

KOALESCENCE

GENOVÉ GENEALOGIE A TEORIE KOALESCENCE

Dosud: co se s populací stane v příští generaci?

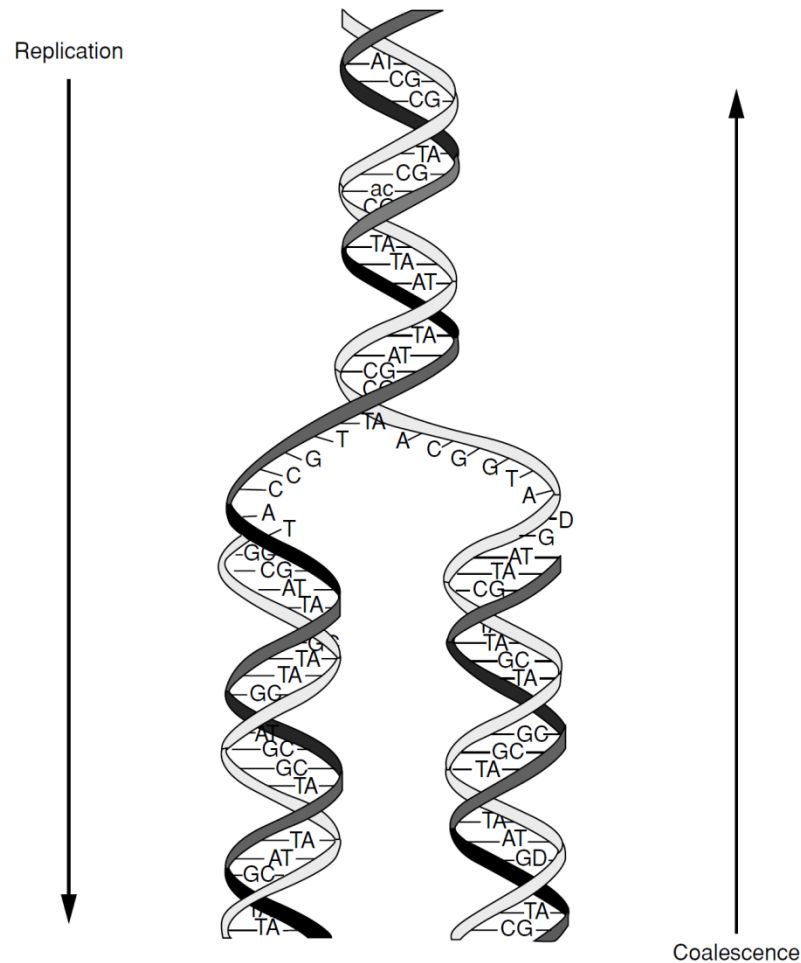
Co předcházelo současnému stavu?

⇒ „pohled zpět“

Základní premisa populační genetiky: DNA replikuje...

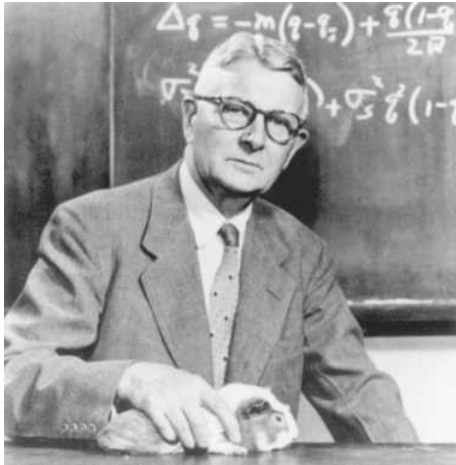


Základní premisa populační genetiky: DNA replikuje...

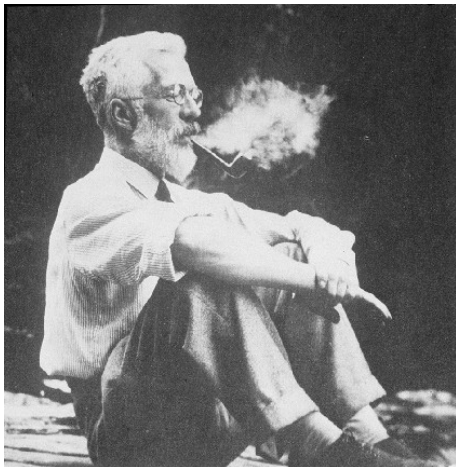


... opakem replikace je koalescence

Wrightův-Fisherův model:



Sewall Wright

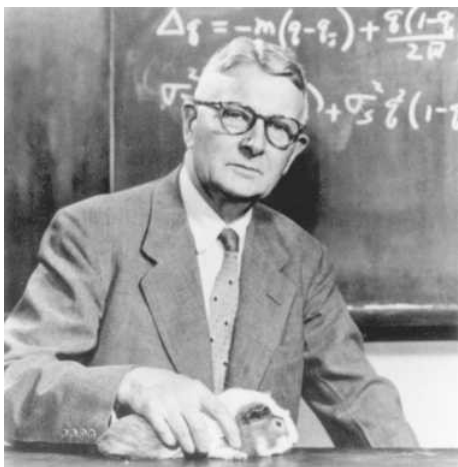


Ronald A. Fisher

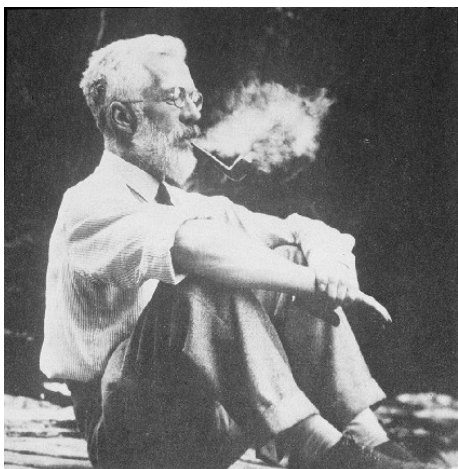
W-F populace – opakování:

- diploidní, hermafrodit
- velikost omezená, žádné fluktuační N
- náhodné oplození
- kompletní izolace (žádný tok genů)
- diskrétní generace
- žádná věková struktura
- žádná selekce
- rozptyl výběru gamet do další generace
→ Poissonovo rozdělení

Sortování linií ve W-F modelu:



Sewall Wright



Ronald A. Fisher

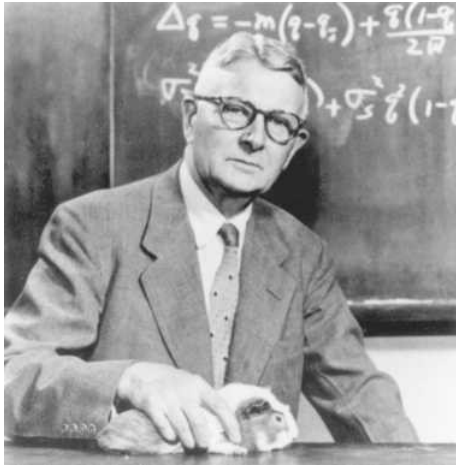
generace 1



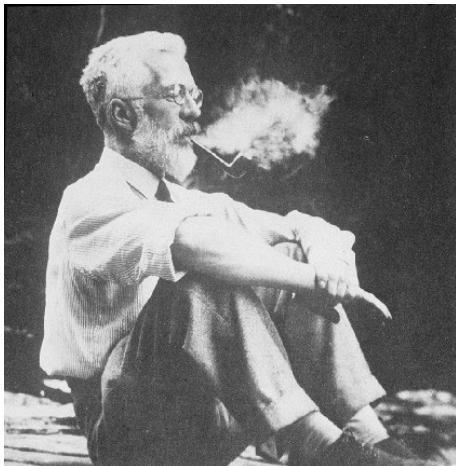
čas



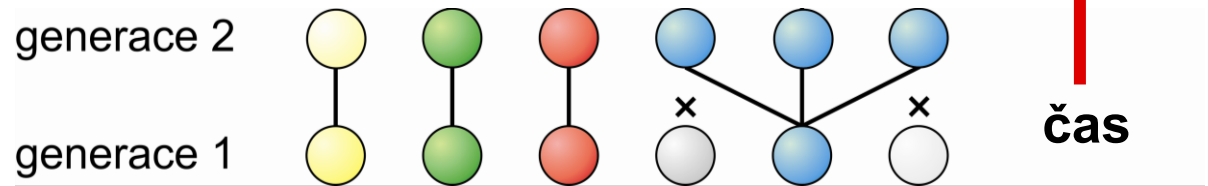
Sortování linií ve W-F modelu:



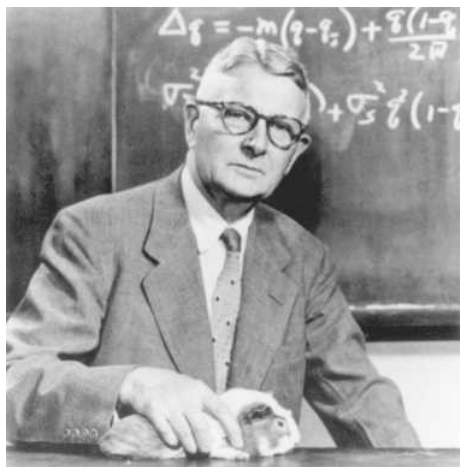
Sewall Wright



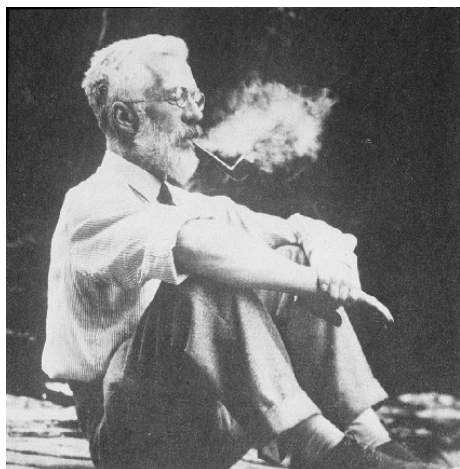
Ronald A. Fisher



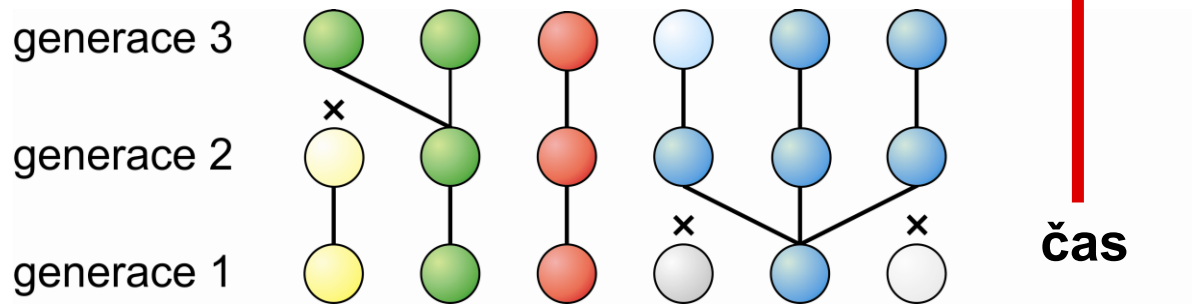
Sortování linií ve W-F modelu:



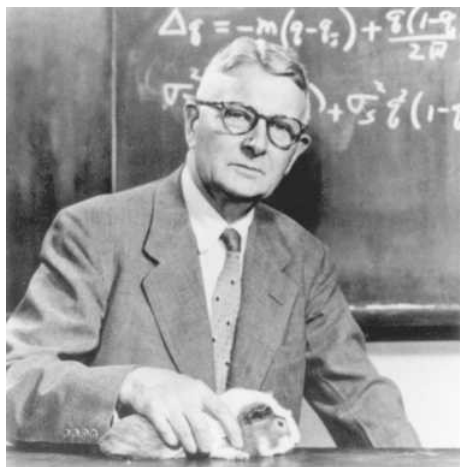
Sewall Wright



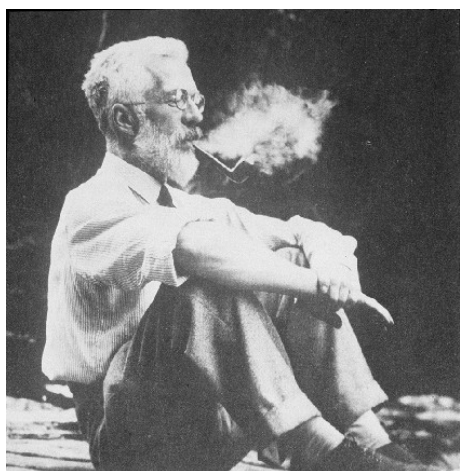
Ronald A. Fisher



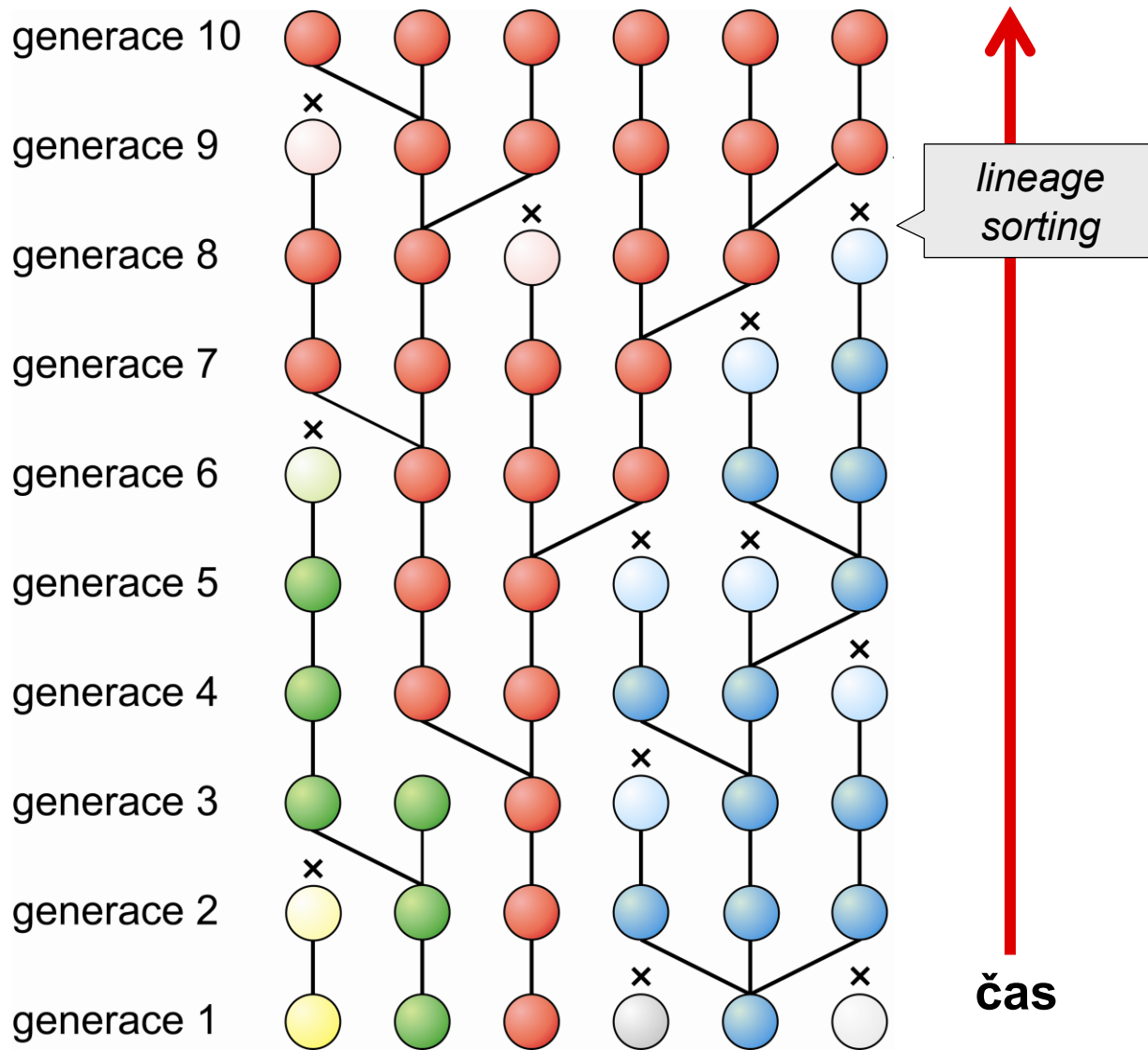
Sortování linií ve W-F modelu:



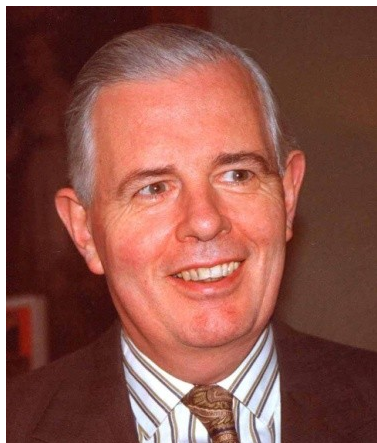
Sewall Wright



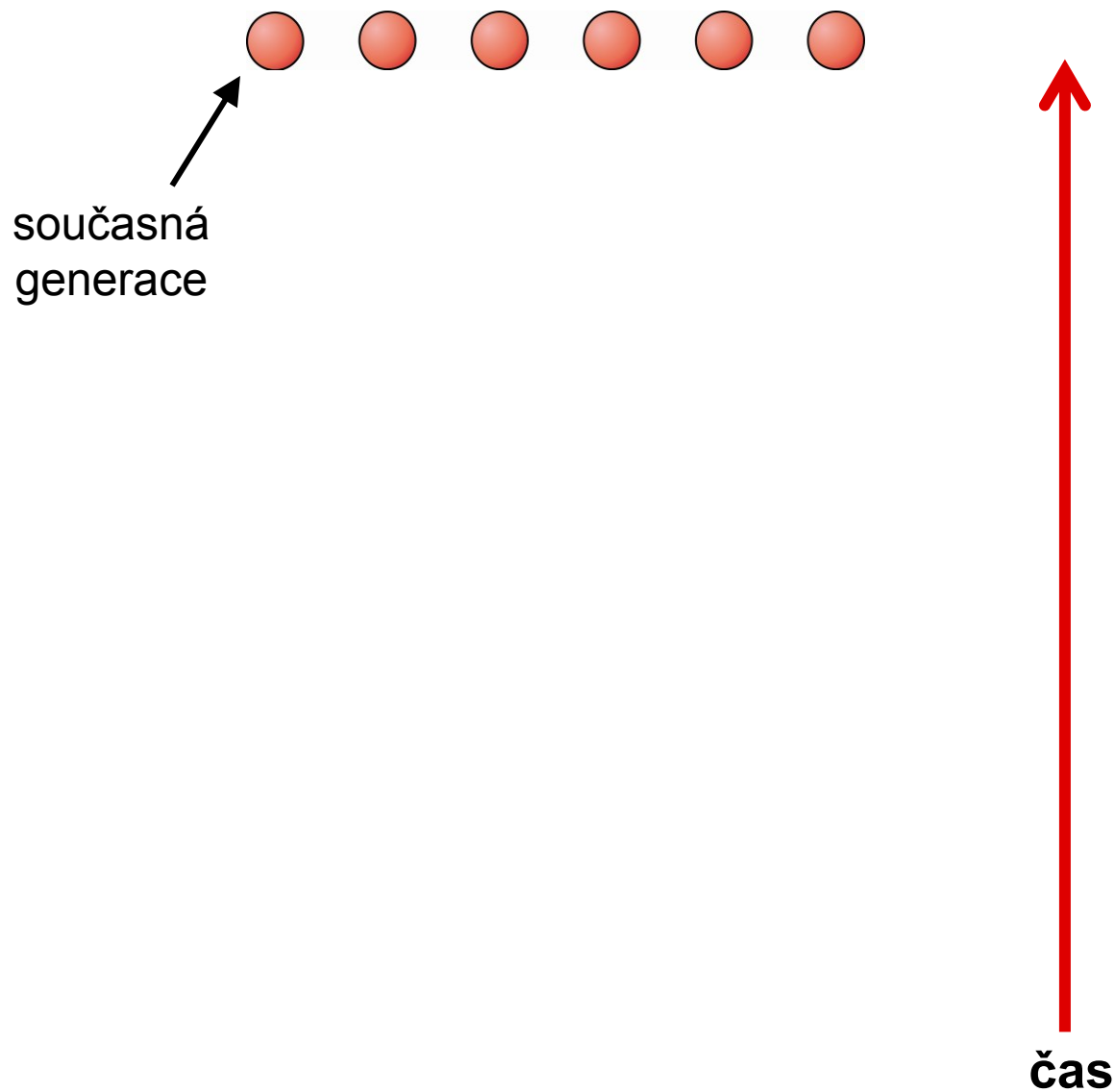
Ronald A. Fisher



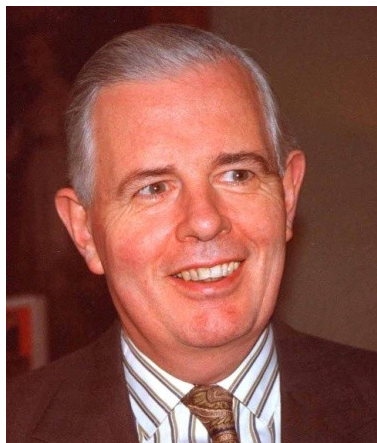
Koalescence:



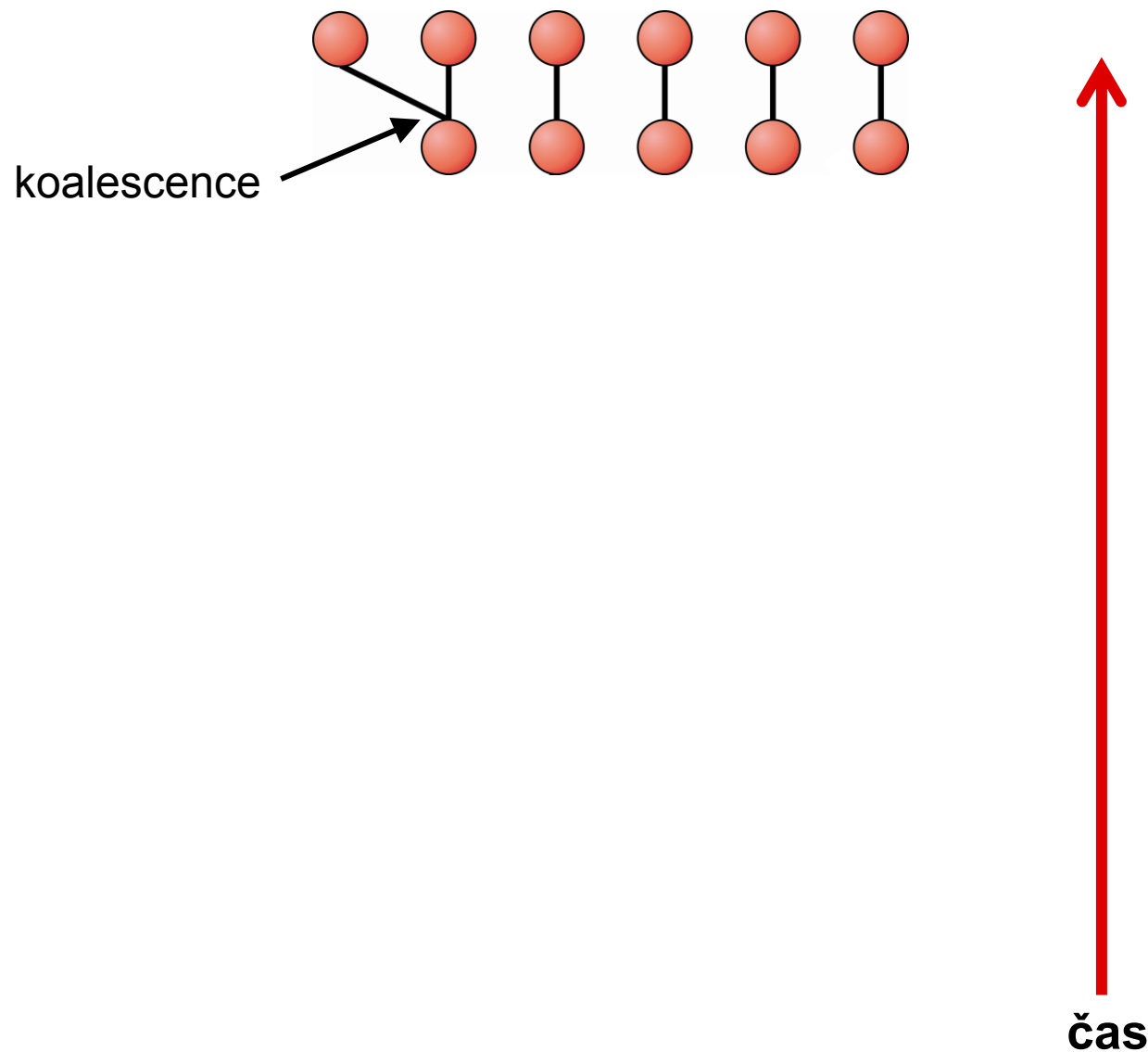
John F.C. Kingman



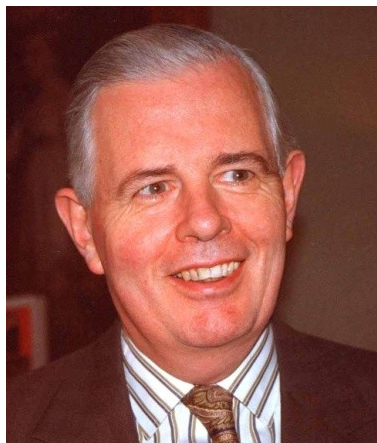
Koalescence:



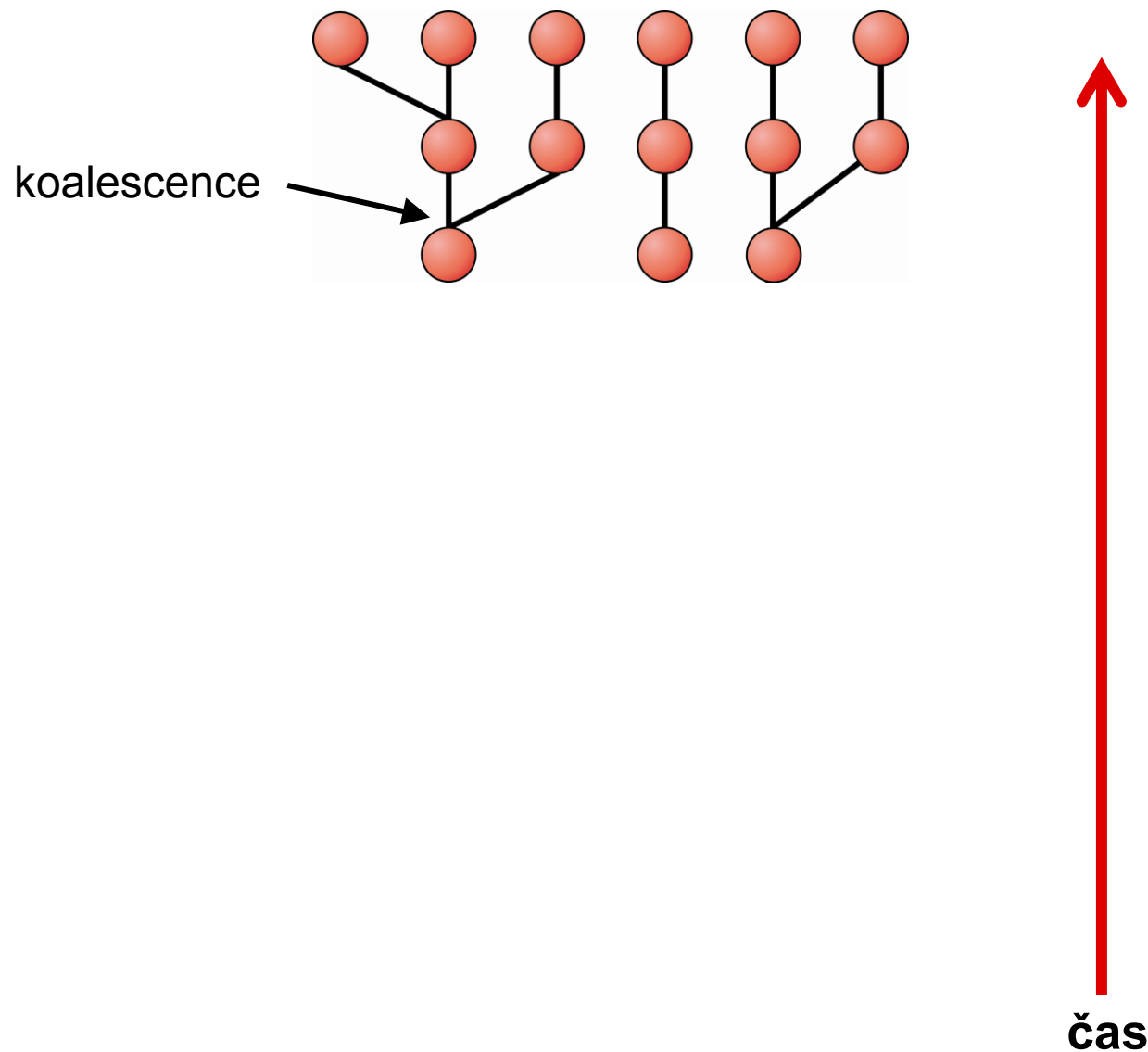
John F.C. Kingman



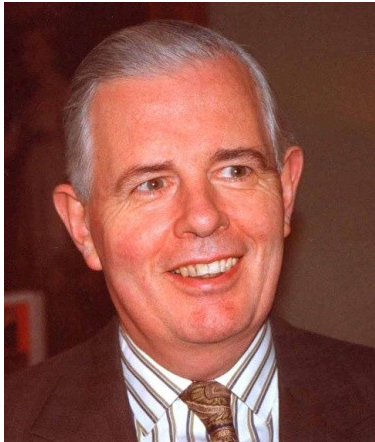
Koalescence:



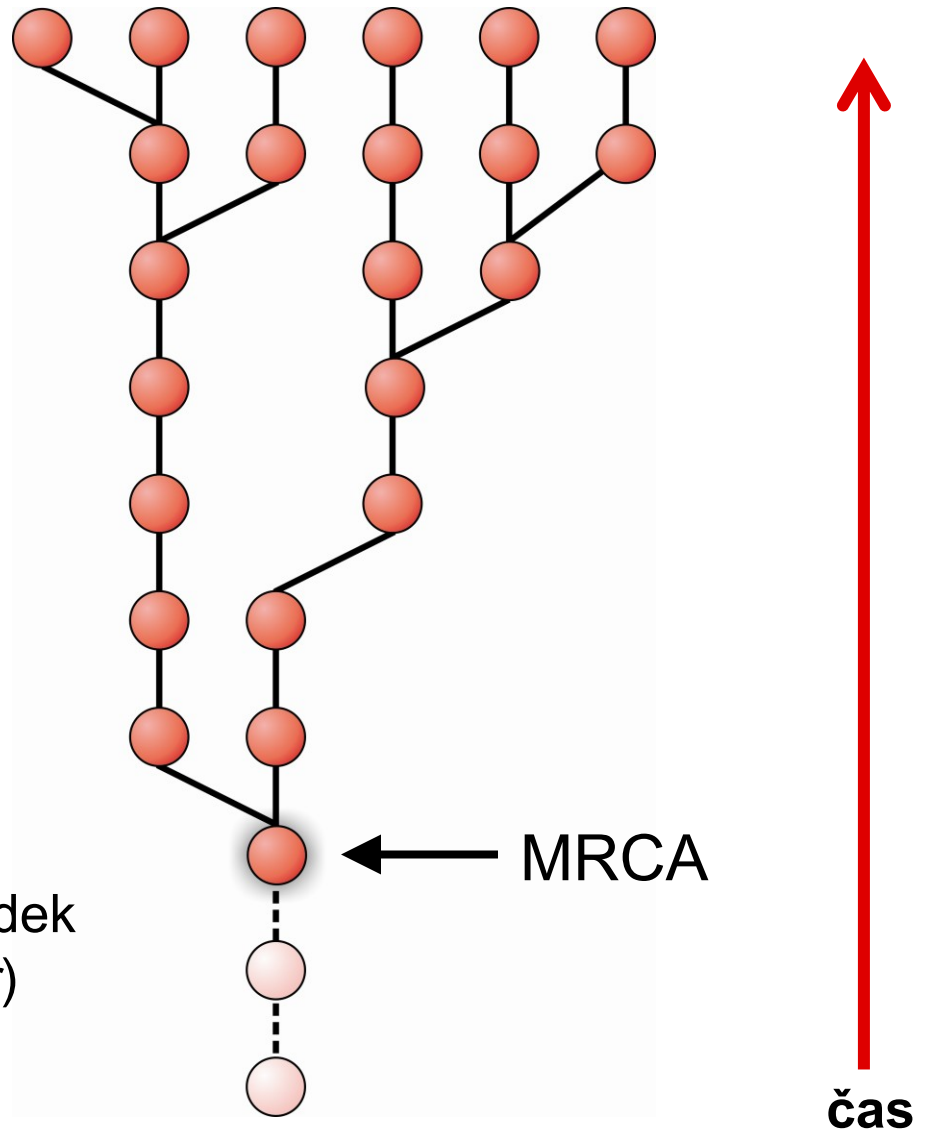
John F.C. Kingman



Koalescence:

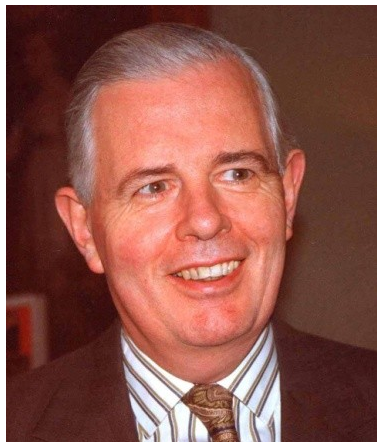


John F.C. Kingman



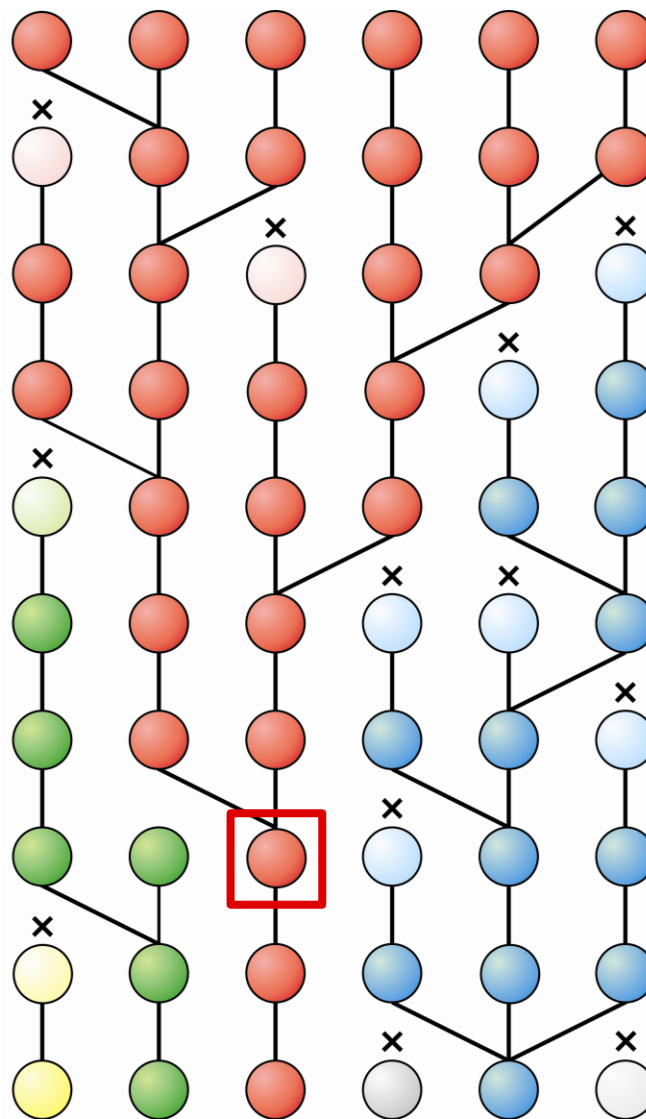
MRCA = nejblížší společný předek
(*most recent common ancestor*)

Koalescence:



John F.C. Kingman

nevíme, kolik kopií bylo v generaci MRCA

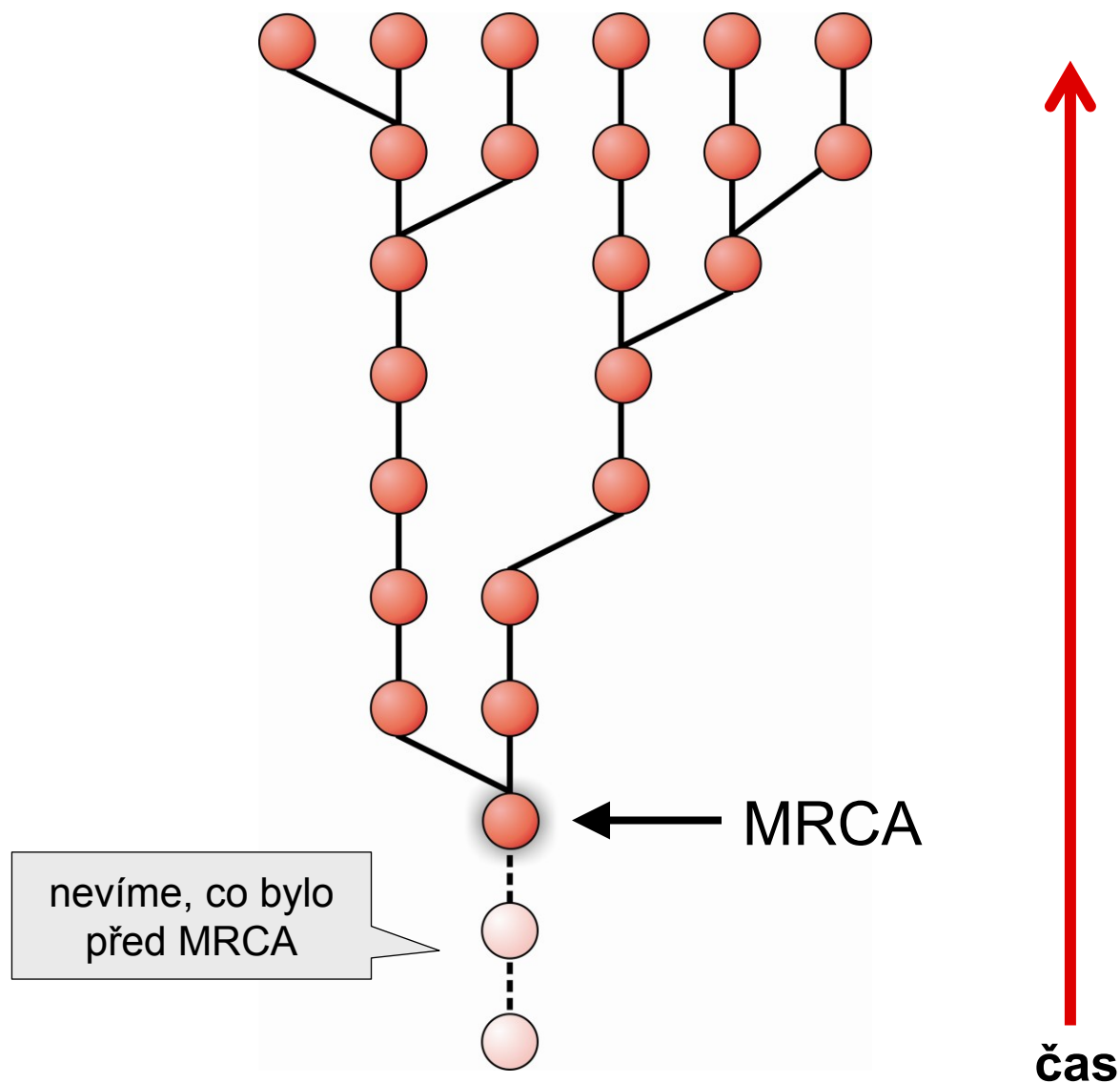


čas

Koalescence:



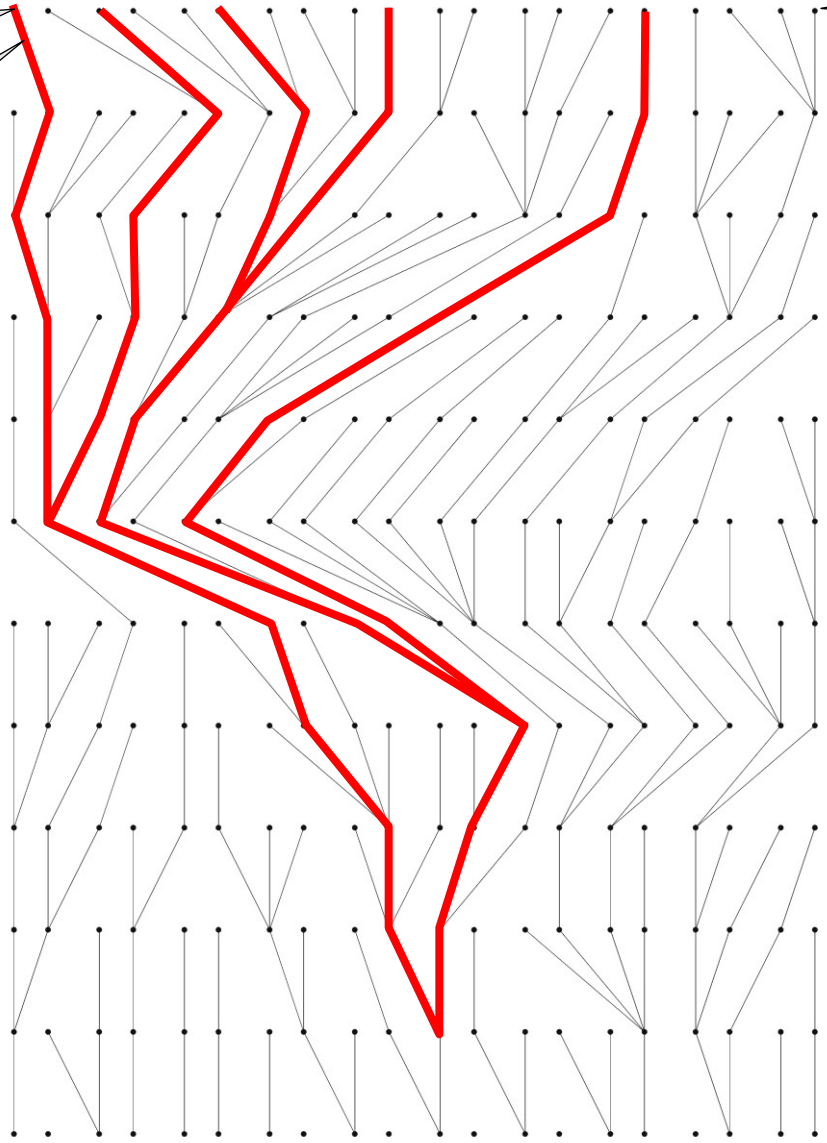
John F.C. Kingman



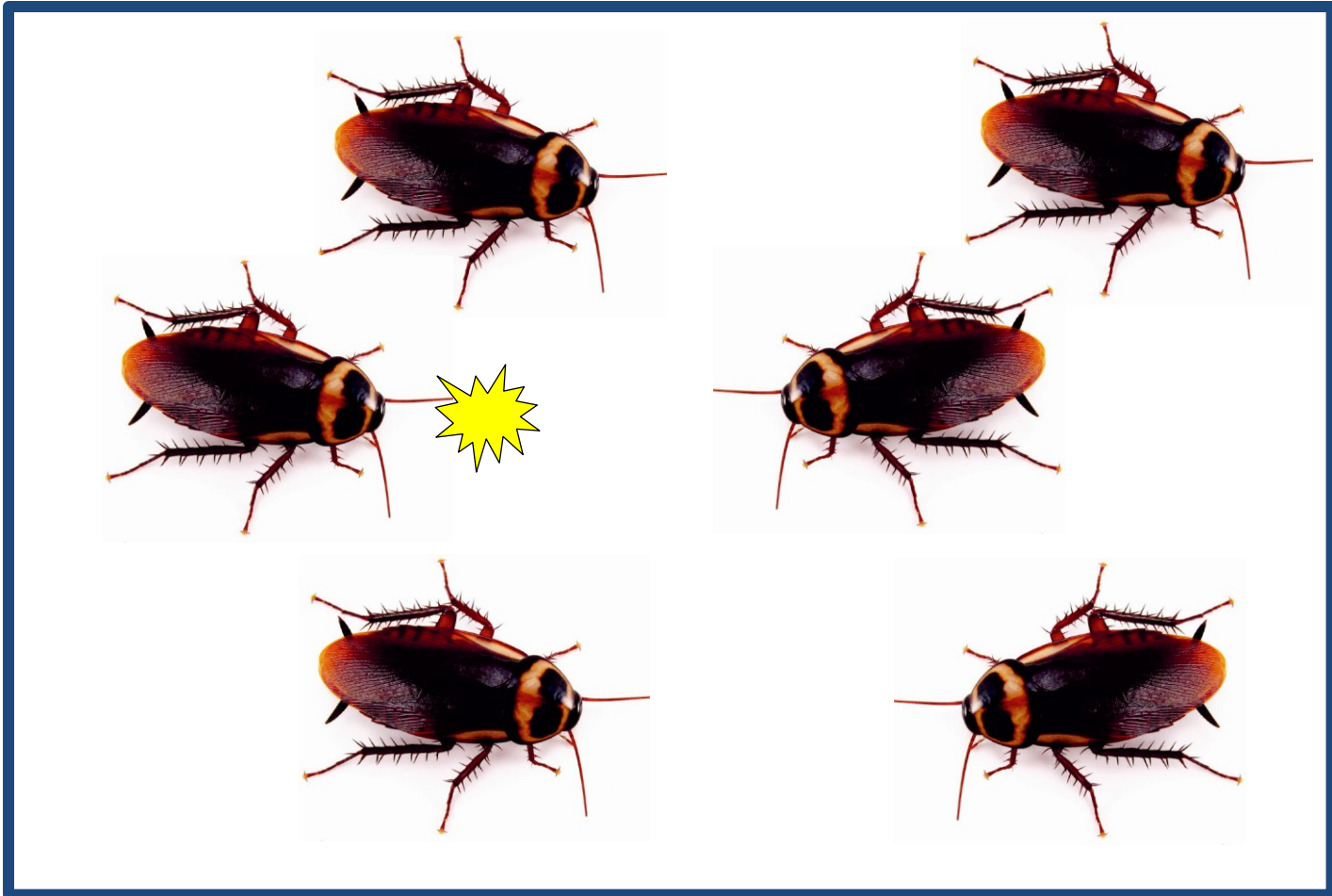
$n = 5$ kopií
ve vzorku

většinou
 $n \ll N$

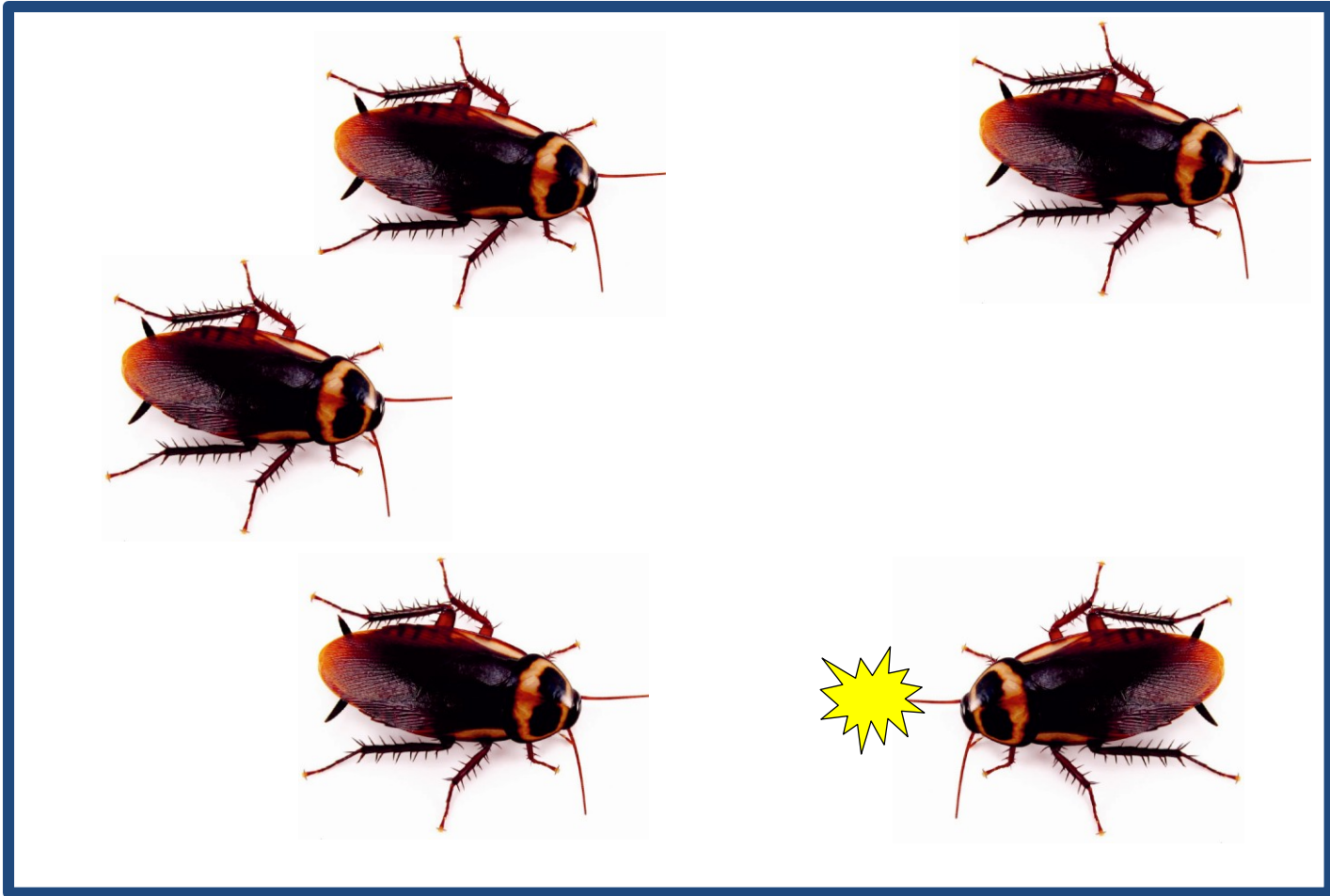
$N = 20$ kopií
v populaci



↑
čas



Pravděpodobnost setkání 2 švábů je $n(n - 1)/4N$, kde n = počet švábů v krabici, N = počet „míst“ v krabici



při koalescenci se počet švábů (kopií) sníží o 1 ...

s tím, jak klesá počet švábů (n), roste čas k dalšímu kontaktu (koalescenci)



při koalescenci se počet švábů (kopií) sníží o 1 ...



... až nakonec zůstane jen 1 kopie

rozdělení času mezi koalescencemi je přibližně exponenciální:

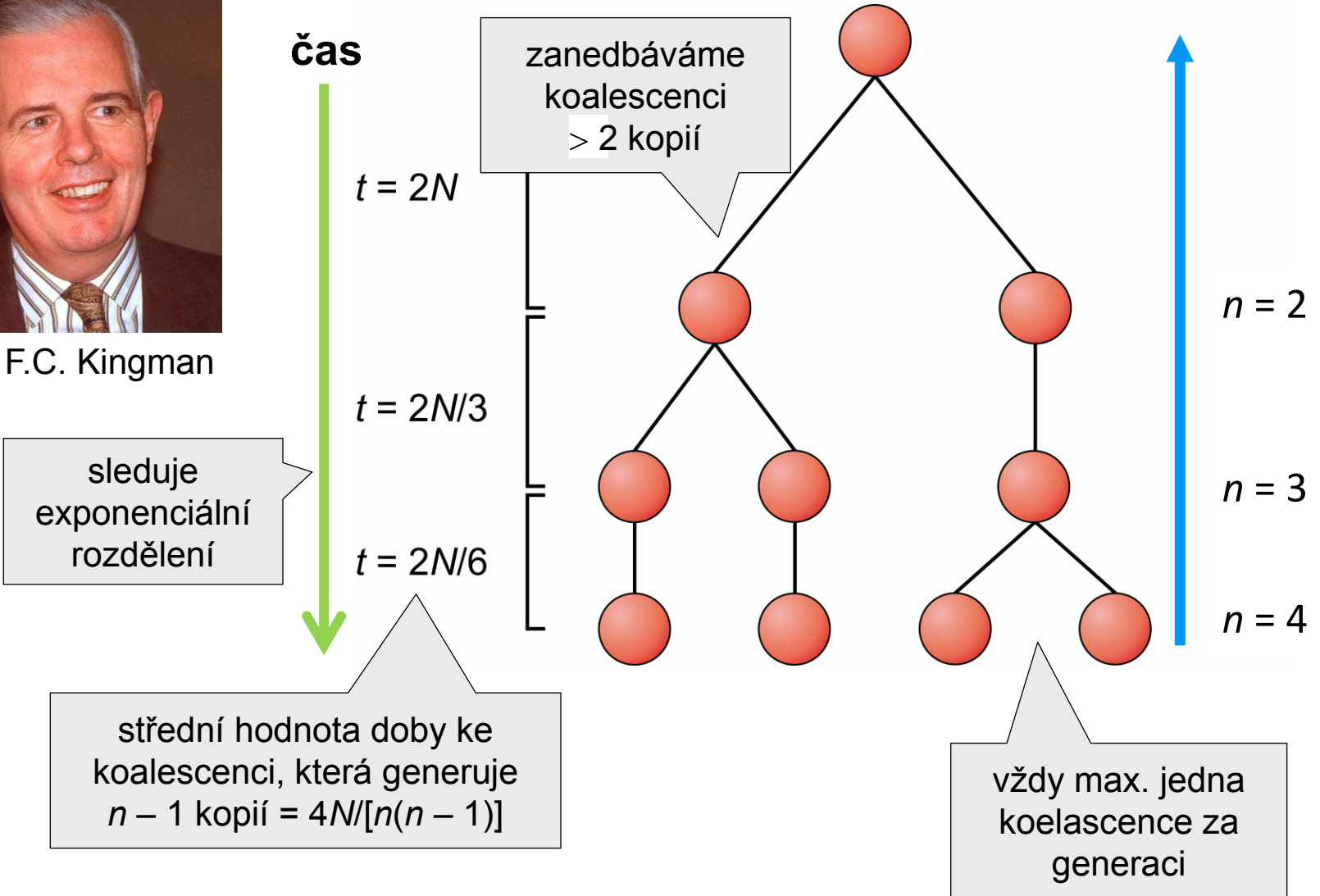


*) viz počet švábů v krabici

Kingmanova koalescence:



John F.C. Kingman



pravděpodobnost, že dvě kopie splynou v následující generaci =
identita původem díky rodokmenovému inbreedingu = $1/2N_{eF}$
pro diploidní gen

obecně $1/xN_{eF}$, kde x = ploidie

pravděpodobnost, že v té době nedojde ke koalescenci = $1 - 1/xN_{eF}$

⇒ pravděpodobnost koalescence před t generacemi =

$\Pr[\text{žádné koalescence pro prvních } t - 1 \text{ generací}] \times \Pr[\text{koalescence v gen. } t]$

pro diploidní gen:

$$Pr = \left(1 - \frac{1}{2N_{eF}}\right)^{t-1} \left(\frac{1}{2N_{eF}}\right)$$

průměrná doba ke koalescenci =

$$= \sum_{t=1}^{\infty} t \left(1 - \frac{1}{2N_{eF}}\right)^{t-1} \left(\frac{1}{2N_{eF}}\right) = 2N_{eF}$$

čas od jedné koalescence ke druhé se řídí geometrickým rozdělením, které se dá aproximovat exponenciálním

⇒ střední hodnota času do příští koalescence:

$$E[T(2)] = \frac{2N}{\binom{n}{2}} = \frac{2N}{\frac{n(n-1)}{2}} = \frac{4N}{n(n-1)}$$

$$\binom{n}{2} = \frac{n!}{(n-2)!2!} = \frac{n(n-1)}{2}$$

s každou koalescencí se počet kopií sníží o 1, tj.

$$E[T(n)] = \frac{4N}{n(n-1)} + \frac{4N}{(n-1)(n-2)} + \frac{4N}{(n-2)(n-3)} + \dots + \frac{4N}{2}$$

⇒ proces koalescence se postupně zpomaluje

pro $n = 2 \rightarrow t = 2N$
pro velká $n \rightarrow t \approx 4N$
(obecně $t \approx 2xN$)

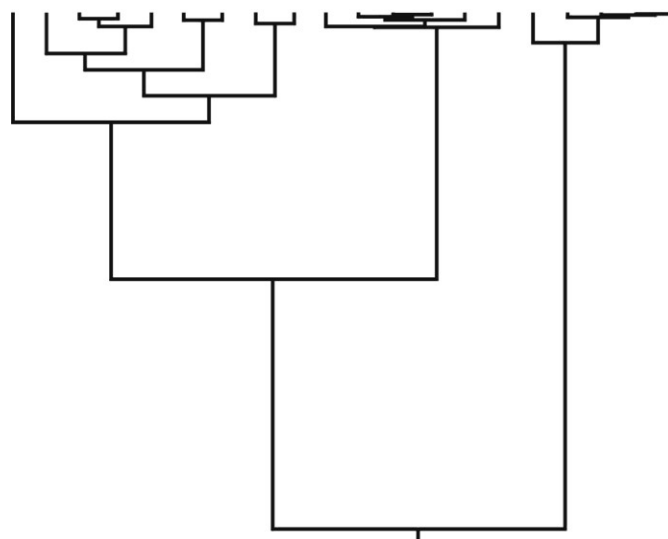
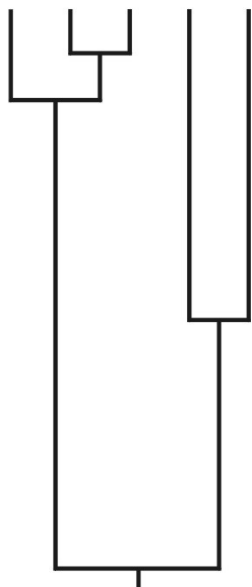
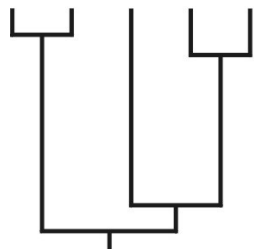
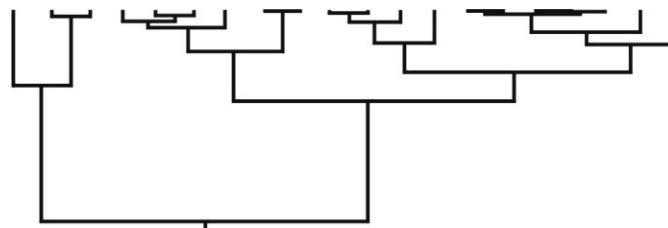
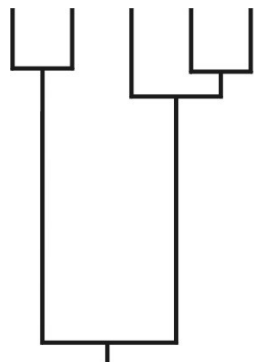
doba koalescence MRCA všech n kopií = $4N \left(1 - \frac{1}{n}\right)$

splynutí posledních k kopií zabere

$$\left(1 - \frac{1}{k}\right) \left(1 - \frac{1}{n}\right) \text{ generací}$$

⇒ prvních 90 % kopií splyne během 9 % celkového času, zbývajících 91 % času se čeká na splynutí posledních 10 % kopií!

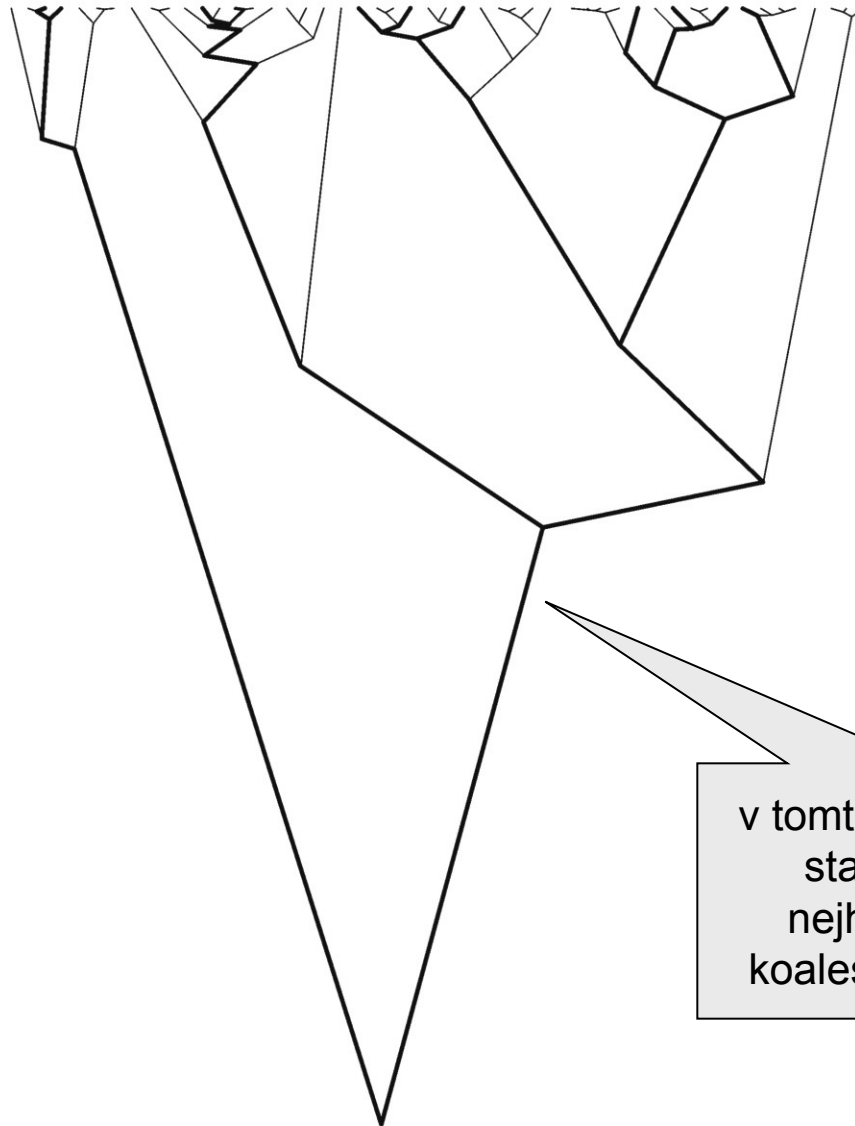
jestliže máme 100 linií, pravděpodobnost, že 101. linie přidá hlubší kořen je pouze 0,02% ⇒ přidání další genové kopie pravděpodobně nepovede k hlubší (starší) koalescenci



s klesajícím počtem
volných kopií se proces
zpomaluje ...

přidání dalších sekvencí
pravděpodobně nepovede
k hlubší koalescenci ...

50 genových kopií, 10 náhodně vybraných:



v tomto případě 10 kopií
stačilo k nalezení
nejhlubšího kořene
koalescenčního stromu

Pokud nás zajímají „staré“ koalescence, nepotřebujeme velké vzorky

např. pouhé 2 kopie poskytují v průměru 50 % koalescenčního času pro celou populaci!

Naopak pokud nás zajímá čas do první koalescence z n na $n - 1$, odhad $N_{eF}/[n/(n - 1)]$ je citlivý vůči n

např. rozptyl průměrné doby první a poslední koalescence pro 10 genů je $0,0444N_{eF}$ až $3,60N_{eF}$; zvýšením n na 100 genů, rozmezí bude $0,0004N_{eF} - 3,96N_{eF}$

zvýšením n 10× se
rozdíl zvýší 100× ...

... pro poslední
koalescenci prakticky
žádný rozdíl

Z toho plyne, že pro odhady starých evolučních genových událostí stačí malé vzorky, pro odhady recentních událostí jsou velké vzorky kritické

Koalescence pro různé typy ploidie:

střední hodnota času koalescence (viz výše) pro velká $n = 2xN_{eF}$

(pro 2 kopie = $2N_{eF}$)

autozomální lokus: $4N_{eF}$

chr. X (při poměru pohlaví 1:1 $\rightarrow x = 1,5$): $3N_{eF}$

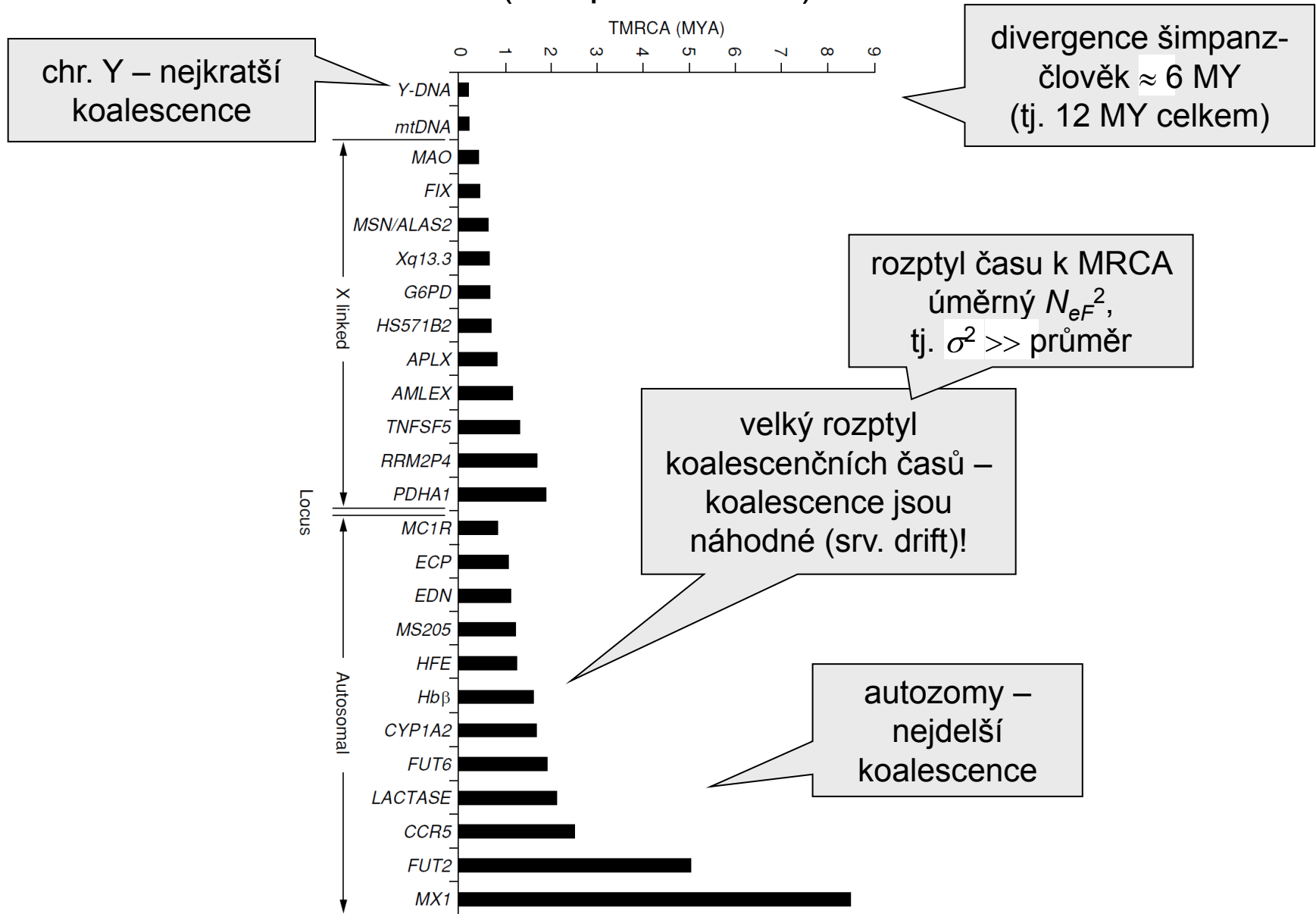
mtDNA, chr. Y (při poměru pohlaví 1:1): N_{eF}

ALE: u savců většinou rozptyl reprodukční úspěšnosti samců $>$ samic

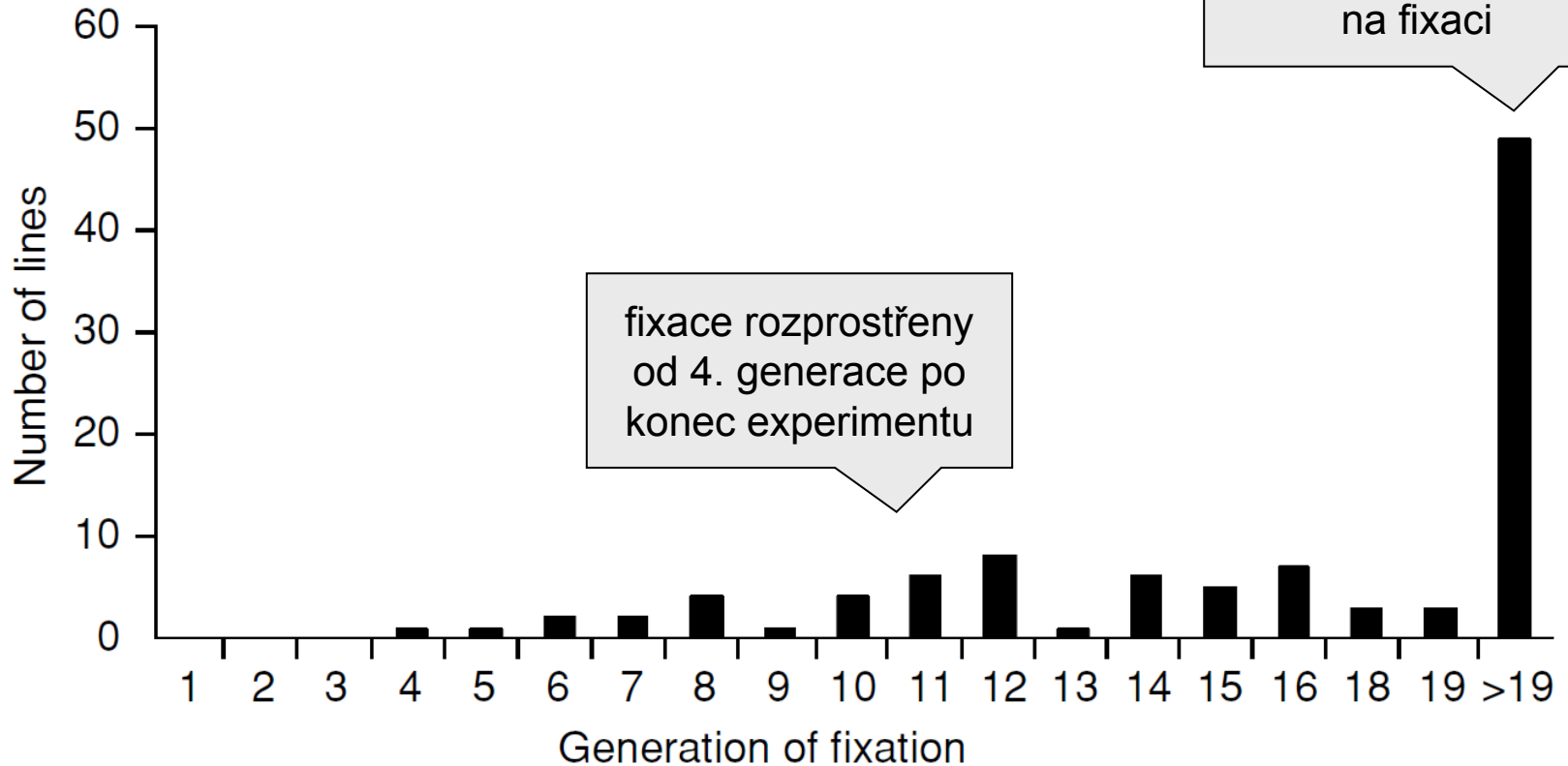
$\Rightarrow N_{eF}$ samců $<$ N_{eF} samic

Z toho plyne, že ke koalescenci Y dochází dříve než u mtDNA
a mnohem dříve než u ostatních lokusů (srv. mitochondriální
Eva \times Y-Adam)

Př.: časy koalescence pro 12 autozomálních genů, 11 genů na X, mtDNA a Y u člověka (Templeton 2005):



Ještě jednou Buriho experiment (Buri 1956):



Přes identické podmínky velký rozptyl fixací; v přírodě jen 1 „experiment“
→ musíme očekávat velkou „chybu“ v odhadech koalescencí, která
nezávisí na velikosti vzorku ani na dalších typech chyb!

Čas a koalescence:

V základní podobě je čas koalescencí měřen v jednotkách N generací

pokud existují rozdíly mezi příslušníky populace z hlediska jejich reprodukční úspěšnosti (rozptyl $0 < \sigma^2 < \infty$), ale velikost populace je pořád stejná, koalescenční proces je měřen v jednotkách

N/σ^2 generací

Vyšší rozptyl reprodukční úspěšnosti vede k rychlejším koalescencím (nižší N_e)

Lineární změnou časové škály můžeme vzít v úvahu např. nediskrétní generace, oddělená pohlaví, odlišné systémy páření atd.

⇒ **můžeme využít i na reálné organismy**

Při aplikaci na reálné organismy ale potřebujeme nezávislé odhady N_e , σ^2 (popř. dalších parametrů)

tyto odhady nejsou vždy k dispozici, navíc jsou zdrojem další chyby (např. divergence sekvencí, datování fosilního záznamu, odhad generační doby atd.)

Navíc odhady koalescenčních časů často ignorují evoluční nahodilost fixačního/koalescenčního procesu (viz výše) – použité metody vycházející z NT jsou založeny na mezidruhové divergenci, tzn. považují fixaci alel za náhlý proces, který tím pádem nepřispívá do celkového rozptylu odhadu.

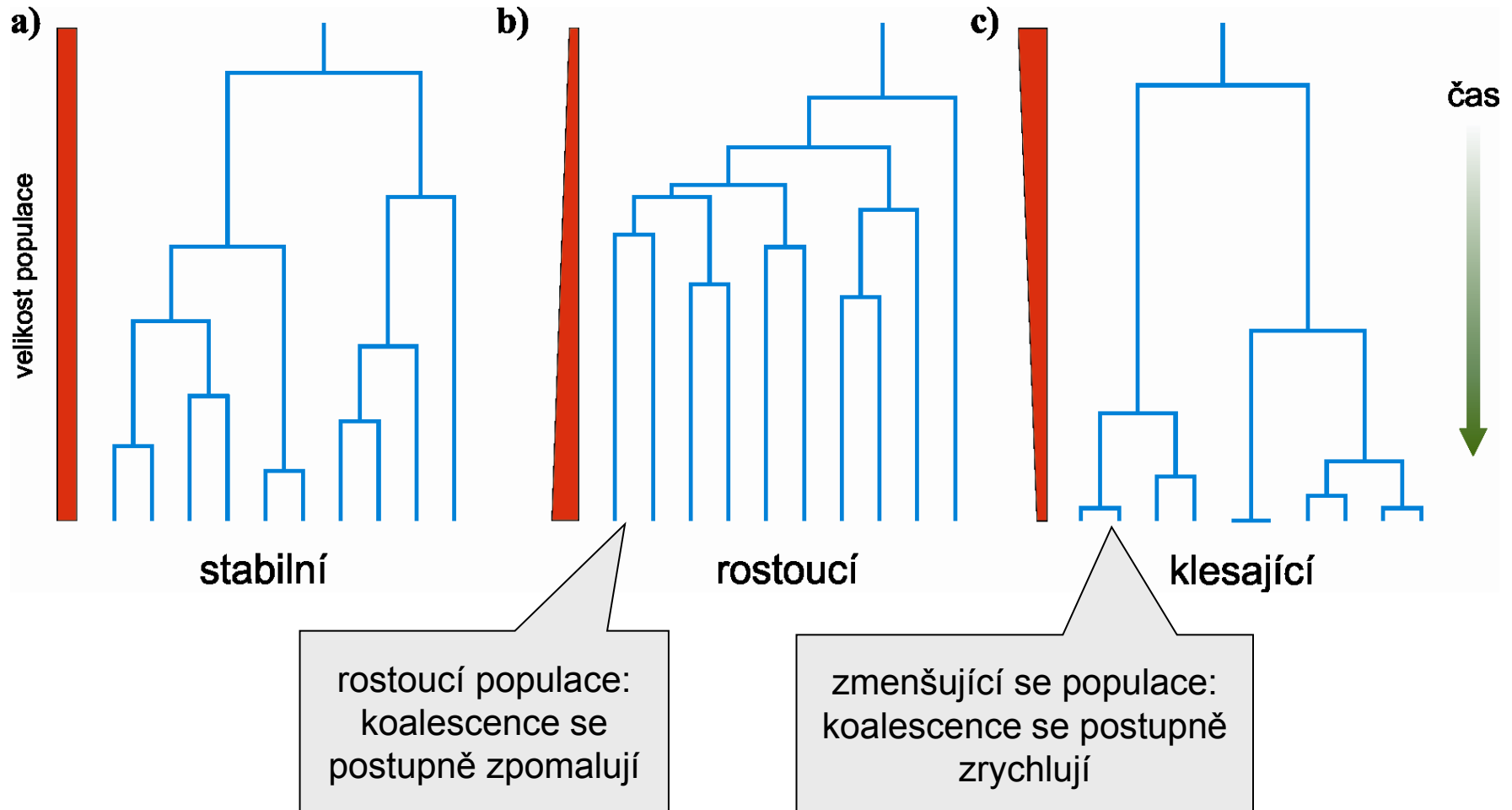
Např. odhad koalescence mtDNA člověka $\approx 290\,000$ let \rightarrow vzhledem k rozptylu spojenému s molekulárními hodinami a koalescenčním procesem*) 95% CI = 152 000 – 473 000 let (tj. $> 300\,000$ let!)**)

*) ignorujeme výběrovou chybu (*sampling error*), chybu měření (*measurement error*) a ne zcela přesně známou mutační rychlost $\mu \Rightarrow$ ve skutečnosti by byl konfidenční interval mnohem větší

***) rozptyl v časech fixací/koalescencí způsobený driftem nelze odstranit jednoduše zvýšením velikosti vzorku (n), protože populace představují pouze jednu realizaci evolučního procesu (můžeme ale použít víc lokusů)

Při datování evolučních událostí pomocí vnitrodruhové molekulární variability bychom si měli být těchto skutečností vědomi!

Vliv změn velikosti populace na tvar koalescenčního stromu



Koalescence a neutrální mutace:

Jestliže μ je velmi malé a N_{eF} velmi velké, můžeme výskyt obou jevů během jedné generace zanedbat.

Pokud jdeme zpět v čase, dokud 2 kopie buď nesplynou, nebo jedna z nich nezmutuje, pak pravděpodobnost, že k mutaci došlo dřív než ke koalescenci, je

$$\Pr[\text{mutace před koal.} | \text{mutace, nebo koal.}] \approx \frac{\theta}{\theta + 1}$$

podmíněná
pravděpodobnost

kde $\theta = 4N_{eF}\mu$

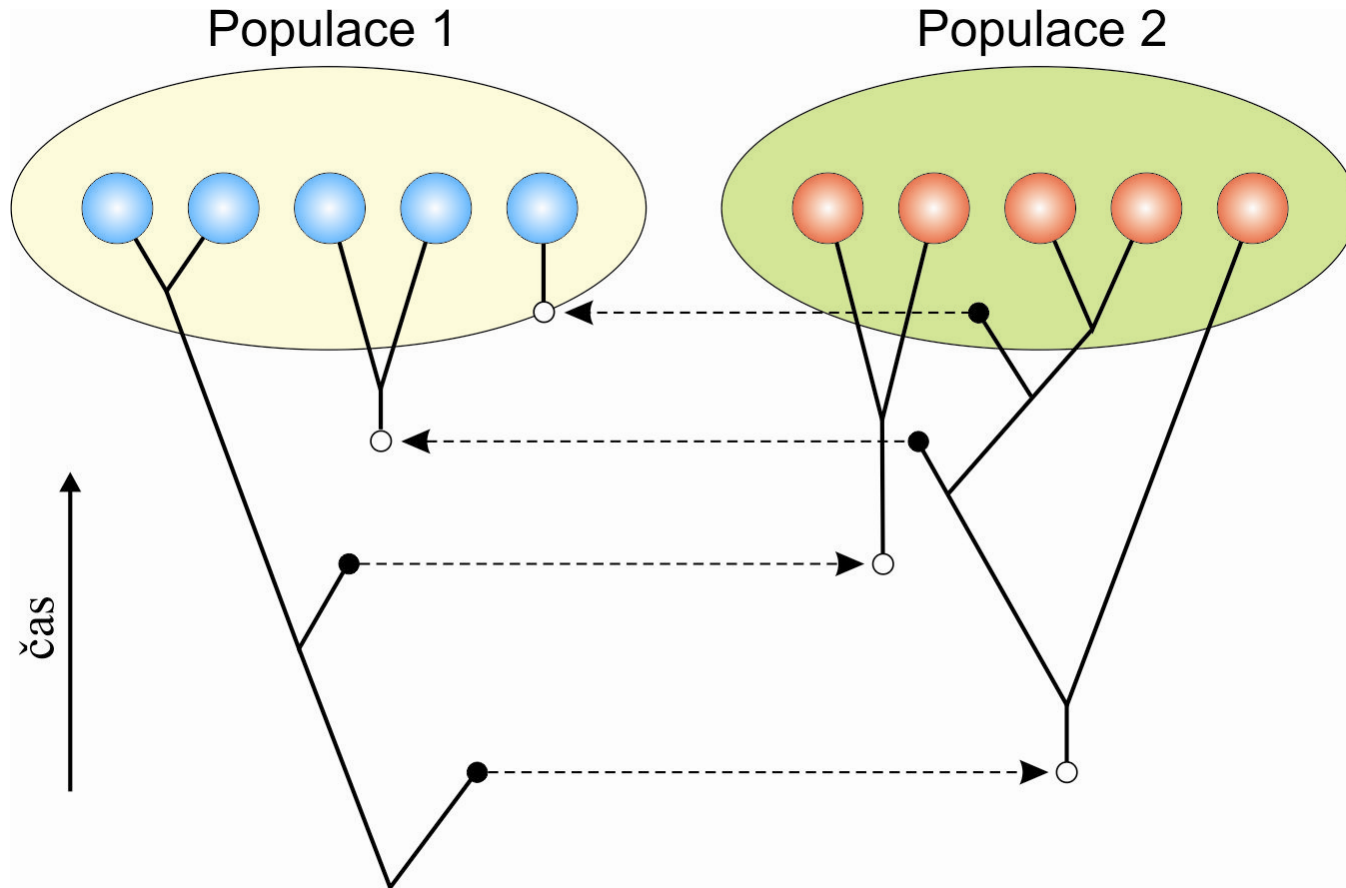
Koalescence a neutrální mutace:

$$\frac{\theta}{\theta + 1}$$

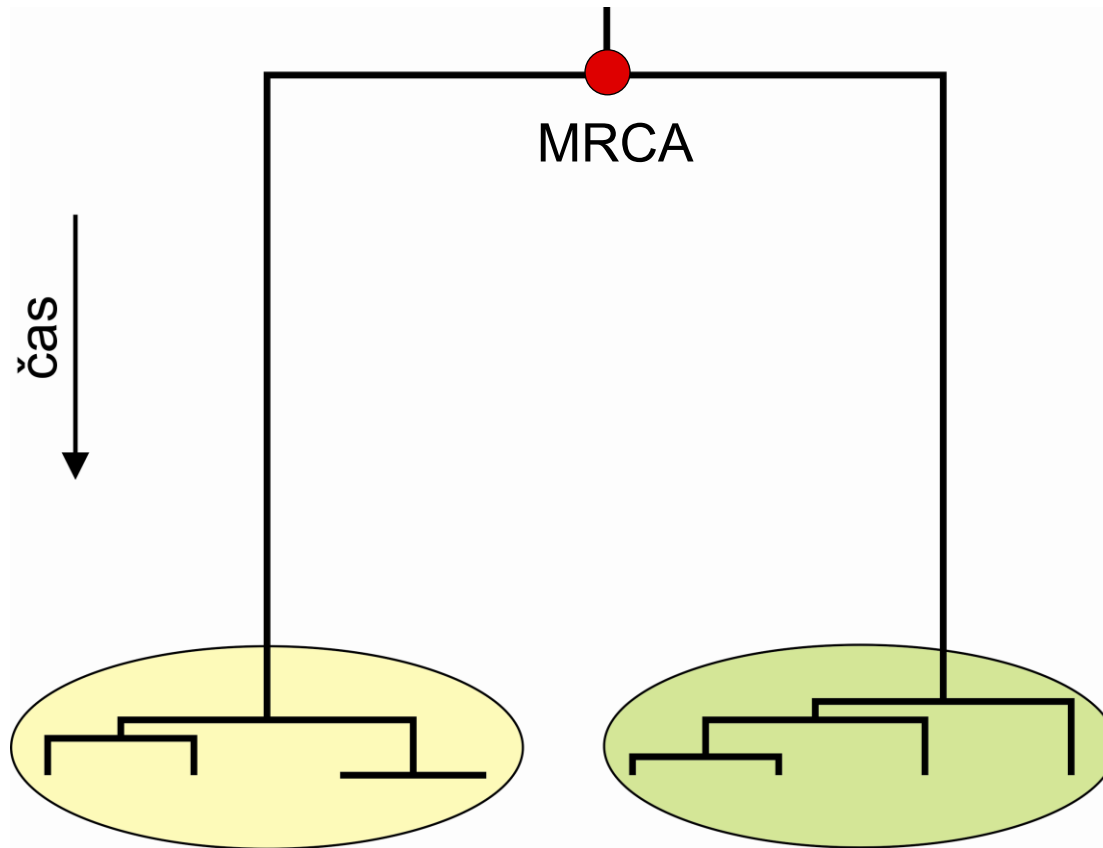
≈ očekávaná heterozygotnost při náhodném oplození –
jestliže dojde k mutaci před koalescencí, pak obě kopie
musí reprezentovat odlišné alely (*infinite-alleles model*)

⇒ Při pohybu v čase dopředu i zpět je dopad rovnováhy
driftu a mutace na genetickou variabilitu stejný.

Koalescence a tok genů:

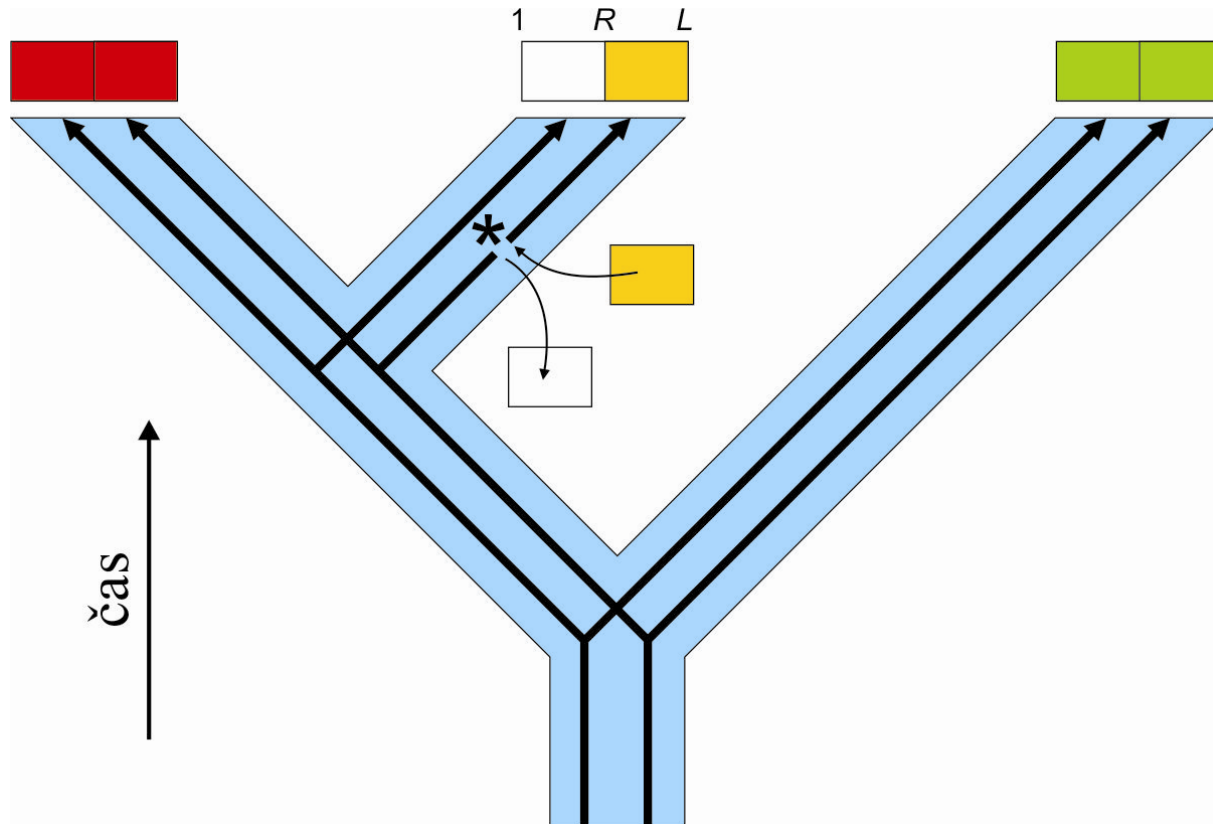


Slabá migrace vede k většině koalescencí uvnitř lokálních populací,.....

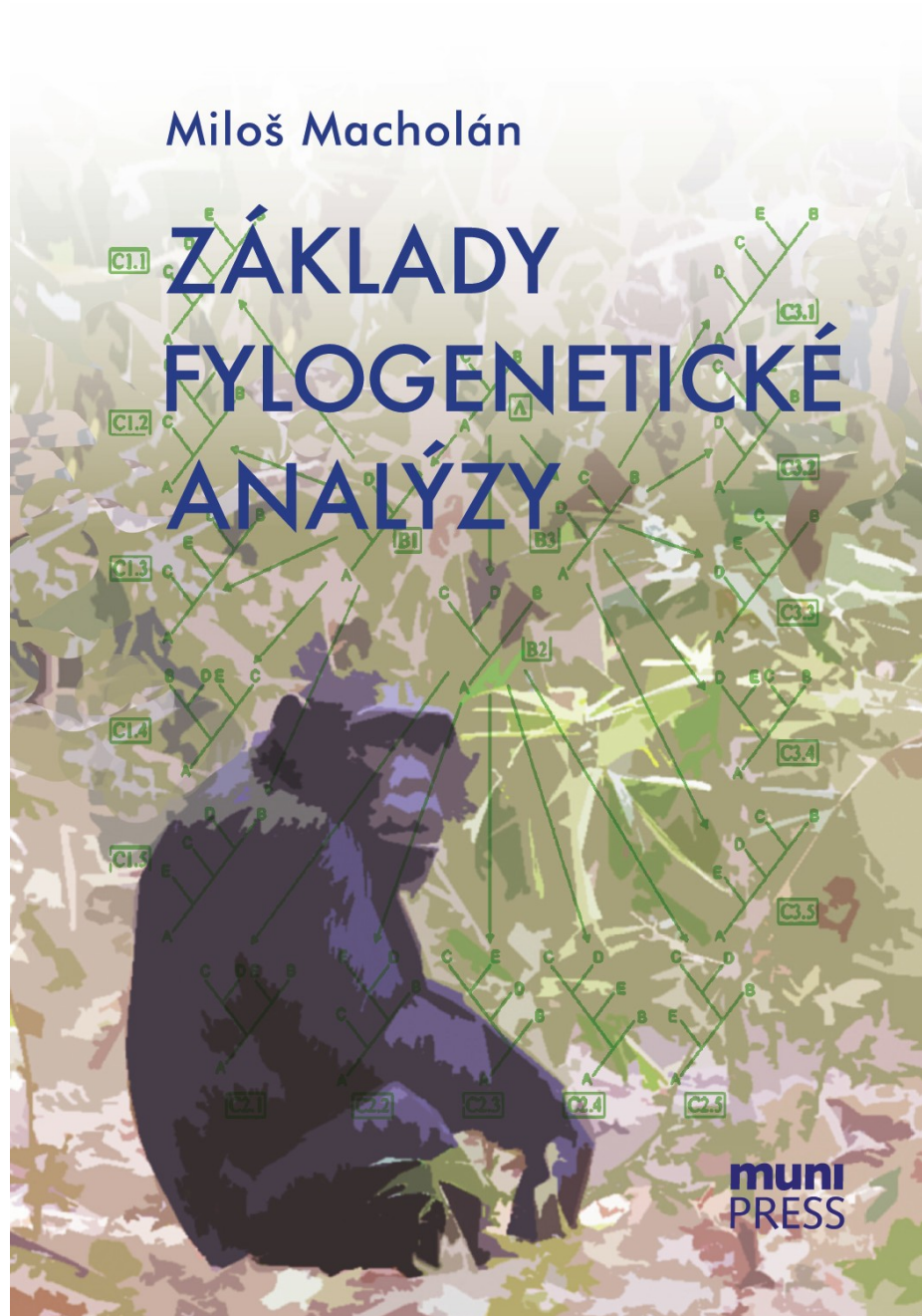


.... k prodloužení času k MRCA a zvýšení jeho rozptylu.

Koalescence a rekombinace:



více podrobností viz



Vliv selekce na tvar koalescenčního stromu

