Inbriding

Koeficient inbridingu – redukce heterozygotů v populaci s inbridingem relativně k populaci s panmixií

$$\boxed{F = \frac{H_0 - H}{H_0}}$$

$H_0 = 2pq$
$H = 2pq\,(1 - F)$

Četnosti jednotlivých genotypů:

AA: $p^2\,(1 – F) + pF = p^2 + pqF$
Aa: $= 2pq – 2pqF$
aa: $= q^2 + pqF$

??? Kolikrát je vyšší pravděpodobnost objevení recesivního homozygota při příbuzenském sňatku při zadaném F? (např. F = 1/16, q = 0,01)

$$\boxed{\frac{q^2\,(1 - F) + qF}{q^2}}$$

Výpočet F z rodokmene, pravděpodobnost, že jsou alely identické původem.

$$\boxed{F_I = \sum (1/2)^i\,(1 + F_A)}$$

Součet všech možných cest vedoucích v rodokmenu k danému potomkovi.

i – počet jedinců na společné dráze (počet společných předků) r = **koeficient příbuznosti**

$$\boxed{r = 2F}$$

$F = \frac{1}{2} r$

Koeficient inbridingu při samooplození

$$\boxed{F_t = \tfrac{1}{2}(1 + F_{t-1})}$$

$1 - F_t$ = panmiktický index

Panmiktický index v t-generaci:

$$\boxed{1 - F_t = (1/2)^t (1 - F_0)}$$

PŘÍKLAD 34

V populaci rostlin se smíšeným oplozením platí, že dochází-li k samooplození (samosprášení) v podílu <u>s</u>, zatímco zbývající část rostlin v populaci se rozmnožuje náhodným oplozením (cizosprášením), pak koeficient F velmi rychle dosáhne hodnoty F = s/(2-s) (odvození - viz speciální literatura). U *Phlox cuspidata* byl stanoven podíl samooplození přibližně <s>=0,78; můžeme tedy vypočítat koeficient inbridingu <F>=0,78/(2-0,78)=0,64. V populaci *P. cuspidata* v Texasu byly nalezeny dvě alely genu fosfoglukomutázy-2 označované *Pgm-2*^{a} a *Pgm-2*^{b} . Ve vzorku 35 rostlin bylo nalezeno 15 *Pgm-2*^{a}*/Pgm-2*^{a}, 6 *Pgm-2*^{a}*/Pgm-2*^{b} a 14 *Pgm-2*^{b}*/Pgm-2*^{b}. Souhlasí tyto údaje s odhadem F=0,64? (Pamatujte, že zde je pouze jeden stupeň volnosti pro χ^2, poněvadž z údajů je odhadována pouze alelová četnost; kdyby z těchto údajů bylo odhadováno také F, pak by počet stupňů volnosti byl nula a výpočet by nebyl možný. Zde je F odhadováno nezávisle ze stupně samooplození).

smíšené oplození

– část s – samosprášení

$\Rightarrow F = s/(2-s)$

byl stanoven $\langle s \rangle = 0,78$

$\Rightarrow F = 0,64$

ve vzorku $n = 35$ rostlin

$Pgm\text{-}2^a / Pgm\text{-}2^a = 15$

$a / b = 6$

$b / b = 14$

$\Rightarrow$ 30 chromozomů s a

6 – " – s a

Σ chromozomů $= 35 \cdot 2 = \underline{70}$

↳ jaký je F a souhlasí se stanoveným F=0,64

? Jaké budou počty při F = 0,64 ?

Ve vzorku $n = 35$ rostlin

$Pgm\text{-}2^a / Pgm\text{-}2^a = 15$

a/ b = 6

b/ b = 14

⇒ 30 chromozomů s a

6 -"- s a

Σ chromozomů = $35 \cdot 2 = \underline{70}$

1) Alelové četnosti

$p = 36/70 = 0{,}514$

$q = 1 - p = 0{,}486$

2) Četnosti a počty genotypů při F = 0,64 v této populaci

$a/a = p^2 + pqF = (0{,}514)^2 + (0{,}514)(0{,}486)(0{,}64)$

$= 0{,}424 \times 35 = \underline{14{,}8}$

$a/b = (2pq - 2pqF) * 35 = \underline{6{,}3}$

$b/b = \underline{13{,}9}$

$\chi^2_1 = 0{,}0027 + 0{,}014 + 0{,}00072 = \underline{0{,}017}$

Hodnoty χ^2 pro pravděpodobnost P = 0,95 až 0,001 pro N = 1 až 30

N	0,95	0,90	0,80	0,70	0,50	0,30	0,10	0,05	0,02	0,01	0,001
1	0,004	0,016	0,064	0,15	0,46	1,07	2,71	3,84	5,41	6,64	10,83
2	0,103	0,21	0,45	0,71	1,39	2,41	4,61	5,99	7,82	9,21	13,82
3	0,35	0,58	1,01	1,42	2,37	3,67	6,25	7,82	9,84	11,34	16,27
4	0,71	1,06	1,65	2,20	3,36	4,88	7,78	9,49	11,67	13,28	18,47
5	1,15	1,61	2,34	3,00	4,35	6,06	9,24	11,07	13,39	15,09	20,52
6	1,63	2,20	3,07	3,83	5,35	7,23	10,65	12,59	15,03	16,81	22,46
7	2,17	2,83	3,82	4,67	6,35	8,38	12,02	14,07	16,62	18,48	24,32
8	2,73	3,49	4,59	5,53	7,34	9,52	13,36	15,51	18,17	20,09	26,13
9	3,32	4,17	5,38	6,39	8,34	10,66	14,68	16,92	19,68	21,67	27,88
10	3,94	4,87	6,18	7,27	9,34	11,78	15,99	18,31	21,16	23,21	29,59
11	4,57	5,58	6,99	8,15	10,34	12,90	17,28	19,68	22,62	24,73	31,26
12	5,23	6,30	7,81	9,03	11,34	14,01	18,55	21,03	24,05	26,22	32,91
13	5,89	7,04	8,63	9,93	12,34	15,12	19,81	22,36	25,36	27,69	34,53
14	6,57	7,79	9,47	10,82	13,34	16,22	21,06	23,69	26,87	29,14	36,12
15	7,26	8,55	10,31	11,72	14,34	17,32	22,31	25,00	28,26	30,58	37,70
16	7,96	9,31	11,15	12,62	15,34	18,42	23,54	26,30	29,63	32,00	39,25
17	8,67	10,09	12,00	13,53	16,34	19,51	24,77	27,59	31,00	33,41	40,79
18	9,39	10,87	12,86	14,44	17,34	20,60	25,99	28,87	32,35	34,81	42,31
19	10,12	11,65	13,72	15,35	18,34	21,69	27,20	30,14	33,69	36,19	43,82
20	10,85	12,44	14,58	16,27	19,34	22,78	28,41	31,41	35,02	37,57	45,32

$$\chi^2_1 = 0{,}0027 + 0{,}014 + 0{,}00072 = \underline{\underline{0{,}017}}$$

$$P = 0{,}96$$

F=0,64 JE SKUTEČNĚ V POPULACI, ODHAD JE SPRÁVNÝ

PŘÍKLAD 35

V určité populaci *Phlox cuspidata* je F=0,64. Vypočtěte očekávané genotypové četnosti pro gen *Adh* za použití údajů z příkladu 17.

PŘÍKLAD 17

V určité populaci *Phlox cuspidata* byly nalezeny čtyři alely genu pro alkoholdehydrogenázu označené *Adh-1, Adh-2, Adh-3 a Adh-4* v četnostech 0,11; 0,84; 0,01 a 0,04. Jaké jsou očekávané Hardyho - Weinbergovy genotypové četnosti?

? OČEKÁV. GENOTYP. ČETNOSTI PRO GEN Adh Z PŘÍKL.

Adh-1 = 0,11

Adh-2 = 0,84

-3 = 0,01

-4 = 0,04

$Adh^1 Adh^1$

$$= p^2(1-F) + pF = p^2 + pqF$$

$p_1 = 0,11$

$q_1 = 1 - p = 0,89 \Leftarrow 0,84 + 0,01 + 0,04$

$$= (0,11)^2 + (0,11)(0,89)(0,64) = \underline{0,0748}$$

1 2

$^{2}\ 2pq - 2pqF \Rightarrow$ $p = 0{,}11$ – Adh-1

$q = 0{,}85$ Adh-2

$= 0{,}066F$

2 2

$p = 0{,}85$

$q = 1 - p = 0{,}16$

$p^2 + 2pqF = 0{,}7916$

? OČEKÁV. GENOTYP. ČETNOSTI LOKUSU Adh z mšic

Adh-1 = 0,11

Adh-2 = 0,85

-3 = 0,01

-4 = 0,04

1 3

$= 2pq - 2pqF = 0{,}0008$

$p = \text{Adh-1} = 0{,}11$

$q = \text{Adh-3} = 0{,}01$

2 - 3

3 3

$p^2 + 2pqF$

1 4

2 4

3 4

4 4

PŘÍKLAD 36

Vypočtěte relativní riziko narození recesivně homozygotních potomků ze sňatku bratrance se sestřenicí z druhého kolena (F=1/64), jestliže četnost recesivní alely q =0,01, relativně k riziku při náhodném oplození.

$F = 1/64$

$q = 0{,}01$

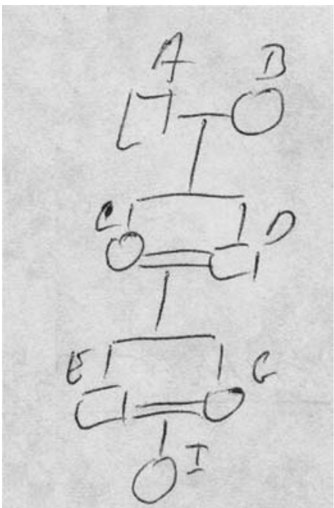
$$\frac{q^2(1-F)+qF}{q^2} = \frac{(0{,}01)^2(1-1/64)+\ldots}{\ldots}$$

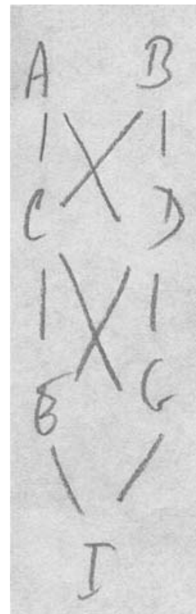
$$= \frac{9{,}84\cdot 10^{-5} + 1{,}56\cdot 10^{-4}}{0{,}0001} = 2{,}54$$

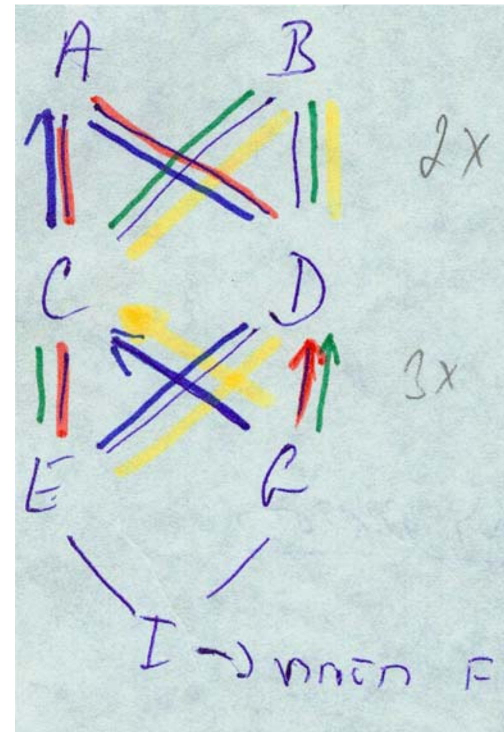
⇒ RIZIKO JE 2,5 x VYŠŠÍ NEŽ PŘI NORMÁLNÍM SŇATKU (PŘI NÁHODN. OPLOZENÍ)

PŘÍKLAD 37

Nakreslete rodokmen křížení bratr x sestra opakujícího se po dvě generace (CxD a ExG) a vypočtěte koeficient inbidingu jejich potomka I, za předpokladu, že žádný ze společných předků (A a B) není inbrední.







Žádný z předků není inbrední → $F_A = 0$

6 cest přenosu se 4 společnými předky

$$\boxed{F_I = \sum (1/2)^i (1 + F_A)}$$

$$F_I = \sum (1/2)^i (1 + F_A)$$

GCE $(1/2)^3 (1+0)$

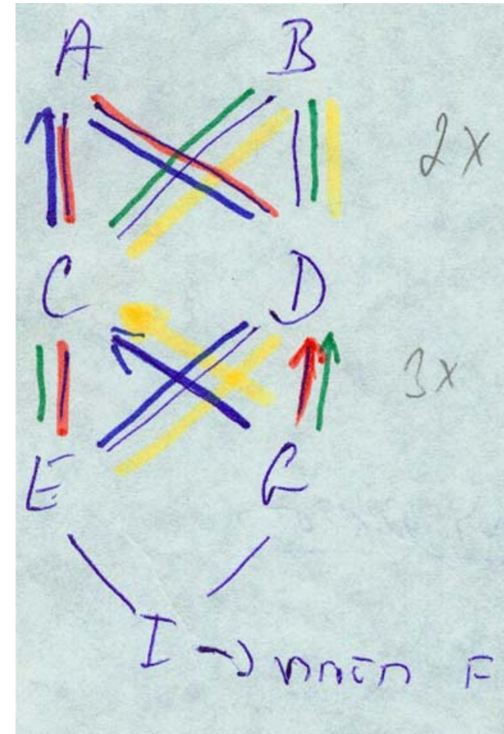
GDE $(1/2)^3$

GDACE $(1/2)^5$

GCADE $(1/2)^5$

GDBCE $(1/2)^5$

GCBDE $(1/2)^5$



$$F = 2\,(1/2)^3 + 4\,(1/2)^5 = 3/8 \quad \text{tj. } 0{,}375$$