

**TOK
GENŮ**

HW model: jedna zcela izolovaná populace

× populace často rozděleny do subpopulací

genetická výměna mezi lokálními populacemi = tok genů (*gene flow*)

Model:

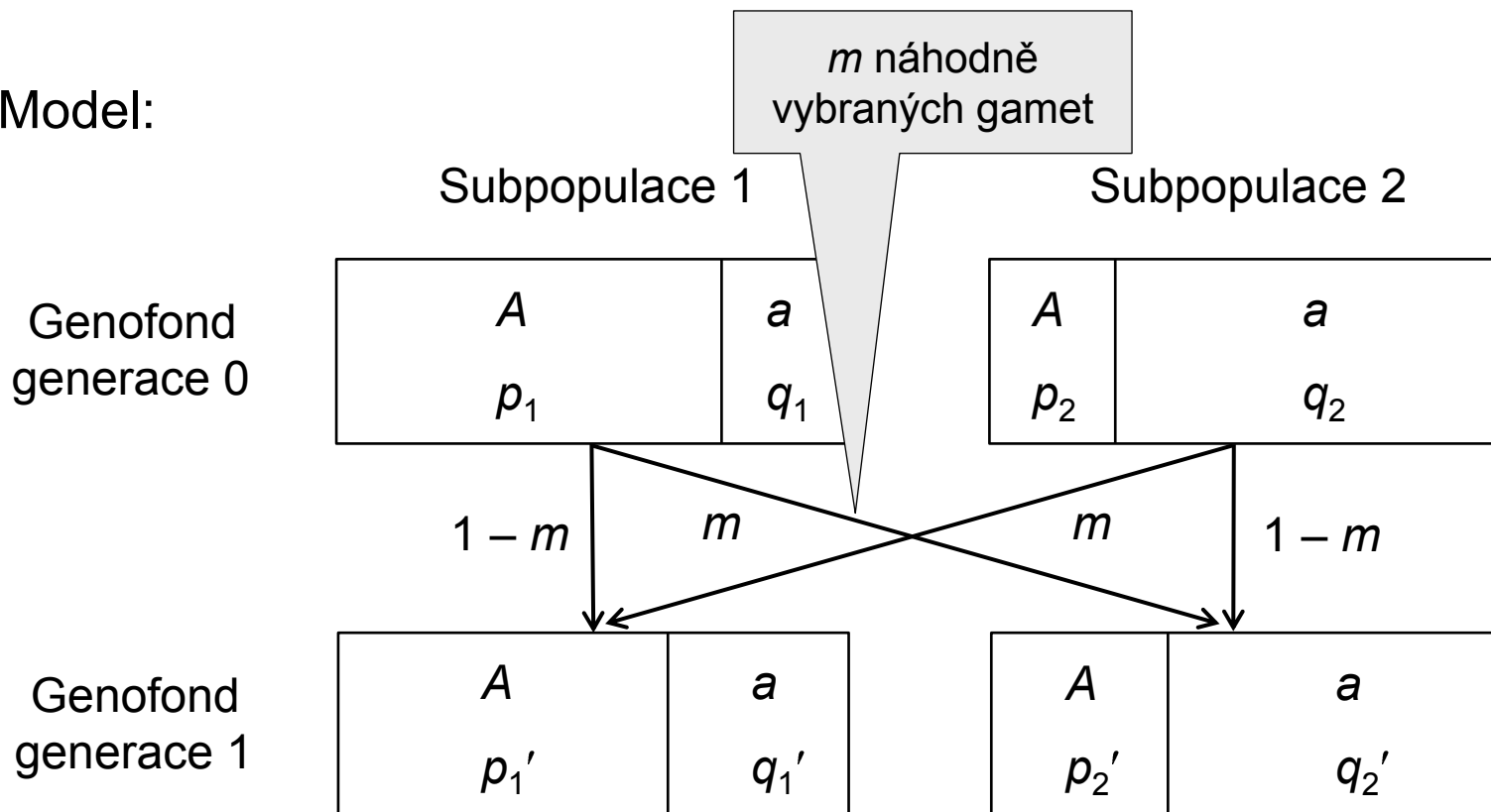
	Subpopulace 1	Subpopulace 2								
Genofond generace 0	<table border="1"><tr><td>A</td><td>a</td></tr><tr><td>p_1</td><td>q_1</td></tr></table>	A	a	p_1	q_1	<table border="1"><tr><td>A</td><td>a</td></tr><tr><td>p_2</td><td>q_2</td></tr></table>	A	a	p_2	q_2
A	a									
p_1	q_1									
A	a									
p_2	q_2									

HW model: jedna zcela izolovaná populace

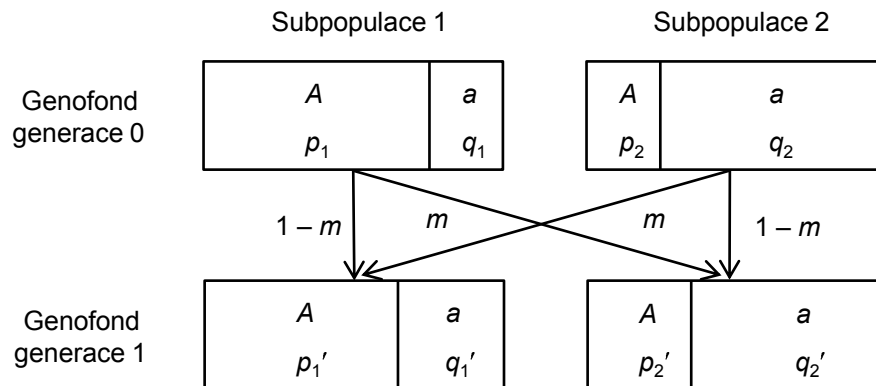
× populace často rozděleny do subpopulací

genetická výměna mezi lokálními populacemi = **tok genů** (*gene flow*)

Model:



m = míra toku genů (*migration rate*)



Frekvence alely A:

počáteční generace: p_1 (subpop. 1) a p_2 (subpop. 2)

následující generace: $p_1' = (1 - m)p_1 + mp_2$

Evoluce?

$$\Delta p_1 = p_1' - p_1 = (1 - m)p_1 + mp_2 - p_1 = -m(p_1 - p_2)$$

$$\Delta p_2 = -m(p_2 - p_1)$$

EVOLUCE!

lokální populace
nejsou zcela
izolované

$m > 0$
a současně
 $p_1 \neq p_2$

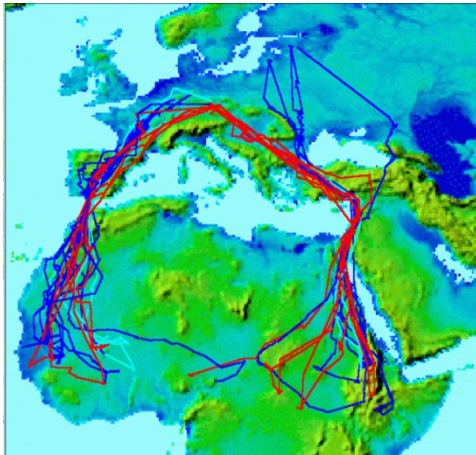
lokální populace
jsou geneticky odlišné

tok genů ≠ migrace!

m = rozsah výměny
gamet, ne jedinců



tok genů × žádná migrace



migrace na velké
vzdálenosti ×
žádný tok genů



Tok genů a nenáhodné oplození:

Inbreeding a **asortativní páření** omezuje tok genů:

např. Tamilové v Indii: sňatky mezi bratranci a sestřenicemi \Rightarrow nízký tok genů s okolním obyvatelstvem

zavíječ kukuřičný (*Pyrausta nubilalis*):
asort. výběr stejné feromonové rasy



Disasortativní páření podporuje tok genů: reprodukční výhoda dispergujících jedinců

např. *D. melanogaster*: disasort. výběr \Rightarrow jedna kosmopolitní populace

Tok genů mezi bělochy a černochoy a vliv genetického i negenetického asortativního výběru:

S a J Amerika: největší příliv otroků ze Z a střední Afriky 1700-1808

USA: sociální klasifikace míšenců jako černochoů, přestože genotypově i fenotypově intermediární

asort. páření podle barvy kůže (příčemž míšenec = „černoch“)
+ větší počet bělochů ⇒ **asymetrický tok genů** běloši → černoši



Tok genů mezi bělochy a černochoy a vliv genetického i negenetického asortativního výběru:

S a J Amerika: největší příliv otroků ze Z a střední Afriky 1700-1808

USA: sociální klasifikace míšenců jako černochoů, přestože genotypově i fenotypově intermediární

asort. páření podle barvy kůže (příčemž míšenec = „černoch“)
+ větší počet bělochů ⇒ **asymetrický tok genů** běloši → černoši

SZ Brazílie: více kategorií hybridů, „běloši“ spíše v kontextu kultury ⇒

⇒ tok genů méně asymetrický a vyšší než v USA

→ Přes podobné počáteční podmínky dnes výrazné rozdíly

→ Tok genů je určován nejen migrací, ale i systémem páření ovlivněným jak genetickými, tak negenetickými faktory

Tok genů je evolučním mechanismem, který působí nenáhodným, predikovatelným způsobem:

$$d_0 = p_1 - p_2$$

$$p_1' = (1 - m)p_1 + mp_2 = p_1 - md_0$$

analogicky $p_2' = p_2 + md_0$

$$d_1 = p_1' - p_2' = p_1 - md_0 - p_2 - md_0 = d_0(1 - 2m)$$

$m = 0$ anebo
 $d_0 = 0 \Rightarrow$
žádná evoluce

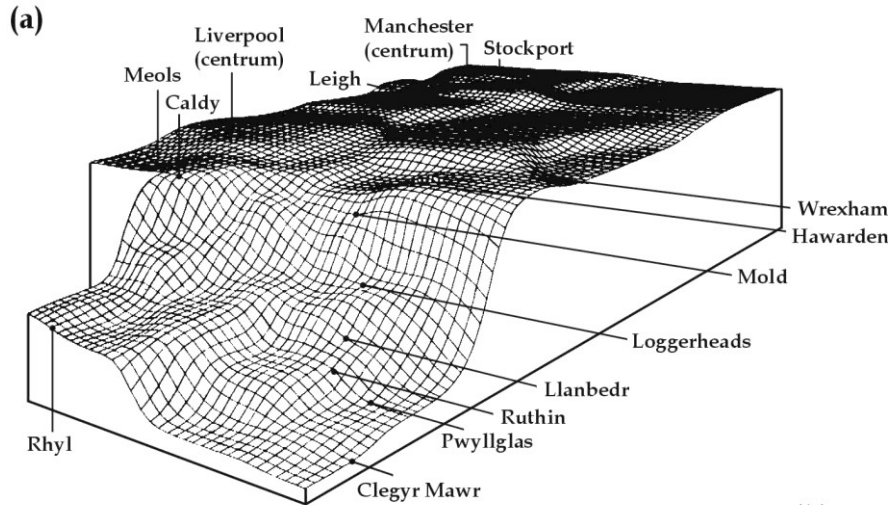
po t generacích: $d_t = d_0(1 - 2m)^t$, tj. $d_t \rightarrow 0$ s tím, jak $t \rightarrow \infty$

Tok genů snižuje rozdíly ve frekvencích alel mezi lokálními populacemi

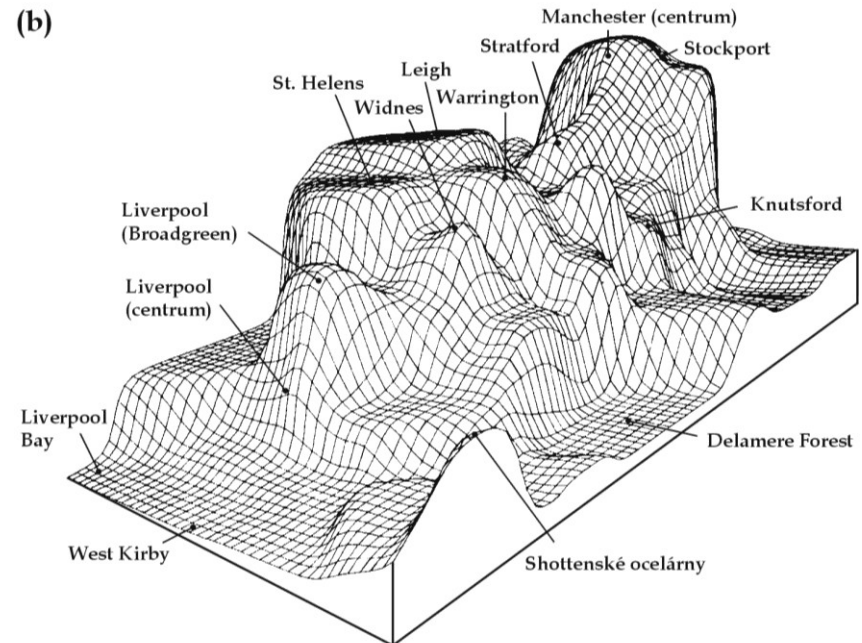
Př.: výskyt melanických forem můr v Anglii

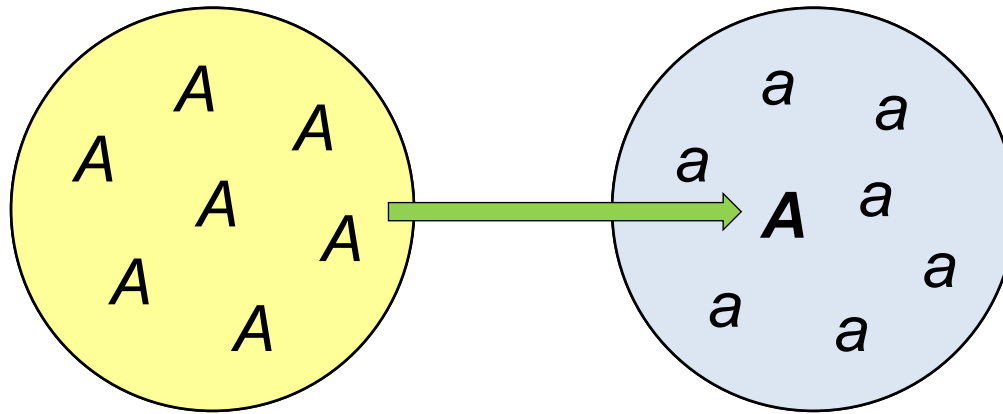


drsnokřídlec březový
(*Biston betularia*)



zejkovce dvojzubý
(*Odontoptera [Gonodontis] bidentata*)



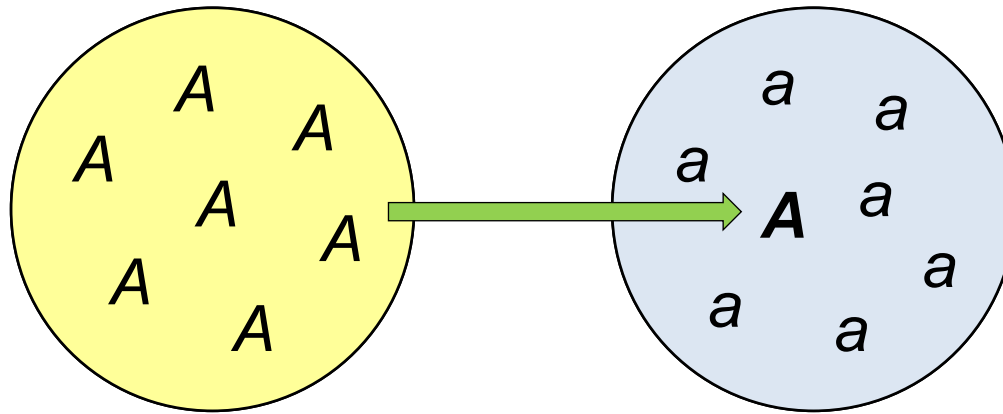


zanesení nové alely do lokální populace → tok genů ~ mutaci

ALE:

- 1) mutační rychlost (μ) velmi nízká × m může být nízké i vysoké
- 2) tok genů se může týkat mnoha lokusů současně
× mutace zasahuje jen 1 lokus

Mísením různých populací vzniká masivní **vazbová nerovnováha** rozprostřená po celém genomu (× mutace: LD jen mezi mutantním lokusem a jeho okolím, kde absence rekombinace).



zanesení nové alely do lokální populace → tok genů ~ mutaci

ALE:

3) mutace většinou škodlivé (× migrací + i – alely) a

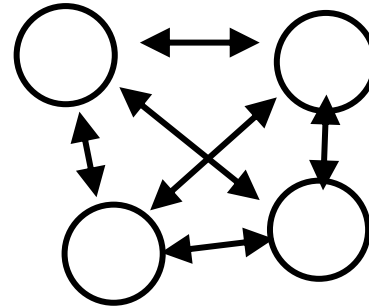
4) mutace v době vzniku v nízké frekvenci ⇒ ztráta
× migrace může vnést více kopií současně

⇒ tok genů může výrazně změnit genofond i v jedné generaci

Tok genů snižuje variabilitu *mezi démy* × zvyšuje *uvnitř démů*

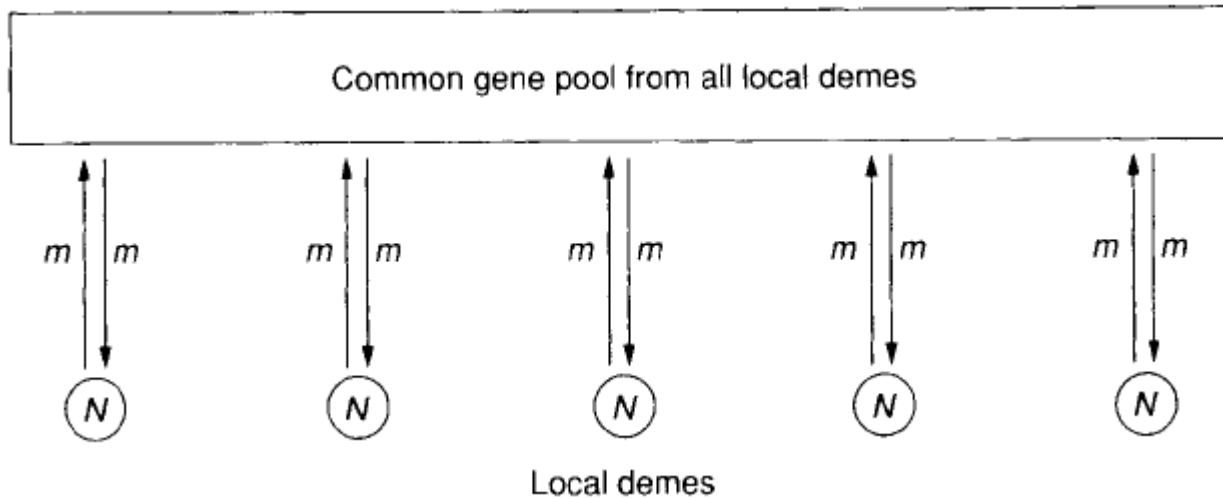
Modely toku genů:

1. ostrovní (*island model*):



standardizovaný
rozptyl frekvencí
alel přes démy

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



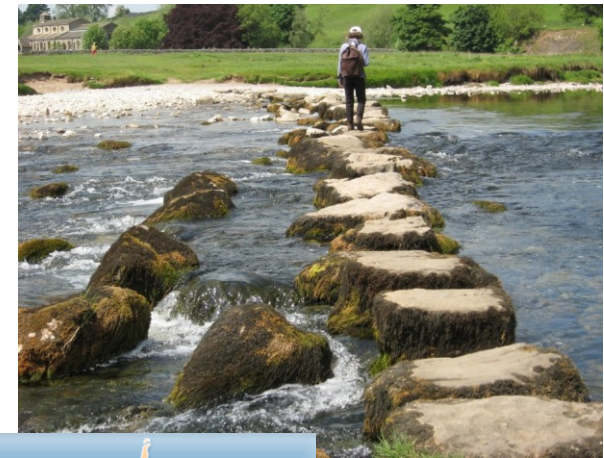
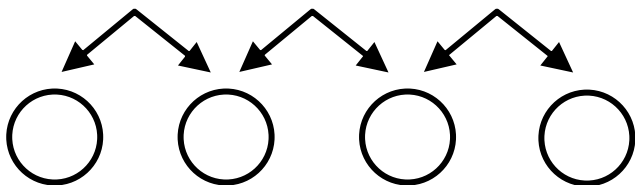
Modely toku genů:

2. izolace vzdáleností (*isolation by distance*)

Př.: 2022 sňatků v údolí Ina (Japonsko, 1951):

- ~ 50 % v rámci téže osady,
- > 2/3 ze stejné vesnice,
- < 1/3 ze vzdálenějších míst

stepping stone: 1D, 2D

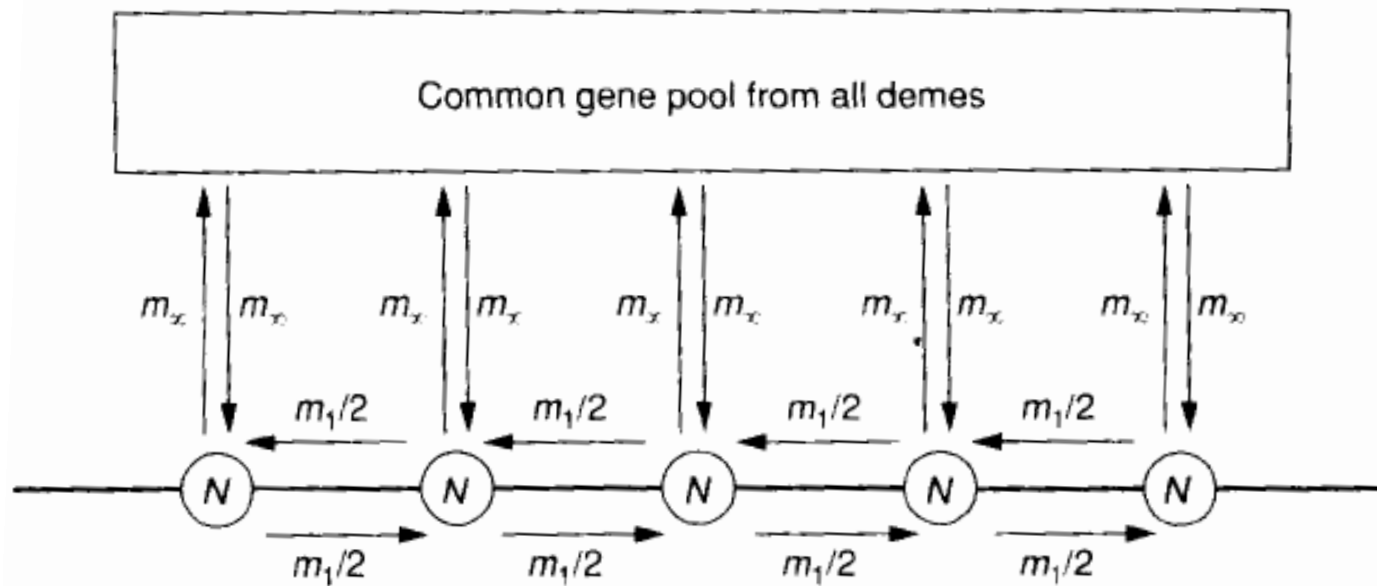


Model:

m_∞ = frakce gamet dispergujících po celé populaci

m_1 = frakce gamet dispergujících mezi sousedními démy

tok genů symetrický, $m_1/2$ na jednu i druhou stranu



většinou $m_\infty \ll m_1 \Rightarrow F_{ST}$ můžeme aproximovat jako

$$F_{ST} \approx \frac{1}{1 + 4N\sqrt{2m_1m_\infty}}$$

rovnice je silně
citlivá na migraci
na velké
vzdálenosti!

I když $m_\infty \ll m_1$, dopad toku genů dán součinem $m_1m_\infty \Rightarrow$
disperze na velké vzdálenosti má stále velký vliv na strukturovanost
populace

např. jestliže $N = 100$, $m_1 = 0,1$... $m_\infty = 0,01 \rightarrow F_{ST} = 0,053$
... $m_\infty = 0,001 \rightarrow F_{ST} = 0,276$

\Rightarrow i když $m_\infty = 10\text{--}100\times$ nižší než m_1 , vliv na F_{ST} silný

důvodem větší rozdíl ve frekvencích mezi vzdálenými vs. sousedními
démy

**Přesnější kvantifikace toku genů genetickými než
přímými metodami (např. zpětným odchytém)!**

izolace vzdáleností pro kontinuální populace:

Linanthus parryae z čeledi jirnicovitých (Polemoniaceae) z Mohavské pouště (Kalifornie) ... T. Dobzhansky, Sewall Wright

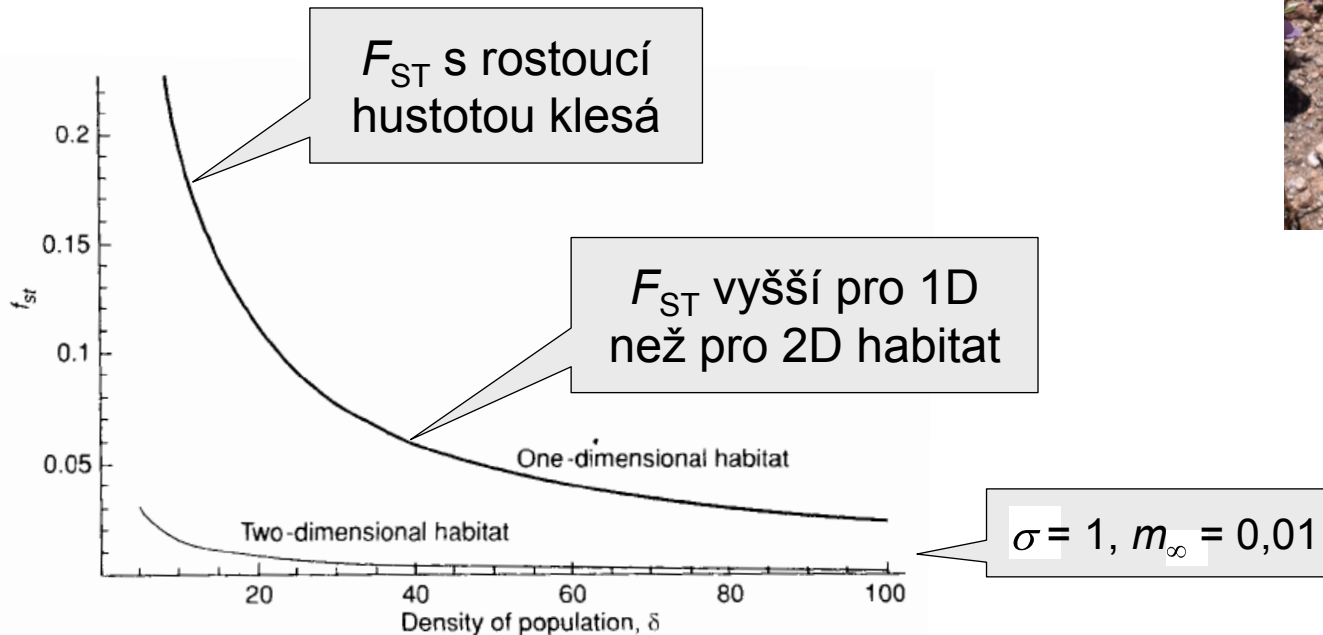
dém → **čtvrť** (*neighbourhood*)

$N \rightarrow \rho$ = populační hustota (*density*)

$\sqrt{m_1} \rightarrow \sigma$ = disperze (*dispersal*) = SD geografické vzdálenosti mezi místem narození rodičů a potomků



L. parryae



izolace vzdáleností pro kontinuální populace:

velikost čtvrtě (*neighbourhood size*) $\mathcal{N} \sim N_e$:

$$1\text{D habitat: } \mathcal{N} = 2\rho\sigma\sqrt{\pi}$$

$$2\text{D habitat: } \mathcal{N} = 4\pi\rho\sigma^2$$

\Rightarrow s rostoucí hustotou klesá \mathcal{N}

S rostoucím počtem „kroků“ (stepping stone model) nebo geografickou vzdáleností (kontinuální model) by měla růst genetická diferenciace

\rightarrow **(populačně)genetické distance** (F_{ST} , Nei, atd.)