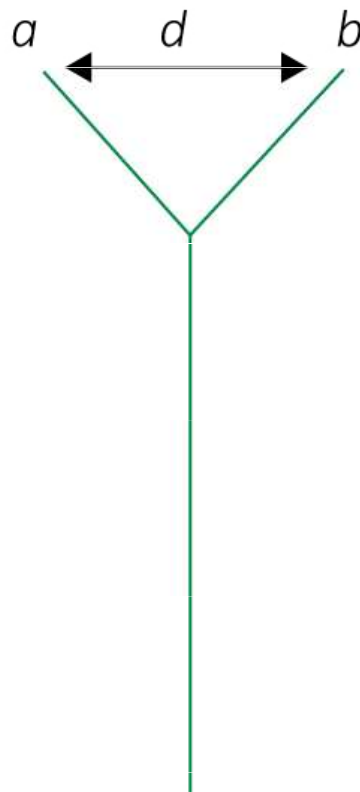


Fig. 2 Neighbour-joining (NJ) dendrogram based on the chord distance of microsatellite data (Cavalli-Sforza & Edwards 1967) connecting 18 populations of *Bombus pascuorum*. Bootstrap values (percentages) were computed over 2000 replications by resampling individuals within populations (left values) and by resampling loci (right values). Letters in parentheses denote mtDNA haplotypes.

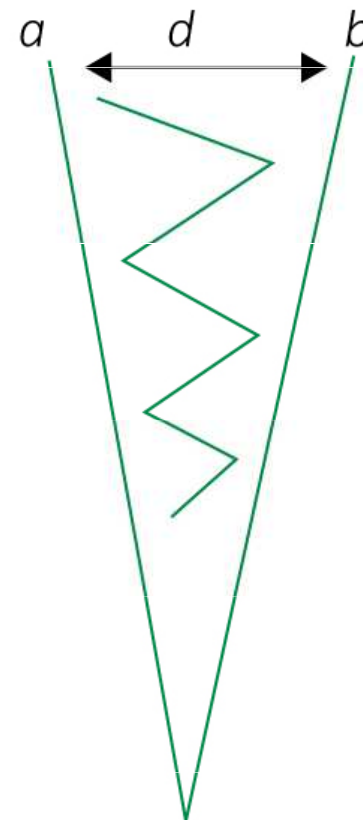
AMOVA a F statistika

popis výsledku nikoliv příčin → možná alternativní vysvětlení

Recent separation,
no gene flow



Old separation, but
continuous (low)
gene flow



Time



Tok genů – metody

1. **Přímé metody:** Capture-Mark-Recapture + parentage analýzy

2. Nepřímé metody stanovení toku genů – populačně-genetické modely

- **Island model** (Wright)
Stejně velké subpopulace
Symetrický tok genů
Stejná pravděpodobnost výměny mezi jakýmkoliv subpopulacemi
- **Stepping-stone model** (Kimura)
Výměna jen mezi sousedními subpopulacemi



Tok genů – metody

1. **Přímé metody**: Capture-Mark-Recapture + parentage analýzy

2. **Nepřímé metody** – na základě distribuce genetické variability

$N_e m$ = počet migrantů / subpopulace / generace („island model“!)

Jde o hrubý odhad ve škále: málo, středně, hodně!

- **Privátní alely** (Slatkin 1985) – vhodné pro vysoce polymorfní znaky
Alely vyskytující se jen v jedné subpopulaci

$p(1)$ frekvence privátních alel

$$\ln p(1) = -0,505 \ln(N_e m) - 2.44$$

- **F statistika** $F_{ST} = \frac{1}{1 + 4N_e m}$ (jen pro $F_{ST} > 0.05-0.10$)

Předpoklady použití $N_e m$:

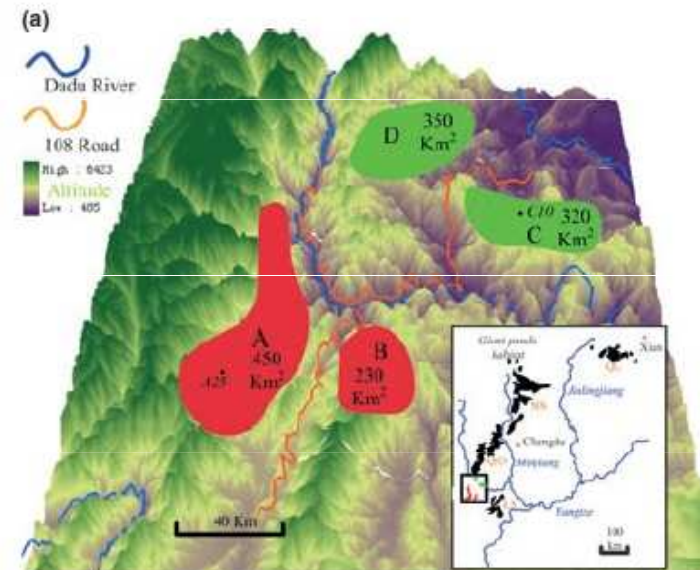
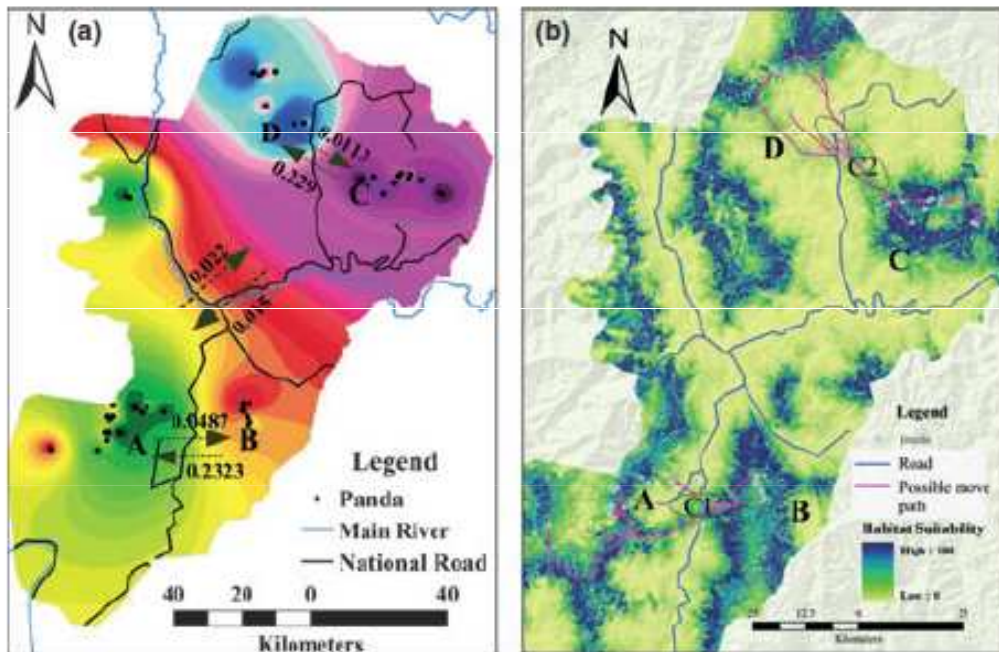
- „island model“ (= infinite number of populations, absence of selection, the same size of all populations etc.)
- migration-drift equilibrium (= no range expansions, habitat fragmentation or population bottlenecks)

Co ale rozhodně NE!

- Dvě hodně vzdálené populace
- $F_{ST} \rightarrow$ vždy bude nenulové $N_e m \rightarrow$ v minulosti došlo k výměně jedinců
- I populace, které si nikdy nevyměnily migranty mohou mít nenulové $N_e m$

BayesASS

- Panda velká



- Bayesian estimates of gene flow
- doporučení pro ochrannářský management – stavba koridorů

Modely toku genů (alel)

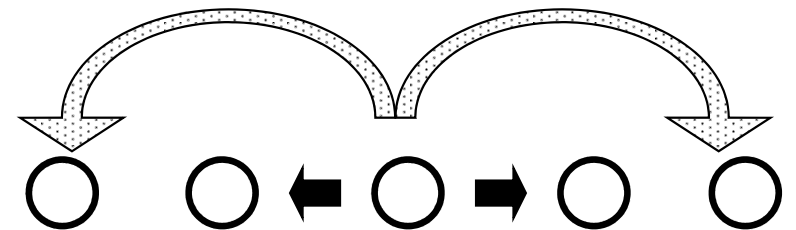
- **Island model** (Wright)
Stejně velké subpopulace
Symetrický tok genů
Stejná pravděpodobnost výměny
mezi jakýmkoliv subpopulacemi



- **Stepping-stone model** (Kimura)
Výměna jen mezi sousedními
subpopulacemi



- **Isolation by distance**
Tok slábne se vzrůstající
vzdáleností subpopulací



Isolation by distance

- rozumné geografické měřítko
(závisí na schopnosti disperze)
- musí být ustanovena rovnováha mezi migrací a driftem
- IBD (isolation-by-distance) nebude
 - u velmi recentně izolovaných populací
 - u zcela izolovaných populací
 - při značné migraci



Isolation by distance

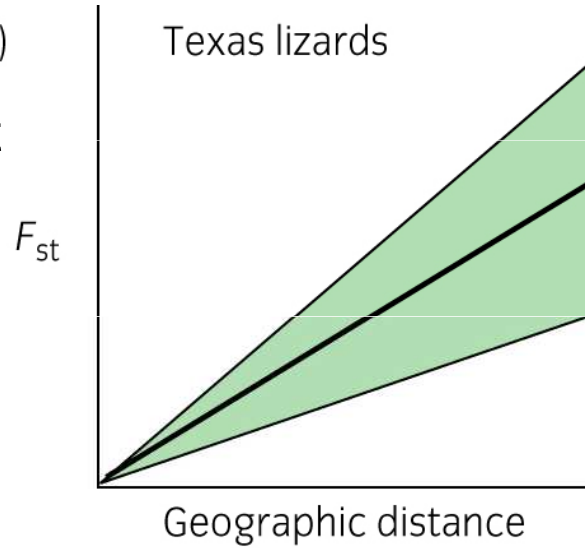
Crotaphytus collaris

Hutchinson & Templeton 1999



(a)

desítky tisíc let
nejsou bariéry
rovnováha
mezi driftem
a migrací



Detekce IBD

- korelace mezi maticí genetických a geografických vzdáleností
- Mantelův test
- např. Genepop

Příklad: IBD u netopýrů rodu *Pipistrellus*

Mechanisms of radiation in a bat group from the genus *Pipistrellus* inferred by phylogeography, demography and population genetics

P. HULVA,* A. FORNŮSKOVÁ,† A. CHUDÁRKOVÁ,* A. EVIN,‡ B. ALLEGRINI,§ P. BENDA*¶ and J. BRYJA†

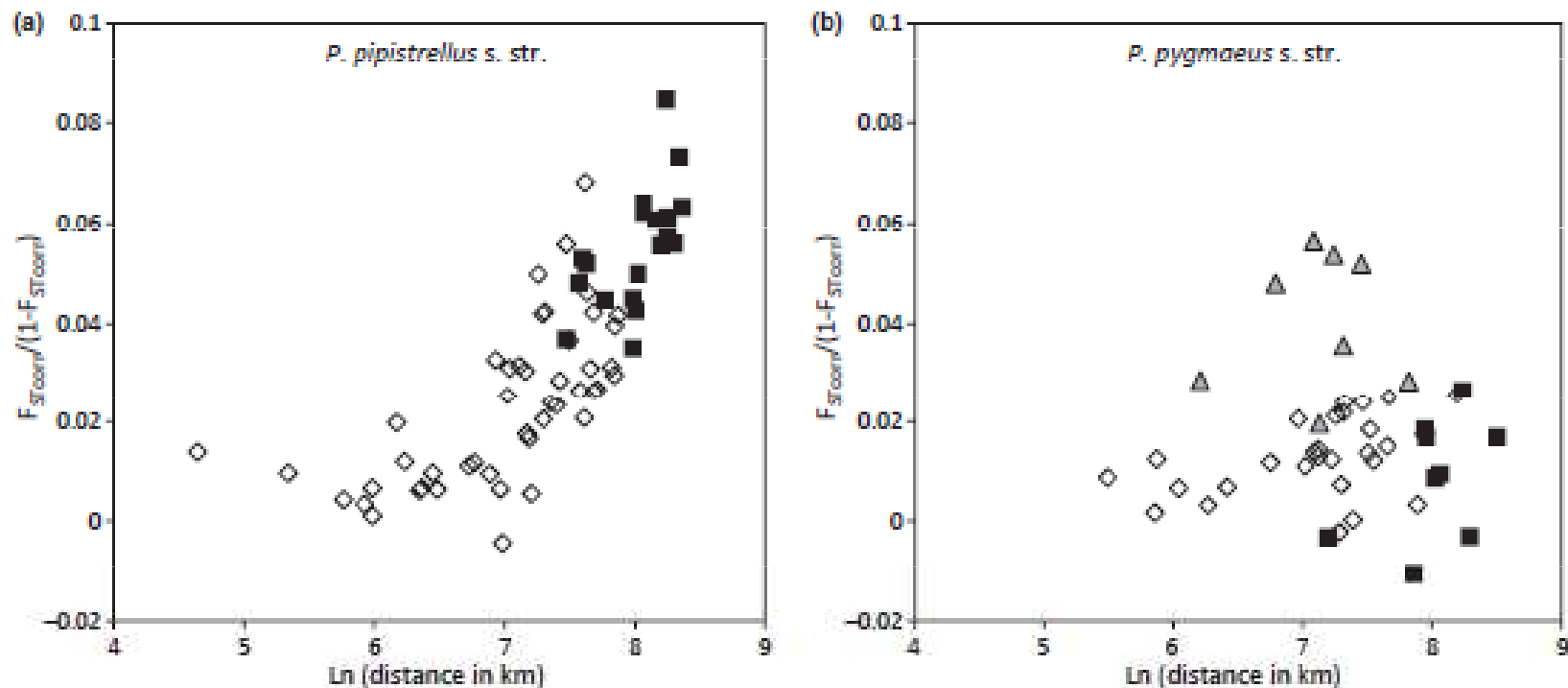
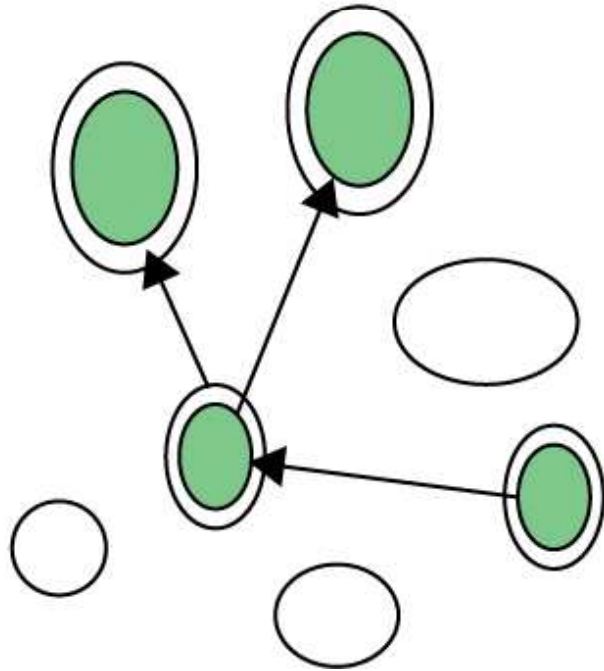


Fig. 5 Correlation between genetic $F_{STcorr}/(1-F_{STcorr})$ and geographic (\ln scale) distances for *Pipistrellus pipistrellus* s.str. (a) and *Pipistrellus pygmaeus* s.str. (b). Black squares, population pairs including Iran (both species) and central Asia (only *P. pipistrellus* s.str.). Grey triangles, population pairs including Corsica.

Genetika metapopulací



Metapopulace: časté lokální extinkce a kolonizace

- **Jednoduchá populační struktura vs. metapopulace** → populační genetika
- stabilní vs. nestabilní populačně-genetický pattern

Atlantic salmon – Sainte Marguerite river (Quebec) (Garant et al. 2000)

- výrazná populační struktura mezi řekami
- v rámci jedné řeky – různé mikrohabitaty obývané (1) **demy** nebo (2) **metapopulacemi**?
- dvouleté sledování, mikrosatelity, hierarchická AMOVA
- lokálně adaptované demy, ale i metapopulace (např. po povodních je mikrohabitat obsazen náhodně a ne jedinci z původního demu)
- long-term (stable) vs. short-term (metapopulations) struktura

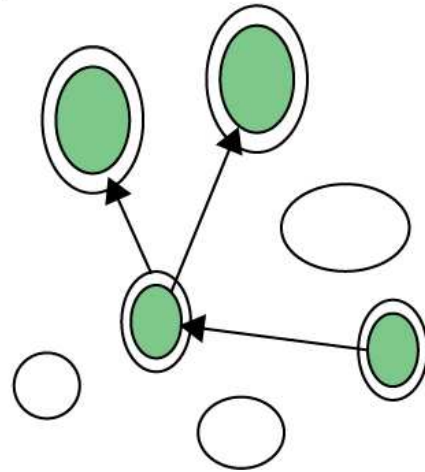


Variance component	D.f.	% of total variance	F-statistic	P
Mezi přítoky	1	0,1	0,0014	0,167
Mezi lokalitami	6	0,9	0,0085	0,001
Mezi roky uvnitř lokality	7	2,5	0,0255	< 0,0001
Uvnitř vzorku	1352	96,6	0,0337	< 0,0001

Který typ metapopulační struktury?

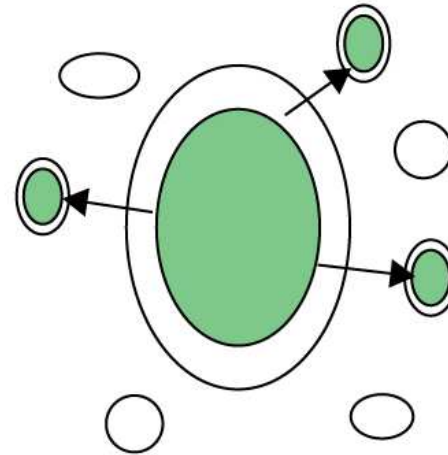
„classical“

(a)



„mainland-island“

(b)

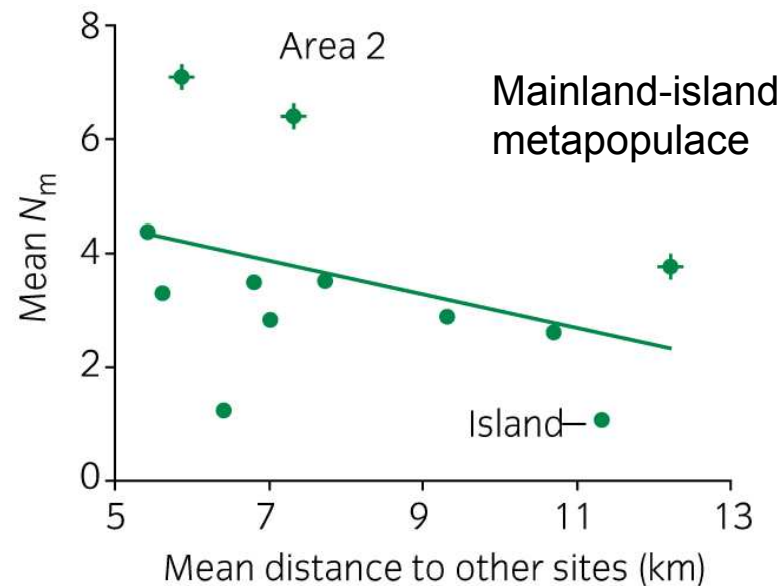
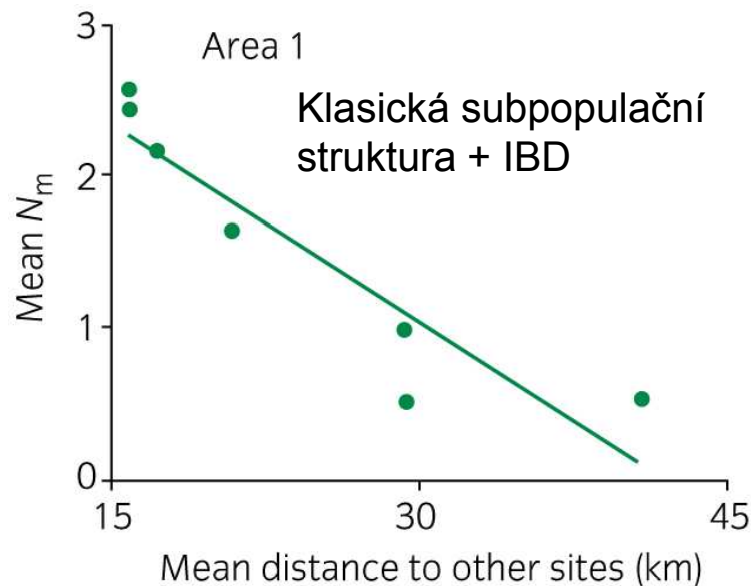


„source and sinks“

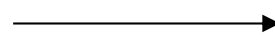
- ad a) *Cristatella mucedo* - Bryozoa (Freeland et al. 2000) – long-distance migration (birds), no IBD, 5 ms for clone identification
- black rats in Senegal – transport by traffic – no IBD (Konečný et al. 2012)

ad b) Mainland-island model

- *Bufo calamita* (Rowe et al. 2000) – různé rybníky mají různý reprodukční úspěch
- klasické subpopulace (Area 1) i metapopulace (Area 2); křížek – vyšší tok genů než by se předpokládalo (jsou v nich obsaženy vysoce úspěšné rybníky = „mainland“)



$$F_{ST} = 0.06-0.22$$



$$F_{ST} = \frac{1}{1 + 4N_m}$$



Populační struktura - shrnutí

	Connected populations (gene flow)	Isolated populations (no gene flow)
N_e	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Genetic drift	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Genetic diversity	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Population differentiation	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

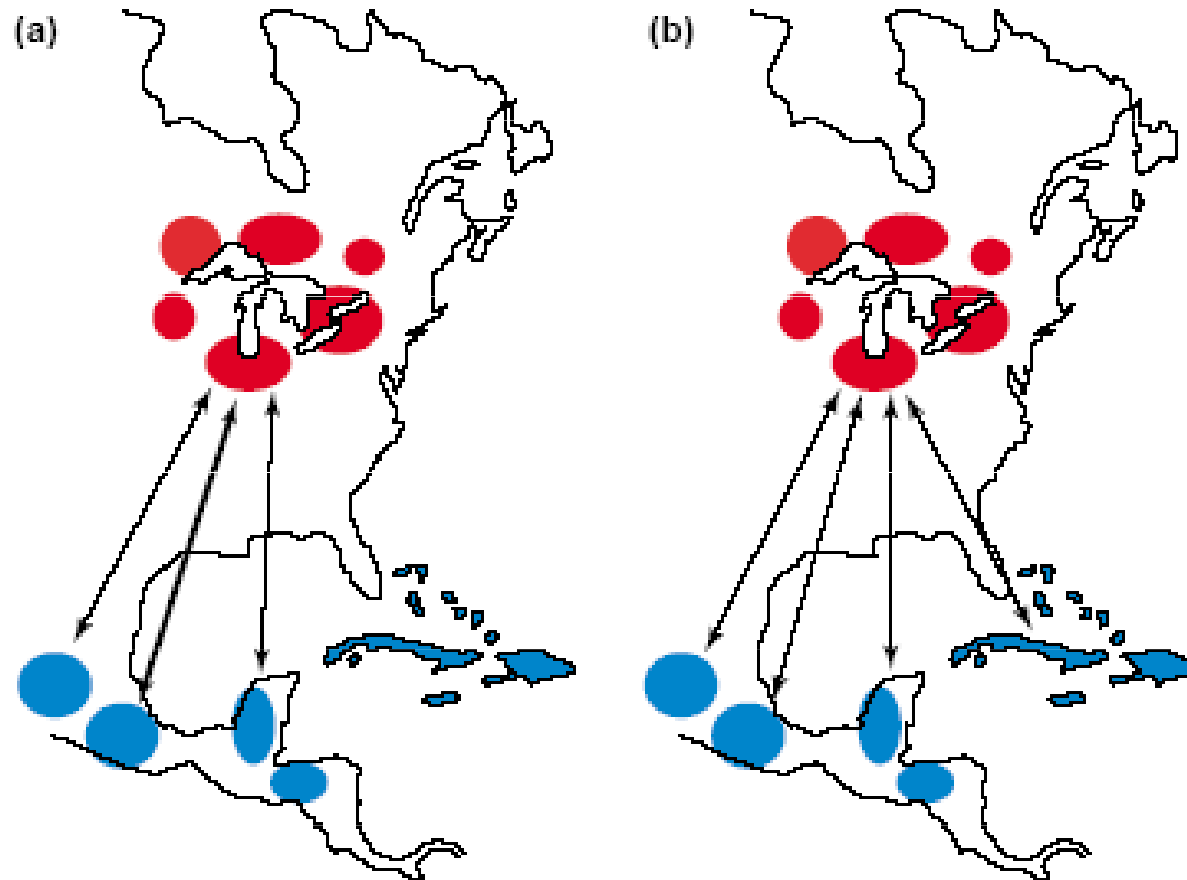
1. vnitropopulační variabilita – deskriptivní statistiky
2. popis populačně-genetické struktury, bariéry toku genů

3. Population assignments

Klasické problémy populační genetiky

- Populace dány, jedinci předem zařazeni do populací, zajímají nás vlastnosti populací (F-statistiky) → ad (1) nebo (2)
- Populace sice definovány, ale chceme k nim přiřadit jedince neznámého původu
- Kryptická populační struktura = předem není dáno nic → chci zjistit klastry (tj. přirozené populace) a rozřadit individua do klastrů (**population assignments**)

Př.: Unraveling migratory connectivity



(a) strong vs. (b) weak connectivity

A. Direct methods

- morphological variation (geographical races)
- leg-bands or similar markers (ex. over one million *Ficedula hypoleuca* have been ringed in UK and Sweden – only six recaptured on wintering grounds in Africa)
- satellite telemetry – expensive, not useful for small animals

B. Biogeochemical approaches

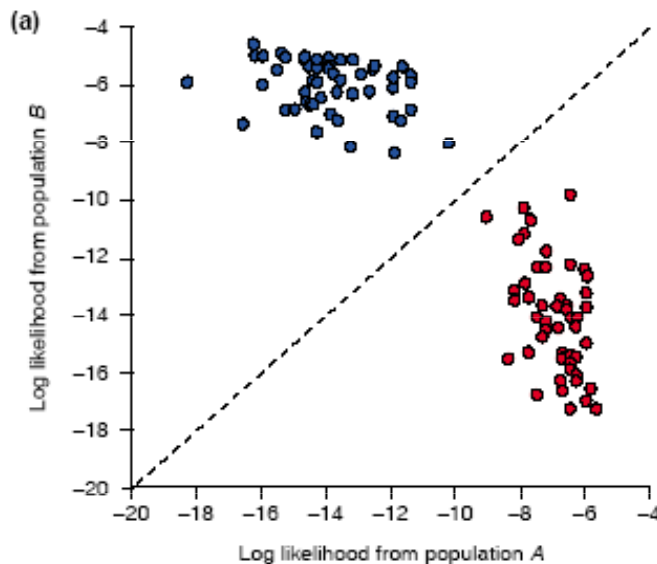
- ratios of stable isotopes of naturally occurring elements (C, H, N, Sr) vary across the landscape
 - determined by the relative frequency of C3 and C4 plants, climate, and bedrock
- (1) geographical structure of isotopic ratio distributions
 - (2) knowledge about where animals incorporate isotopes
 - (3) tissue samples from individuals at different parts of their annual cycle

C. Genetic approaches

- « very few birds have bands, but all have genotypes »
- genetic data on population structure
- problems: (1) weak genetic differentiation among populations (widespread dispersal), (2) lack of differentiation in northern temperate zone – recent postglaciation expansion
- Řešení: (1) použití více genetických znaků, (2) studium DNA parazitů (např. avian malaria) – mají rychlejší evoluci, jsou více diferencovaní

Population assignment tests

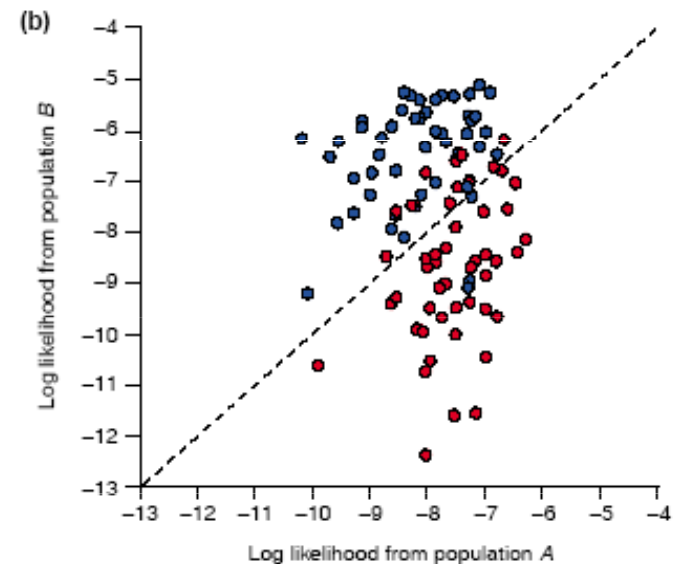
- program **GeneClass** (Piry et al. 2004)
- calculates the probability that an individual's genotype might exist in a particular population – identifikace recentních migrantů nebo zvířat neznámého původu (pytláctví)
- can combine data from multiple genetic marker types



5 microsatellite loci

$$F_{st} = 0.14$$

99.9% assigned correctly



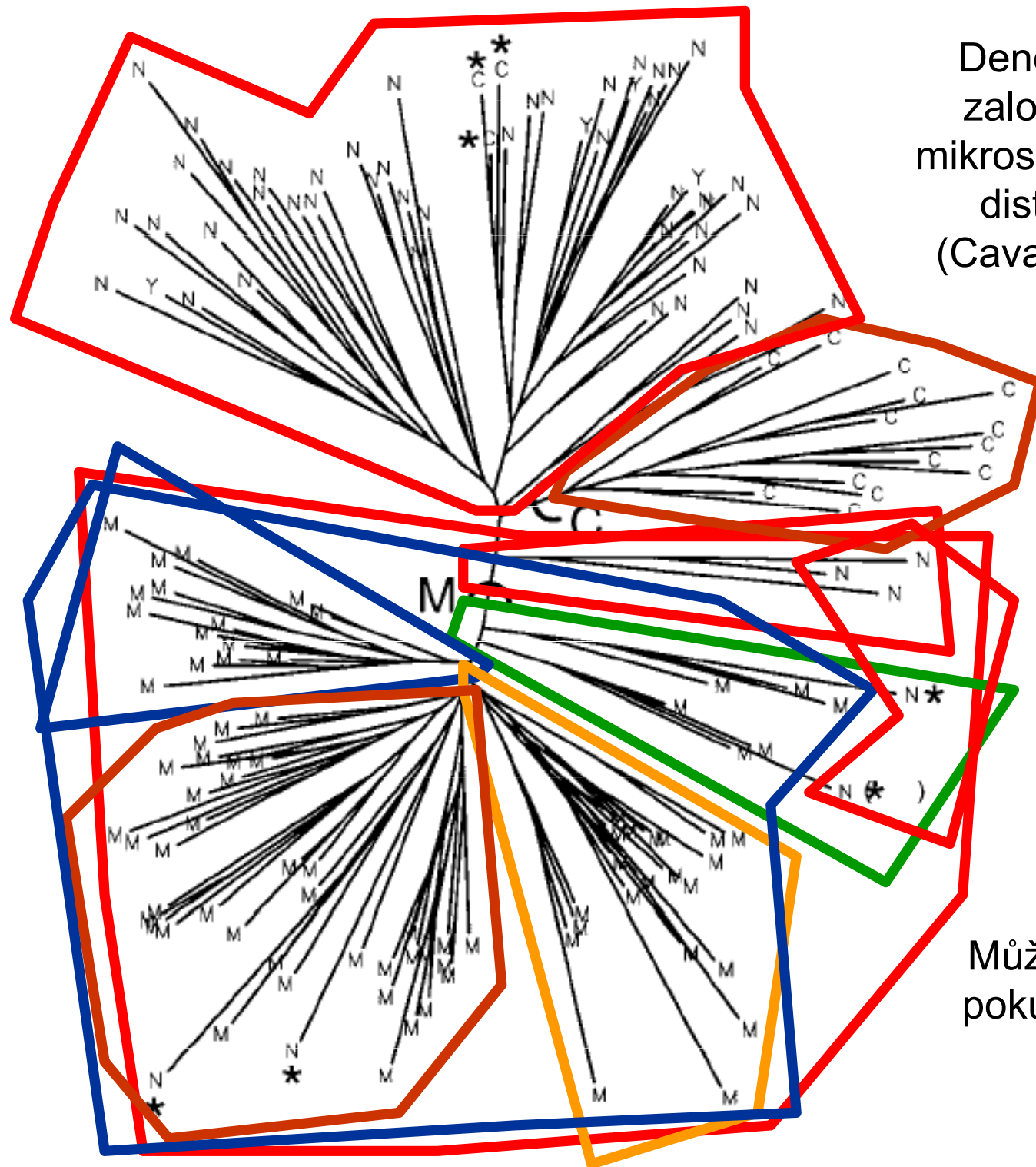
5 microsatellite loci

$$F_{st} = 0.04$$

90.2% assigned correctly

Individual-based assignments

- Kryptická populační struktura
- Neznámý počet skupin (klastřů)
- **Úroveň jedince**
- Vytvořit klastry a současně k nim přiřadit jedince
- K dispozici máme individuální genotypy (případně i souřadnice)
- Data: msat (jiné kodominantní lokusy, *SINE*), AFLP



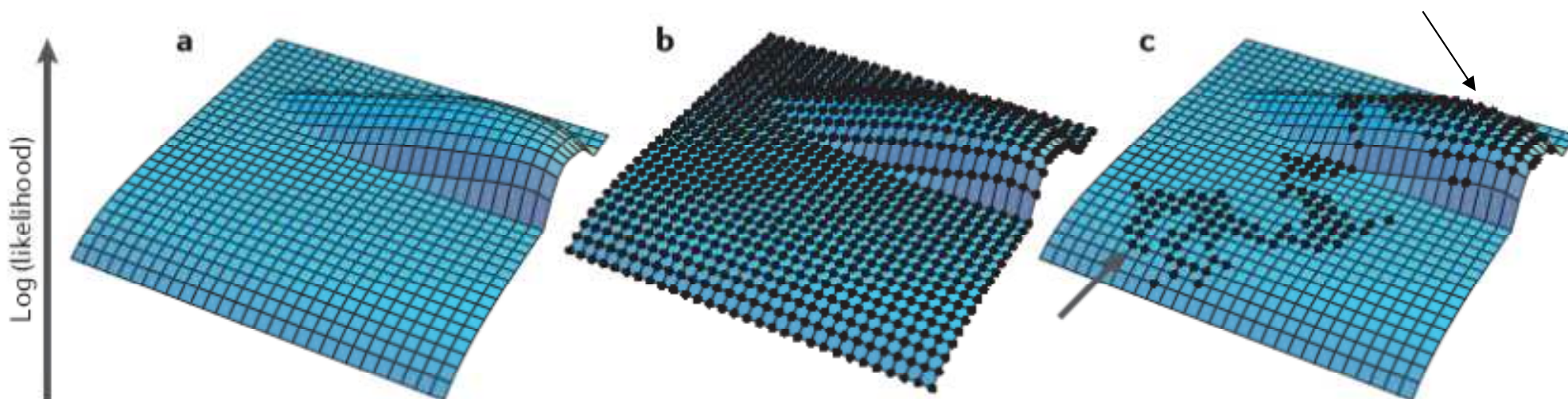
Dendrogram
založený na
mikrosatelitových
distancích
(Cavali-Sforza)

Může být „biased“
pokud máme málo
znaků

Bayesian clustering approach

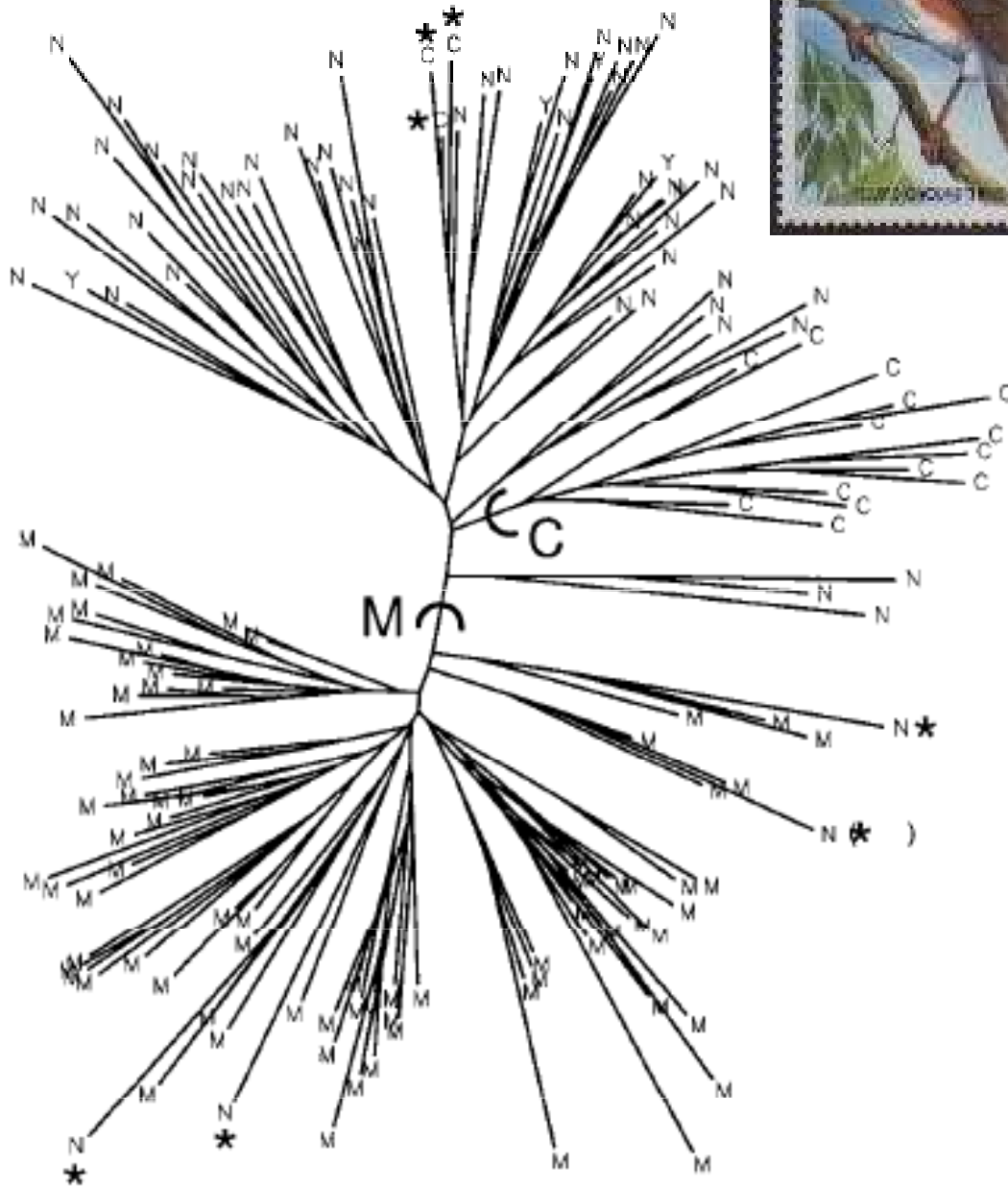
STRUCTURE - *Pritchard et al. 2000*

- Neznámý počet populací charakterizovaných různými frekvencemi alel → počet populací a frekvence zjišťují
- Současně přiřazují individua do populací
- Lokusy, které nejsou ve vazbě, HW uvnitř subpopulací (např. mikrosatelity, SNPs)
- Model se snaží vyložit HW nebo vazebnou nerovnováhu zavedením populační struktury
- Místo přímého výpočtu – odhad pomocí Markov chain Monte Carlo



nutno opakovat několik běhů pro každý model

Turdus helleri



- Fragmenty deštného pralesa
- Lokality Chawia, Ngangao, Mbololo, Yale (Kenya)
- 7 mikrosatelitových lokusů
- Neighbour-joining
- * špatně zařazení jedinci

Shlukovací analýza na základě mikrosatelitových distancí

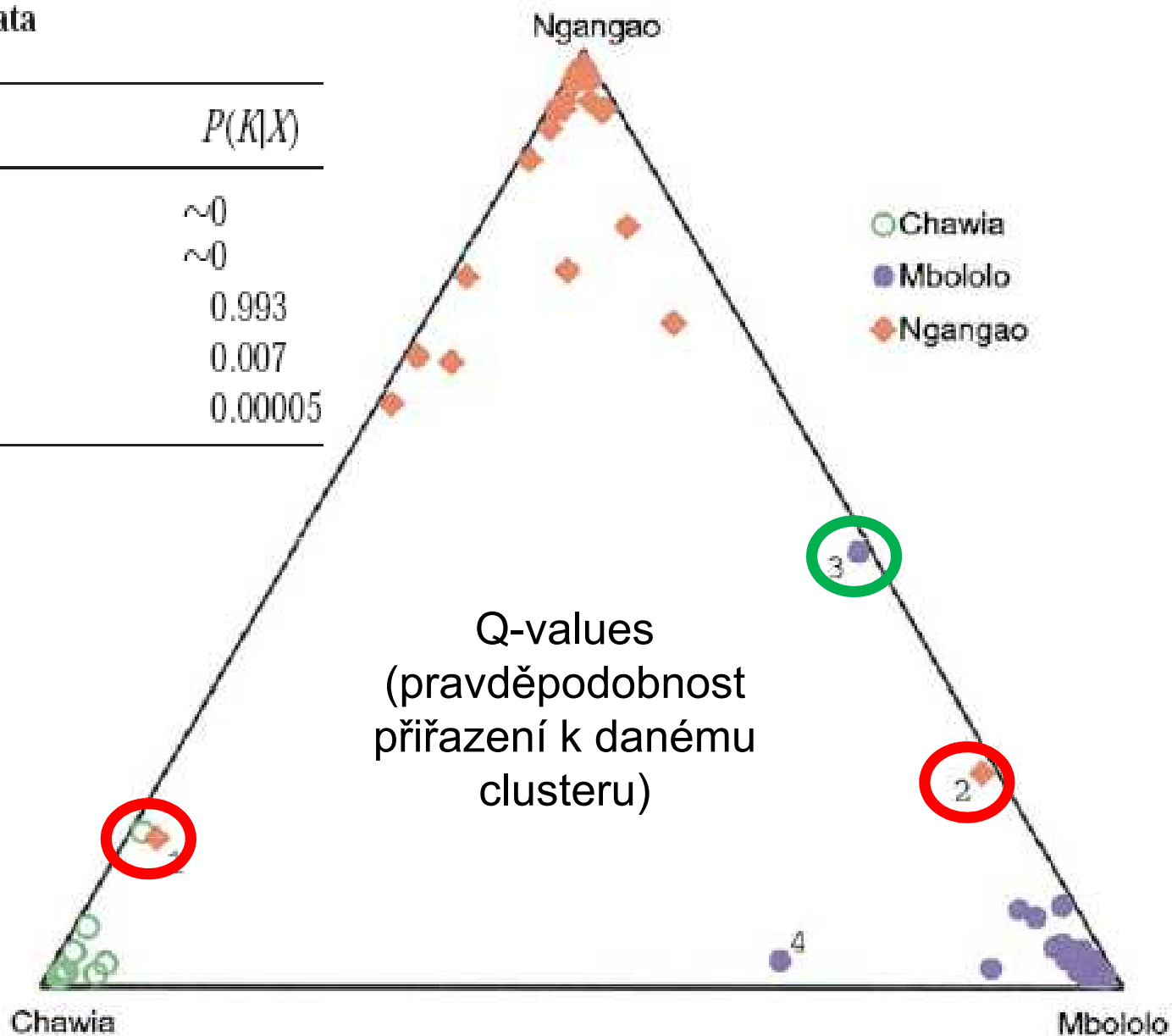
Program STRUCTURE - Bayesiánský přístup

Inferring the value of K , the number of populations,
for the *T. helleri* data

K	$\log P(X K)$	$P(K X)$
1	-3144	~ 0
2	-2769	~ 0
3	-2678	0.993
4	-2683	0.007
5	-2688	0.00005

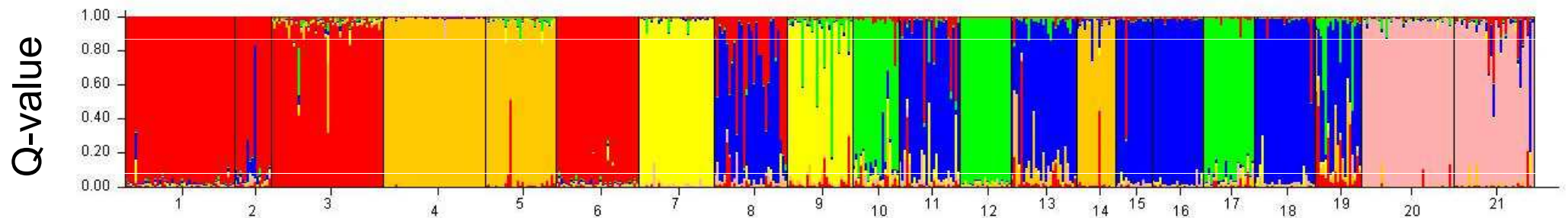
recentní migranti

hybrid?



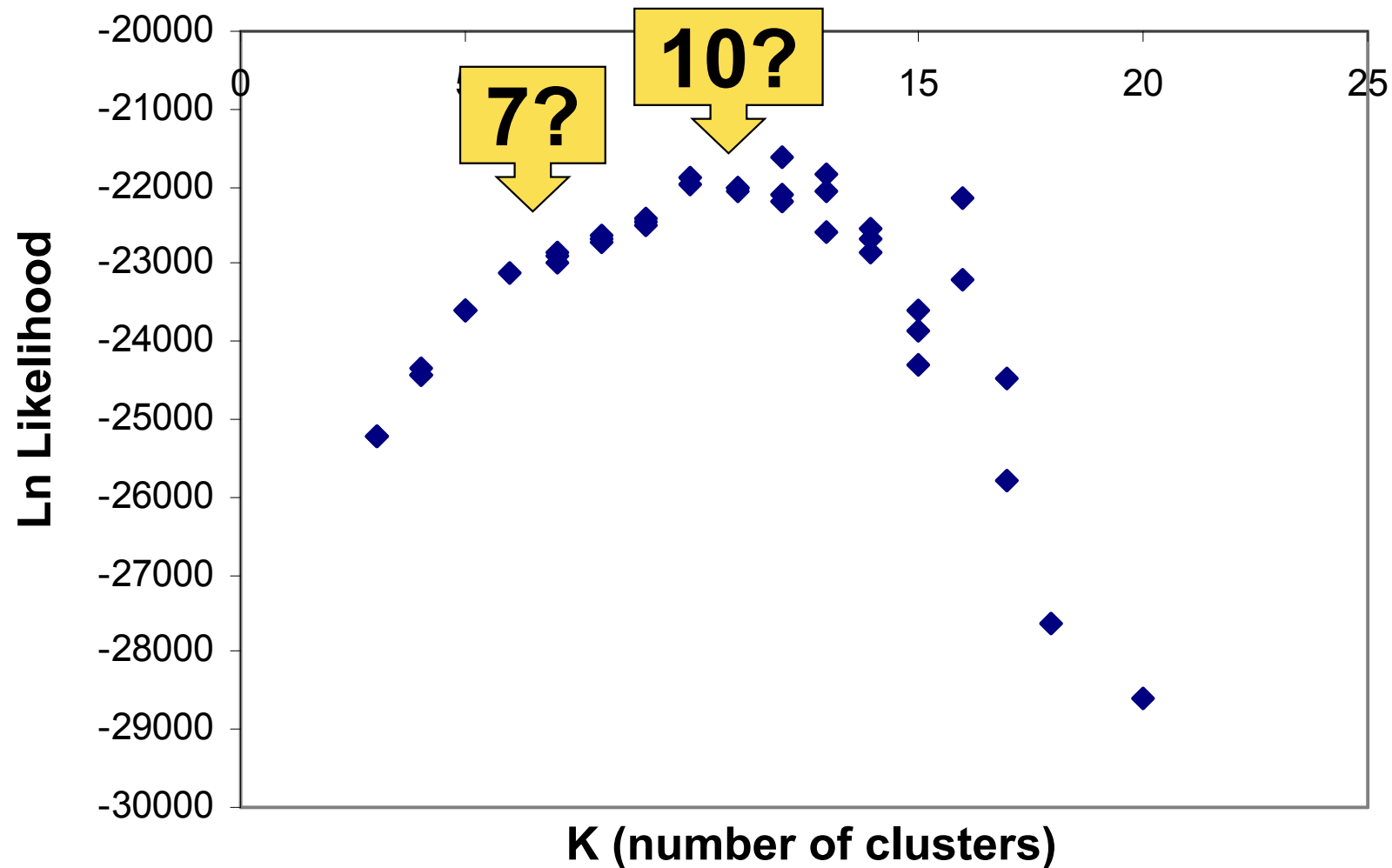
„Admixture“ model – umožňuje zařazení jedince do více klastrů

„Barplot“ pro $K = 7$



Proporce genomu každého jedince náležející určitému „clusteru“

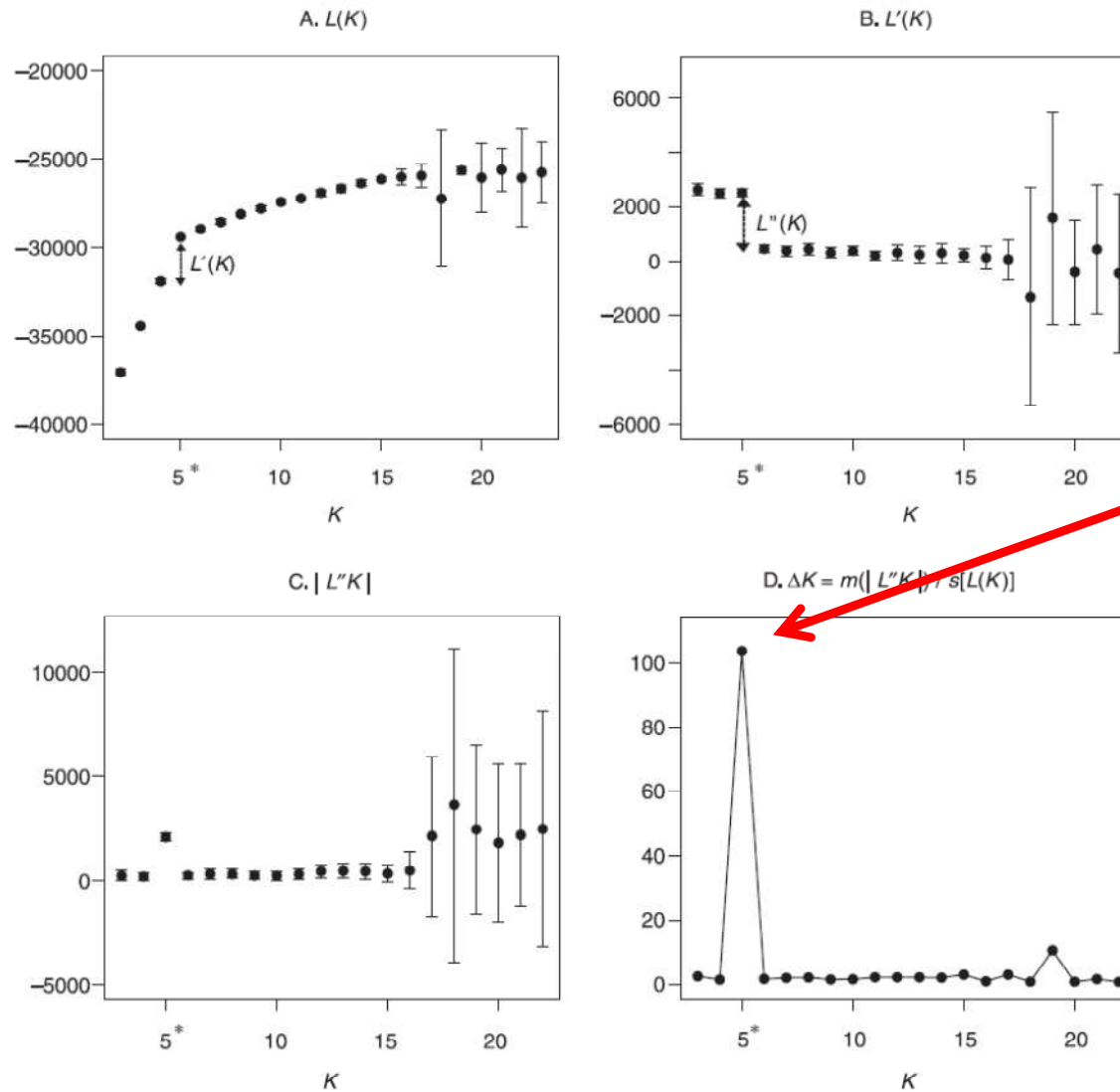
Stanovení počtu „přirozených“ subpopulací



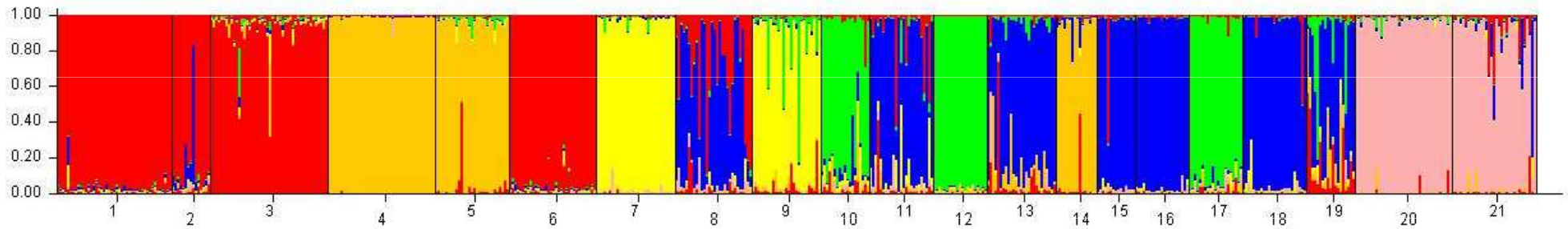
Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study

G. EVANNO, S. REGNAUT and J. GOUDET

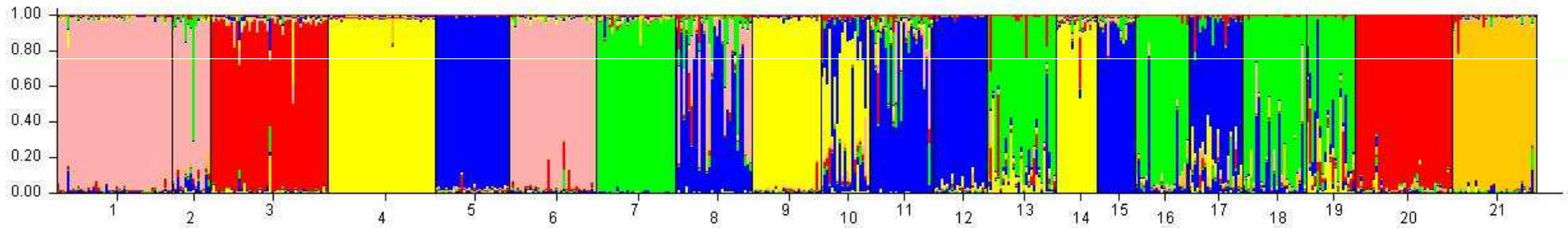
Department of Ecology and Evolution, Biology building, University of Lausanne, CH 1015 Lausanne, Switzerland



K = 7



K = 10

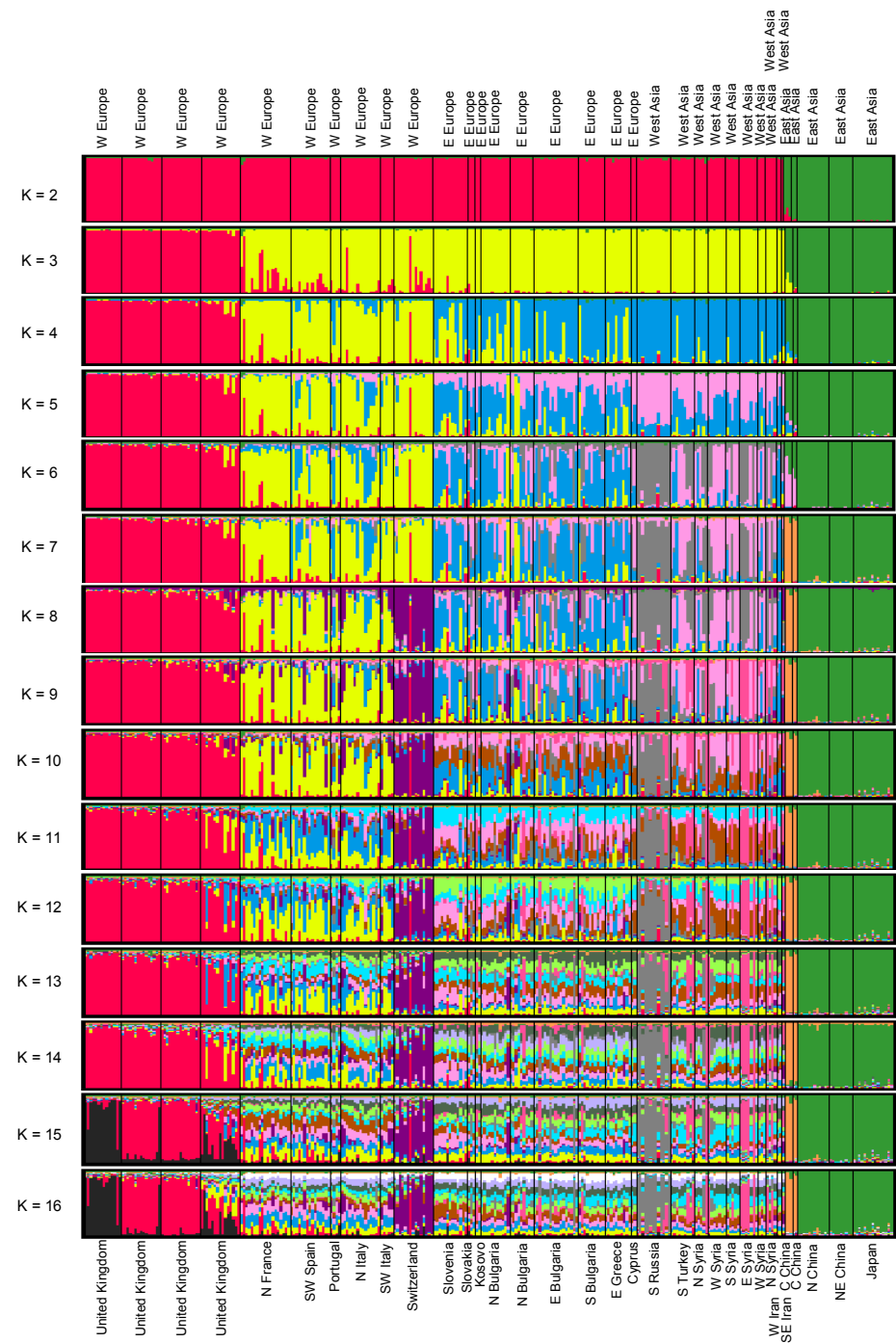


Proporce genomu každého jedince náležející určitému „clusteru“

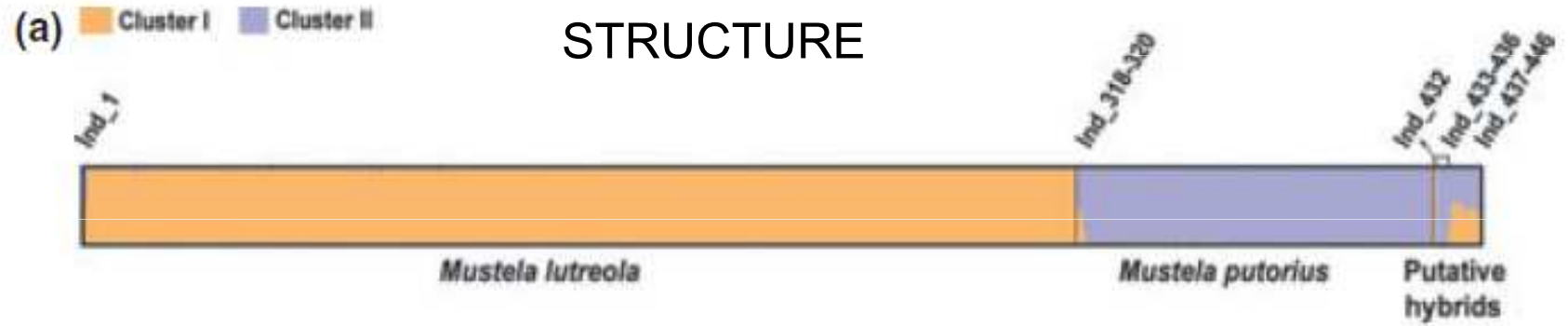
Alternativní vizualizace výsledků ze STRUCTURE

„forced clustering“

Zobrazení hierarchické struktury mezi populacemi



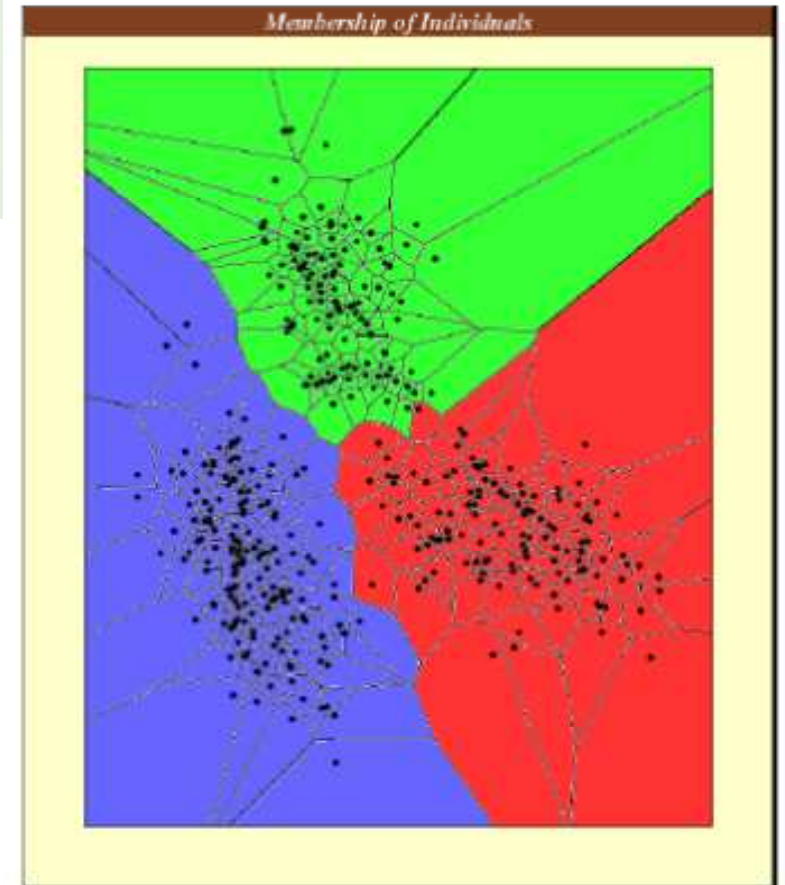
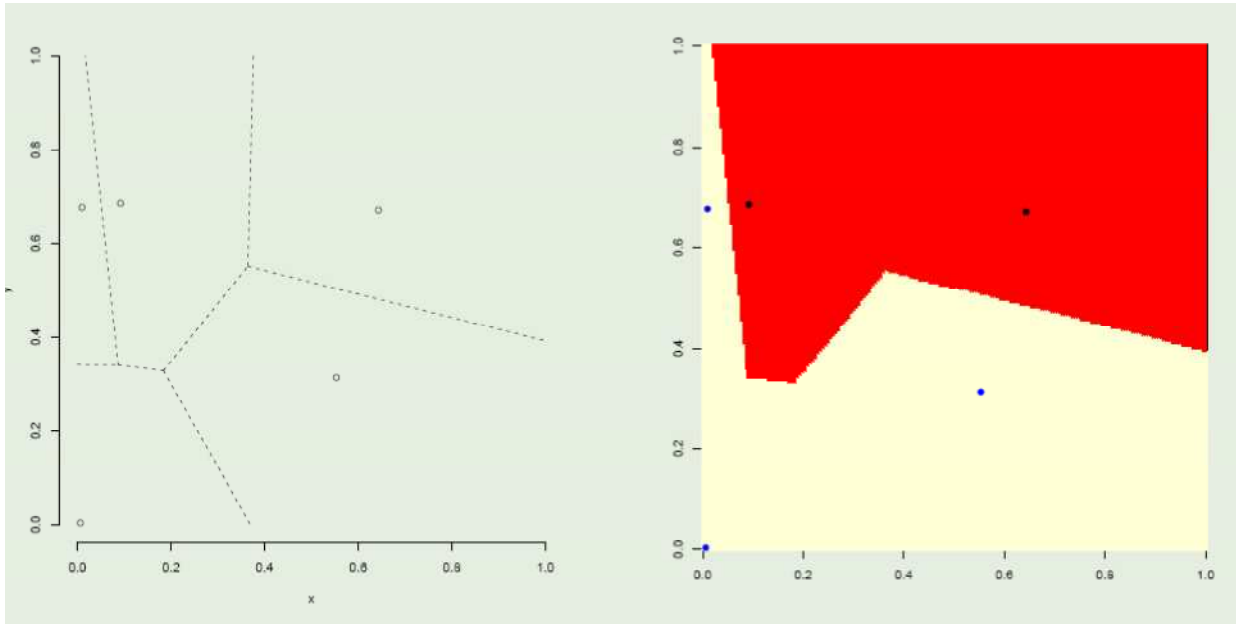
NewHYBRIDS



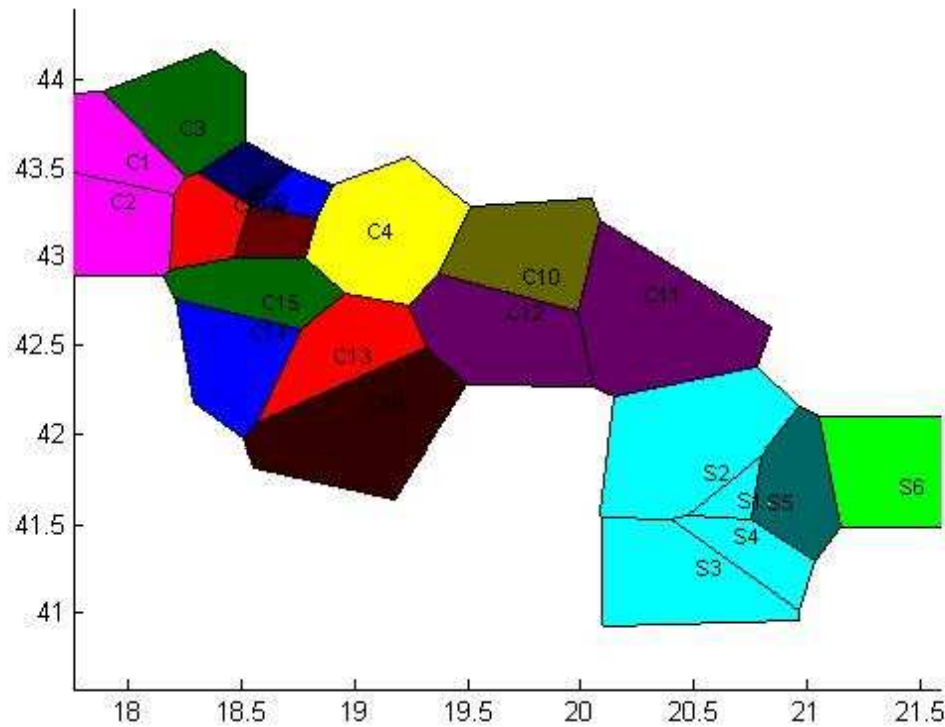
4. Spatially explicit analyses = spatial genetics = landscape genetics

- vychází z Bayesian clustering approach (typu STRUCTURE) – **individual-based models**
- do modelování genetické informace přidává i geografické koordináty
- např. programy BAPS, TESS, Geneland (automaticky stanovují nejlepší počet populací K)

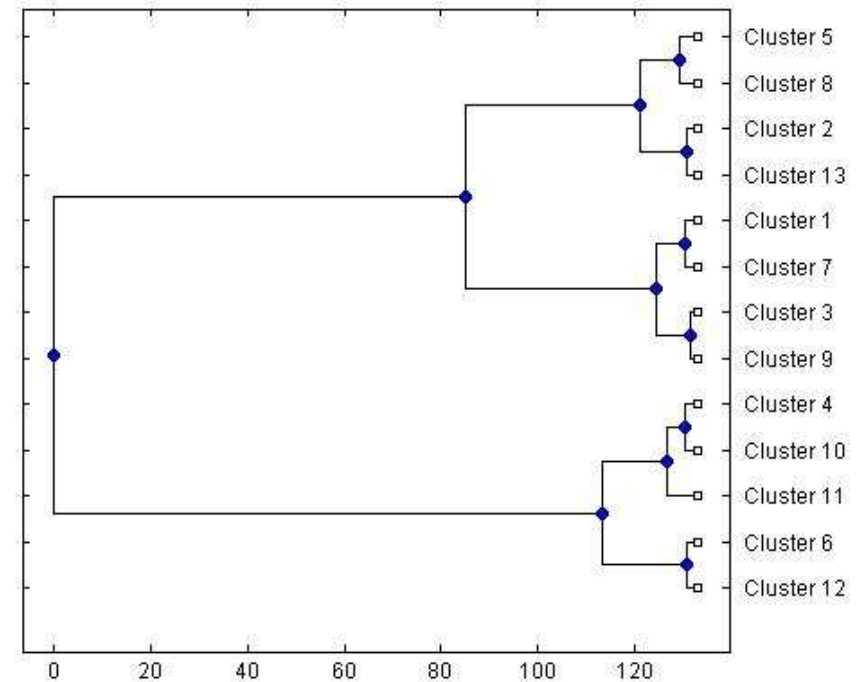
Spatial models – tessellation, Voronoi polygons



The example of very fragmented populations: the best model in BAPs for Central and Southern *Dinaromys* populations (spatial clustering of groups of individuals): K=13 (i.e. evidence of very high structuration)

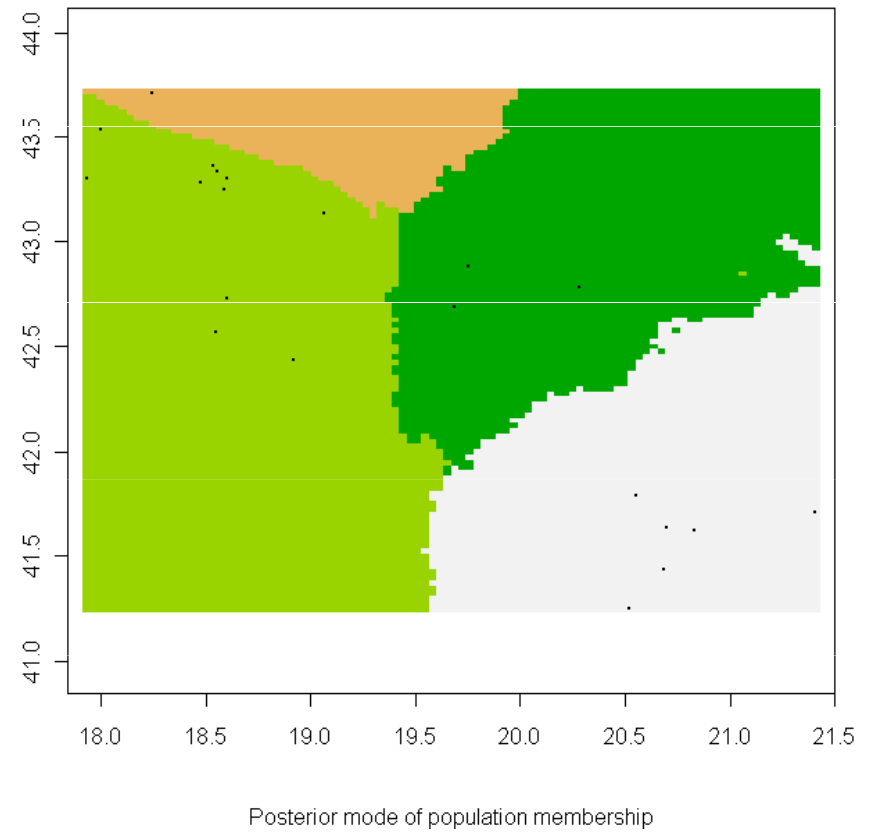
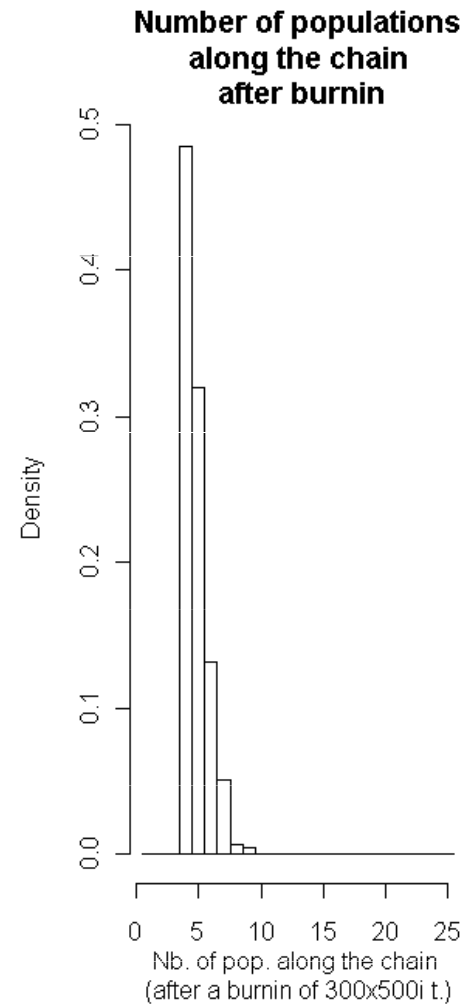
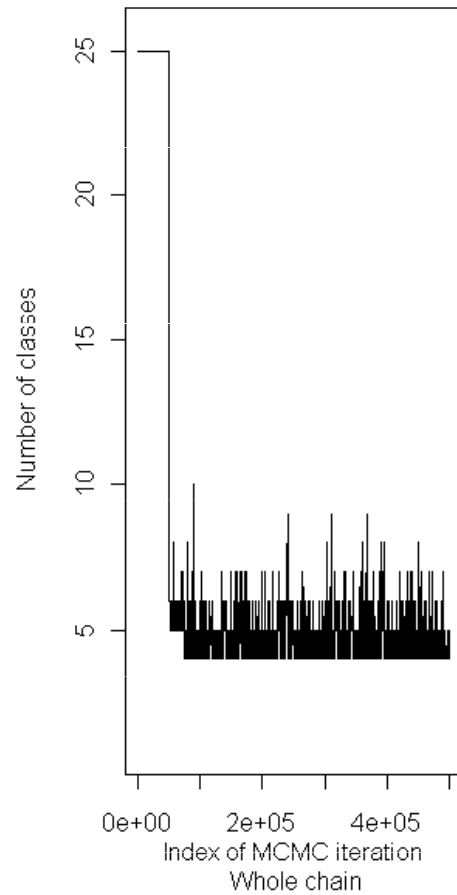


- Best Partition:
- Cluster 1: {C9, C13}
 - Cluster 2: {S6}
 - Cluster 3: {C8, C14}
 - Cluster 4: {C4}
 - Cluster 5: {C1, C2}
 - Cluster 6: {S1, S2, S3, S4}
 - Cluster 7: {C6}
 - Cluster 8: {C3, C15}
 - Cluster 9: {C5, C7}
 - Cluster 10: {C10}
 - Cluster 11: {C11, C12}
 - Cluster 12: {S5}
 - Cluster 13: {C16}



Ř. program BAPS

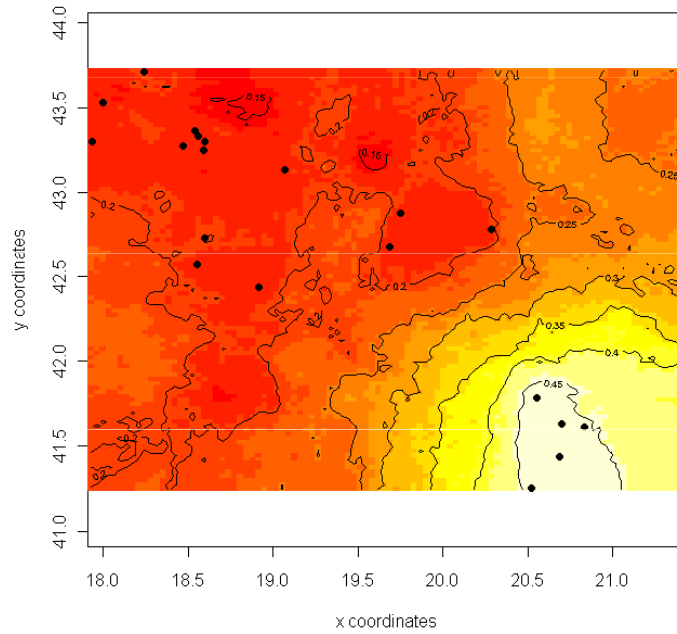
Př.: Geneland



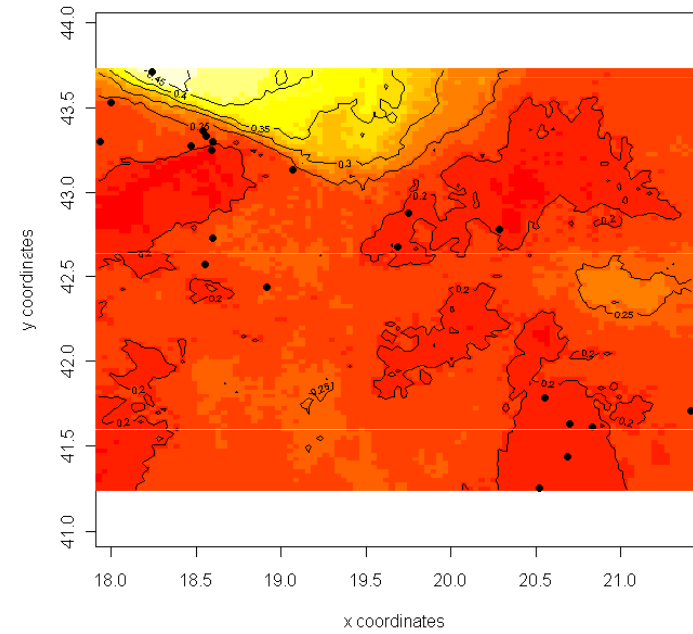
R platform

Posterior probability maps

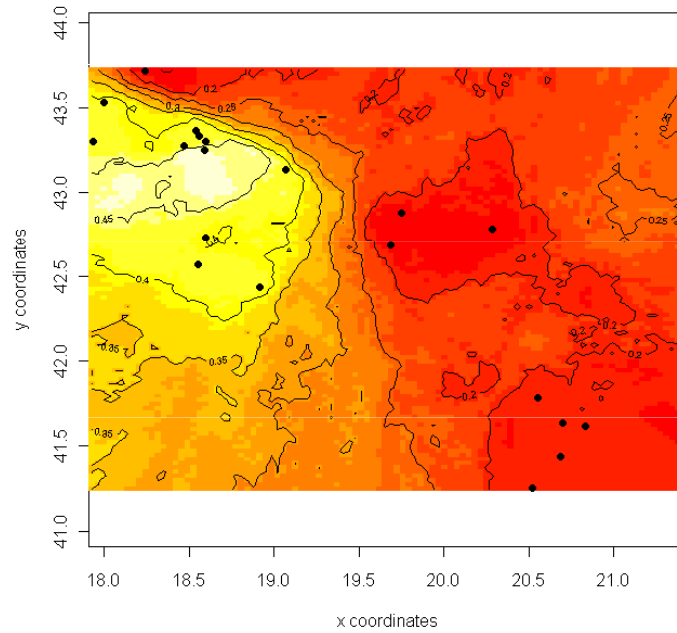
Map of posterior probability to belong to class 4



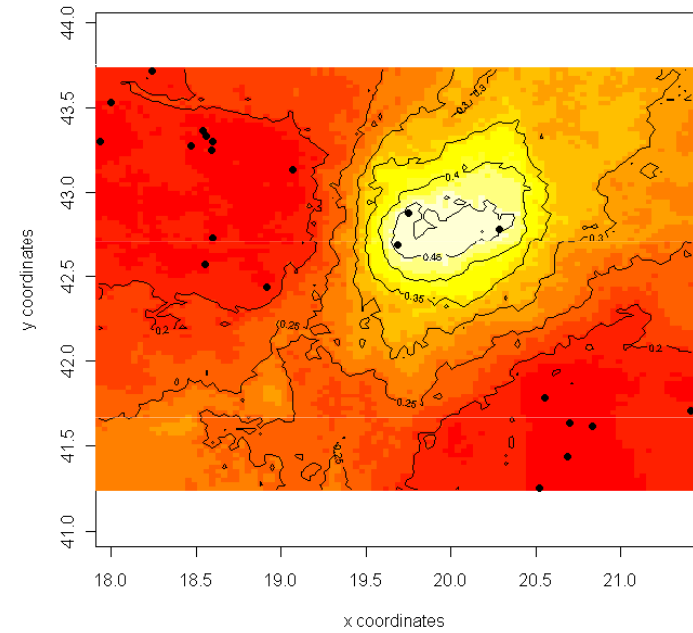
Map of posterior probability to belong to class 3



Map of posterior probability to belong to class 2

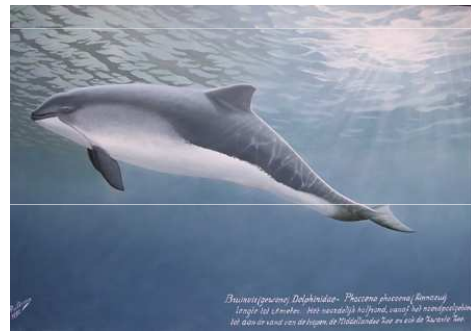
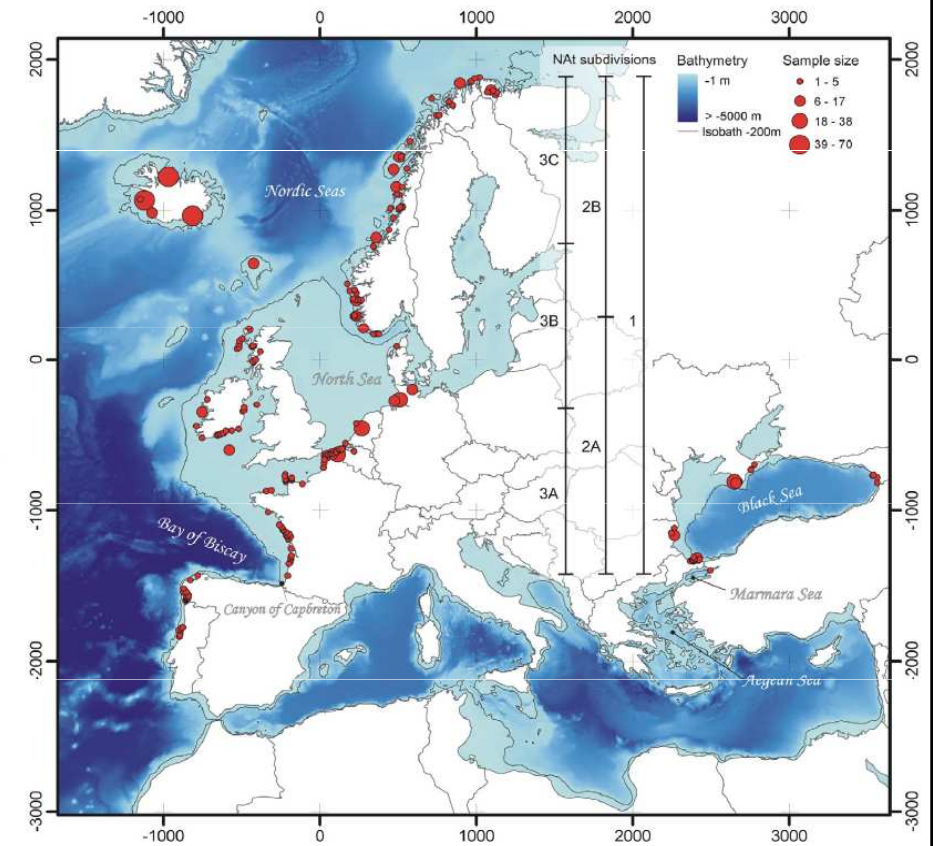
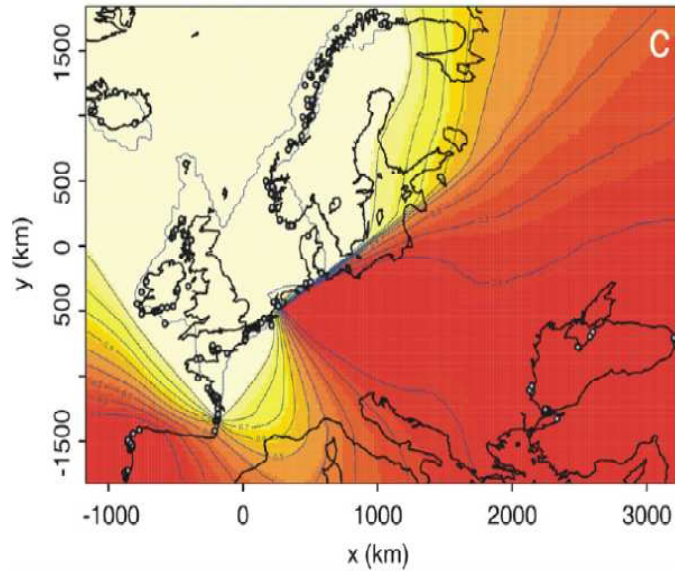
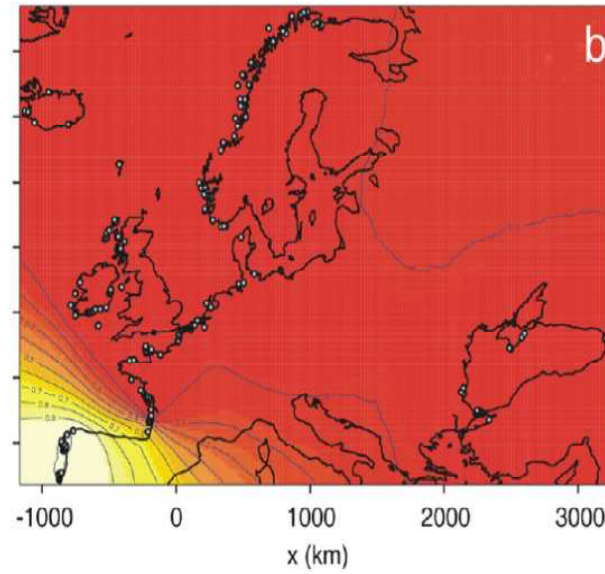
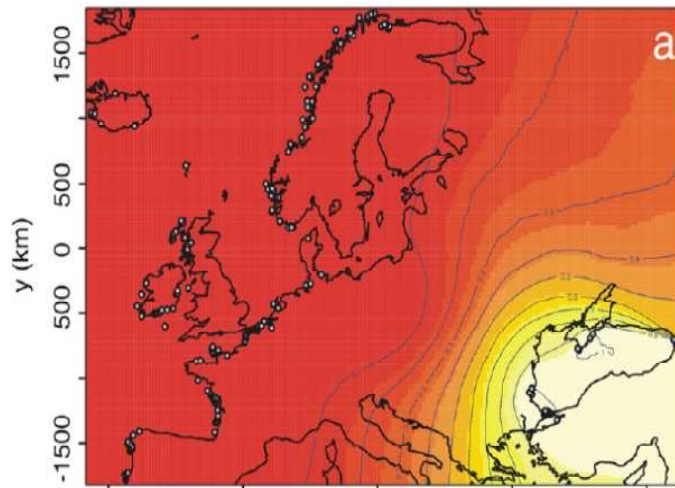
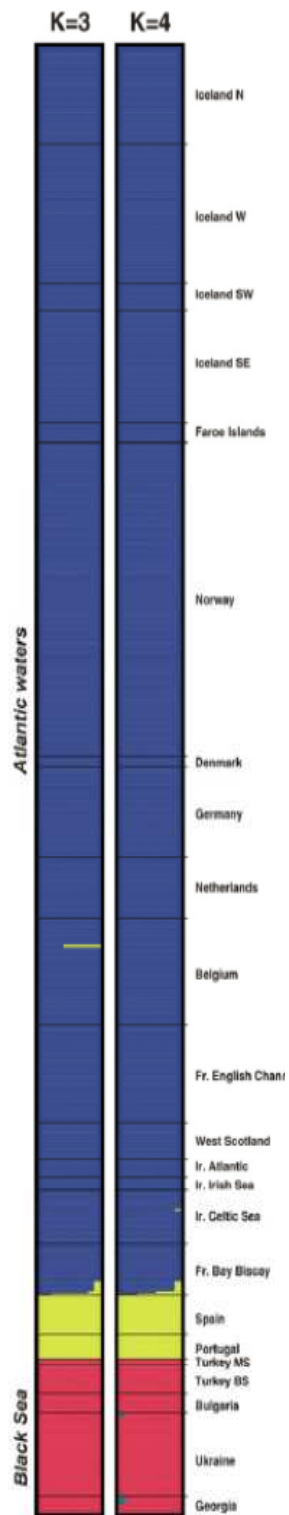


Map of posterior probability to belong to class 1



Spatial population genetics

Fontaine et al. 2007



Phocoena phocoena