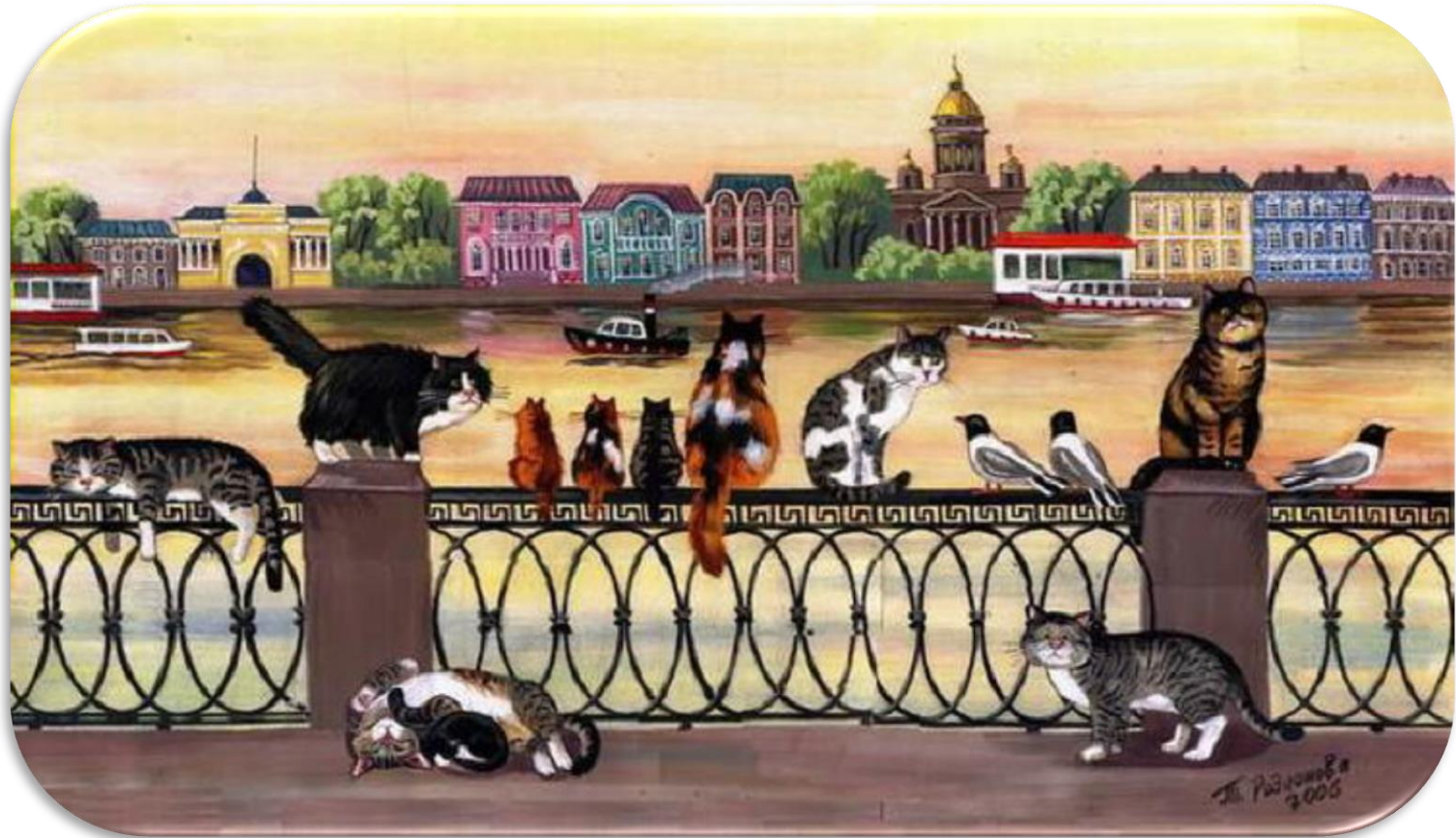


Гены в популяциях (2)



Дрейф, молекулярные часы, движущий отбор по моно- и полигенным признакам

Если $F_{st}=0$,

- т.е. соотношение частот генотипов в популяции однозначно определяется частотами аллелей и соответствует уравнению Харди-Вайнберга

$$p^2+2pq+q^2$$

- **то в такой популяции**

Нет избирательного скрещивания (панмиксия)

Не возникают мутаций

Нет мейотического драйва (расхождение хромосом у гетерозигот 1:1)

Нет миграций (изолированная популяция)

Нет дрейфа (бесконечная численность)

Нет отбора (равная приспособленность)

Дрейф генов

Random sampling and genetic drift



Дрейф генов - случайные и ненаправленные изменения частот аллелей из поколения в поколение

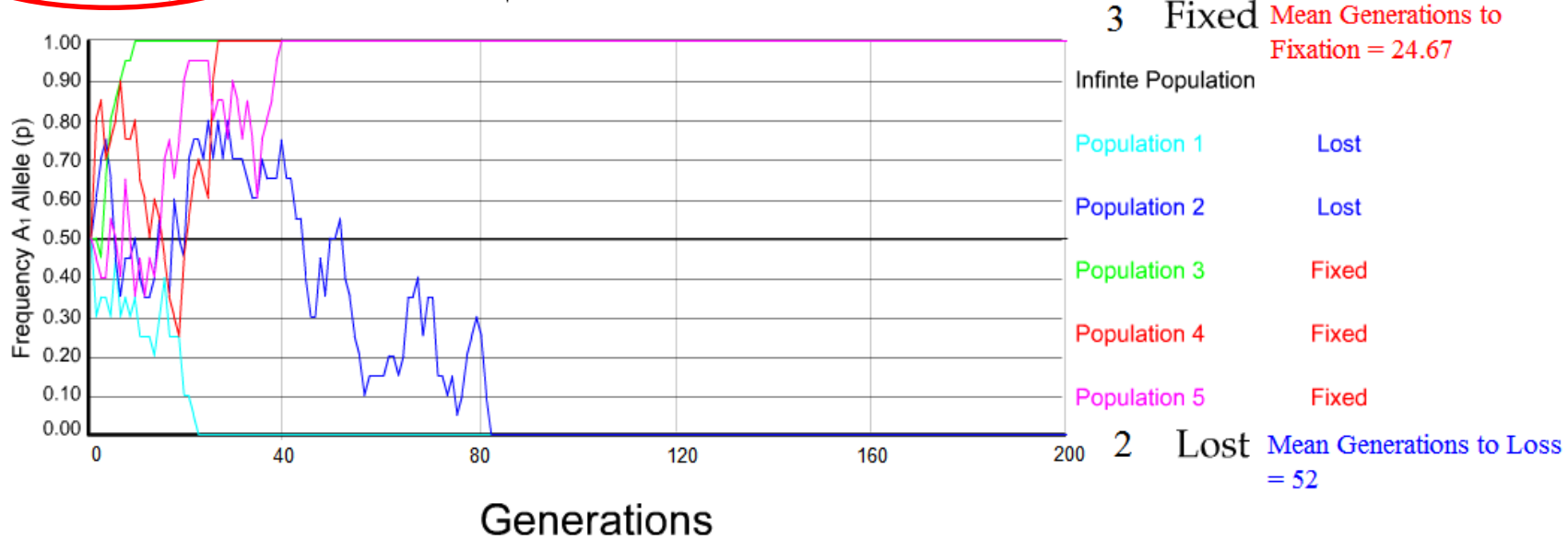
Таблица 23.6. Эффект случайного дрейфа генов из одного поколения в другое

Численность популяции (N)	Число гамет ($2N$)	Варианса ($pq/2N$)	Стандартное отклонение ($\sqrt{pq/2N}$)	Разброс p , ожидаемый с 95% вероятностью ($p \pm 2$ ст. откл.)
Случай 1				
$p = q = 0,5$				
5	10	0,025	0,16	0,18–0,82
50	100	0,0025	0,05	0,40–0,60
500	1000	0,00025	0,016	0,468–0,532
Случай 2				
$p = 0,3; q = 0,7$				
5	10	0,021	0,145	0,01–0,59
50	100	0,0021	0,046	0,208–0,392
500	1000	0,00021	0,0145	0,271–0,329

Дрейф генов - случайные и ненаправленные изменения частот аллелей из поколения в поколение, которые тем сильнее, чем меньше эффективная численность

$$pq/2N$$

Finite Pop	Pop. Size <input type="text" value="10"/>	# of Populations (1-5) <input type="text" value="5"/>	Fitness			<input type="checkbox"/> Migration?	Mutation Rate		<input type="checkbox"/> Bottle Neck?			
Frequency of A ₁ allele	<input type="text" value="0.5"/>	Number of Generations <input type="text" value="200"/>	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	Two General Models Island/Source-sink		A ₁ => A ₂	A ₁ <= A ₂	Start	End	BN Pop.
			<input type="text" value="1"/>	<input type="text" value="1"/>	<input type="text" value="1"/>			<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>



http://www.radford.edu/~rsheehy/Gen_flash/popgen/

Дрейф генов - случайные и ненаправленные изменения частот аллелей из поколения в поколение, которые тем сильнее, чем меньше эффективная численность

$$pq/2N$$

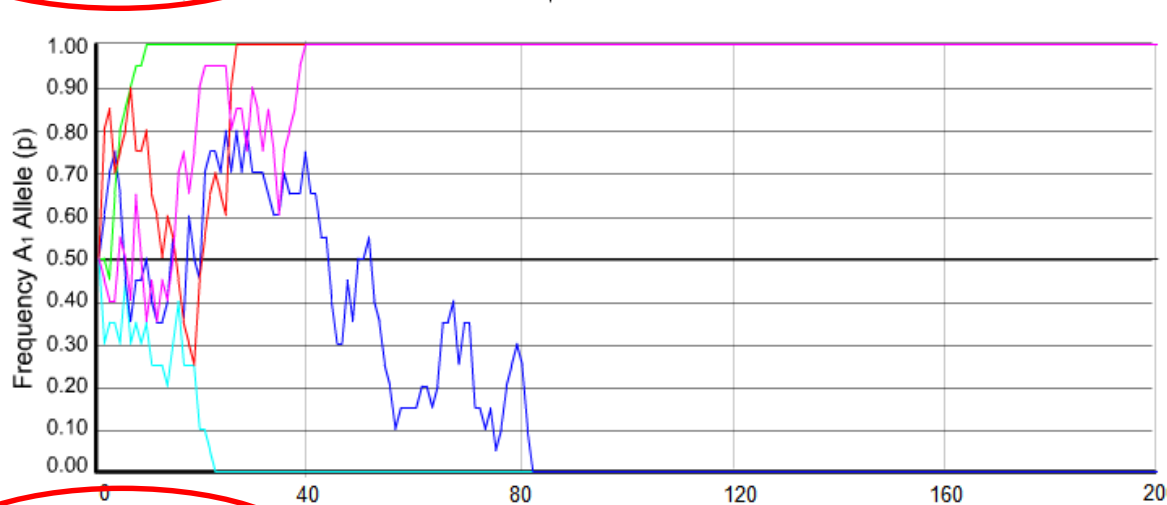
Finite Pop. **Pop. Size** **# of Populations (1-5)**
Frequency of A₁ allele **Number of Generations**

Fitness
A₁A₁ A₁A₂ A₂A₂

Migration?
Two General Models Island/Source-sink

Mutation Rate
A₁ => A₂ A₁ <= A₂

Bottle Neck?
Start End BN Pop.



3 Fixed Mean Generations to Fixation = 24.67

Infinte Population

Population 1 Lost

Population 2 Lost

Population 3 Fixed

Population 4 Fixed

Population 5 Fixed

2 Lost Mean Generations to Loss

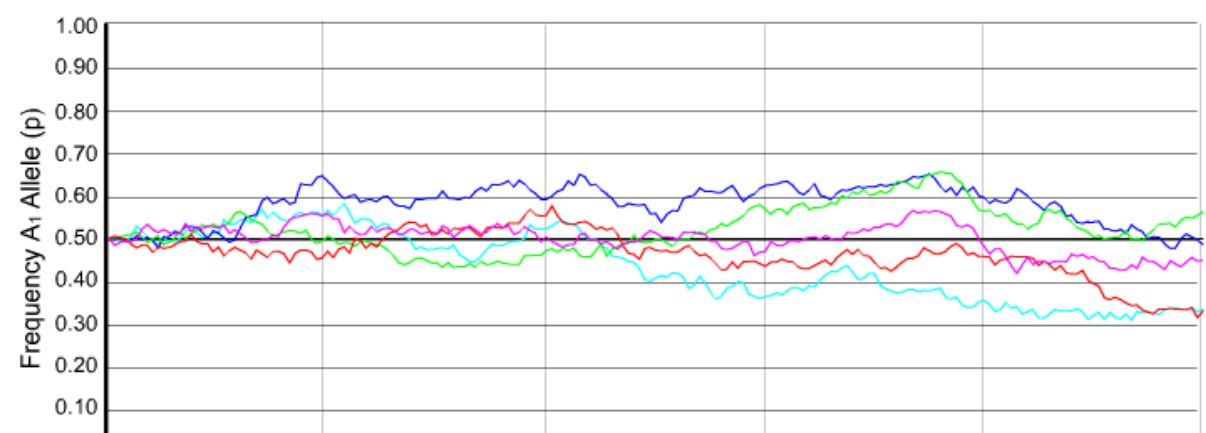
Finite Pop. **Pop. Size** **# of Populations (1-5)**
Frequency of A₁ allele **Number of Generations**

Fitness
A₁A₁ A₁A₂ A₂A₂

Migration?
Two General Models Island/Source-sink

Mutation Rate
A₁ => A₂ A₁ <= A₂

Bottle Neck?
Start End BN Pop.



0 Fixed

Infinte Population

Population 1

Population 2

Population 3

Population 4

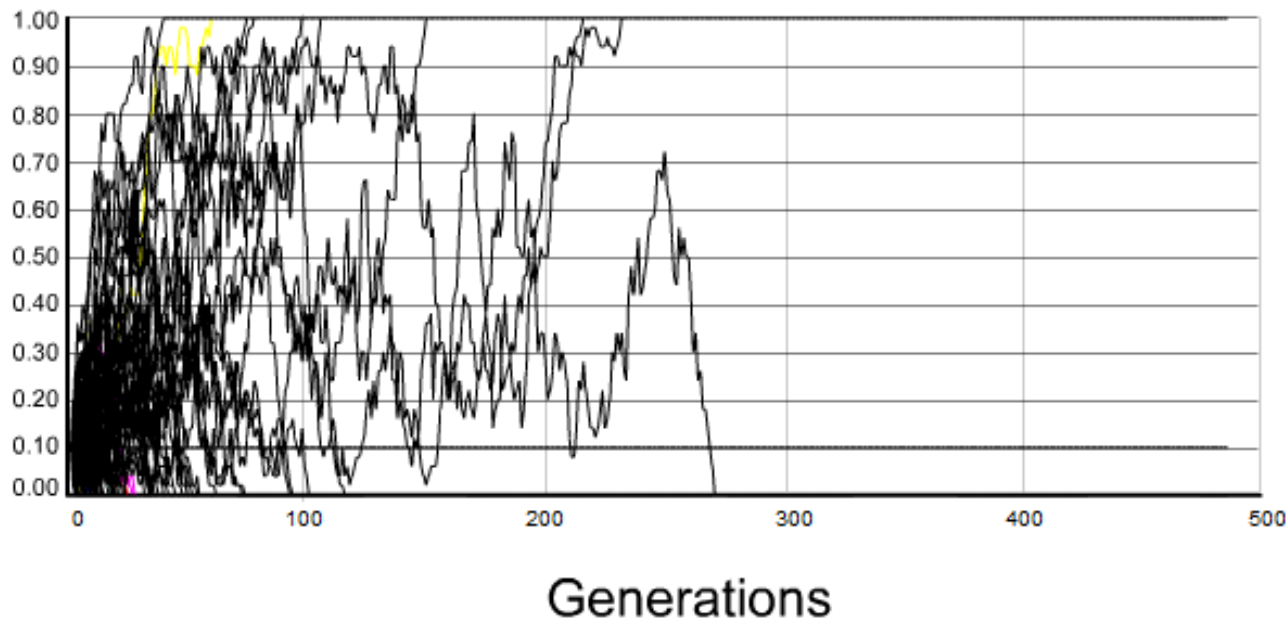
Population 5

Дрейф всегда (рано или поздно)
кончается фиксацией одного аллеля и
утратой другого

- В каждом поколении дрейф уводит в любую сторону
- Но редкий аллель имеет больше шансов упасть в 0, а частый в 1
- Из 0 и 1 дрейфовать некуда
- Вероятность аллеля рано или поздно зафиксироваться равна его частоте в данный момент

Вероятность фиксации (рано или поздно) равна исходной частоте аллеля

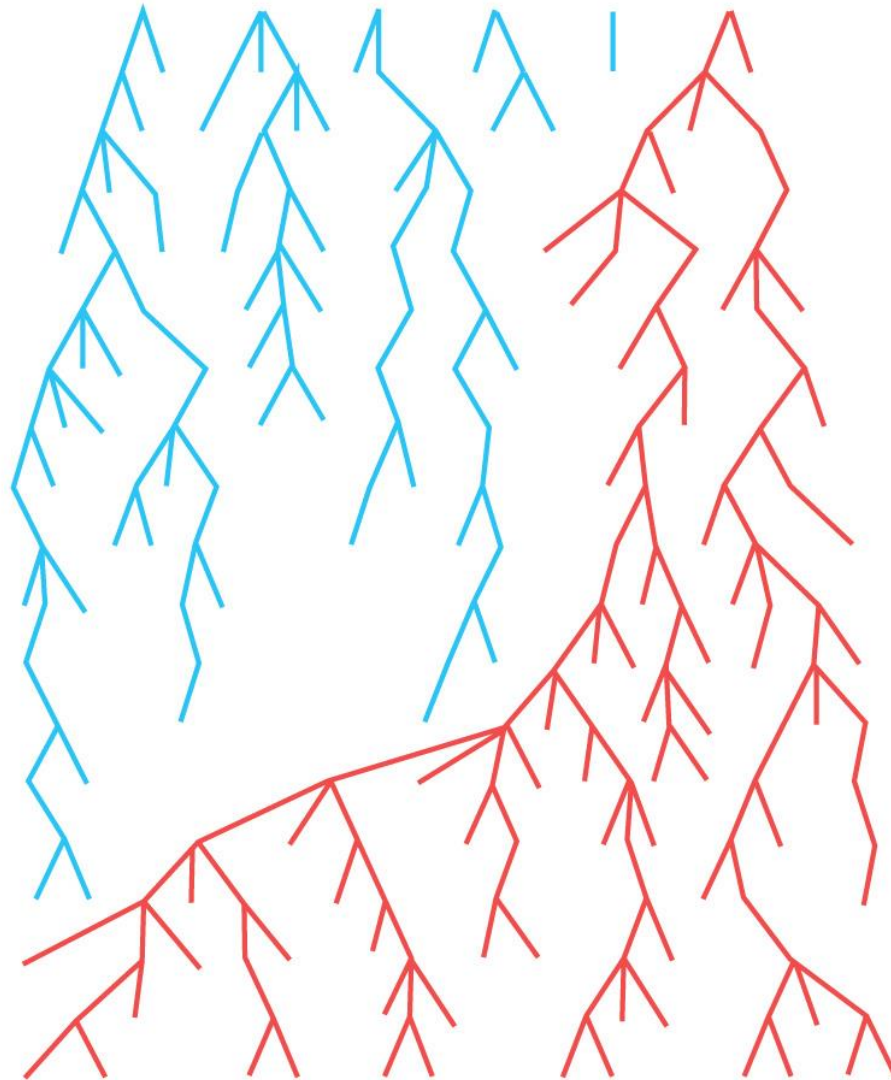
<input type="checkbox"/> Finite Pop.	Pop. Size	25	# of Populations (1-5)	100	Fitness			<input type="checkbox"/> Migration?	Mutation Rate	
Initial Frequency of A ₁ allele		0.1	Number of Generations	500	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	Two General Models Island/Source-sink		A ₁ => A ₂ A ₁ <= A ₂
					1	1	1			0 0



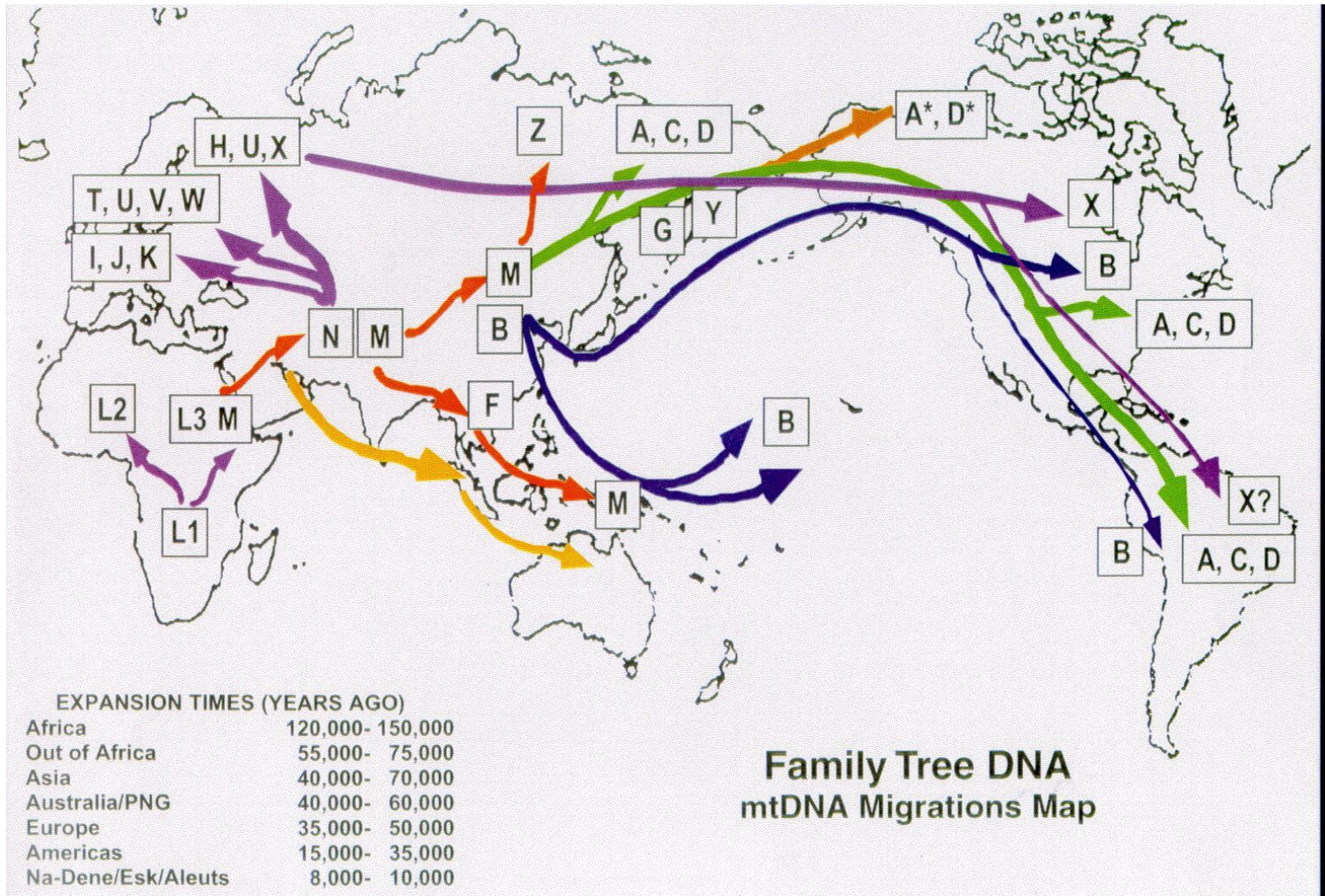
9 Fixed

91 Lost

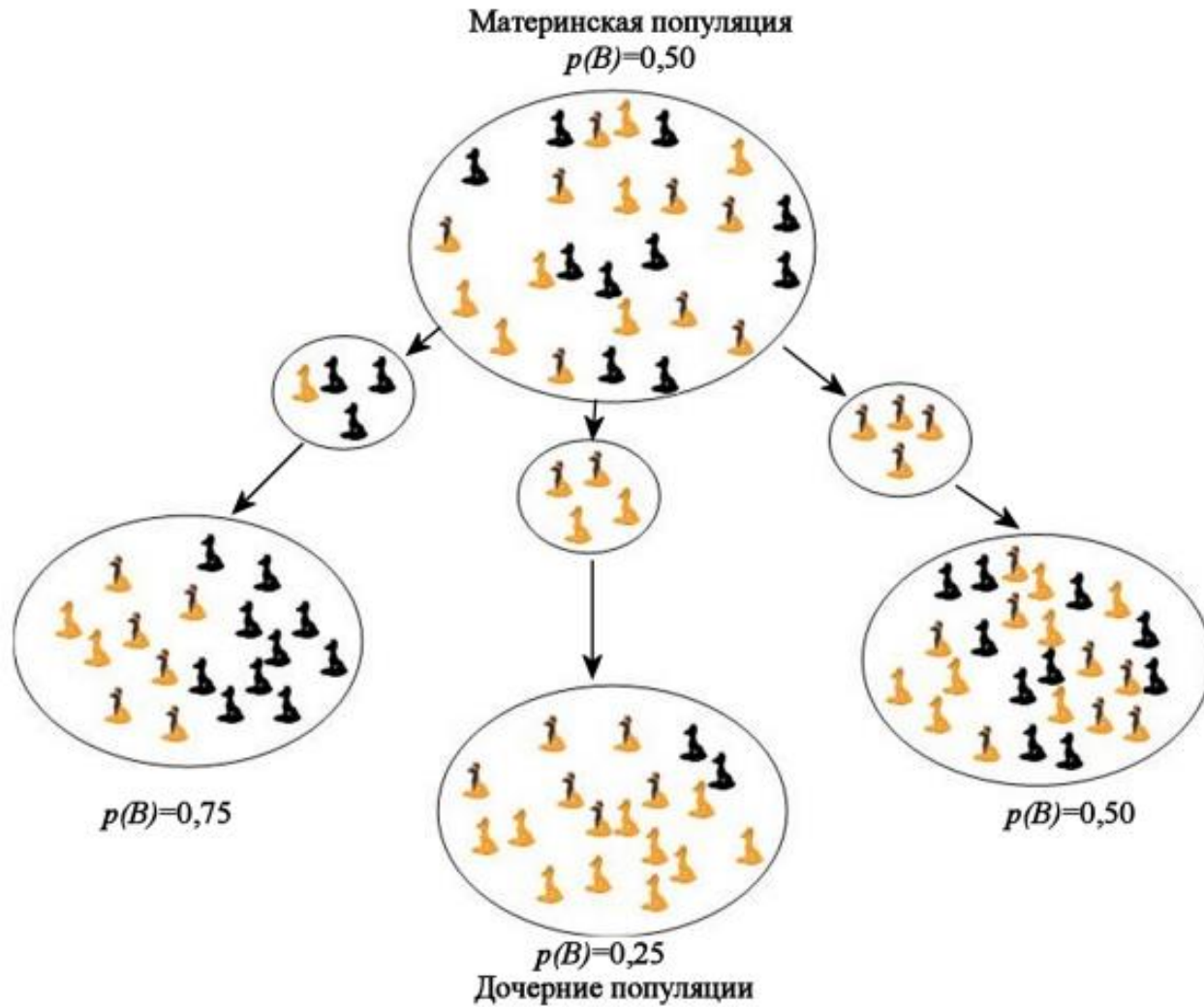
Дрейф семей, мтДНК и Y хромосом



Ева и ее дочери



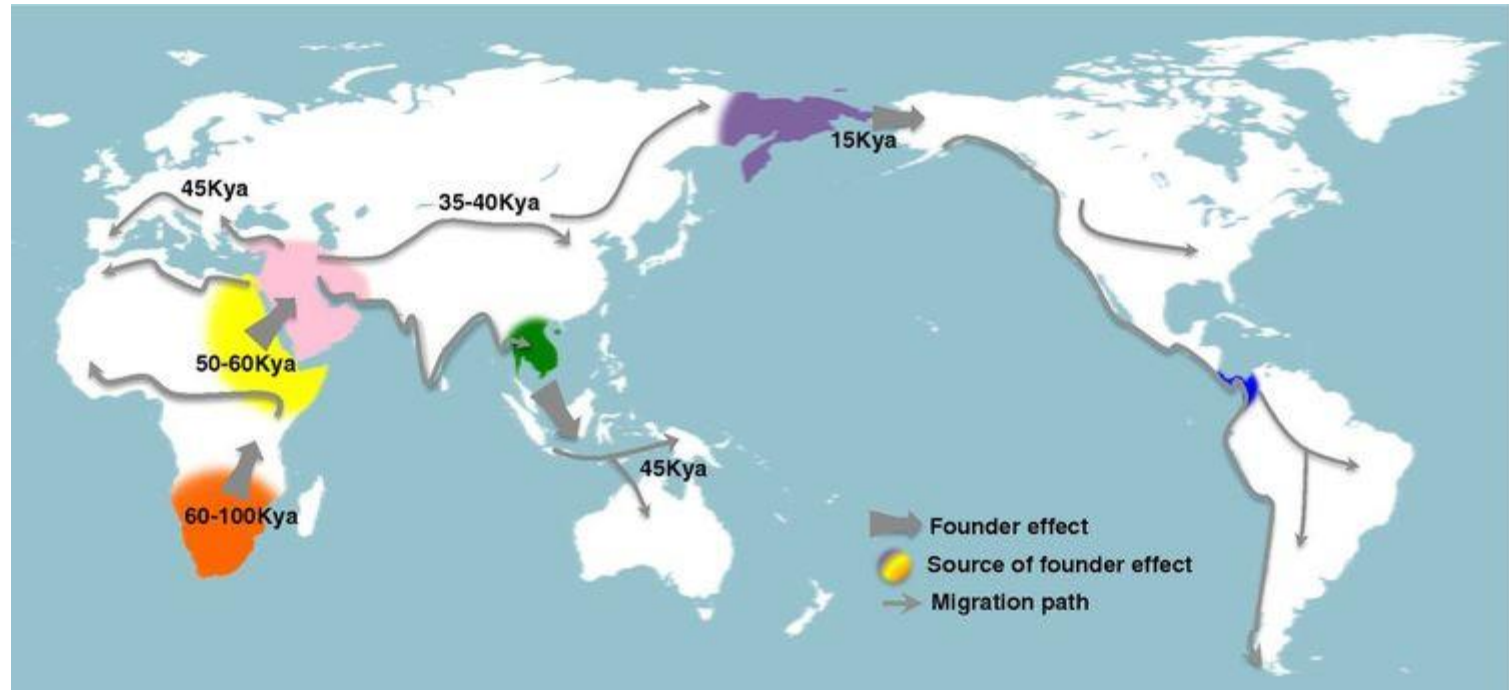
Дрейф генов в пространстве: Эффект основателя



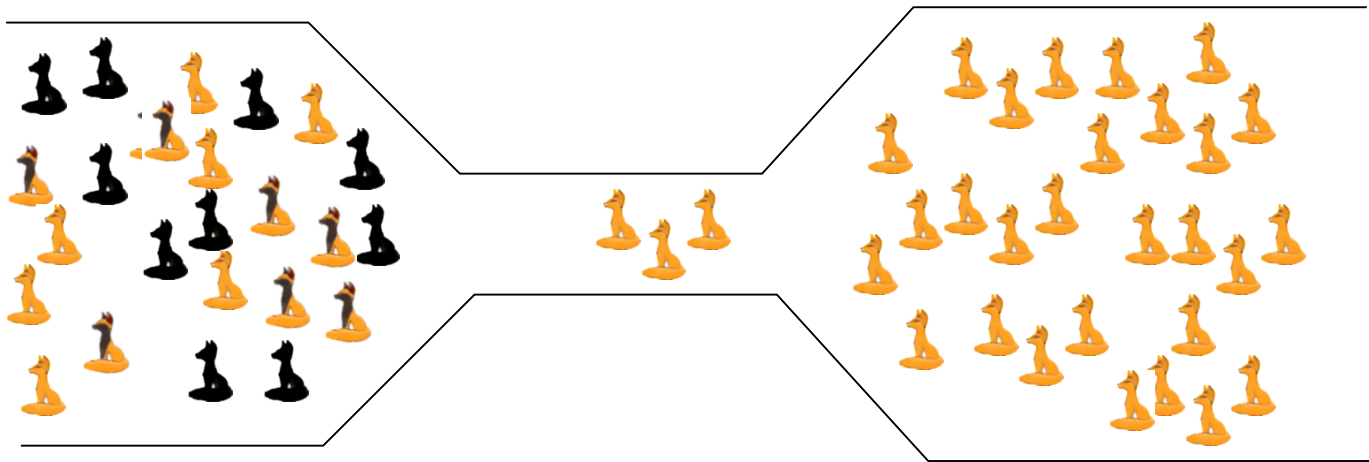
Эффект основателя

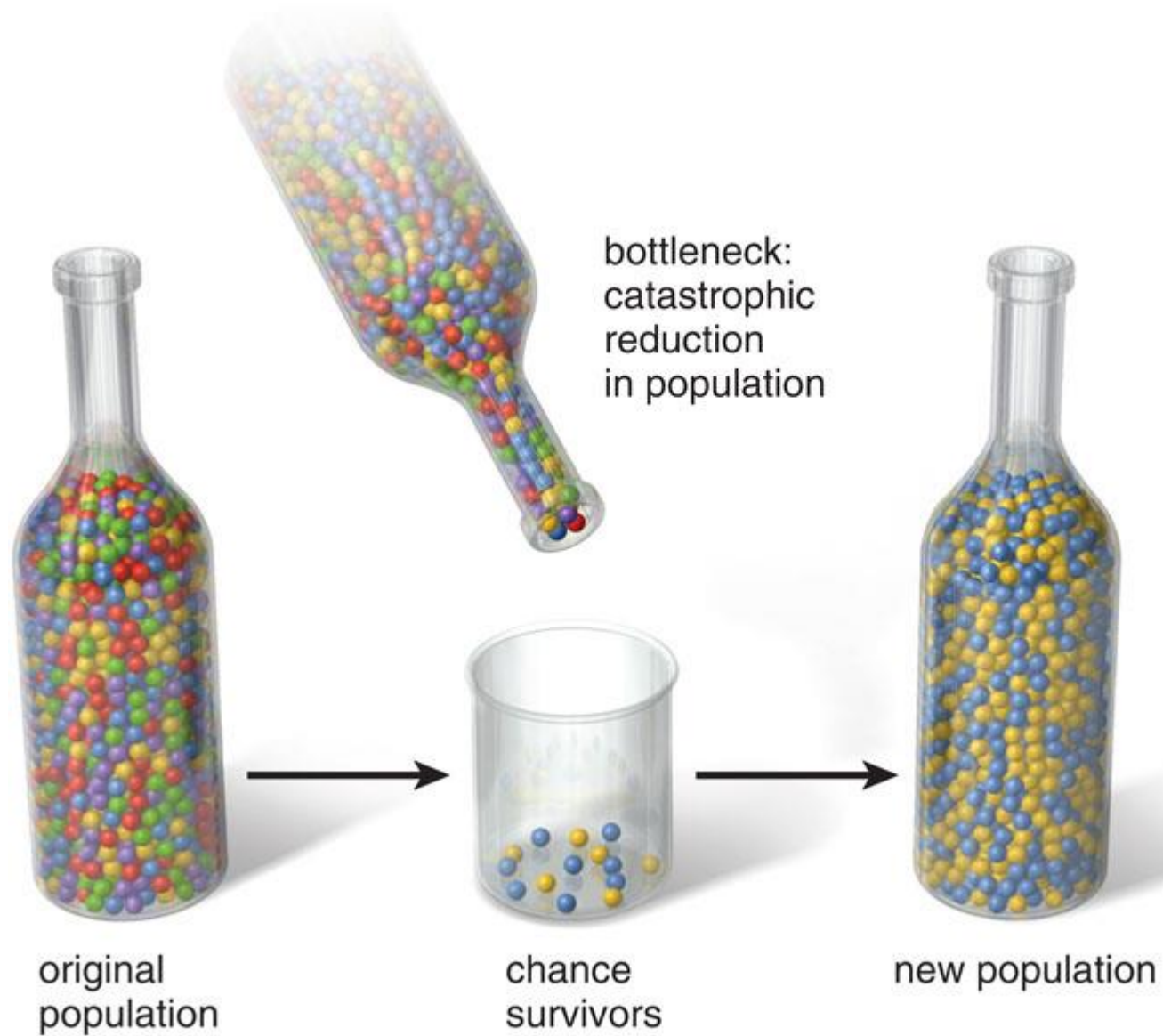
Группа крови	США	Данкеры	Германия
A	.4	.6	.45
B, AB	.15	.5	.15
Rh-	.15	.11	.15
M	.3	.45	.3
MN	.5	.42	.5
N	.2	.14	.20

Эффект основателя



Дрейф генов во времени: Эффект бутылочного горлышка

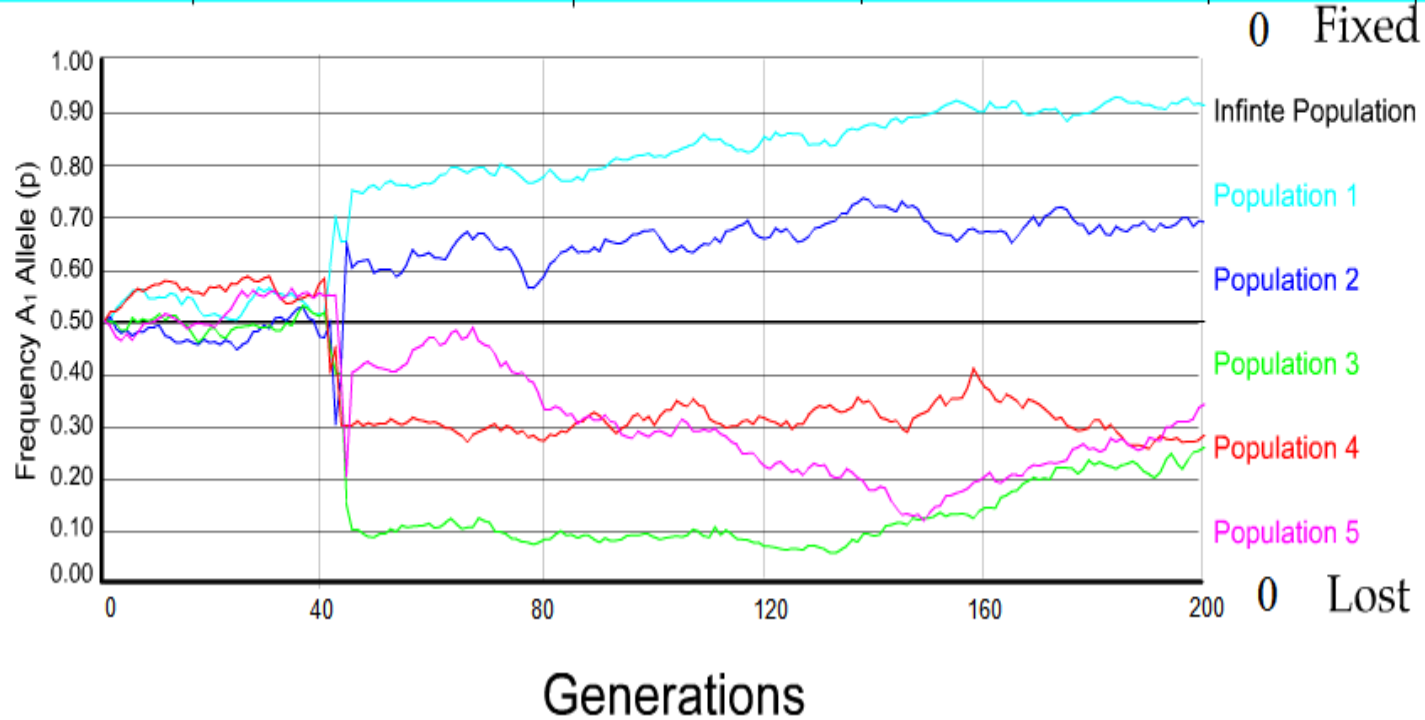




Дрейф генов

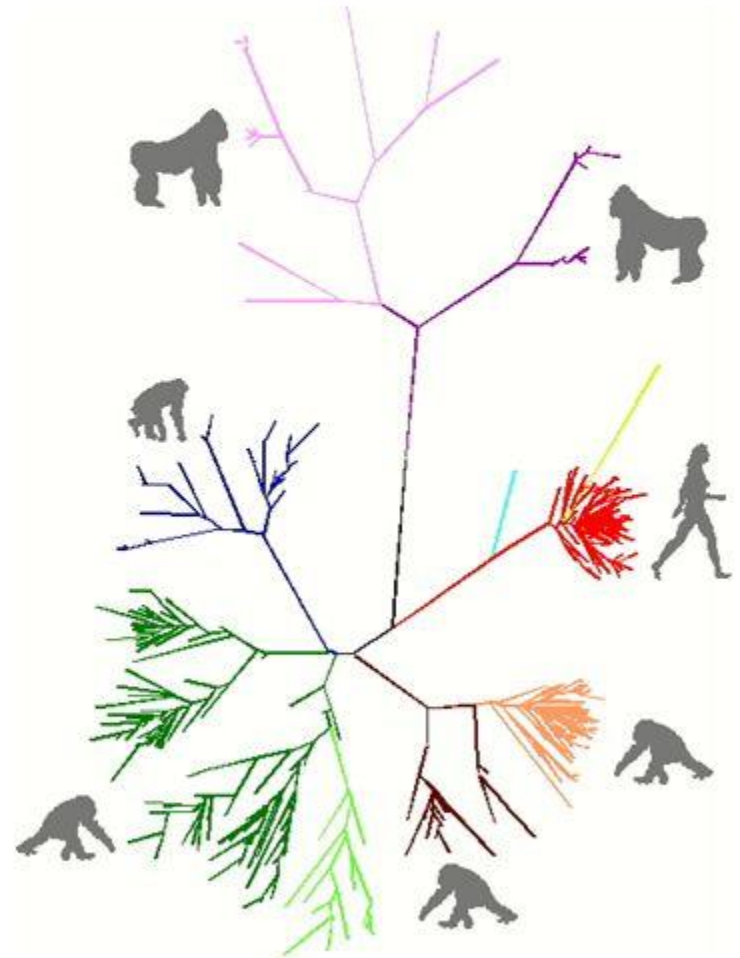
Эффект бутылочного горлышка

Finite Pop.	Pop. Size <input type="text" value="1000"/>	# of Populations (1-5) <input type="text" value="5"/>	Fitness			<input type="checkbox"/> Migration?	Mutation Rate		<input checked="" type="checkbox"/> Bottle Neck!		
	Frequency of A ₁ allele <input type="text" value="0.5"/>	Number of Generations <input type="text" value="200"/>	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	Two General Models Island/Source-sink	A ₁ => A ₂	A ₁ <= A ₂	Start	End	BN Pop.
			<input type="text" value="1"/>	<input type="text" value="1"/>	<input type="text" value="1"/>		<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="40"/>	<input type="text" value="45"/>	<input type="text" value="10"/>

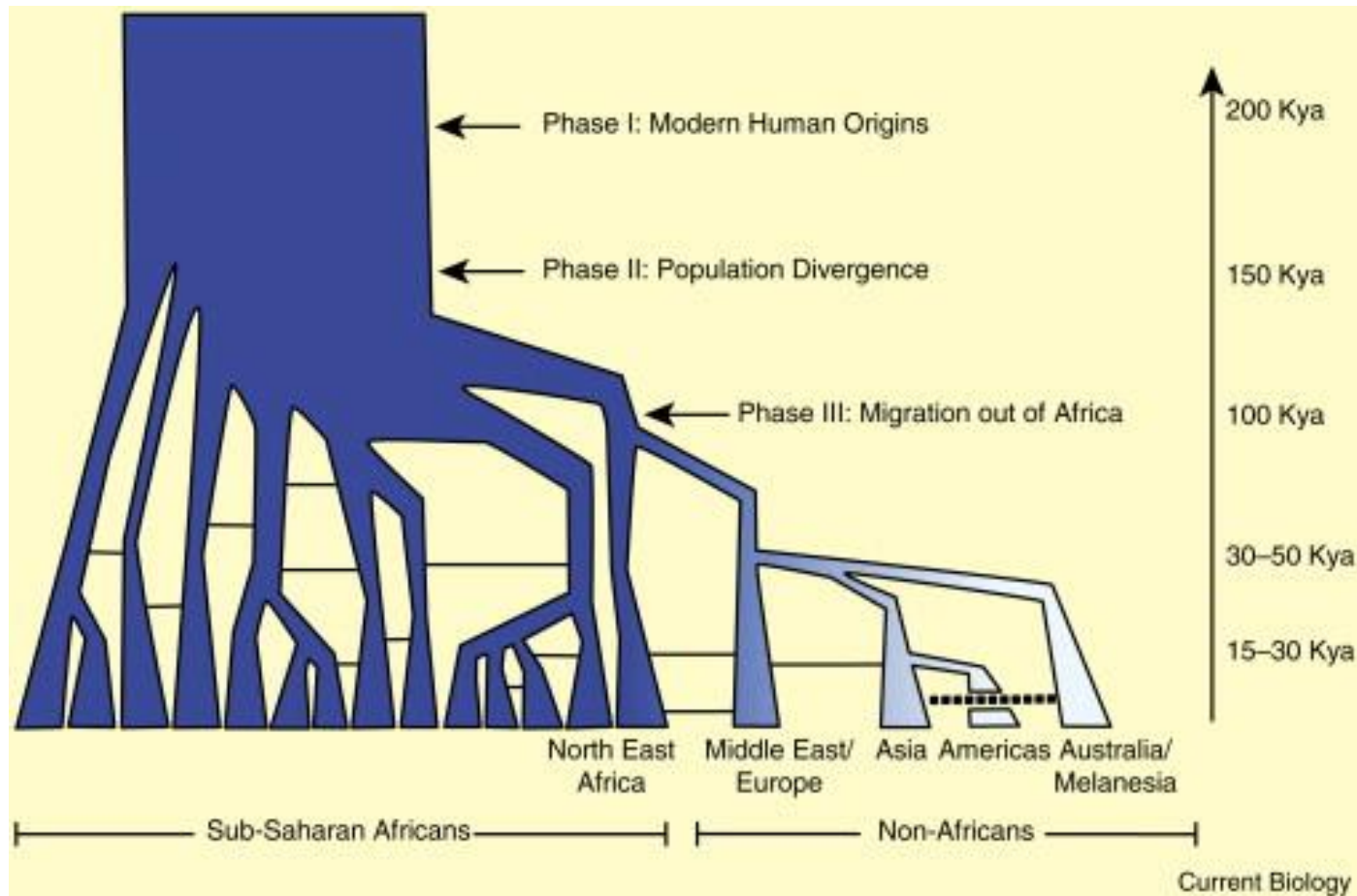


Human Bottleneck

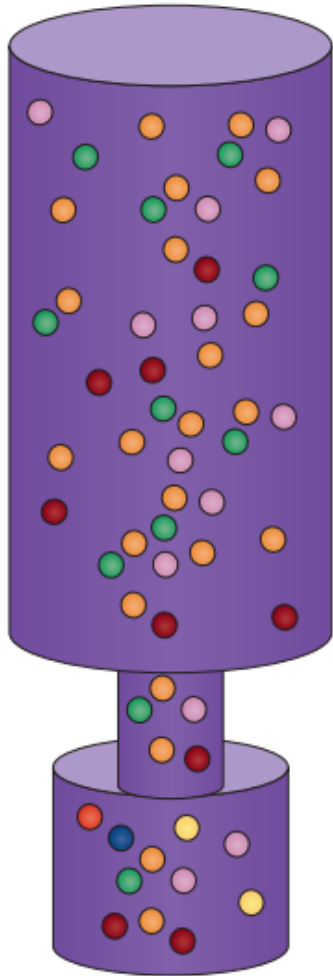
- The human population is thought to have gone through a population bottleneck about 100,000 years ago. There is more genetic variation among chimpanzees living within 30 miles of each other in central Africa than there is in the entire human species.
- The tree represents mutational differences in mitochondrial DNA for various members of the Great Apes (including humans).



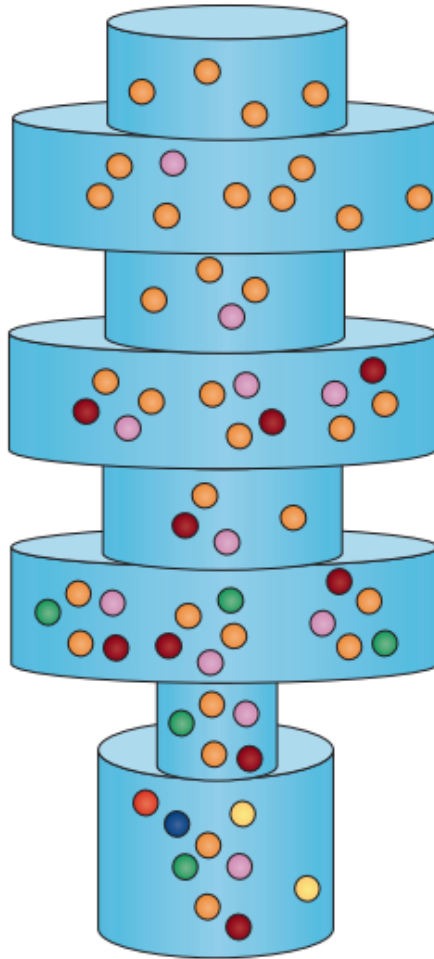
Дрейф в эволюции человечества



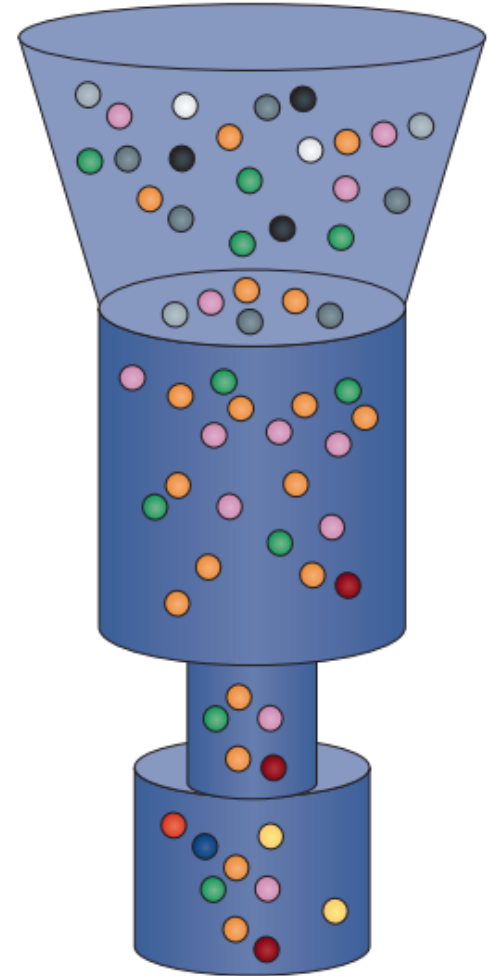
Single strong bottleneck out of Africa



Serial bottlenecks across a geographical range



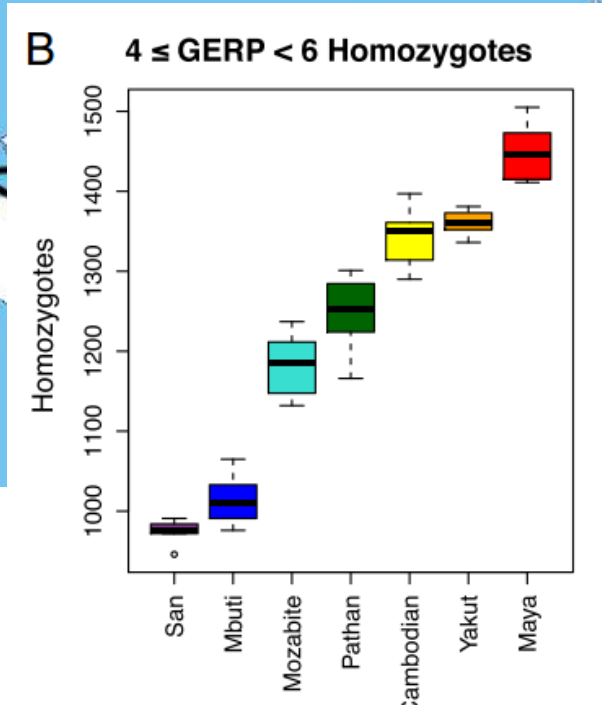
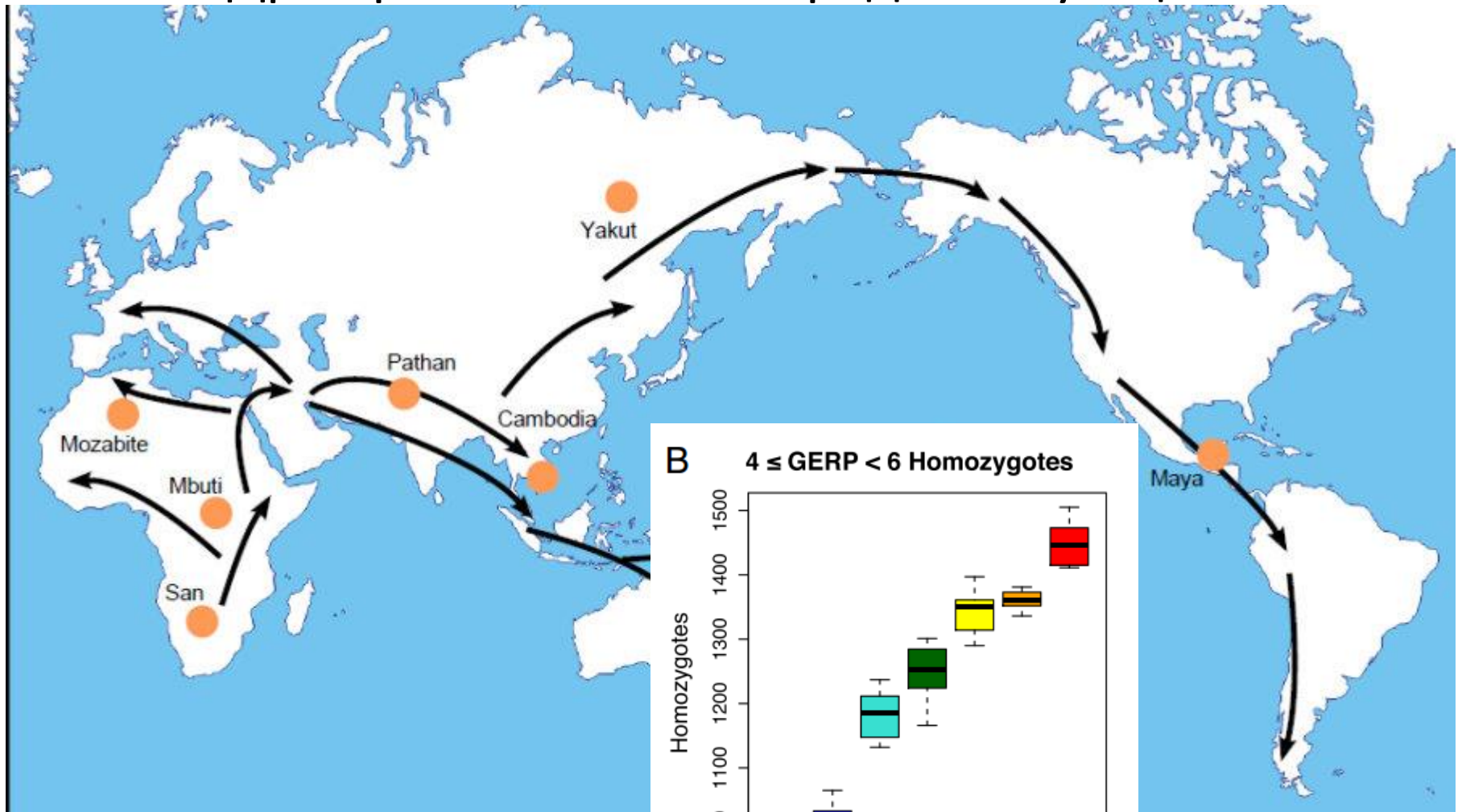
Recent explosive population growth



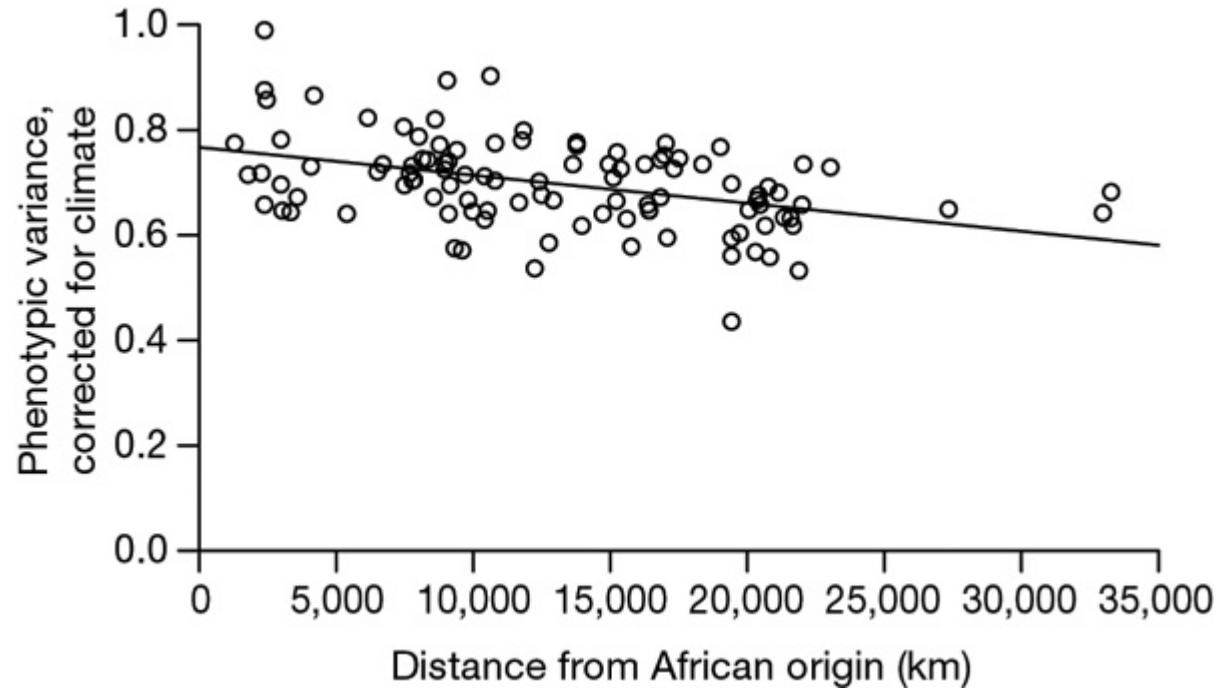
Time



Дрейф и накопление вредных мутаций



Дрейф и снижение разнообразия



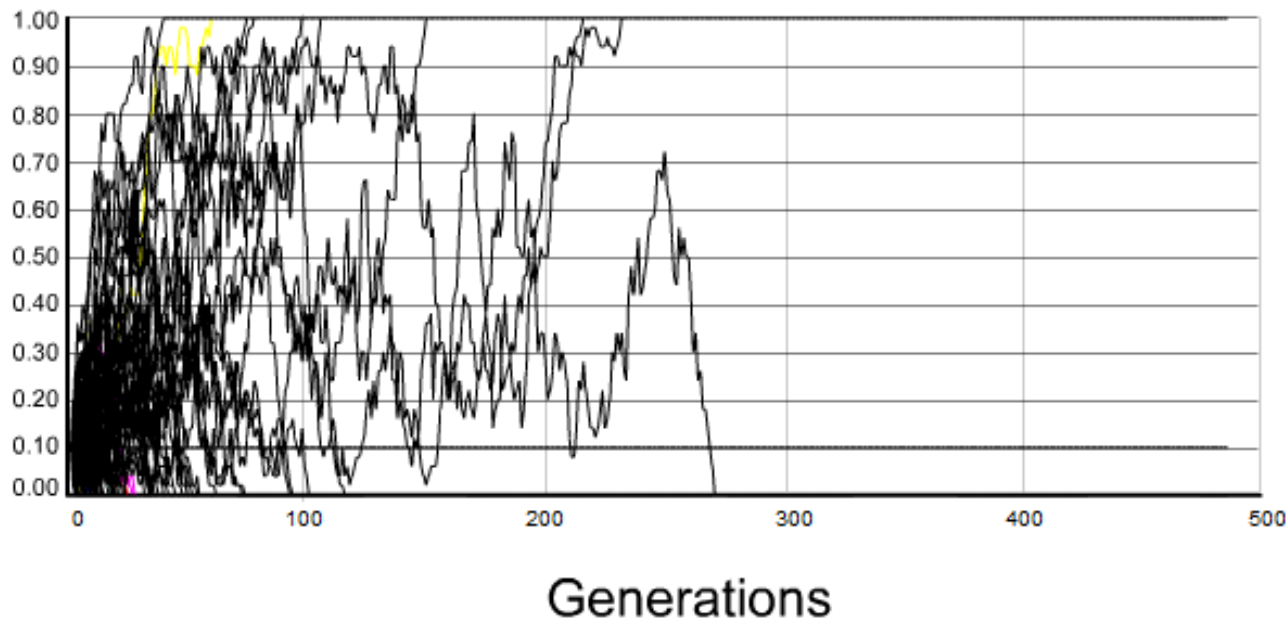
Дрейф и молекулярные часы

Дрейф всегда (рано и поздно) кончается
фиксацией одного аллеля и утратой
другого

- Вероятность аллеля рано и поздно
зафиксироваться равна его частоте в
данный момент

Вероятность фиксации (рано или поздно) равна исходной частоте аллеля

<input type="checkbox"/> Finite Pop.	Pop. Size	25	# of Populations (1-5)	100	Fitness			<input type="checkbox"/> Migration?	Mutation Rate	
Initial Frequency of A ₁ allele		0.1	Number of Generations	500	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	Two General Models Island/Source-sink		A ₁ => A ₂ A ₁ <= A ₂
					1	1	1			0 0



9 Fixed

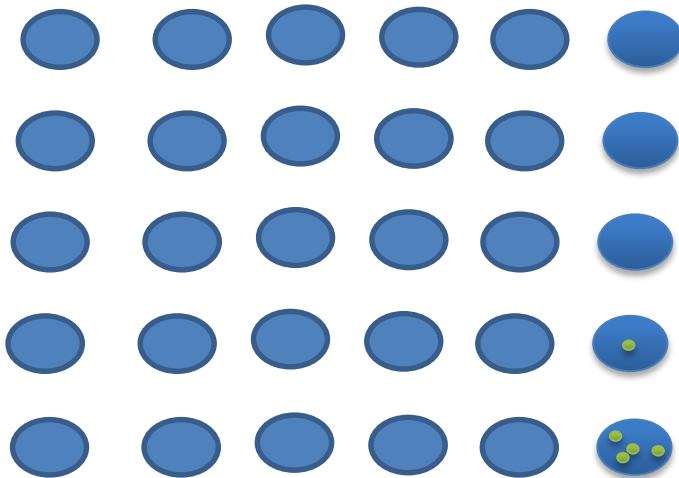
91 Lost

Вероятность фиксации нейтральных мутаций и молекулярные часы

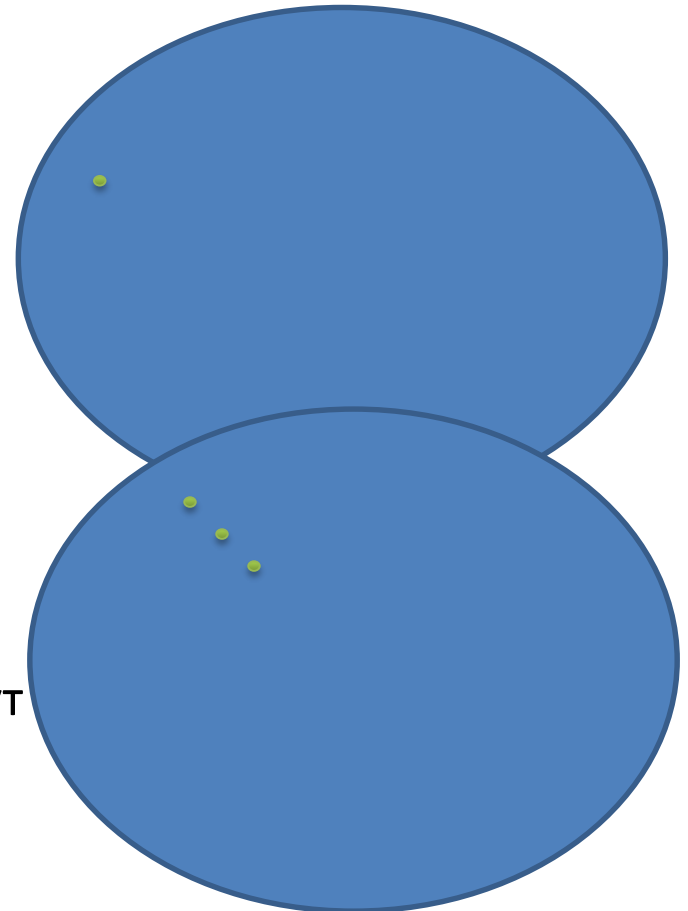
- Мутация возникает с частотой v
- Количество новых мутаций в данном гене в данном поколении = $2N_e * v$
- Частота новой мутации = $2N_e * v / 2N_e$
- Вероятность фиксации = $2N_e * v / 2N_e = v$
- Вероятность фиксации новой мутации в данном гене не зависит от численности популяции!!!

Дрейф генов и молекулярные часы

- Вероятность фиксации нейтральных мутаций
 - зависит от частоты их возникновения
 - не зависит от размера популяций



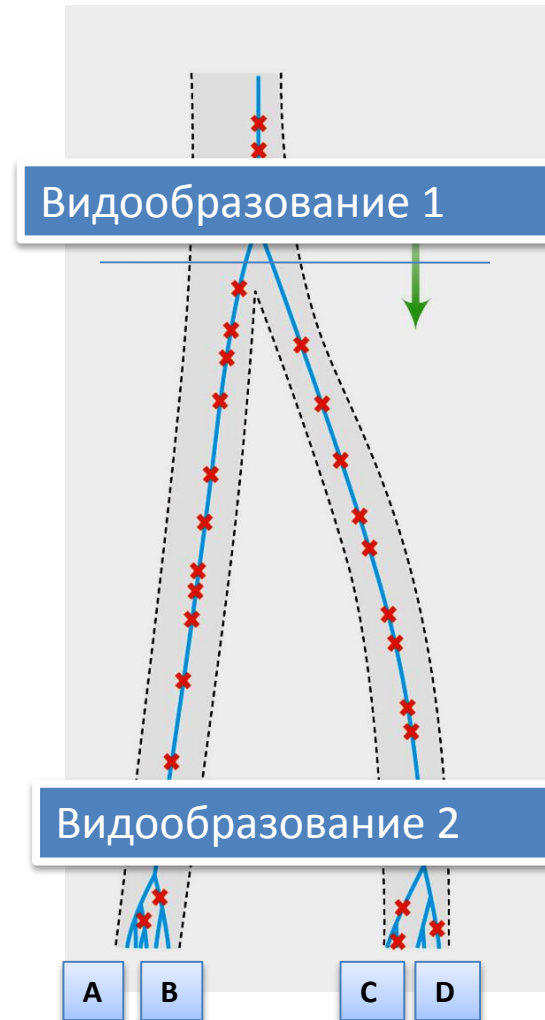
- малые популяции долго ждут,
но быстро фиксируют
- большие популяции недолго ждут
но медленно фиксируют



Дрейф генов и молекулярные часы

- Вероятность фиксации нейтральных мутаций зависит от частоты их возникновения
- частота возникновения мутаций постоянна для определенного локуса
- поэтому и скорость фиксации мутаций постоянна
- поэтому количество различных мутаций зафиксированных у разных видов может служить мерой времени их дивергенции

	A	B	C	D4
A		2	22	21
B			22	21
C				3



Молекулярные часы

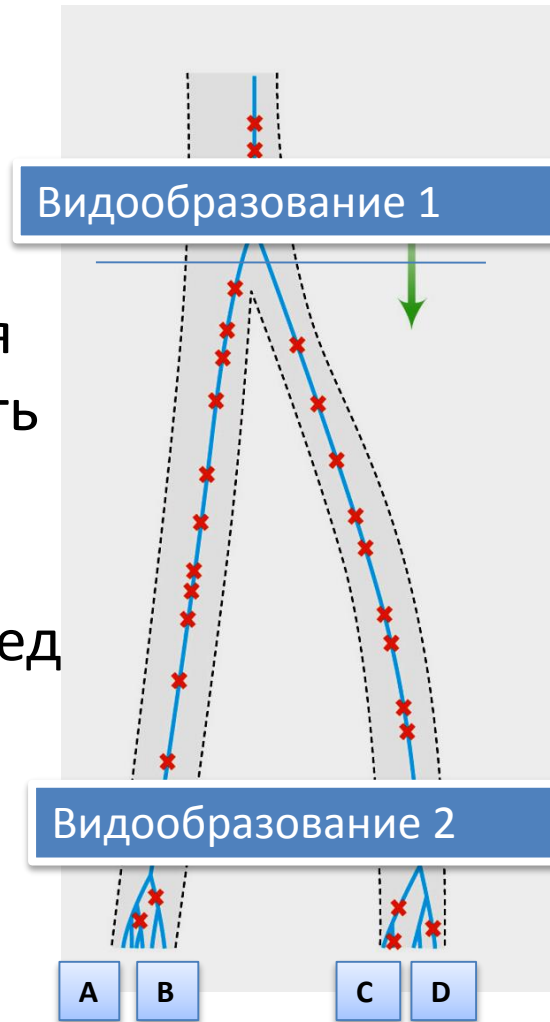
$$D = 2vt$$

$$t = D/2v$$

D – доля нейтральных различий между двумя видами на определенную последовательность ДНК

v – частота мутаций

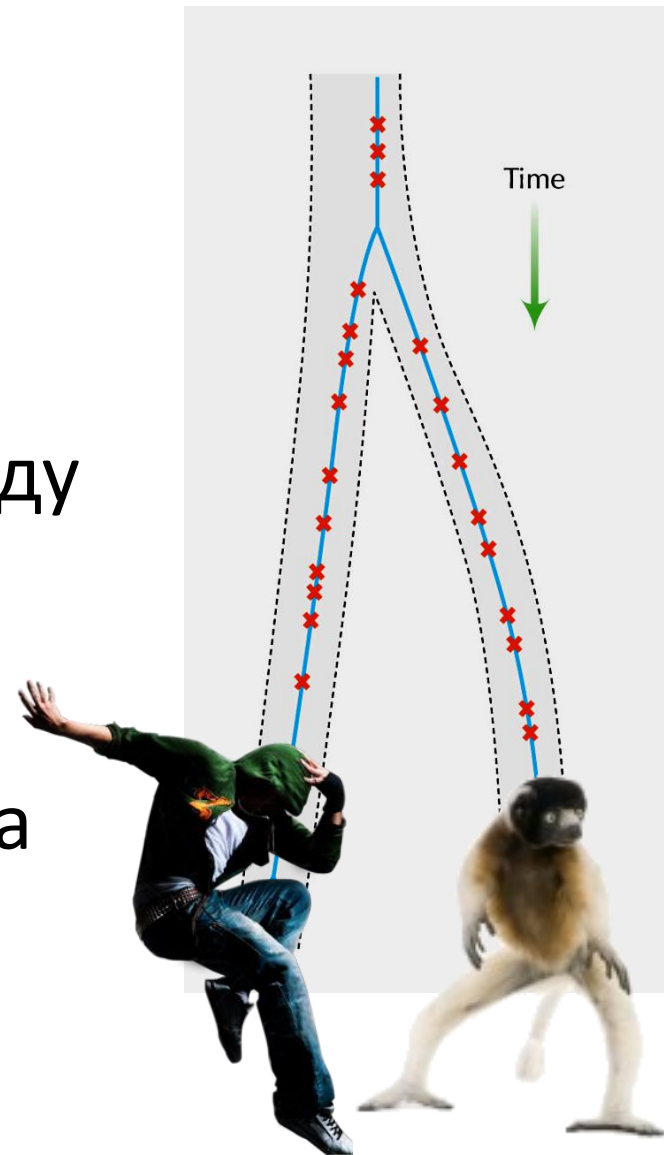
t – число поколений от последнего общего предка этих двух видов
(поколение = год)



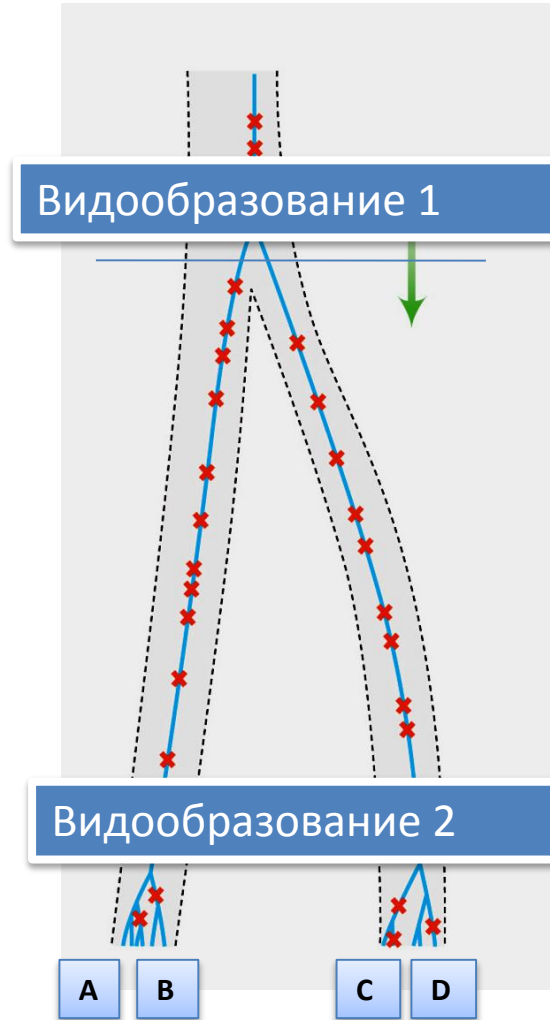
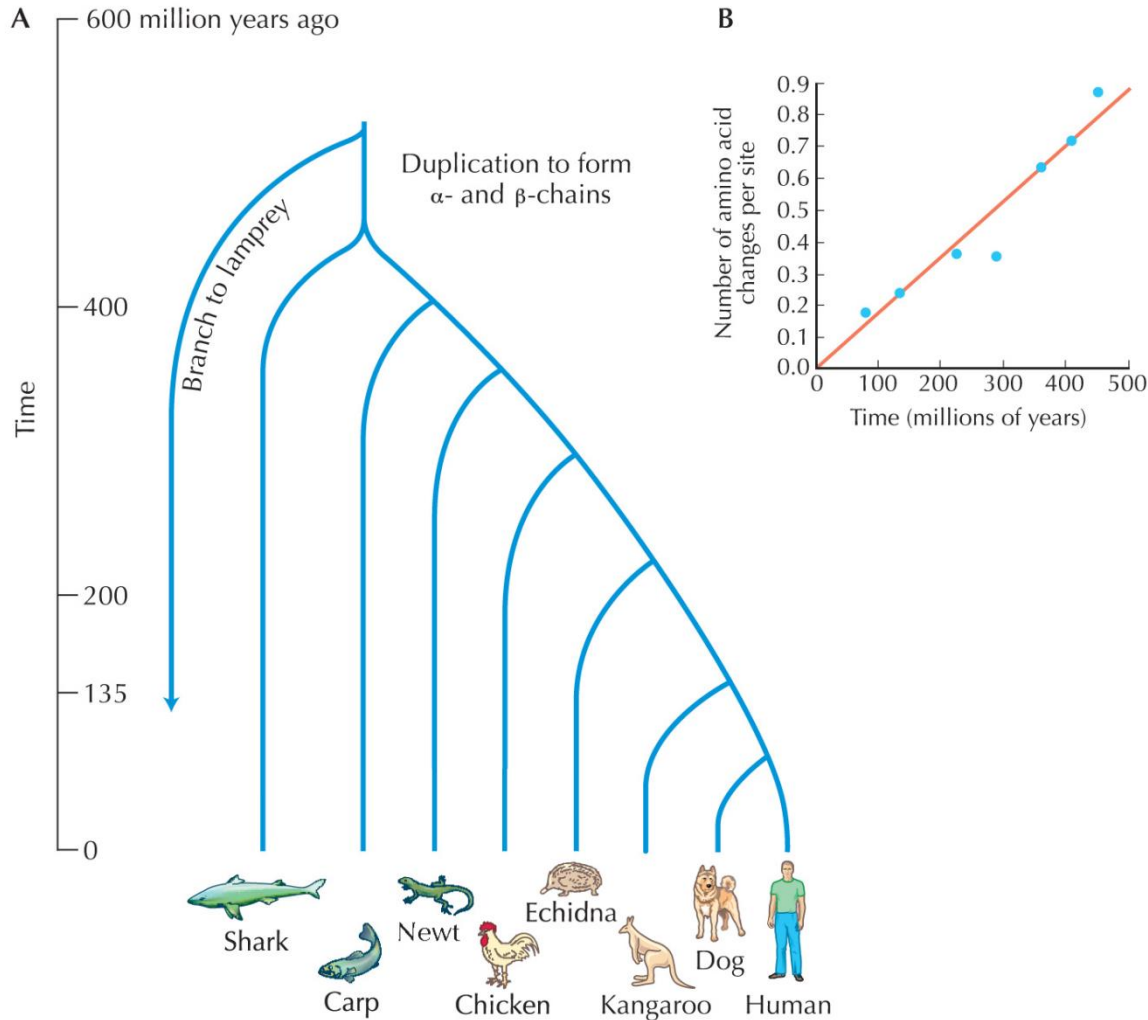
Дивергенция по псевдегену

$$D = 2vt$$
$$t = D/2v$$

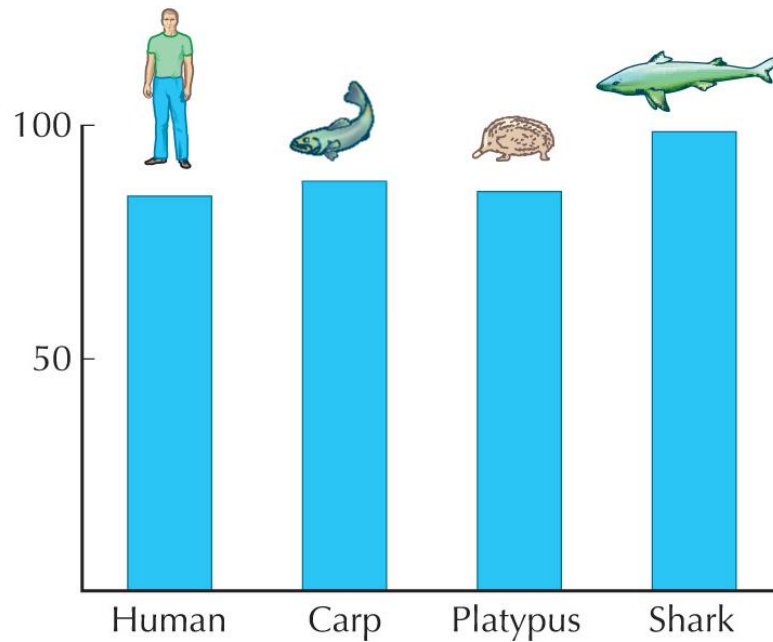
- $v = 1 \times 10^{-9}$ / п.о. / поколение (год)
- 1×10^{-6} / 1000 п.о. / год
- 1 мутация / 1000 п.о. / за 10^6 лет
- 150 различий на 1000 п.о. между человеком и лемуром
- $2t = 150 \times 10^6$ лет
- $t = 75 \times 10^6$ лет до общего предка



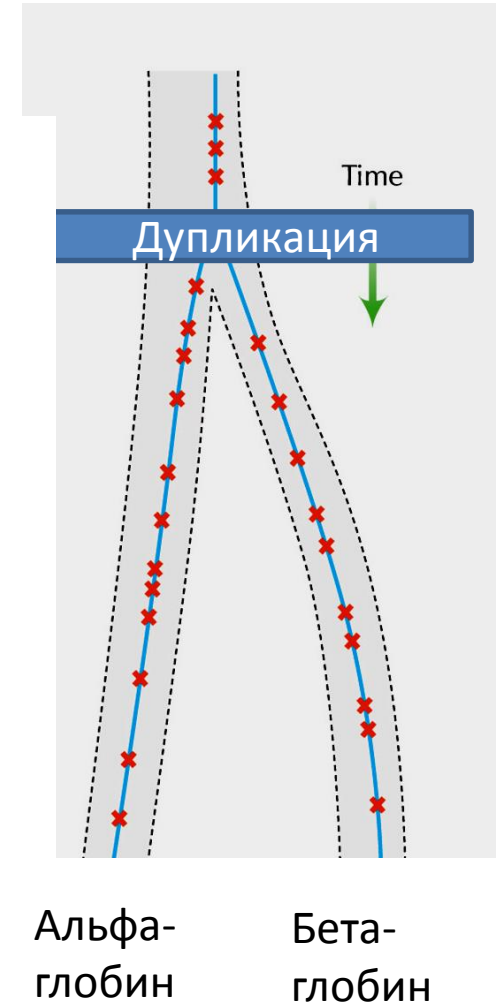
Дрейф генов и молекулярные часы (ортологичные гены)



Дрейф генов и молекулярные часы (паралогичные гены)

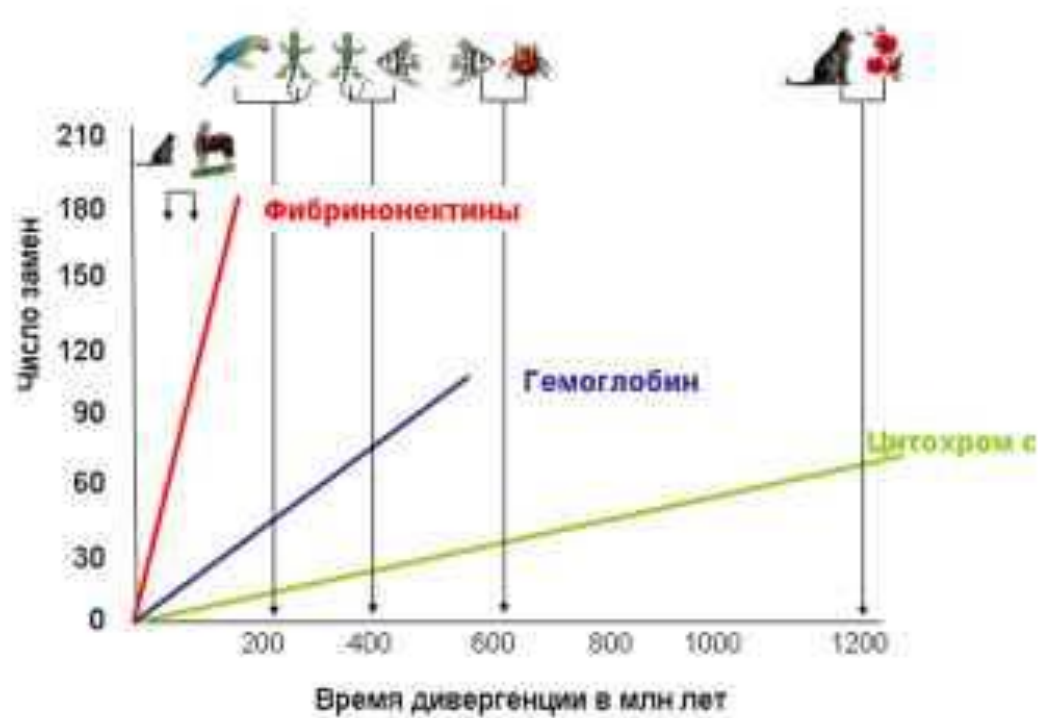


Число аминокислотных замен между альфа- и бета глобином



Дрейф генов и молекулярные часы

Выбор информативного маркера



TimeTree Search

Find Time of Divergence

(Example: Homo sapiens, Lagomorpha, dog)

Taxon A:

human

Taxon B:

chimp

Clear

Search

Search by Author

Last Name:

Clear

Search

Citing TimeTree:

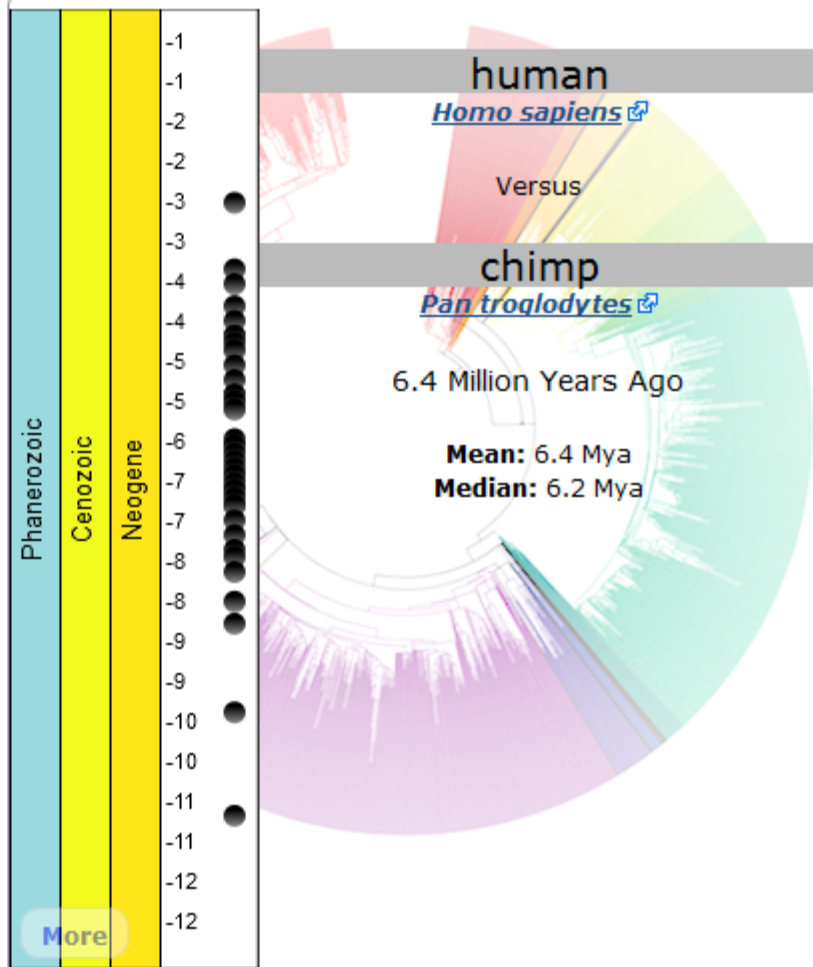
Kumar S & Hedges SB (2011) TimeTree2: species divergence times on the iPhone. Bioinformatics 27:2023-2024 [Download PDF]

Hedges SB, Dudley J & Kumar S (2006) TimeTree: a public knowledge-base of divergence times among organisms. Bioinformatics 22:2971-2972

Results

How It Works

Summary



Click on timescale or black dots for more info.

Molecular Time Estimates

*Note: if you would like to suggest your publication for inclusion, and it is not yet in TimeTree (see

TimeTree Search

Find Time of Divergence

(Example: Homo sapiens, Lagomorpha, dog)

Taxon A:

human

Taxon B:

baboon

Clear Search

Search by Author

Last Name:

Clear Search

Citing TimeTree:

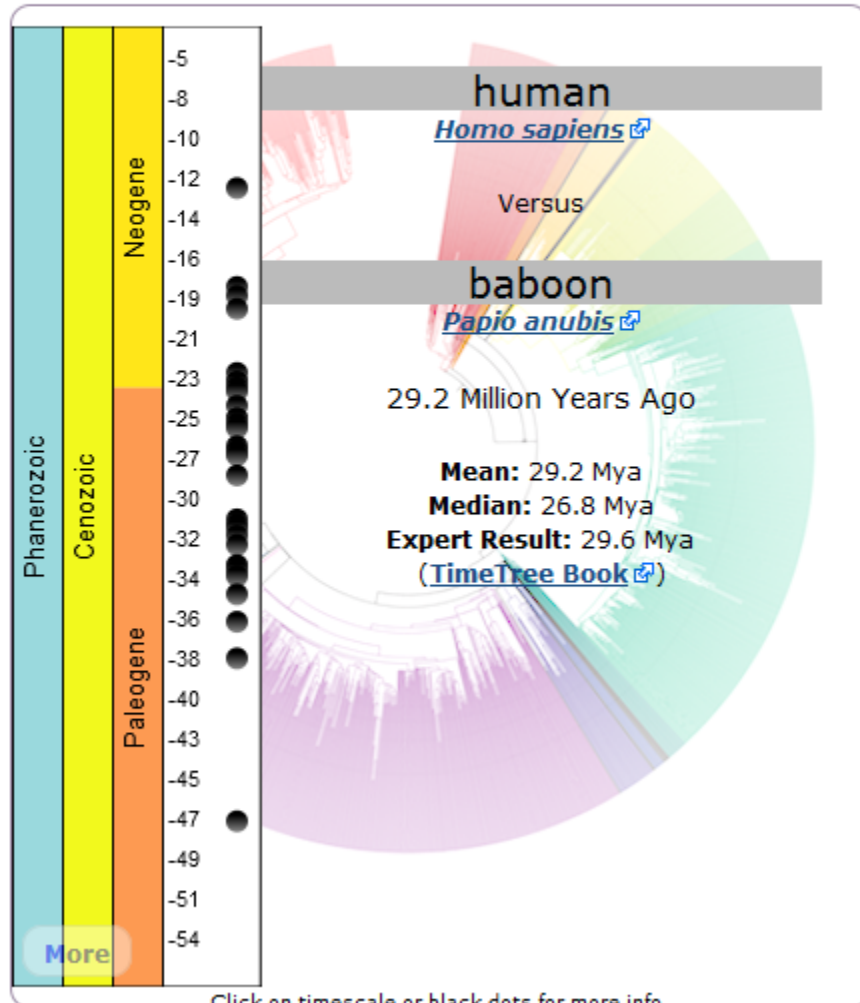
Kumar S & Hedges SB (2011)
TimeTree2: species divergence times on the iPhone. *Bioinformatics* 27:2023-2024
[\[Download PDF\]](#)

Hedges SB, Dudley J & Kumar S (2006)
TimeTree: a public knowledge-base of divergence times among organisms. *Bioinformatics* 22:2971-2972

Results

How It Works

Summary



Molecular Time Estimates

TimeTree Search

Find Time of Divergence

(Example: Homo sapiens, Lagomorpha, dog)

Taxon A:

human

Taxon B:

cat

Clear

Search

Search by Author

Last Name:

Clear

Search

Citing TimeTree:

Kumar S & Hedges SB (2011)
TimeTree2: species divergence times
on the iPhone. *Bioinformatics*
27:2023-2024

[[Download PDF](#)]

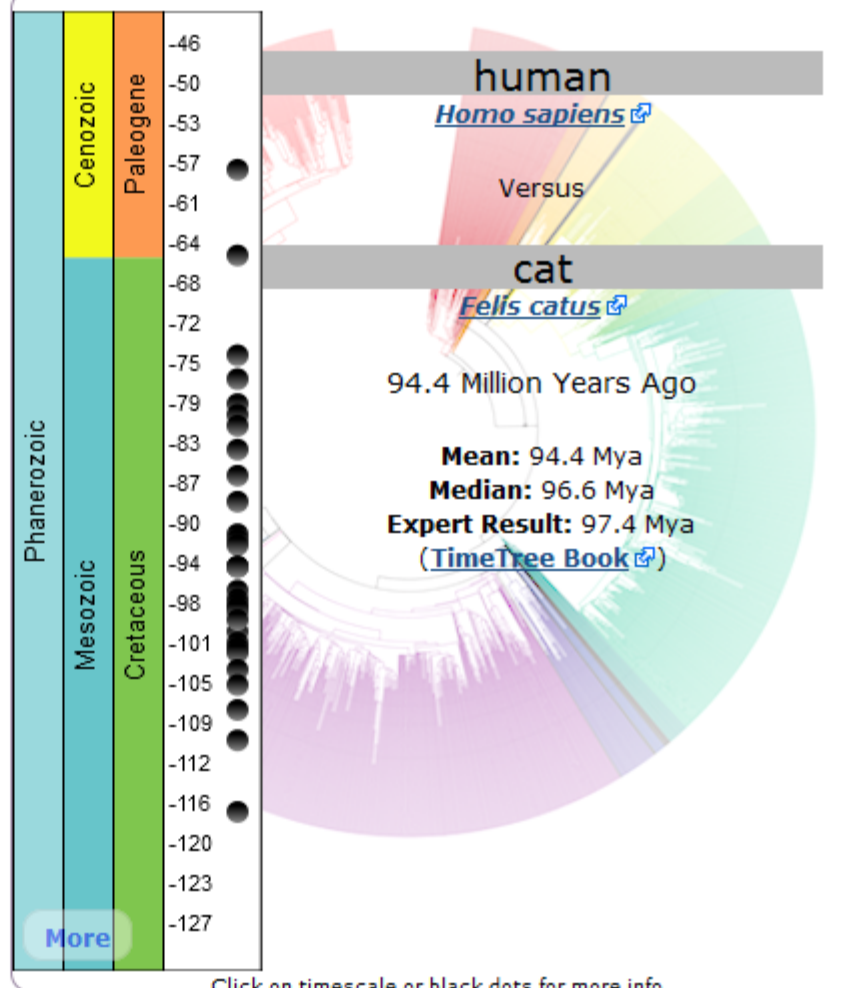
Hedges SB, Dudley J & Kumar S (2006)
TimeTree: a public knowledge-base of
divergence times among organisms.
Bioinformatics 22:2971-2972

[[Download PDF](#)]

Results

How It Works

Summary



Molecular Time Estimates

*Note: If you would like to suggest your publication for inclusion, and it is not yet in TimeTree (see

TimeTree Search

Find Time of Divergence

(Example: Homo sapiens, Lagomorpha, dog)

Taxon A:

human

Taxon B:

drosophila

Clear

Search

Search by Author

Last Name:

Clear

Search

Citing TimeTree:

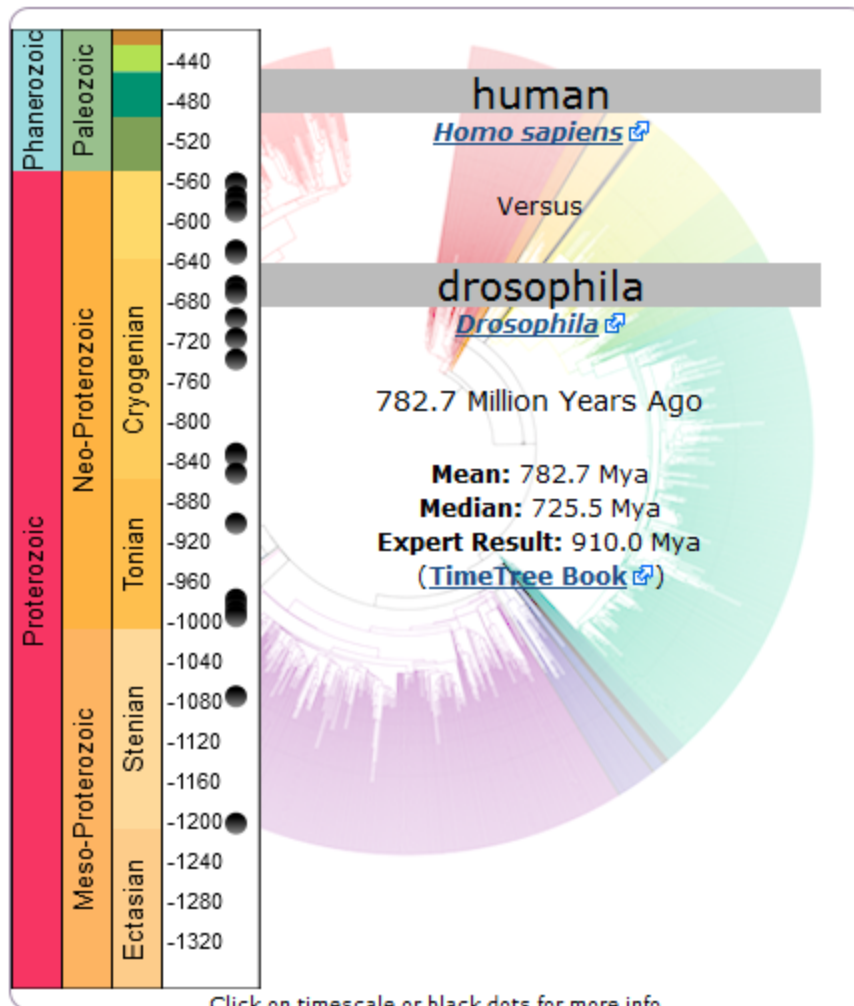
Kumar S & Hedges SB (2011)
 TimeTree2: species divergence times
 on the iPhone. *Bioinformatics*
 27:2023-2024
[\[Download PDF\]](#)

Hedges SB, Dudley J & Kumar S (2006)
 TimeTree: a public knowledge-base of
 divergence times among organisms.
Bioinformatics 22:2971-2972
[\[Download PDF\]](#)

Results

How It Works

Summary



Molecular Time Estimates

*Note: If you would like to suggest your publication for inclusion, and it is not yet in TimeTree (see [list of studies](#)), email us at timetreeoflife@gmail.com with a coded treefile containing

TimeTree Search

Find Time of Divergence

(Example: Homo sapiens, Lagomorpha, dog)

Taxon A:

Taxon B:

Search by Author

Last Name:

Citing TimeTree:

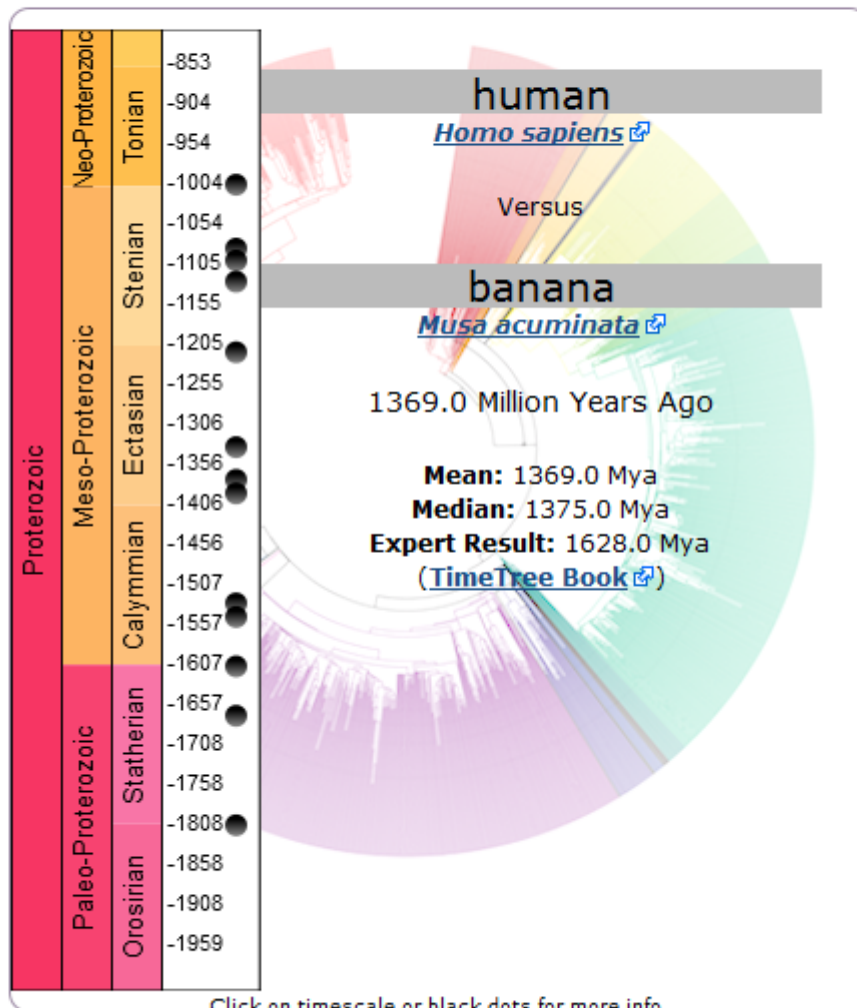
Kumar S & Hedges SB (2011)
 TimeTree2: species divergence times
 on the iPhone. *Bioinformatics*
 27:2023-2024
[\[Download PDF\]](#)

Hedges SB, Dudley J & Kumar S (2006)
 TimeTree: a public knowledge-base of
 divergence times among organisms.
Bioinformatics 22:2971-2972

Results

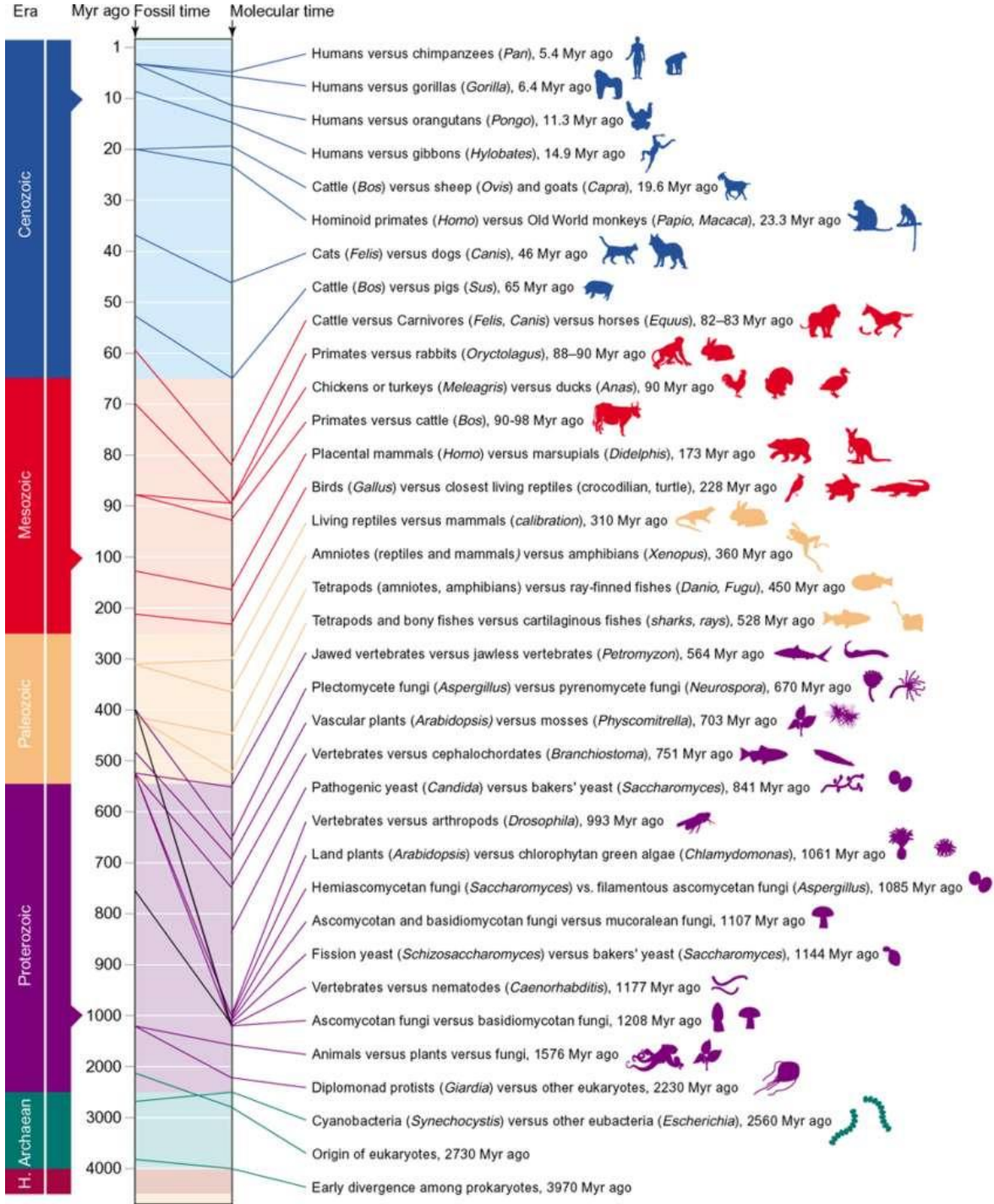
How It Works

Summary

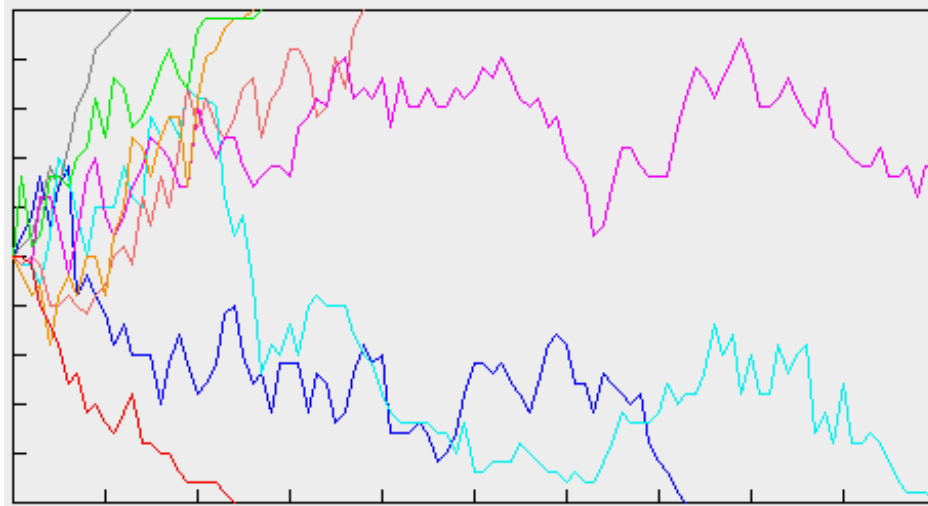


Molecular Time Estimates

Молекулярные часы и палеонтология



Дрейф генов



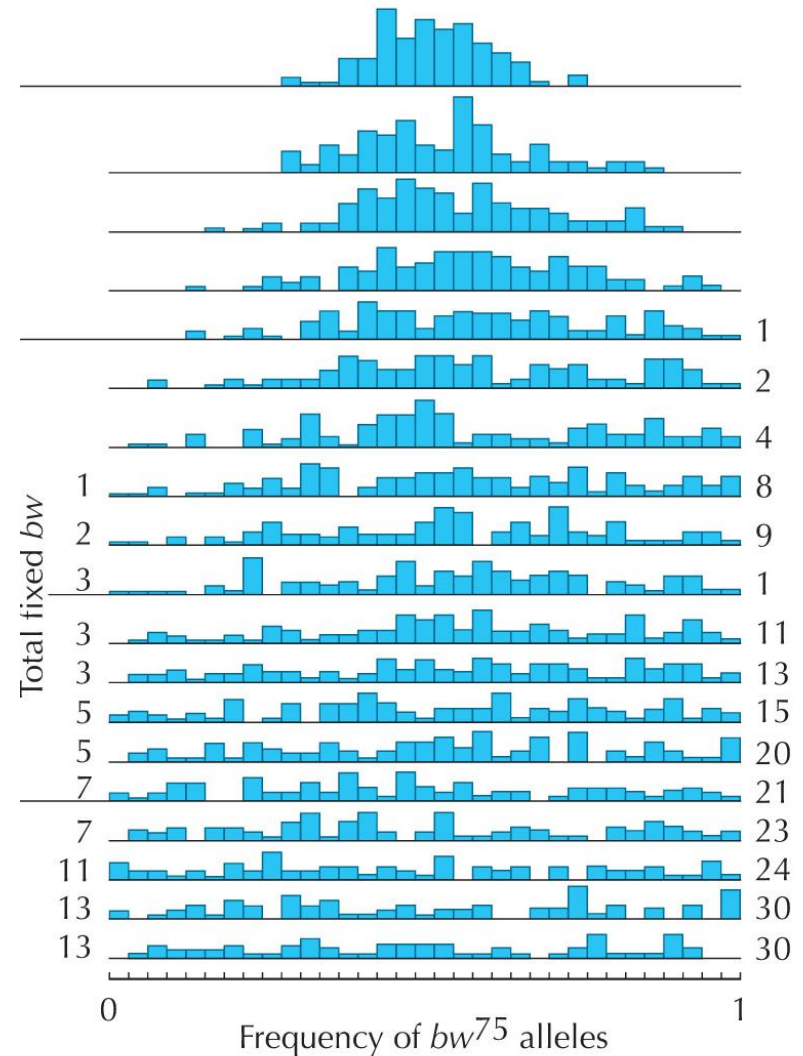
Ближний результат – случайные и ненаправленные изменения частот аллелей из поколения в поколение, которые тем сильнее, чем меньше эффективная численность. Конечный результат – фиксация одного аллеля. Уменьшение генетической изменчивости ВНУТРИ популяций и увеличение различий МЕЖДУ популяциями.

Дрейф и отбор

Дрейф и отбор

Моделирование на популяциях дрозофилы

- Условия опыта
 - 100 популяций по 4 самца 4 самки
 - Исходная частота аллеля $bw = 0.5$
 - В каждом поколении случайно выбирали в качестве родителей по 4 самца 4 самки
 - У носителей bw снижена приспособленность
- Через 20 поколений bw был утрачен в 13 популяциях, фиксирован в 30, остальные имели разные частоты bw



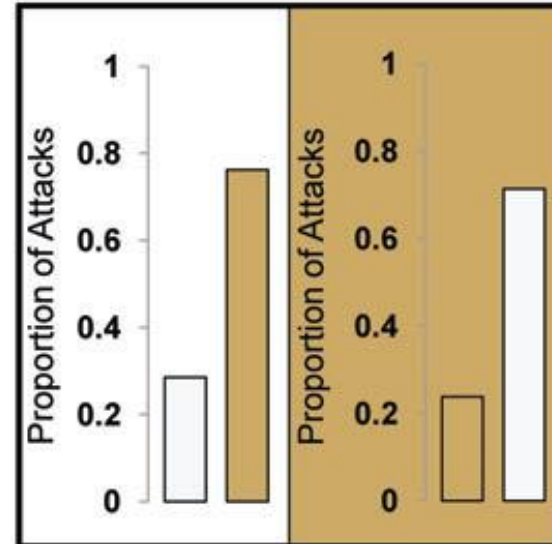
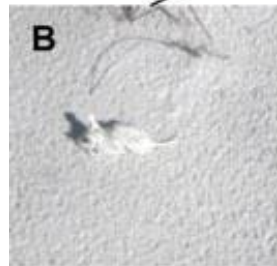
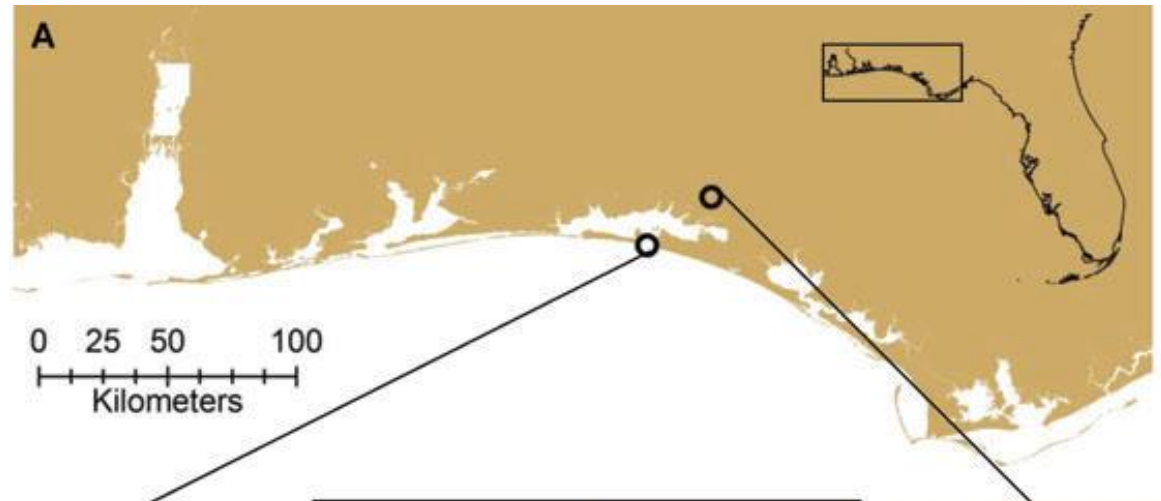
Относительная приспособленность генотипа

- среднее число выживших потомков данного генотипа по сравнению со средним числом выживших потомков лучшего генотипа.

Естественный отбор

Относительная приспособленность w

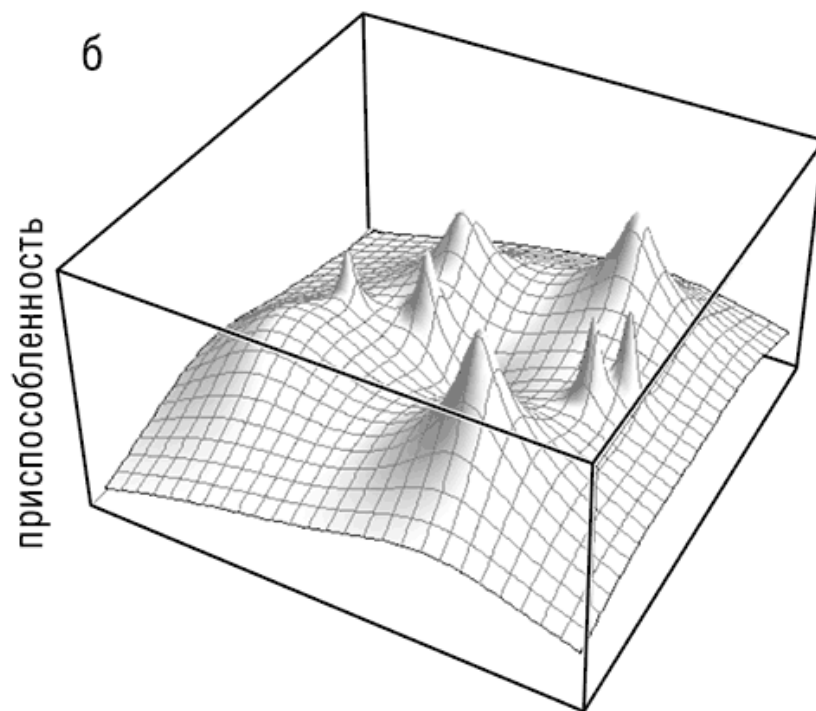
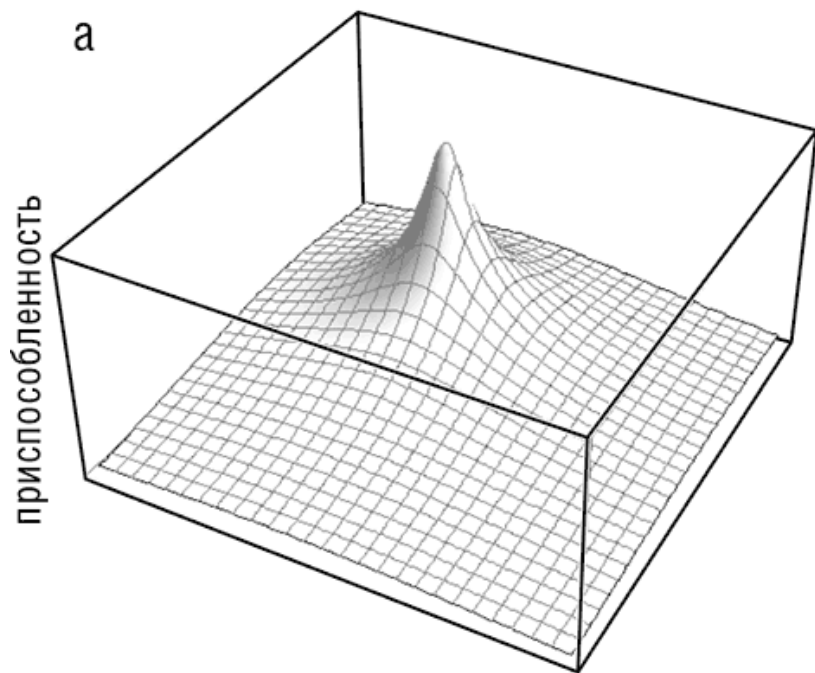
% HE атак	w
70	1
30	0.43



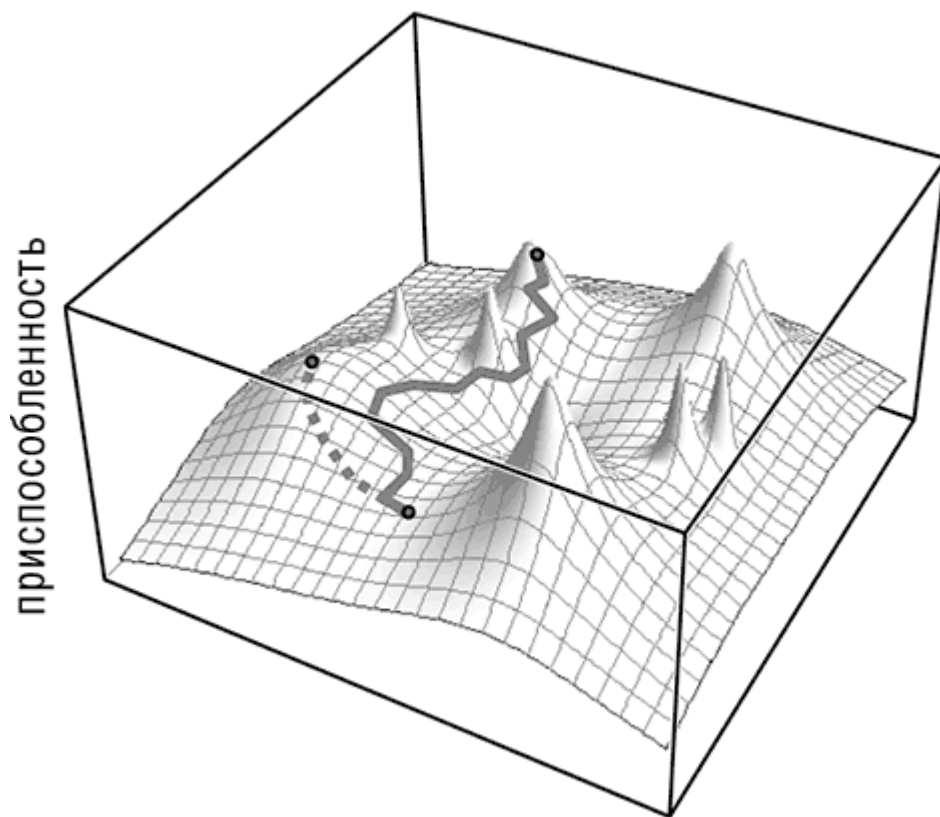
Отбор и дрейф

- F - приспособленность
 - $s = w_{A1} - w_{A2}$ - коэффициент отбора
 - $s > 0$ – полезная мутация
 - $s < 0$ – вредная мутация
-
- $1/Ne \gg |s|$ – почти нейтральная эволюция, направляемая дрейфом
 - $1/Ne \ll |s|$ – адаптивная эволюция, направляемая отбором
 - $1/Ne \sim |s|$ – комбинированный режим

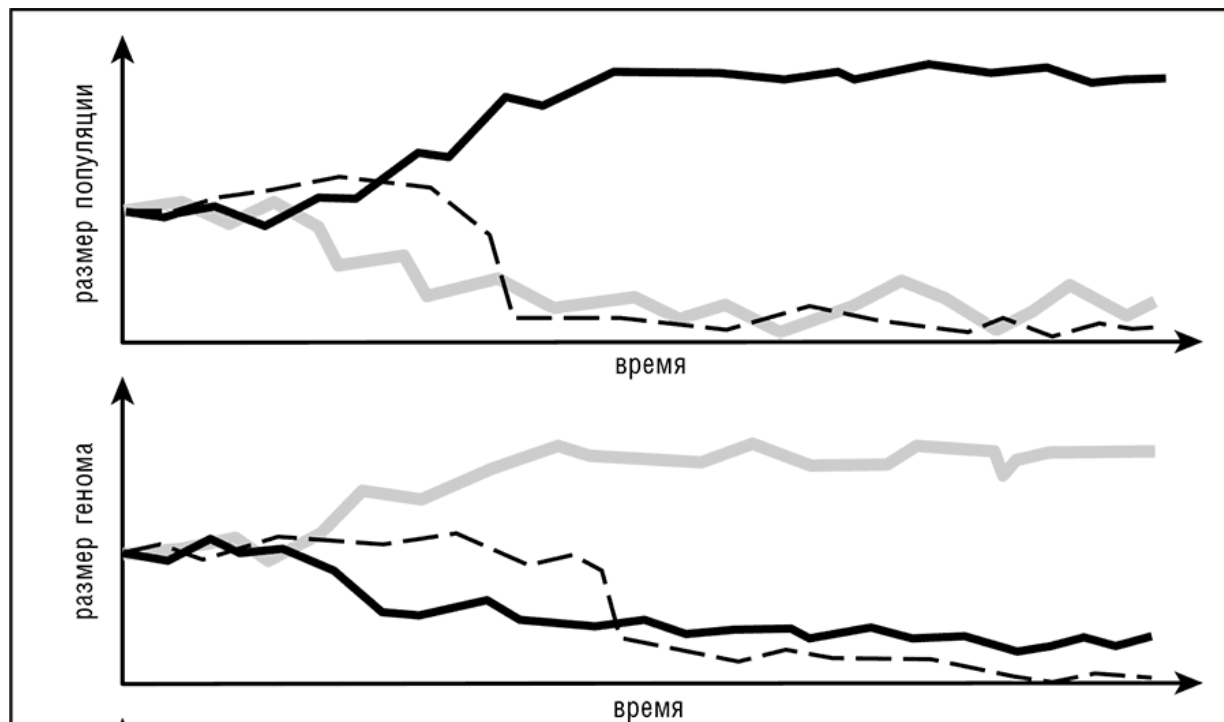
туПИКИ адаптивного ландшафта



Дрейф и выход из адаптивного тупика



Дрейф и макроэволюция



- прокариоты
- эукариоты
- - паразиты

Если $F_{st}=0$,

- т.е. соотношение частот генотипов в популяции однозначно определяется частотами аллелей и соответствует уравнению Харди-Вайнберга

$$p^2+2pq+q^2$$

- **то в такой популяции**

Нет избирательного скрещивания (панмиксия)

Не возникают мутаций

Нет мейотического драйва (расхождение хромосом у гетерозигот 1:1)

Нет миграций (изолированная популяция)

Нет дрейфа (бесконечная численность)

Нет отбора (равная приспособленность)

Отбор

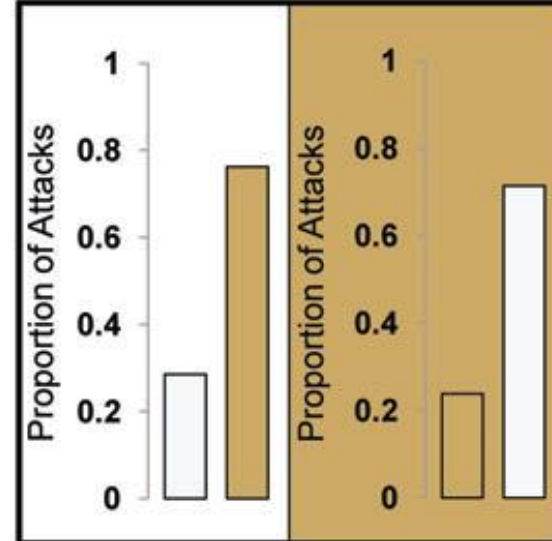
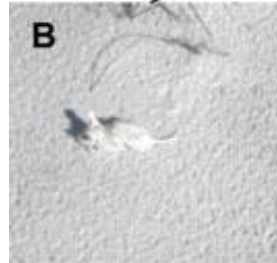
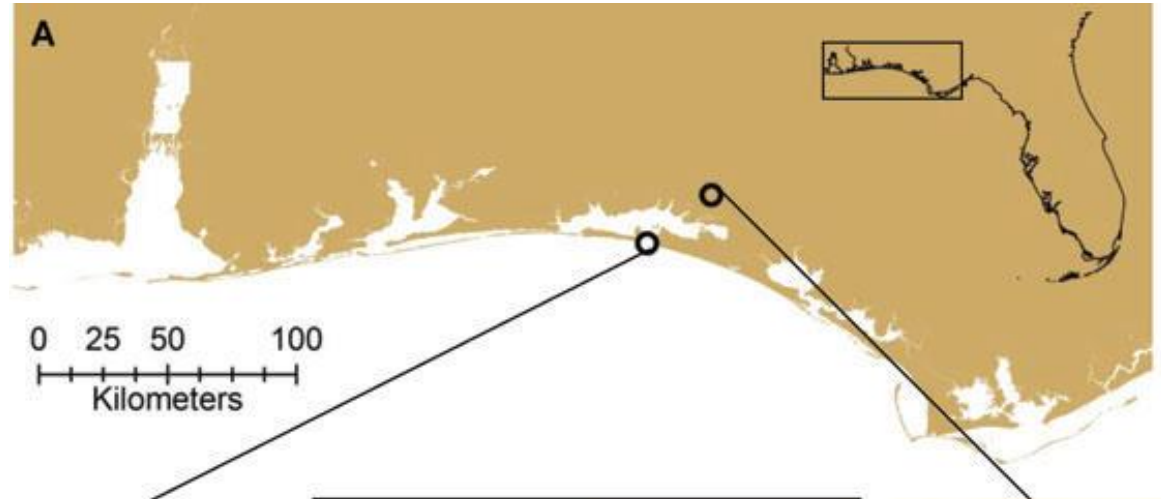
Относительная приспособленность генотипа

- среднее число выживших потомков данного генотипа по сравнению со средним числом выживших потомков лучшего генотипа.

Естественный отбор

Относительная приспособленность w

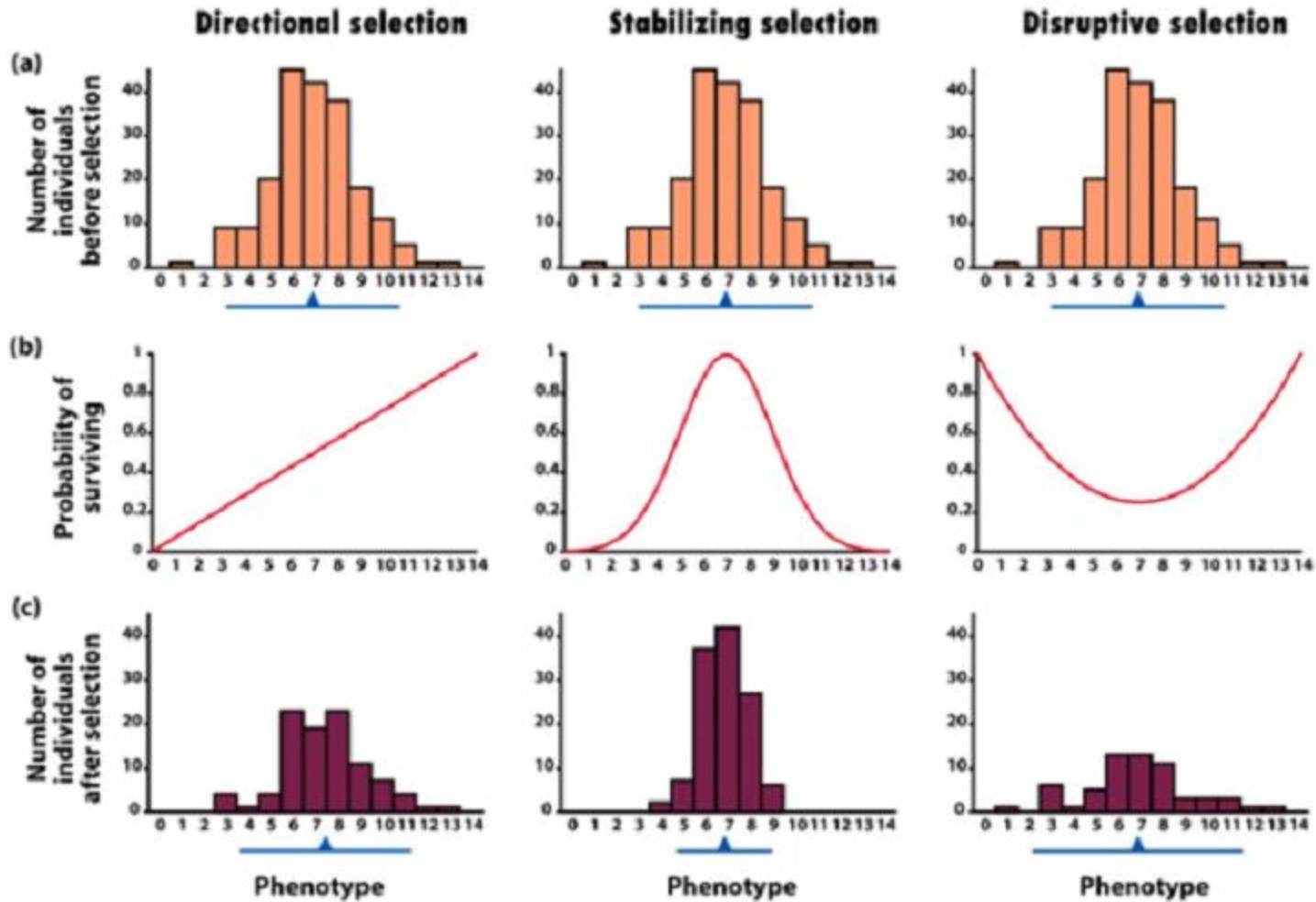
% HE атак	w
70	1
30	0.43



Относительная приспособленность генотипов и формы отбора

AA	Aa	aa	Отбор
1	1	1	нет
1	1	<1	движущий
1	<1	$<<1$	движущий
<1	1	<1	стабили- зирующий
1	<1	1	дизруп- тивный

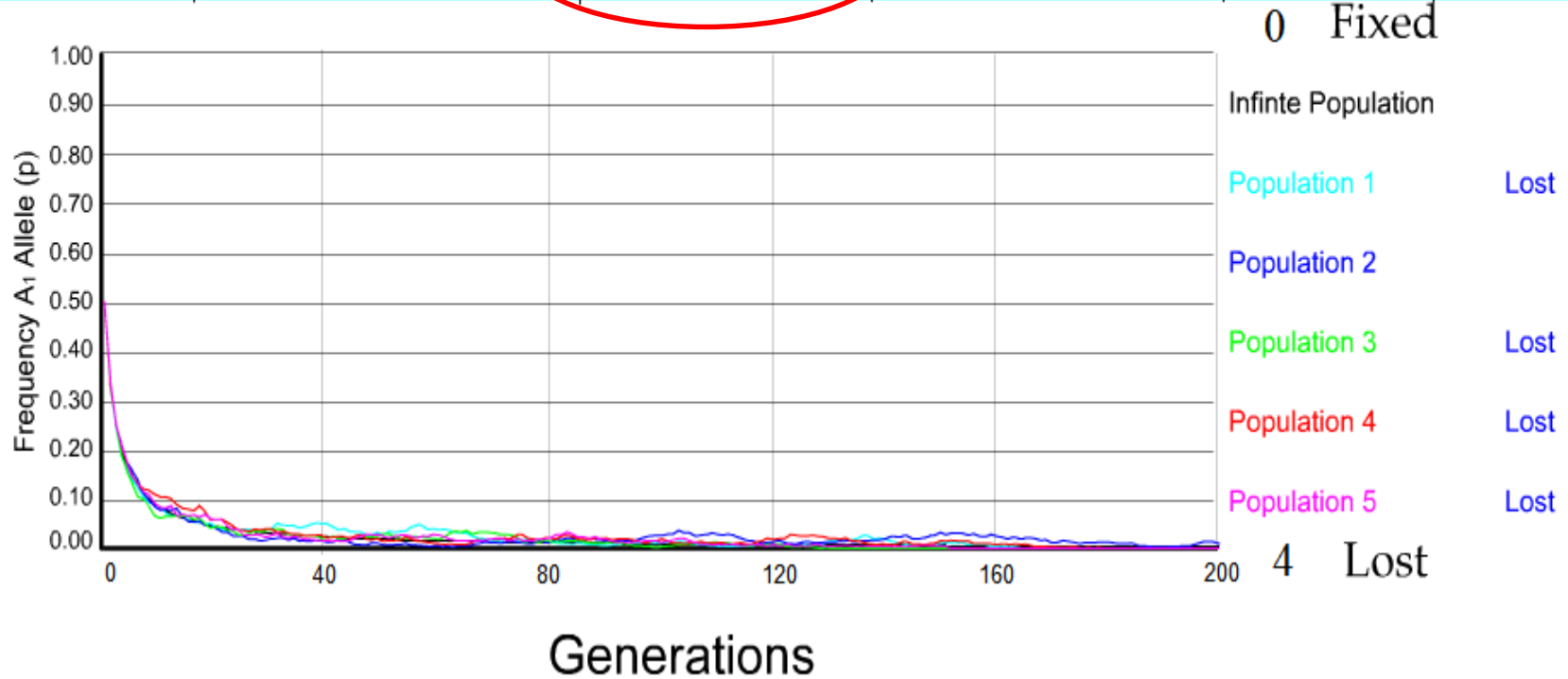
Относительная приспособленность генотипов и формы отбора



Отбор

Движущий отбор против рецессивного летального аллеля

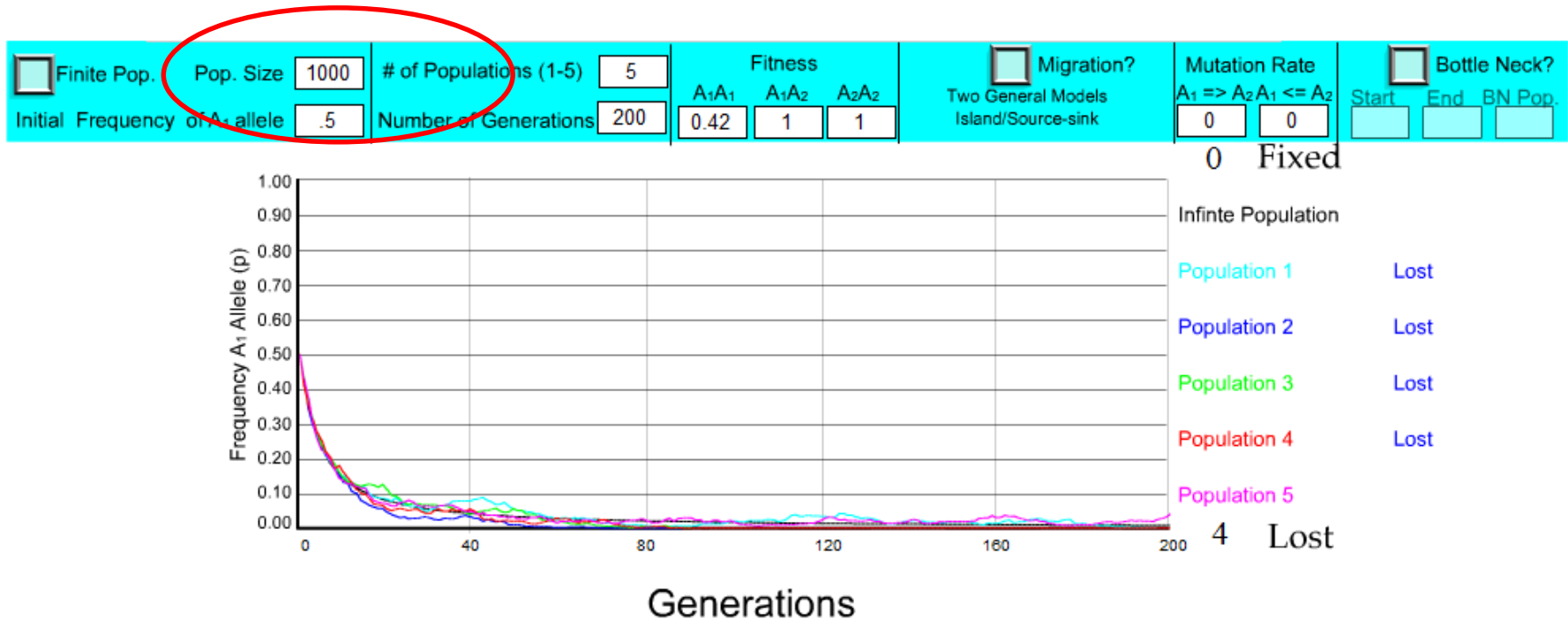
Finite Pop.	Pop. Size	1000	# of Populations (1-5)	5	Fitness			<input type="checkbox"/> Migration?	Mutation Rate	<input type="checkbox"/> Bot	
	Frequency of A ₁ allele	0.5	Number of Generations	200	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	Two General Models Island/Source-sink	A ₁ => A ₂ A ₁ <= A ₂	Start	End
					0	1	1		0		



Ближний результат – снижение частоты

Конечный результат – утрата аллеля, но ОЧЕНЬ медленно

Движущий отбор против рецессивного аллеля = в пользу доминантного аллеля



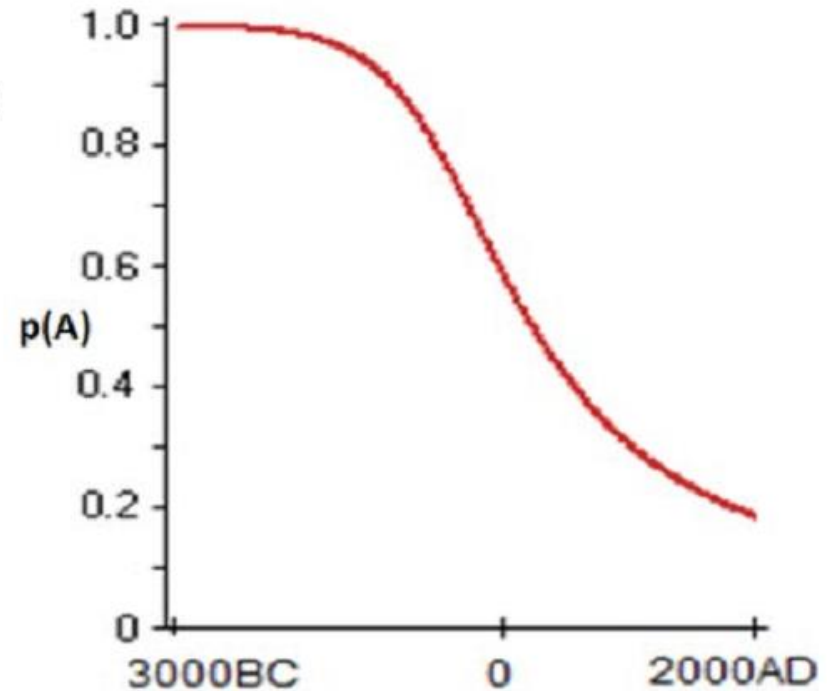
Окраска у мышей – отбор птицами

Ближний результат – снижение частоты

Конечный результат – утрата аллеля, но ОЧЕНЬ медленно

Отбор на способность переваривать лактозу (tolerant)

- Fitness of “AA” (intolerant) is 0.95
- Fitness of “Aa” and “aa” (tolerant) is 1.00
- Time: 5000 years
- All were “AA” and then new mutation (a) arose in Africa ~5000 years ago

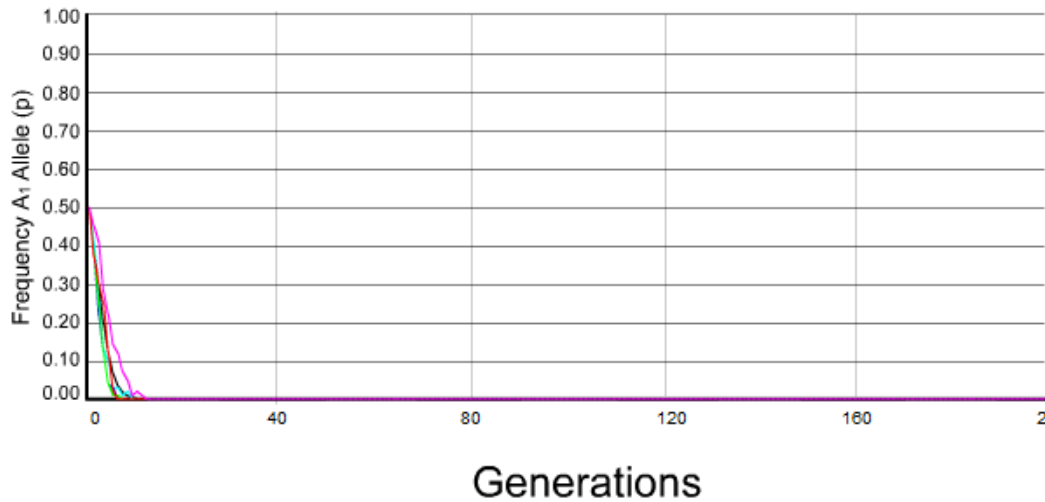


Отбор

Движущий отбор против доминантного полу-летального аллеля

3 people like this. Be the first of your friends.

<input type="checkbox"/> Finite Pop.	Pop. Size <input type="text" value="50"/>	# of Populations (1-5) <input type="text" value="5"/>	Fitness			<input type="checkbox"/> Migration?	Mutation Rate	<input type="checkbox"/> Bottle Neck?			
Initial Frequency of A ₁ allele <input type="text" value="0.5"/>	Number of Generations <input type="text" value="200"/>		A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	Two General Models Island/Source-sink	A ₁ => A ₂	A ₁ <= A ₂	Start	End	BN Pop.
			<input type="text" value="0.5"/>	<input type="text" value="0.5"/>	<input type="text" value="1"/>		<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>



0 Fixed Mean Generations to Fixation = NaN

Infinte Population

Population 1 Lost

Population 2 Lost

Population 3 Lost

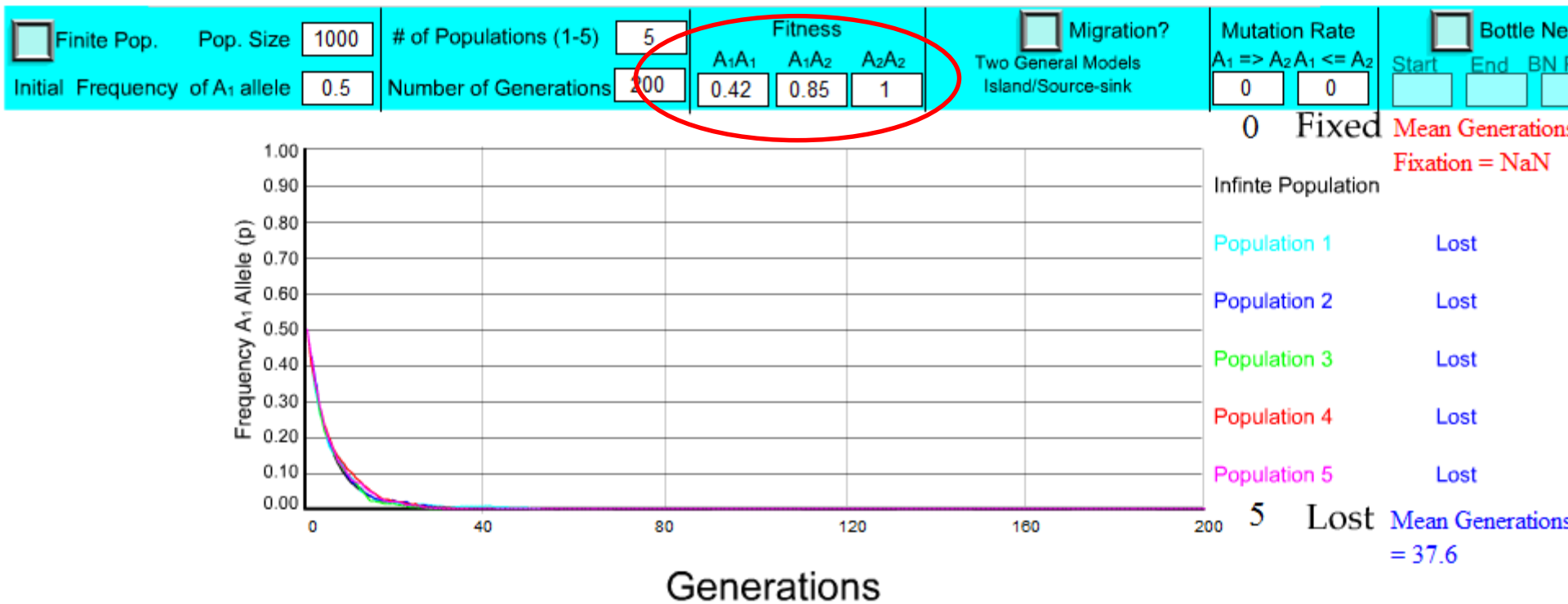
Population 4 Lost

Population 5 Lost

5 Lost Mean Generations to Loss = 8

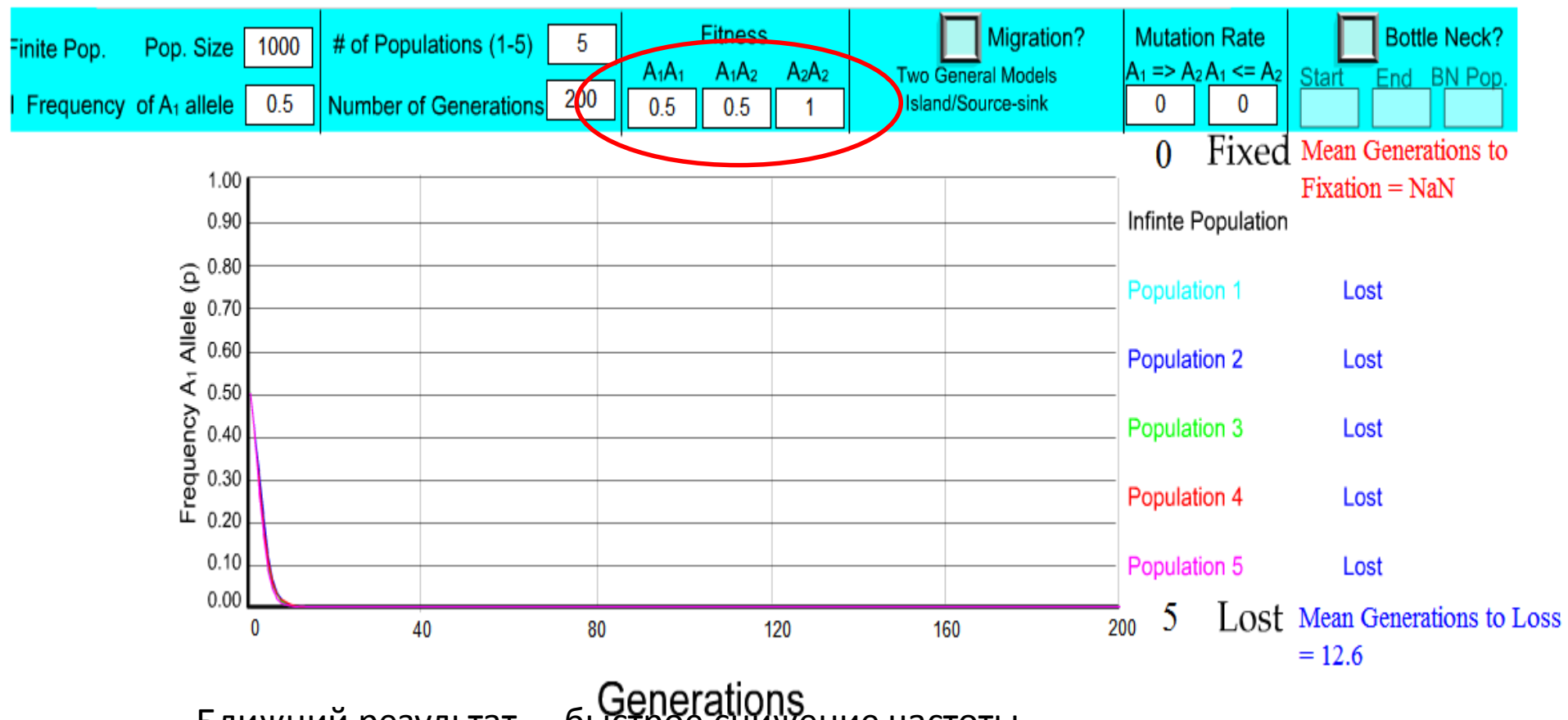
Отбор

Движущий отбор против аддитивного аллеля



Ближний результат – снижение частоты
Конечный результат – утрата аллеля

Движущий отбор против доминантного аллеля

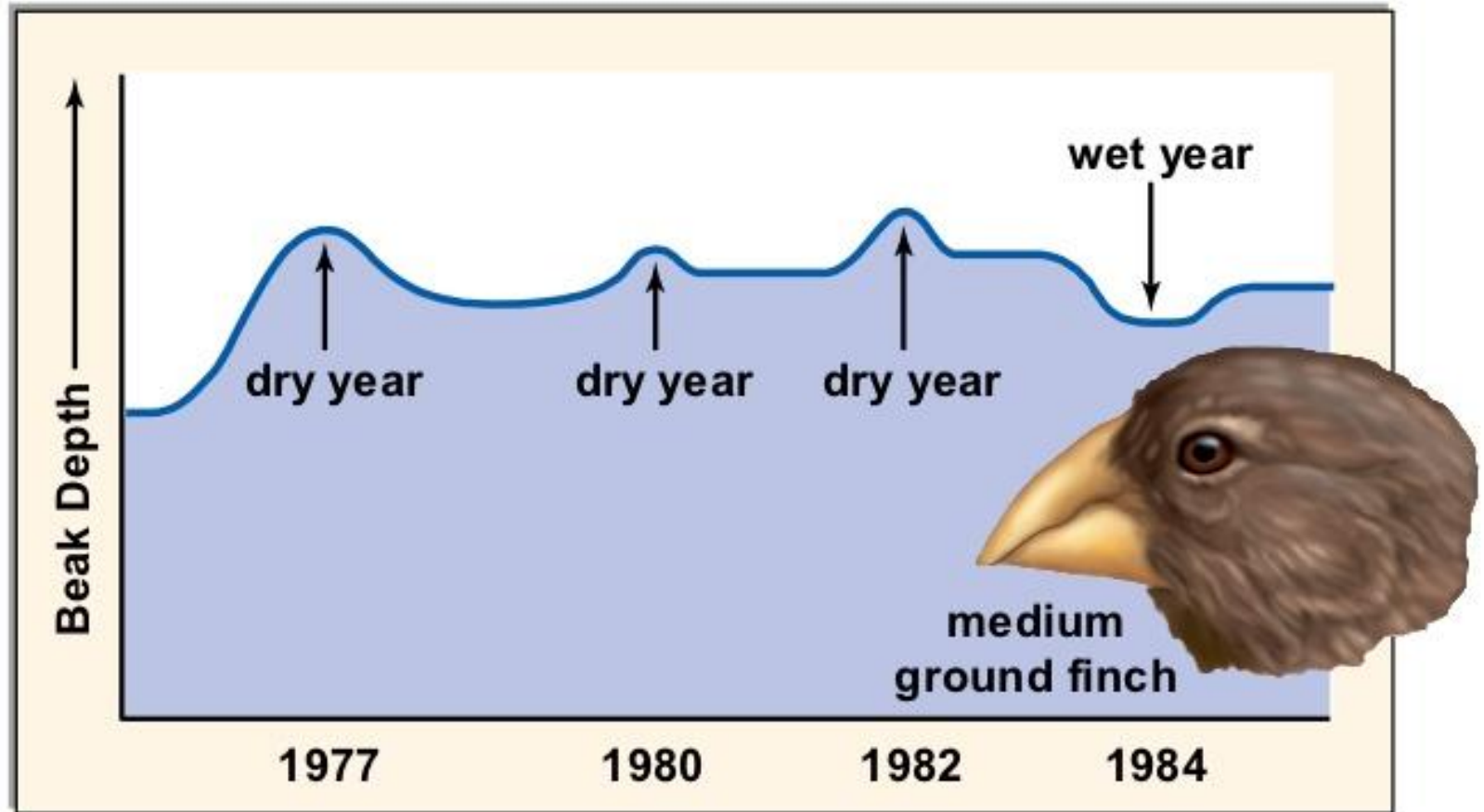


Ближний результат – быстрое снижение частоты
 Конечный результат – быстрая утрата аллеля

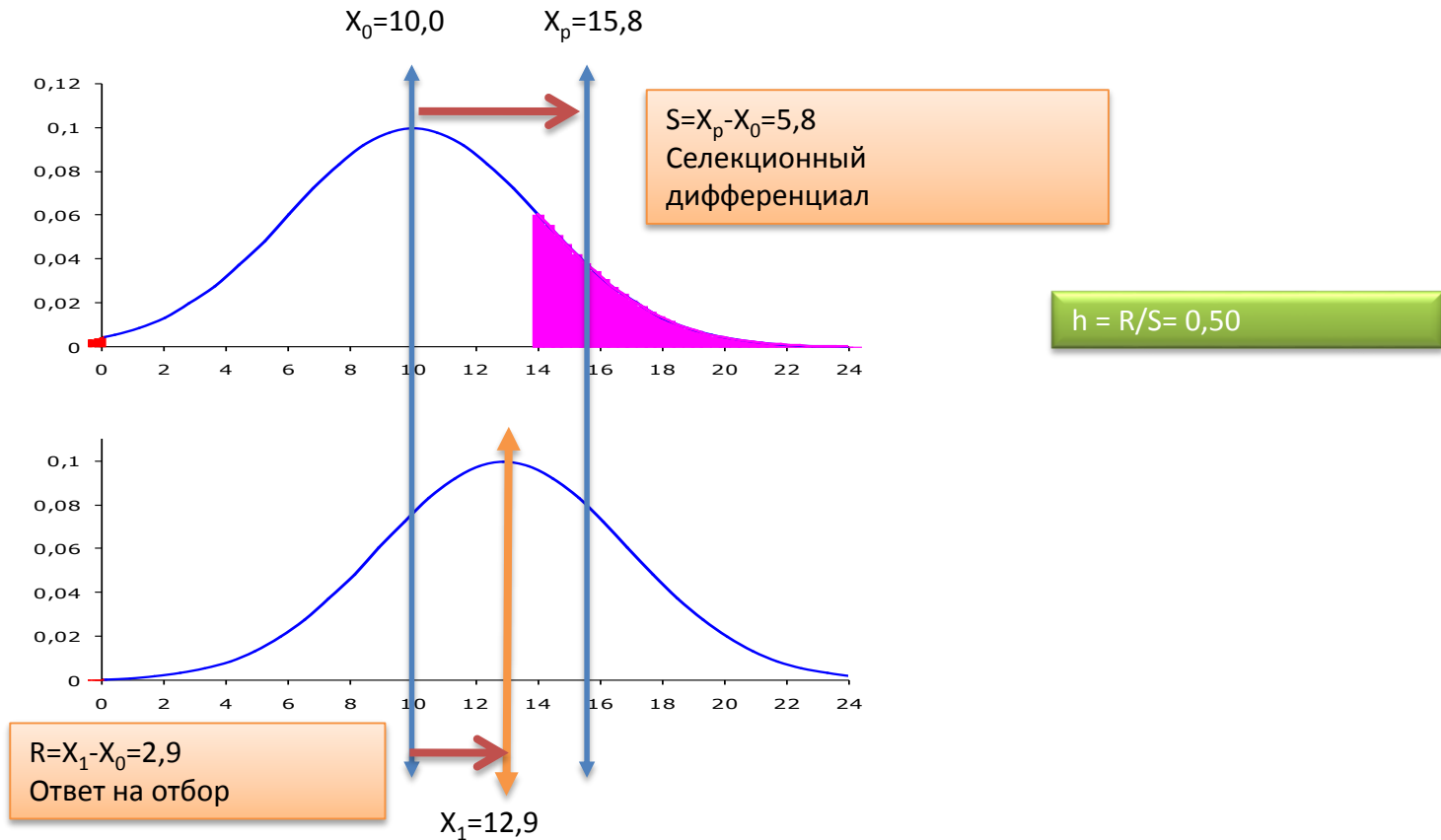
Движущий отбор по полигенным признакам

Figure 13A.2 The beak depth of a ground finch varies from generation to generation, according to the weather

Copyright © The McGraw-Hill Companies, Inc. Permission required for reproduction or display.

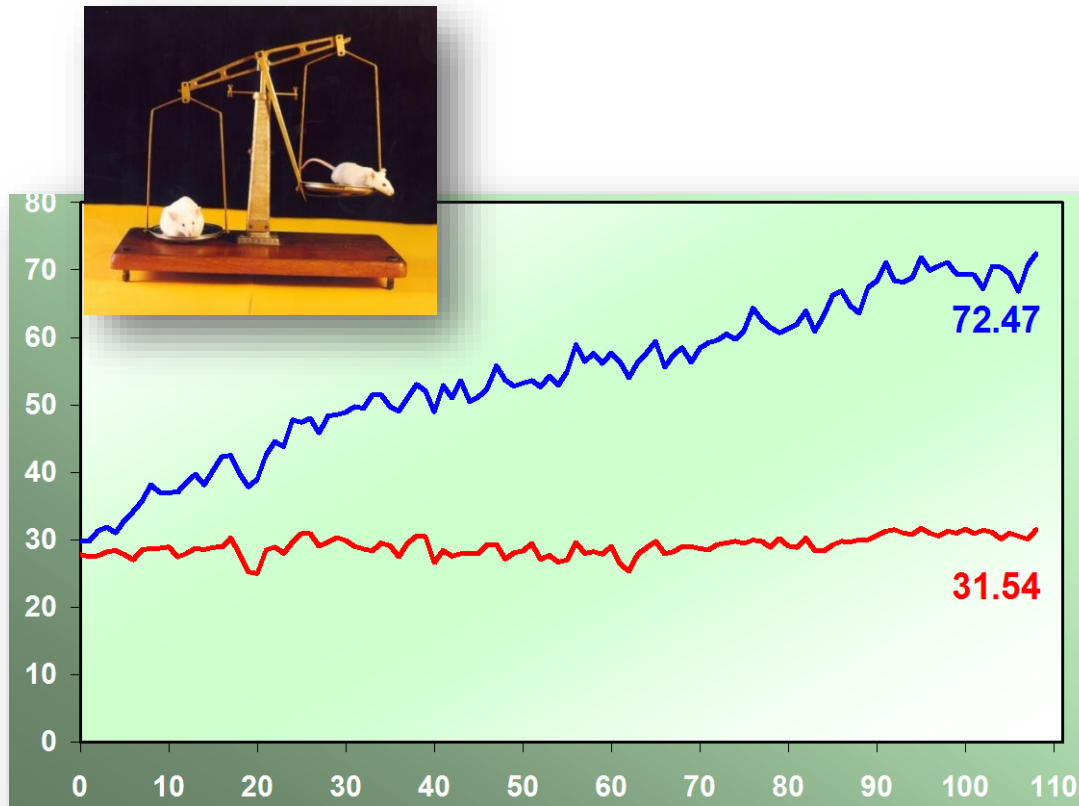


Отбор по полигенным признакам (см. подробности про наследуемость в лекции 2)

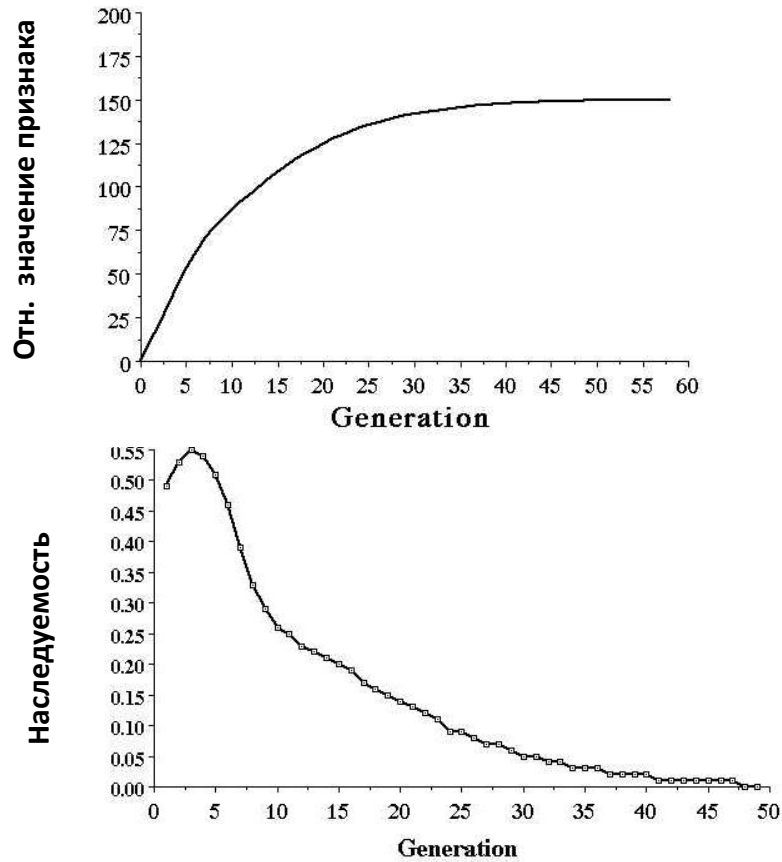


отбор в гетерогенной популяции

Отбор по массе тела



Селекционное плато



Преодоление плато



Кроссинговер



Мутации

Наследуемость

- Зависит от генетической истории
 - нейтральность
 - стабилизирующий отбор
 - движущий отбор
 - инбридинг
- Зависит от внешней среды
 - однородная
 - разнообразная

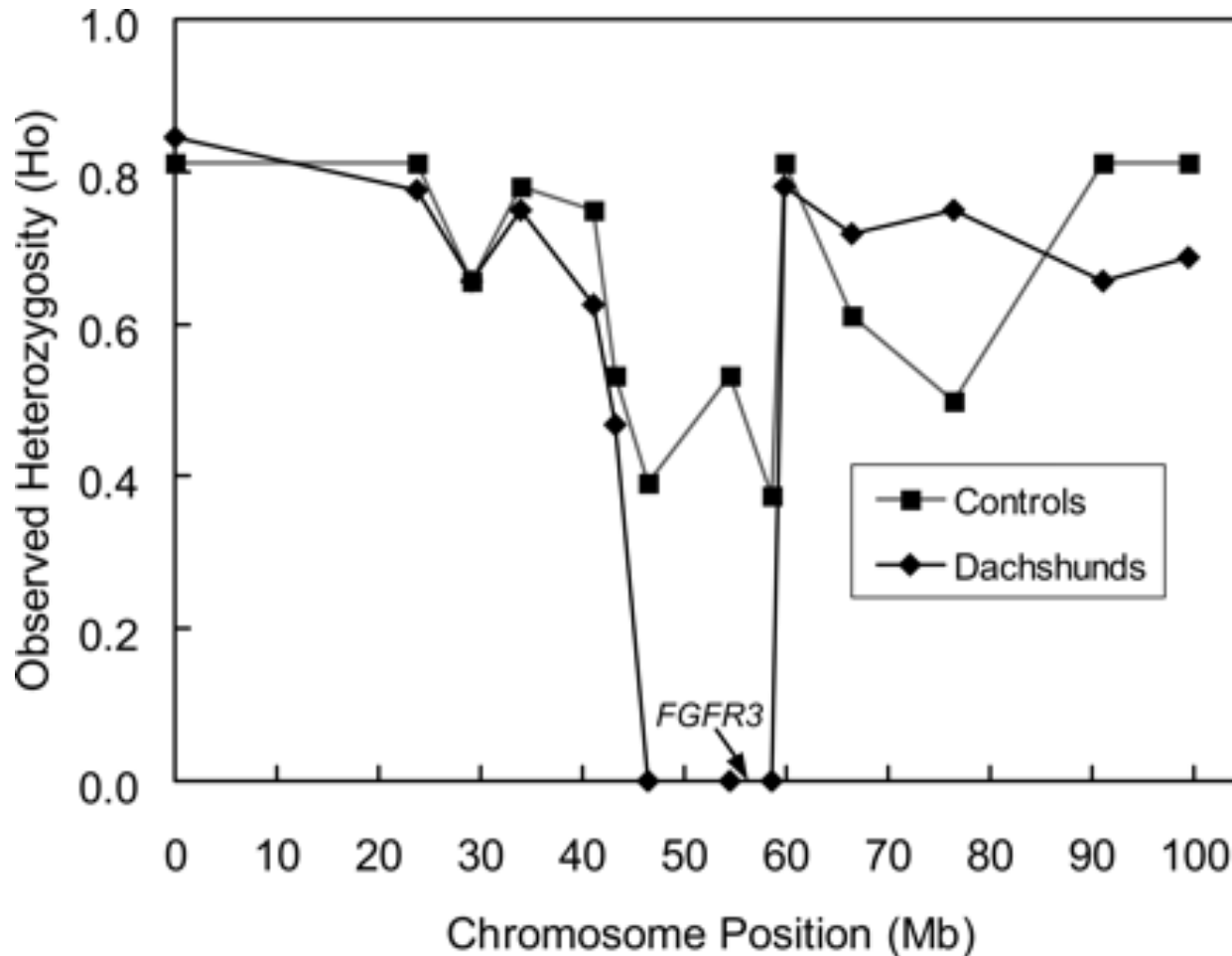
Теорема Фишера

- Скорость увеличения средней приспособленности популяции прямо пропорциональна аддитивной дисперсии по приспособленности (наследуемости)

Движущий отбор ведет к обеднению генетической изменчивости

- π - мера генетического разнообразия последовательностей
 - π - средняя доля несовпадений при попарном сравнении N последовательностей
 - AGC TAT ATT CAT CAC GGG TT
 - AGT TAT ATT CAC CAC GGA TT
 - AGC TAT ATT CAT CAC GGG TT
- } 3
} 3
} 0
- $\pi = (3+3+0)/3 = 2$
 - π на последовательность = $2/20 = 10\%$

Низкая гетерозиготность в небольшом районе с
высокой рекомбинацией
- Недавняя селективная зачистка



Низкое лв районе отбора

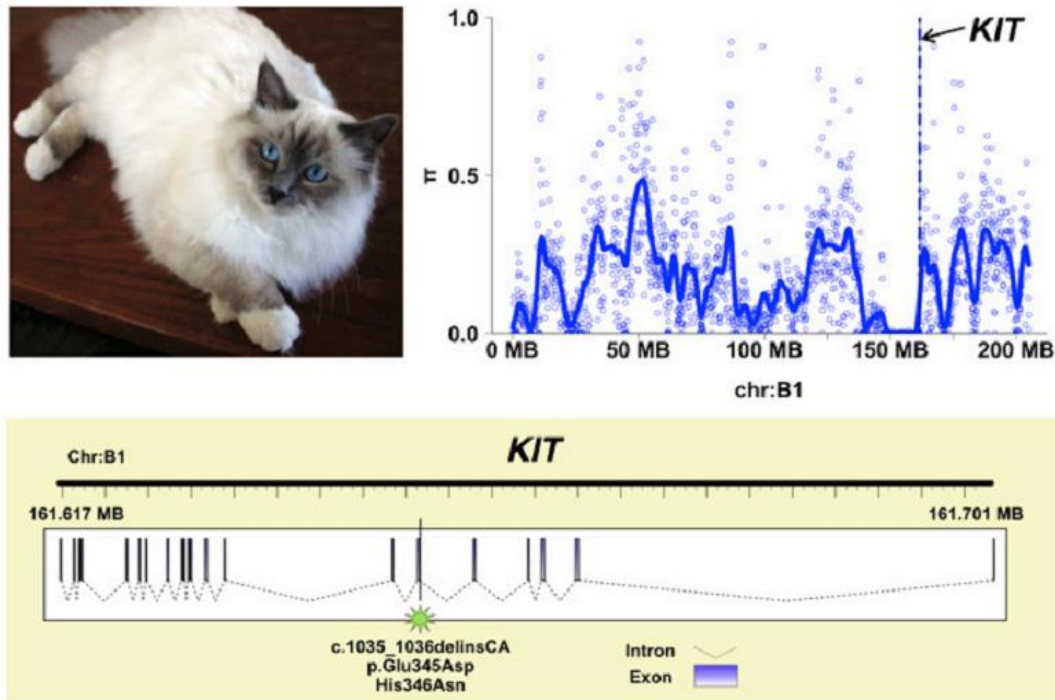
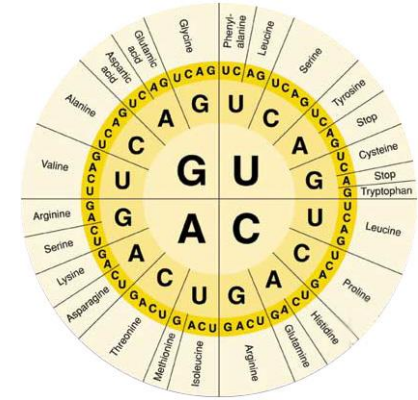


Fig. 4. Genetics of the gloving pigmentation pattern in the Birman cat. The paws of the Birman breed (*Top Left*) are distinguished by white gloving. The average nucleotide diversity adjacent to *KIT* was low (*Top Right*). Sequencing experiments identified two adjacent missense mutations within exon 6 of *KIT* that were concordant with the gloving pattern in Birman cats (*Bottom*).



dN/dS как зеркало мировой эволюции

- $dN/dS=1$ - нейтральная эволюция
- $dN/dS < 1$ – стабилизирующий, очищающий отбор
- $dN/dS > 1$ – позитивный, движущий отбор

Отношение несинонимических замен к синонимическим как измеритель отбора

Заметьте – Ka/Ks
это другое название
для dN/dS

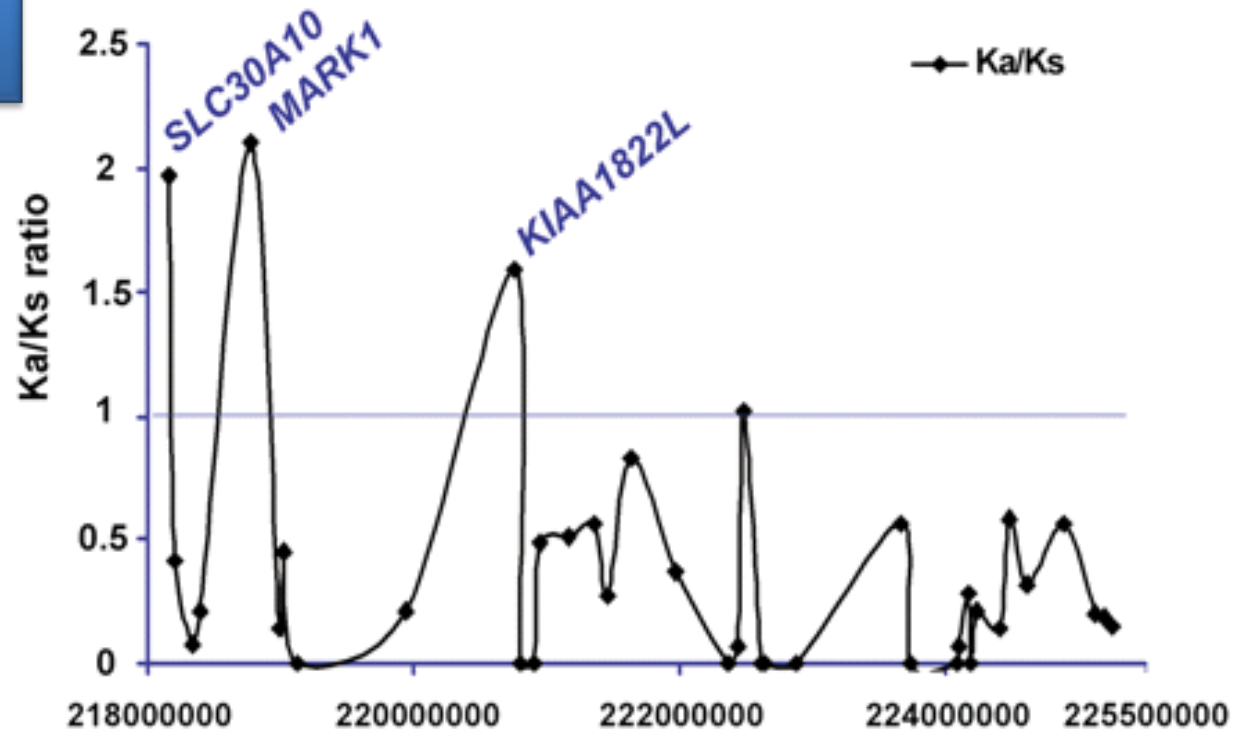
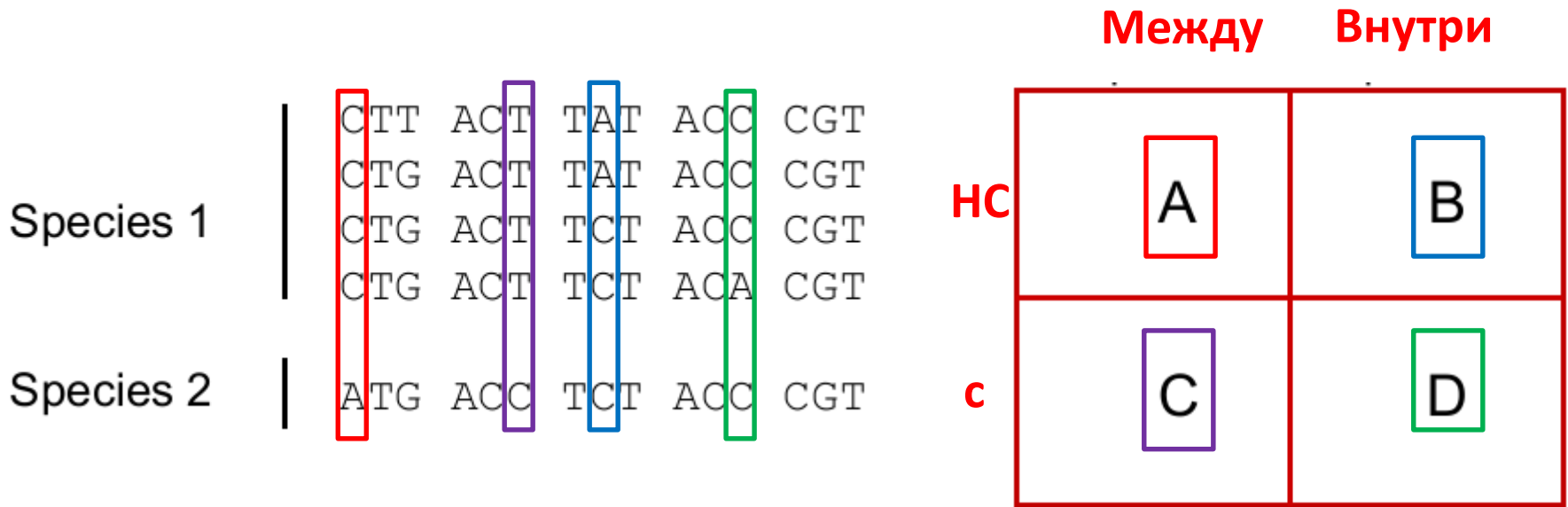


Figure 3. *MARK1* as an autism susceptibility candidate gene.

Ka/Ks ratio of the 38 genes of the chromosomal locus 1q41 associated with susceptibility to autism.

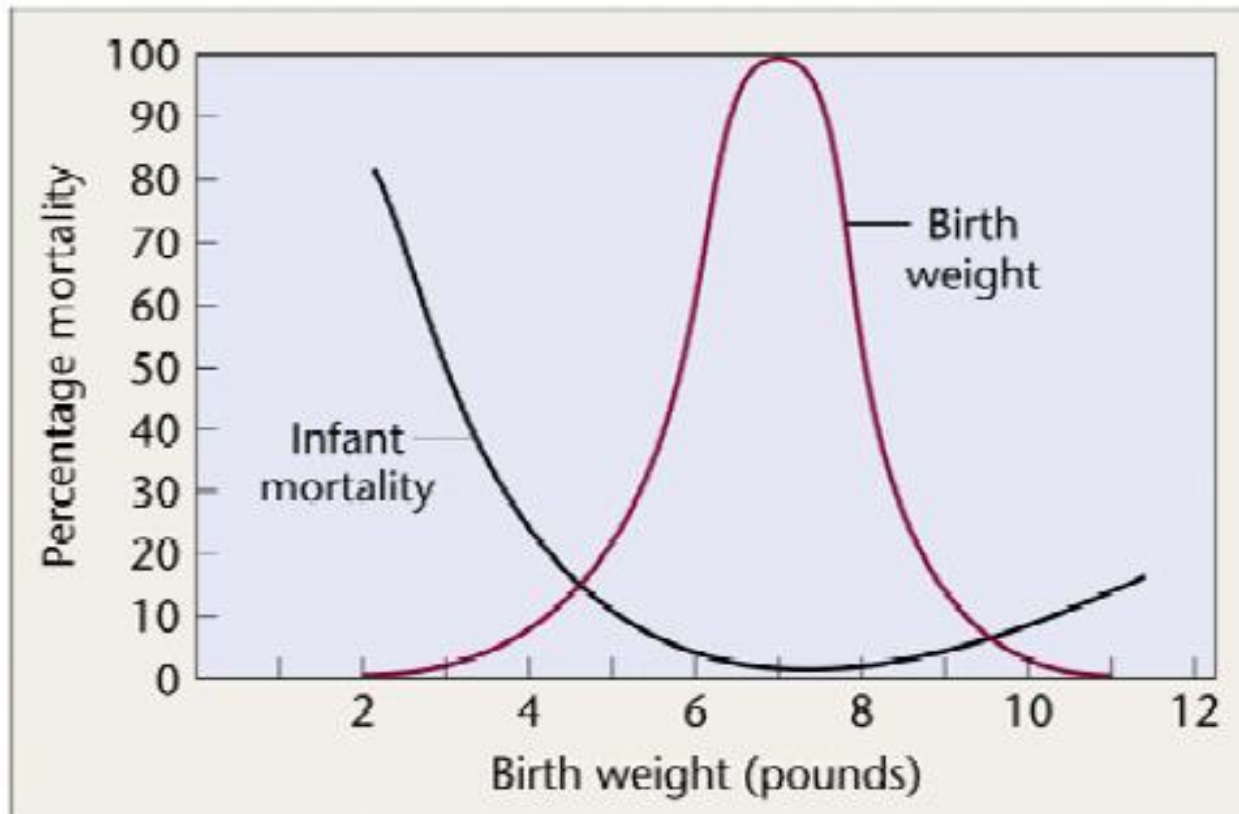
Hum. Mol. Genet. (2008) 17(16):

Тест МакДональда-Крейтмана

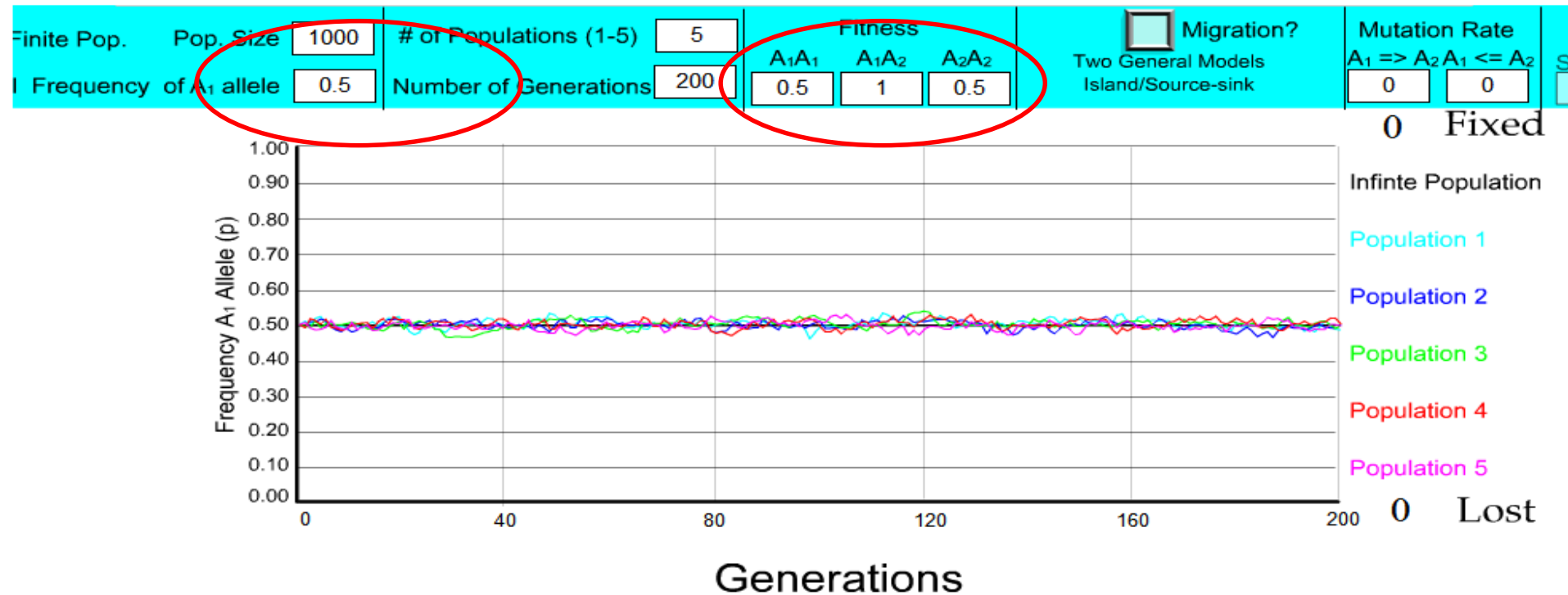


- Если все nc различия нейтральны, то $A/C = B/D$
- Если некоторые nc различия между видами были полезны, $A/C > B/D$

Стабилизирующий отбор



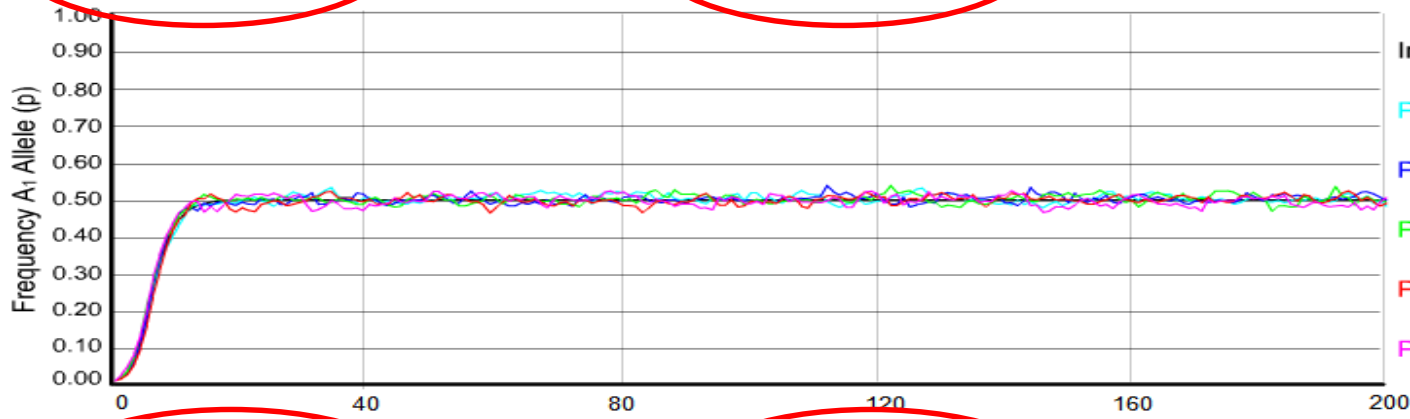
Стабилизирующий отбор - против гомозигот



Ближний результат – избыток гетерозигот
Конечный результат – формирование устойчивого полиморфизма

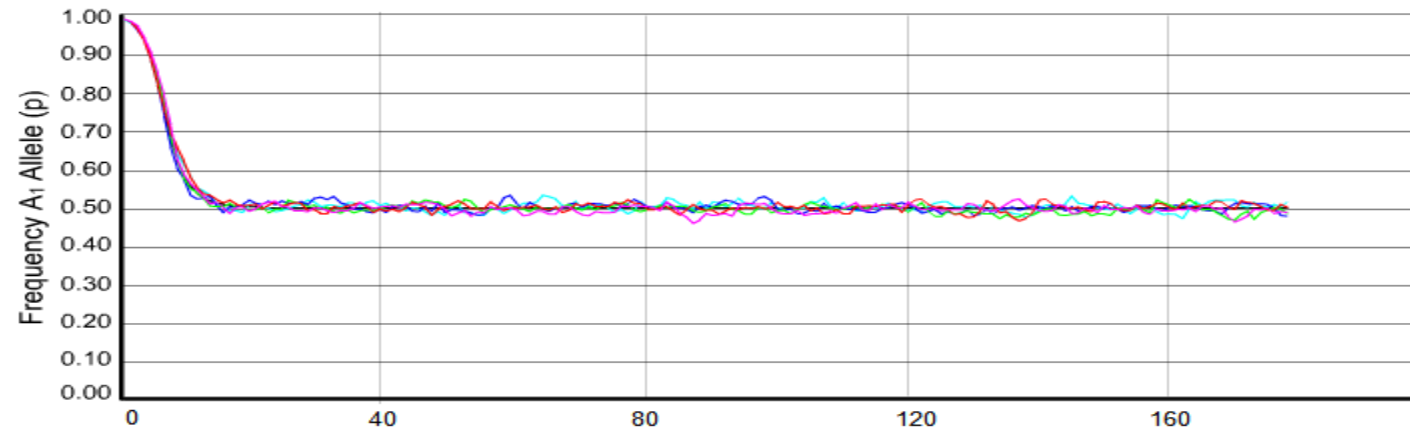
Стабилизирующий отбор

Finite Pop.	Pop. Size	1000	# of Populations (1-5)	5	Fitness			<input type="checkbox"/> Migration?	Mutation Rate	
Initial Frequency of A ₁ allele	0.01	Number of Generations	200	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	Two General Models Island/Source-sink		A ₁ => A ₂	A ₁ <=> A ₂
				0.5	1	0.5			0	0



0 Fixed
 Infinite Population
 Population 1
 Population 2
 Population 3
 Population 4
 Population 5
 0 Lost

Finite Pop.	Pop. Size	1000	# of Populations (1-5)	5	Fitness			<input type="checkbox"/> Migration?	Mutation Rate	
Initial Frequency of A ₁ allele	0.99	Number of Generations	200	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	Two General Models Island/Source-sink		A ₁ => A ₂	A ₁ <=> A ₂
				0.5	1	0.5			0	0



0 Fixed
 Infinite Population
 Population 1
 Population 2
 Population 3
 Population 4
 Population 5
 0 Lost

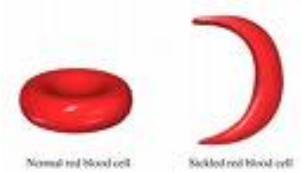
Generations

Отбор в пользу гетерозигот
серповидно-клеточная анемия
СК анемия

AA	Aa	aa	
0.85	1	0.05	СК анемия

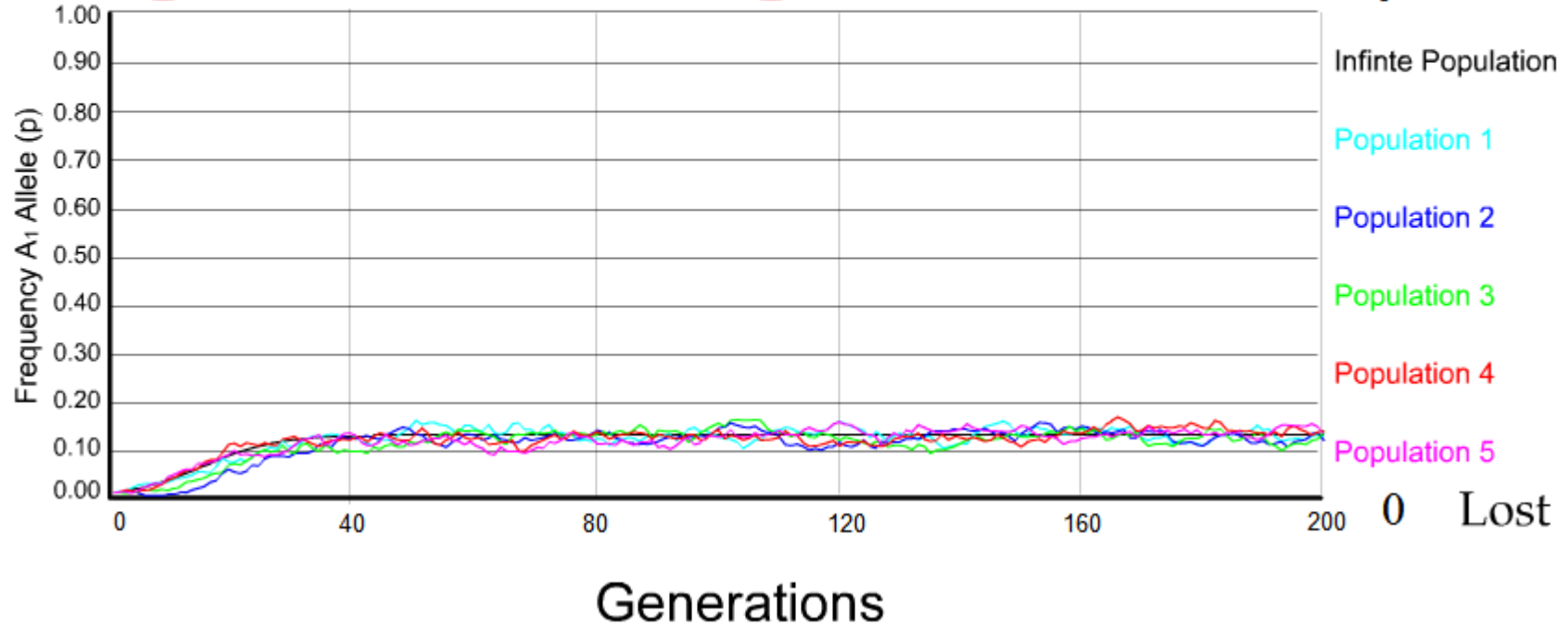
$$q(a) = \frac{1-w(AA)}{(1-w(aa)) + (1-w(AA))} \quad q(a) = \frac{1-0.85}{(1-0.05) + (1-0.85)} = 0.136$$

Равновесная частота

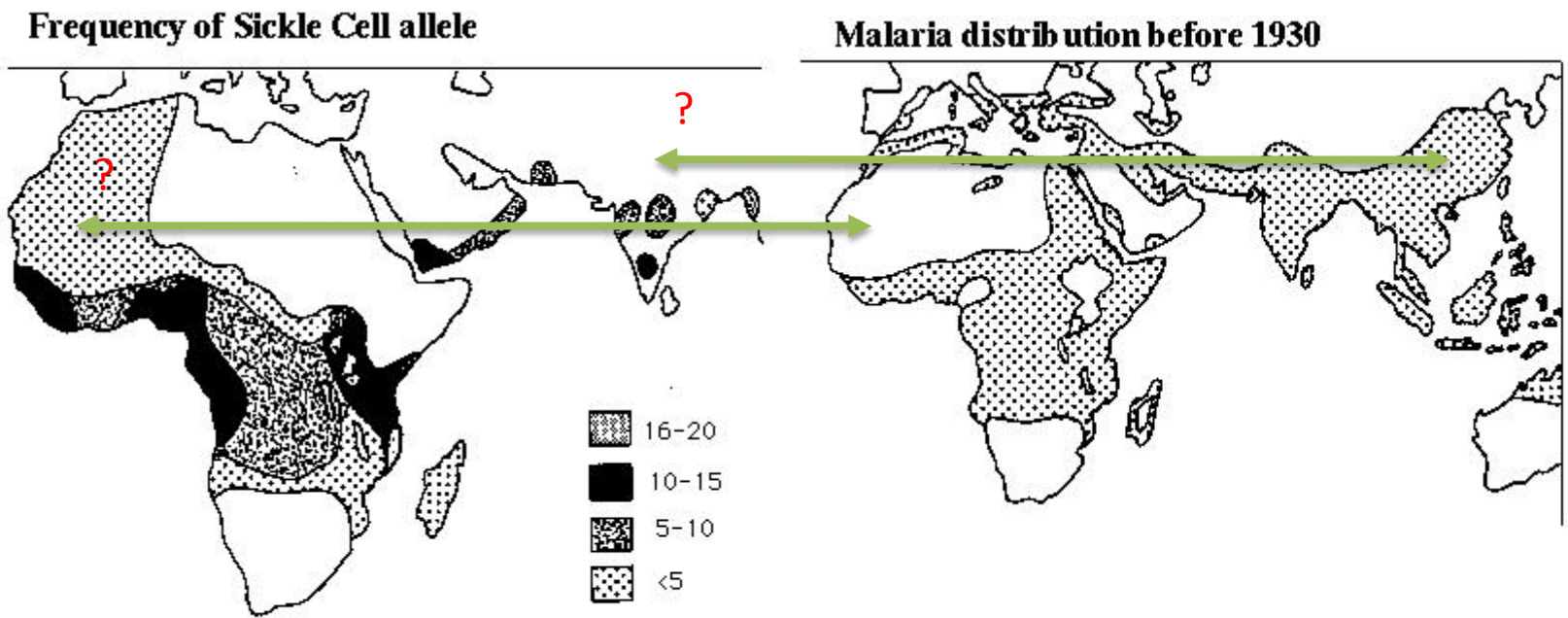


Стабилизирующий отбор против гомозигот серповидно-клеточная анемия

Pop. Size	1000	# of Populations (1-5)	5	Fitness			<input type="checkbox"/> Migration?	Mutation Rate
% of A ₁ allele	0.01	Number of Generations	200	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	Two General Models Island/Source-sink	A ₁ => A ₂ A ₁ <= A ₂
				0	1	0.85		0 0



Стабилизирующий отбор
против гомозигот
серповидно-клеточная анемия

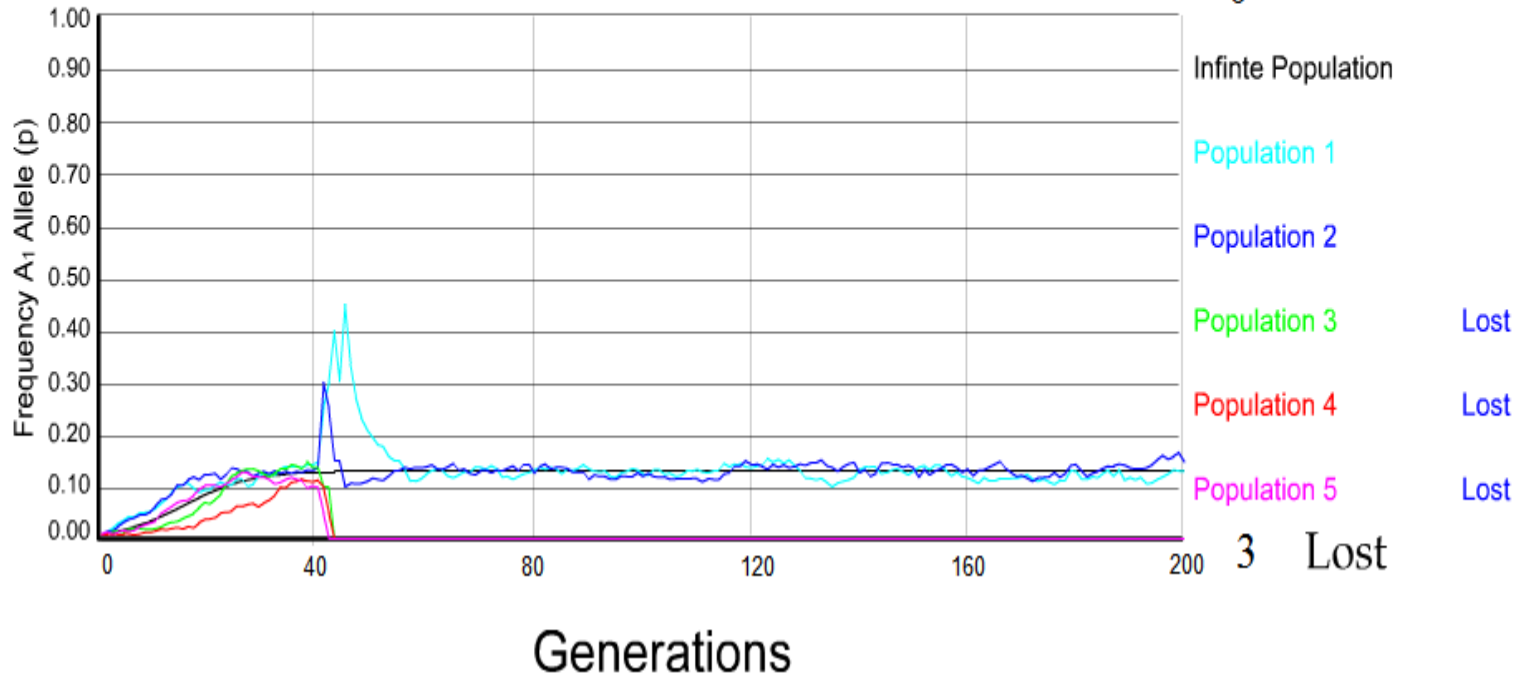


Факторы эволюции

Взаимодействие дрейфа и отбора

Стабилизирующий отбор + бутылочное горлышко

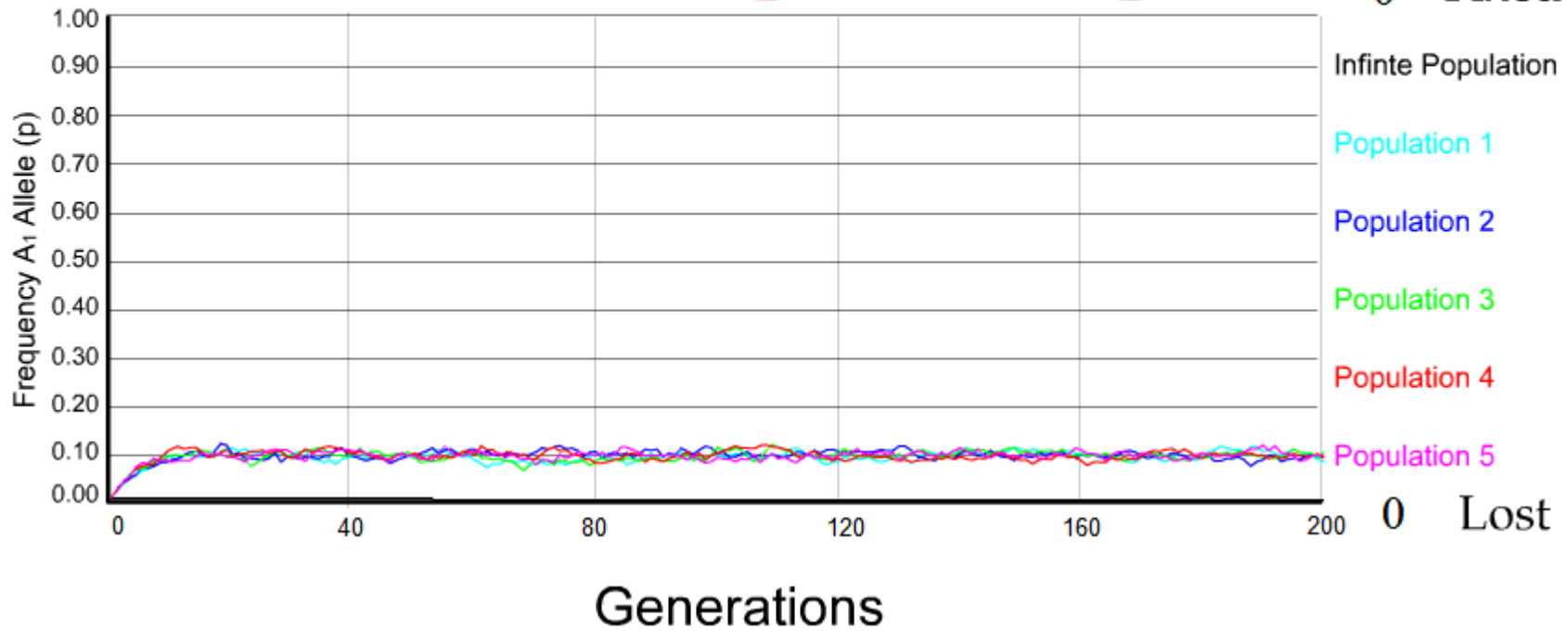
Pop. Size	1000	# of Populations (1-5)	5	Fitness			<input type="checkbox"/> Migration?	Mutation Rate	<input checked="" type="checkbox"/> Bottle Neck!			
of A ₁ allele	0.01	Number of Generations	200	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	Two General Models Island/Source-sink	A ₁ => A ₂	A ₁ <= A ₂	Start	End	BN Pop
				0	1	0.85		0	0	40	45	10



Взаимодействие дрейфа и отбора Стабилизирующий отбор + миграция

серповидно-клеточная анемия

Pop. Size	1000	# of Populations (1-5)	5	Fitness			<input checked="" type="checkbox"/> Migration!	Mutation Rate		
of A ₁ allele	0.01	Number of Generations	200	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	Source/Sink	A ₁ => A ₂	A ₁ <= A ₂	
				0	1	1	Rate	0.1	Freq. A ₁	0.2
								0	0	

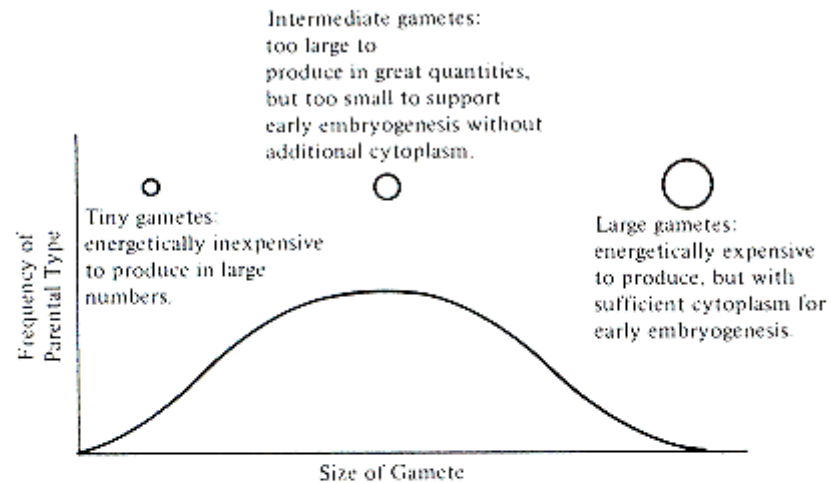


Дизруптивный отбор

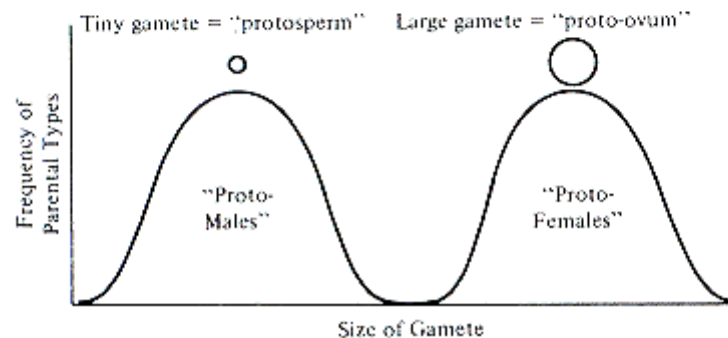
- Отбор в разных направлениях в ОДНОЙ популяции при сохранении возможности панмиксии
- Возможные результаты:
 - неустойчивое поддержание полиморфизма
 - элиминация редкого класса
 - возникновение ассортативности в спаривании
 - возникновение репродуктивной изоляции

Дизруптивный отбор

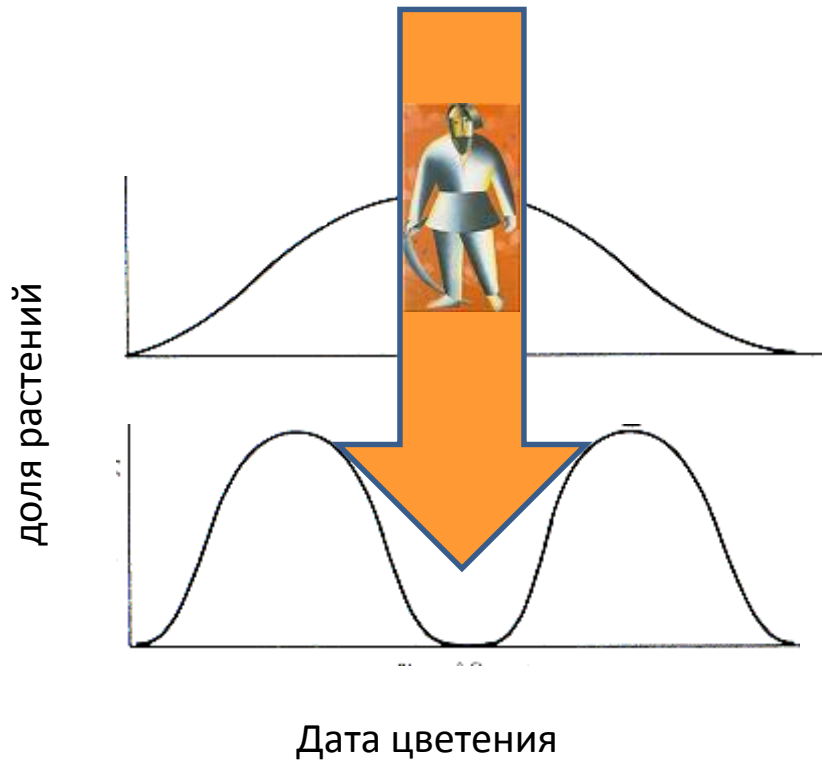
ORIGINAL DISTRIBUTION OF GAMETE SIZE



DISTRIBUTION OF GAMETE SIZE AFTER SELECTION



Дизруптивный отбор



Дизруптивный отбор

Дизруптивный отбор

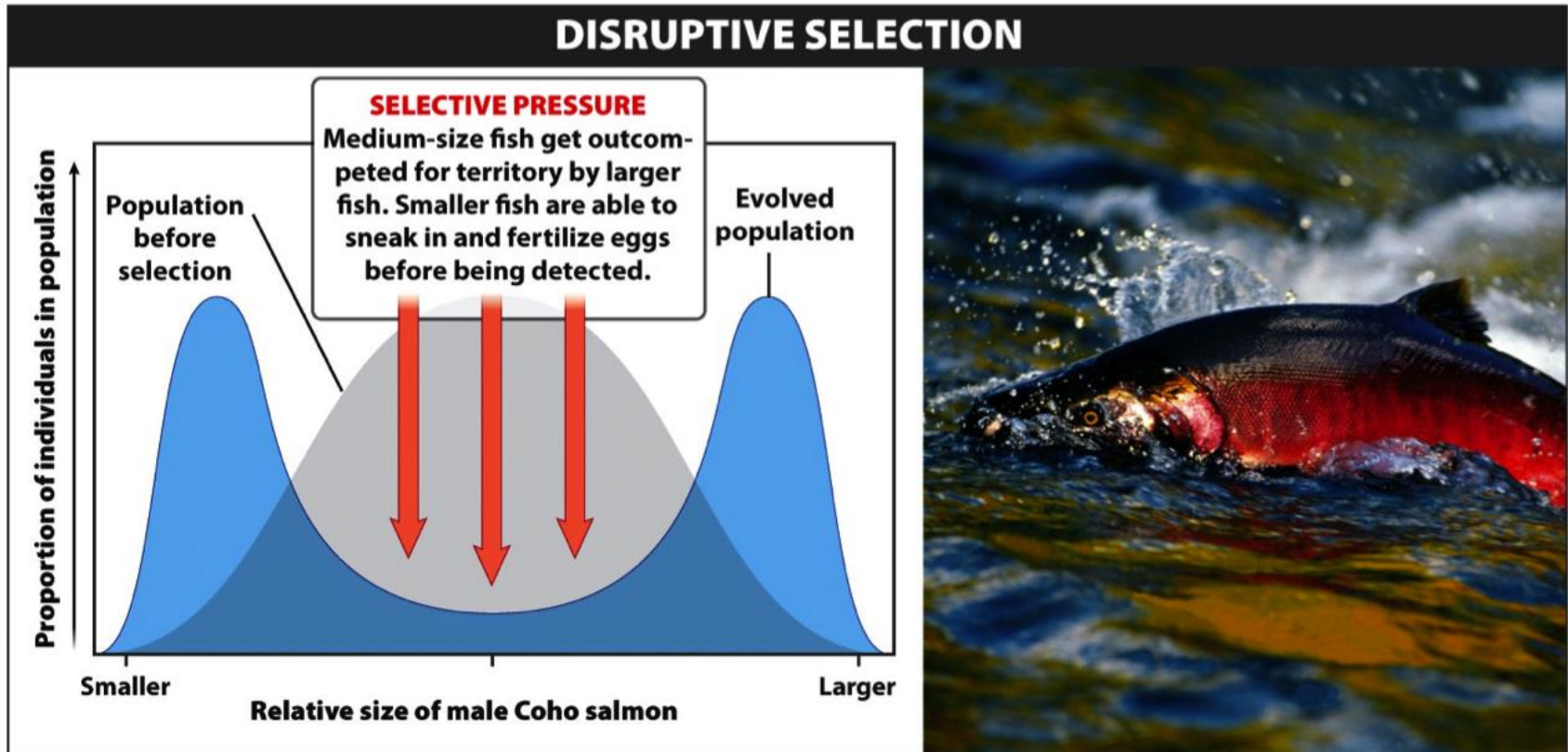
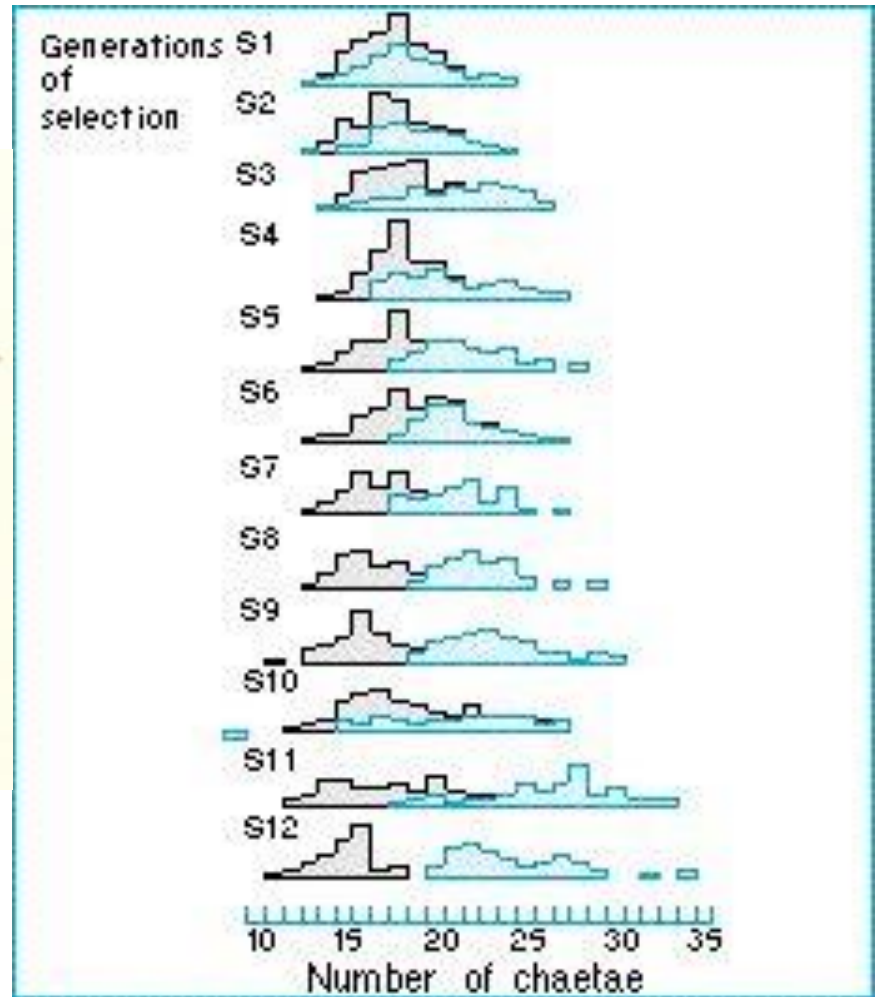
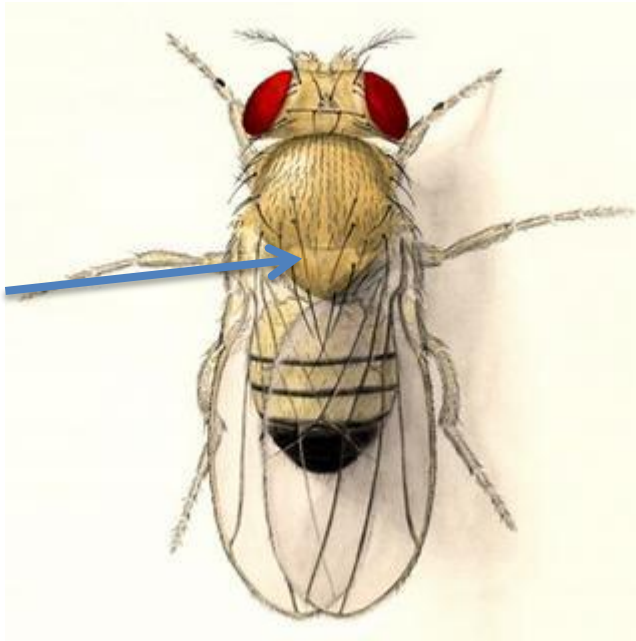


Figure 8-28

What Is Life? A Guide to Biology

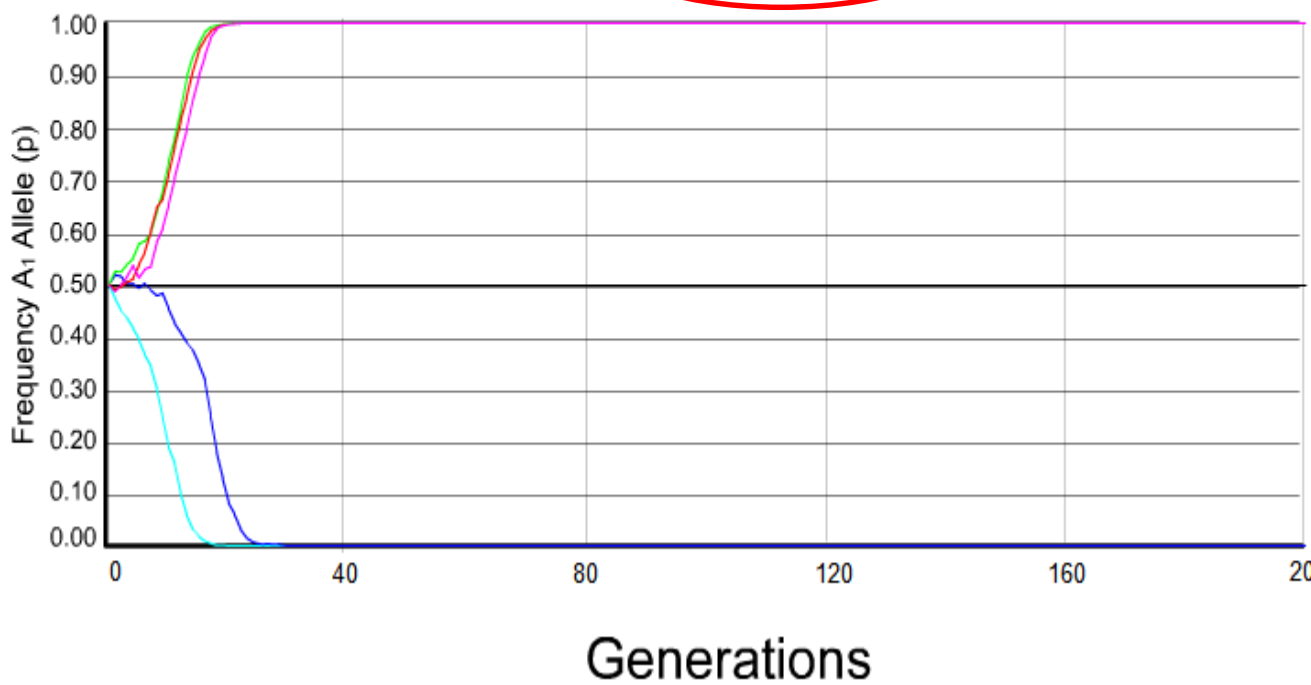
© 2010 W.H. Freeman and Company

Дизруптивный отбор



Дизруптивный отбор - против гетерозигот

Pop. Size	1000	# of Populations (1-5)	5	Fitness			<input type="checkbox"/> Migration?	Mutation Rate		<input type="checkbox"/> Bottle Neck?			
f A ₁ allele	0.5	Number of Generations	200	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	Two General Models Island/Source-sink		A ₁ => A ₂	A ₁ <= A ₂	Start	End	BN Pop.
				1	0.5	1		0	0				



3 Fixed
 Mean Generations to Fixation = 22

Infinte Population

Population 1 Lost

Population 2 Lost

Population 3 Fixed

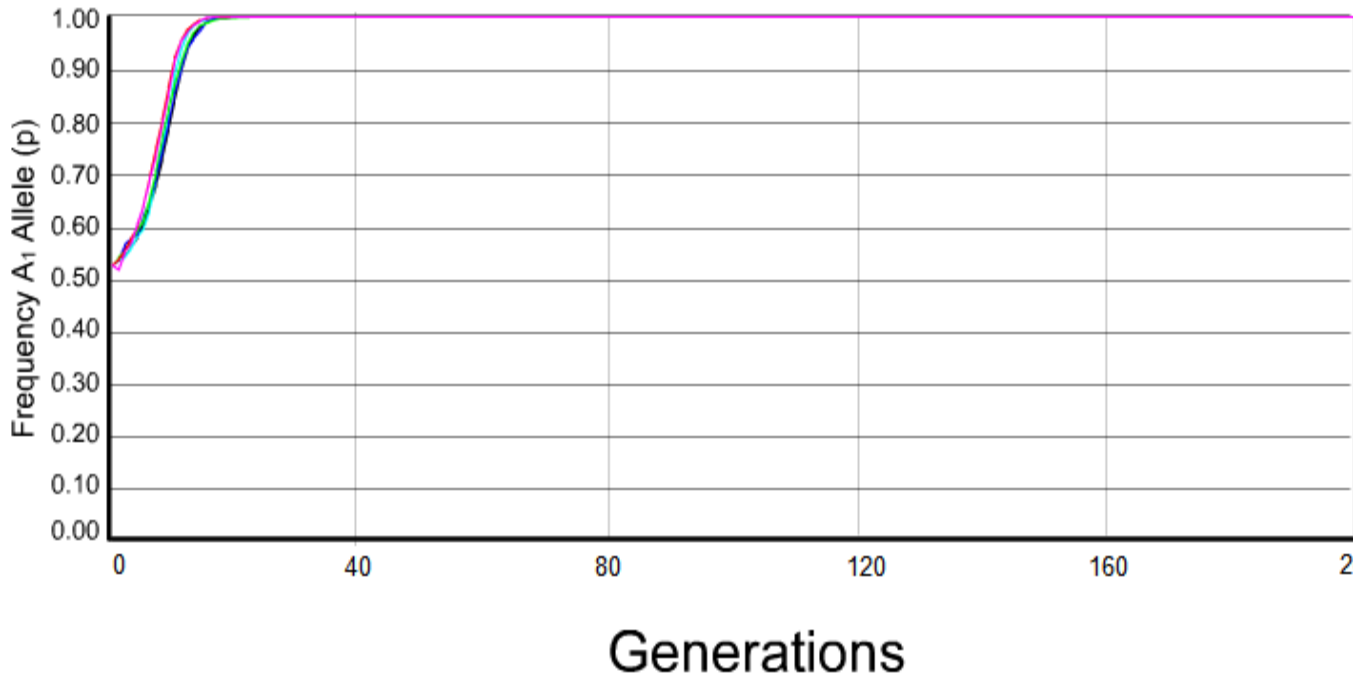
Population 4 Fixed

Population 5 Fixed

2 Lost
 Mean Generations to Loss = 25

Дизруптивный отбор - против гетерозигот

Pop. Size	1000	# of Populations (1-5)	5	Fitness			<input type="checkbox"/> Migration?	Mutation Rate		<input type="checkbox"/> Bottle Neck		
of A ₁ allele	0.525	Number of Generations	200	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	Two General Models	A ₁ => A ₂	A ₁ <= A ₂	Start	End	BN Po
				1	0.5	1	Island/Source-sink	0	0			



5	Fixed	Mean Generations	Fixation = 19.4
Infinte Population			
Population 1	Fixed		
Population 2	Fixed		
Population 3	Fixed		
Population 4	Fixed		
Population 5	Fixed		
0	Lost	Mean Generations	= NaN

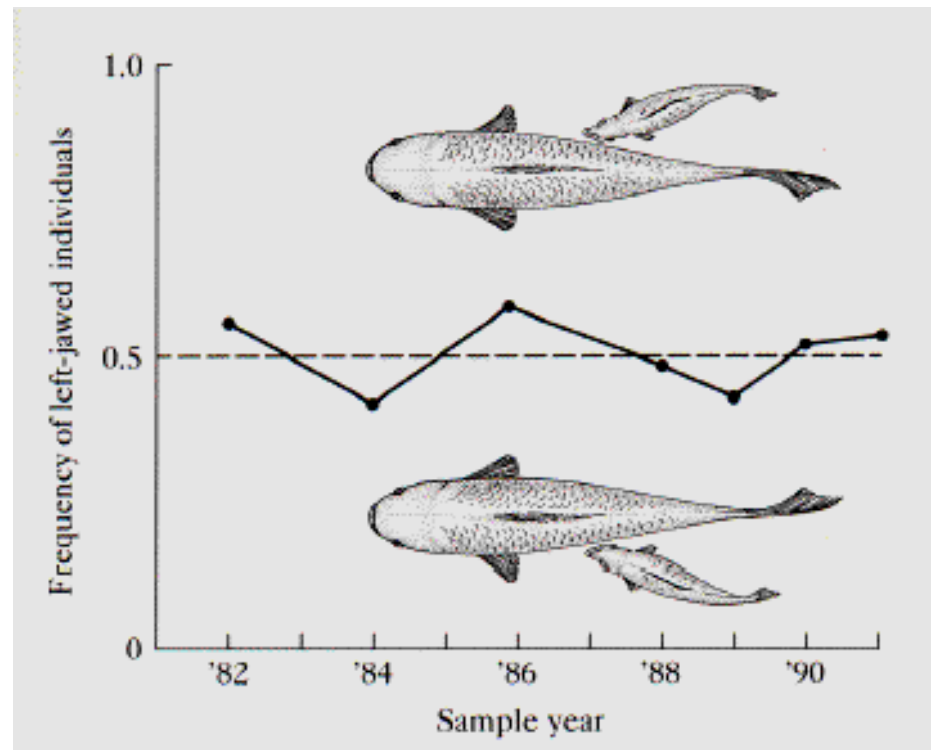
Ближний результат – нехватка гетерозигот
 Конечный результат – фиксация более частого аллеля

Дизруптивный отбор

- Отбор в разных направлениях в ОДНОЙ популяции при сохранении возможности панмиксии
- Возможные результаты:
 - поддержание полиморфизма
 - элиминация редкого класса
 - возникновение ассортативности в спаривании
 - возникновение репродуктивной изоляции

Негативный частотно-зависимый отбор

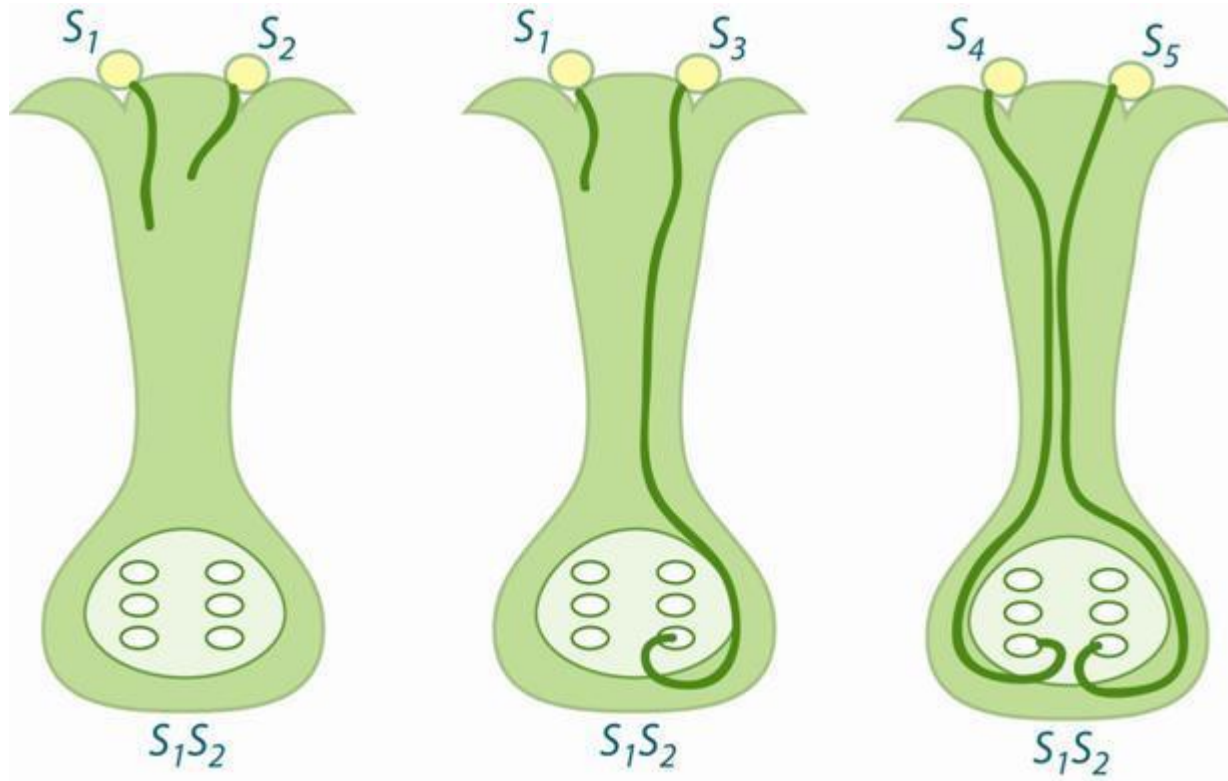
- Преимуществом обладают редкие генотипы



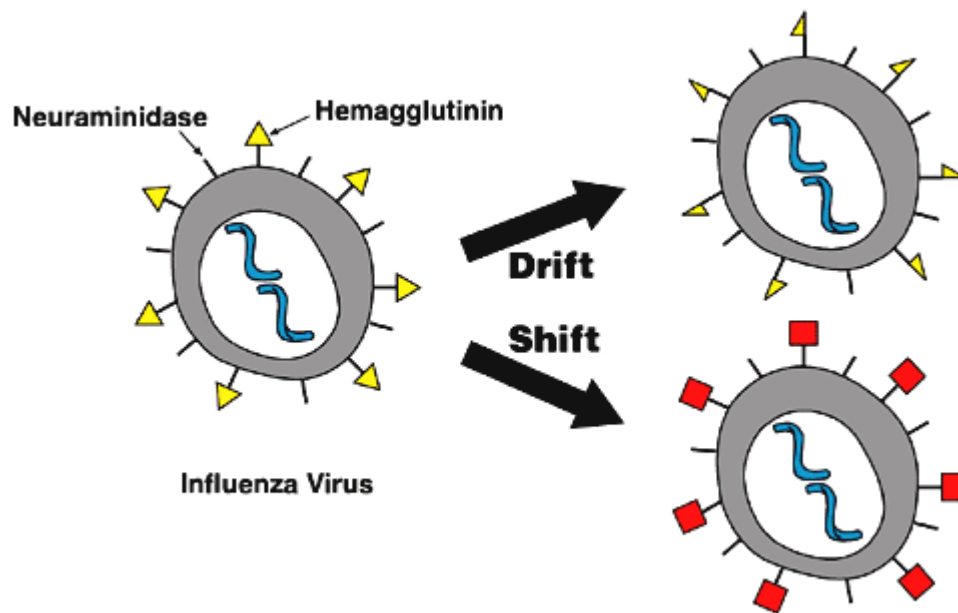
Самонесовместимость у растений:

Редкий аллель несовместимости препятствует инбридингу.

Частый аллель несовместимости ведет к вымиранию



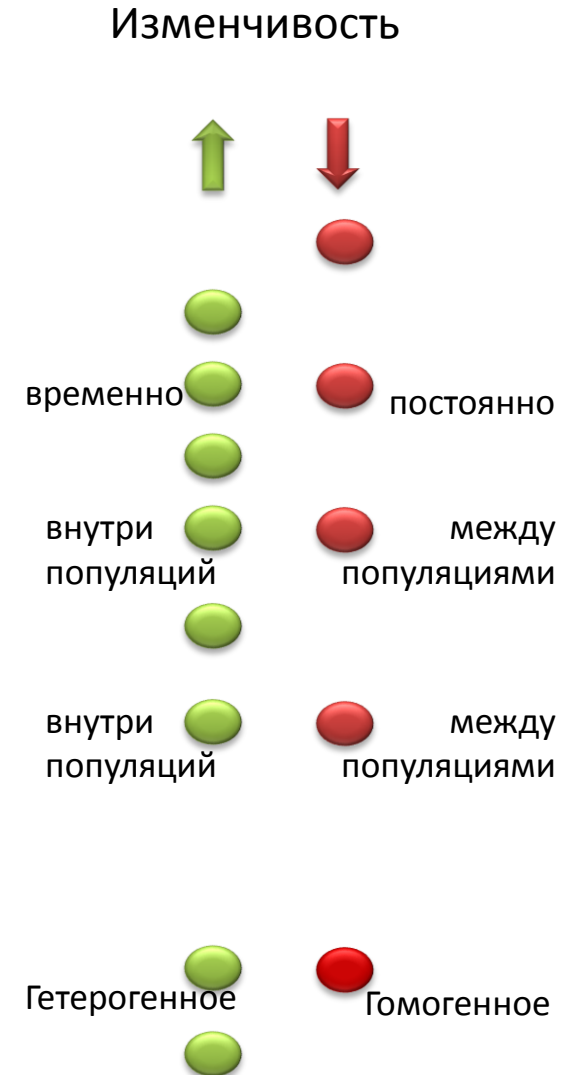
Вирусы гриппа: на частые антигены есть иммунитет, на редкие – нет.



http://upload.wikimedia.org/wikipedia/en/c/ca/Antigenic_drift_vs_shift.png

Факторы эволюции

- Отбор
 - движущий,
 - стабилизирующий,
 - дизруптивный отбор
 - частотно зависимый
- Дрейф
- Драйв
- Миграции
- Нарушения панмиксии
 - инбридинг
 - ассортативное спаривание
- Мутации



Литература

Ф. Айала. Введение в популяционную и эволюционную генетику. Мир- 1984.

Ф. Хедрик. Генетика популяций. М.: Техносфера 2003

<https://class.coursera.org/geneticsevolution-002/lecture/index>