



HansRSiegismund 3 days ago



853 lines (645 loc) · 31.1 KB

Preview

Code

Blame



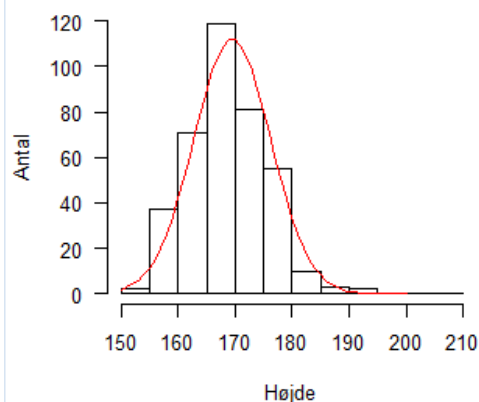
Kvantitativ genetik

Hans R. Siegismund

Teoretisk baggrund

Kvantitative karakterer er under indflydelse fra variationen fra et større antal loci. Disse karakterer udviser fænotypisk variation, hvor forskellene mellem individer ofte er så små, at de kan være svære at måle, og hvor det er vanskeligt at beskrive den genetiske baggrund, der bestemmer dem. Et eksempel er illustreret i figuren, som viser fordelingen af højden hos 380 kvindelige delagere i kurset i evolutionsbiologi. Til denne kategori hører også antal afkom, overlevelse og andre egenskaber, der er knyttet til et dyrs eller en plantes evne til at producere afkom til næste generation. De

sidstnævnte karakterer er alle komponenter af fitness, der i sig selv kan betragtes som en kvantitativ karakter. Et kendskab til den genetiske baggrund af disse karakterer og til deres genetiske diversitet i naturlige populationer er derfor nødvendig for at forstå arters muligheder for at tilpasse sig til ændringer i det fysiske eller biologiske miljø.



For at beskrive en population må vi ty til statistiske metoder. Det mest simple består i at afbilde fordelingen på en passende skala. Ud fra denne beregnes så størrelser som middelværdi og varians. Kvantitative karakterer deles ofte op i kontinuerte og tællelige karakterer. Som navnet antyder, så vil fordelingen af kontinuerte karakterer kunne beskrives med en sandsynlighedsfordeling langs en akse, der er kontinuert. Hertil hører for eksempel vægt, længde eller diameter af stammen på træer. Disse karakterer kan måles med forskellige fysiske eller kemiske metoder, og deres størrelse vil være en funktion af den anvendte skala og af "måleinstrumentets" nøjagtighed. I princippet vil disse karakterer være kontinuert fordelt, men for det meste grupperes de i klasser. Fordelingen vil ofte—såfremt man har valgt en passende skala—være normalfordelt. Dette er vist med den røde kurve i figuren ovenfor, hvor man har benyttet middelværdi og variansen af de observerede fordeling og indsat i formlen for normalfordelingen.

Tællelige karakterer optræder som diskrete enheder, det vil sige, at de kan tælles med hele tal. Hertil hører eksempler som antallet af hvirvler, afkom, børster og hår. Skalaen er givet på forhånd. Når antallet af observerede kasser er forholdsvis stort, vil deres fordeling også kunne tilnærmes med en normalfordeling.

Komponenter af den fænotypiske varians

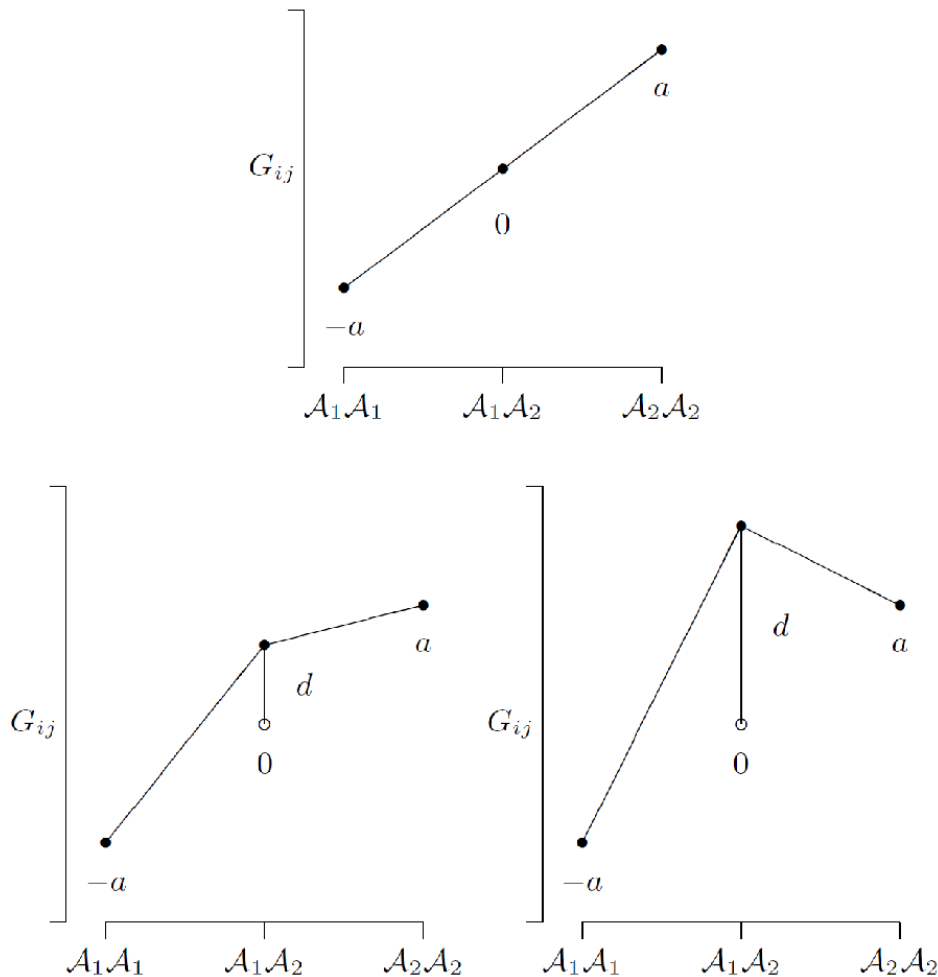
Skal en karakter beskrives for en given population, afbildes fordelingen af fænotypen, og dens middelværdi og varians beregnes. Spørgsmålet er nu, hvor stor en del af den fænotypiske varians er genetisk betinget, og hvor stor en del skyldes miljøet? Konkret kan det formuleres som

$$V_P = V_G + V_E$$

hvor V_P er den fænotypiske, V_G er den genetiske og V_E er miljø-variansen. (Forkortelserne er engelske, de står for henholdsvis "phenotypic", "genetic" og "environmental variance".) Vi vil nu opsplitte den genetiske varians i dens komponenter og se på, hvorledes disse kan estimeres. Den genetiske varians består af en additiv varians V_A , en dominans-variens V_D og en interaktionsvariens V_I ,

$$V_G = V_A + V_D + V_I$$

Dominansdelen skyldes afvigelse fra additive effekter indenfor de enkelte loci (se figuren nedenfor), medens interaktionsvariensen er forårsaget af ikke-additive bidrag fra de forskellige loci. Et andet navn for denne er epistatisk varians.



Genotypiske værdier for en kvantitativ karakter. Foroven: additive bidrag fra allelerne.

Forneden: dominansinteraktion mellem allelerne, til venstre ufuldstændig dominans, til højre overdominans.

For en given karakter, der analyseres, kan vi fra en stikprøve udelukkende bestemme den **fænotypiske middelværdi**, \bar{x} , samt den **fænotypiske varians**, V_P (P står for det engelske phenotype). Variansen bestemmes som

$$V_P = \sum_{i=1}^n \frac{(x_i - \bar{x})^2}{n - 1}$$

Hvor der er indsamlet n stikprøver. Vi er interesseret i, hvor stor en brøkdel af den fænotypiske varians, der består af **genetisk varians**, V_G , og hvor stor en del, der består af **miljøvariens**, V_E . Dette kan læses i afsnit 1.3 "Fænotypisk variation" i "Introduktion til Populationsgenetik", hvor der gives en kort gennemgang og forklaring af de vigtigste kvantitativ-genetiske begreber.

En af de vigtigste parametre er "**narrow sense**" **heritabiliteten**, h_N^2 . Den er defineret som den brøkdel den **additive genetiske varians**, V_A , udgør af den totale fænotypiske varians, V_P , det vil sige

$$h_N^2 = \frac{V_A}{V_P}$$

Heritabiliteten beregnes nemt ved regressioner mellem beslægtede individer. Det kan vises, at heritabiliteten er lig med regressionskoefficienten b mellem afkommets værdi og *forældrenes middelværdi* for den observerede karakter, det vil sige

$$h_N^2 = b.$$

Det er vist i figuren for højde hos kvindelige studerende, der har deltaget i kurset i evolutionsbiologi.

Laves en regression mellem afkom og *den ene forælder*, kan det vises, at heritabiliteten er lig med to gange regressionskoefficienten b mellem afkommets og forældrens værdi for den observerede karakter, det vil sige

$$h_N^2 = 2b.$$

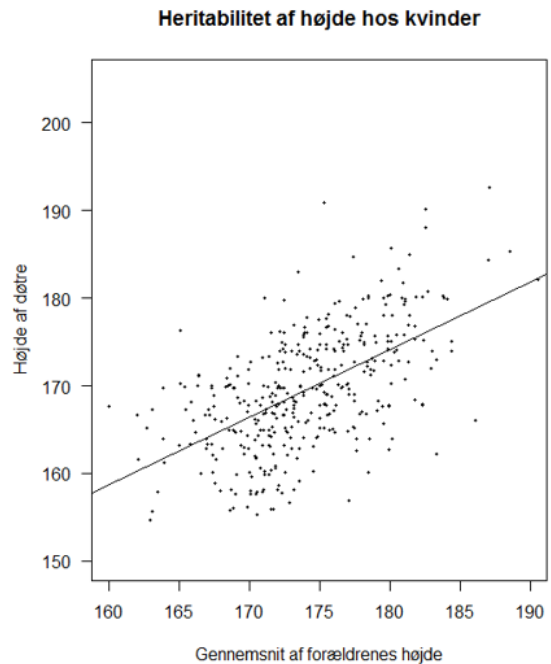
Regressionskoefficienten b findes som

$$b = \frac{\text{Cov}(x, y)}{V(x)}$$

hvor $\text{Cov}(x, y)$ er covariansen mellem x og y , der bestemmes som

$$\text{Cov}(x, y) = \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y}) / (n - 1)$$

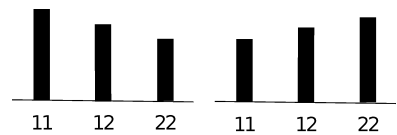
Her er der indsamlet n parvise kombinationer af x og y værdier.



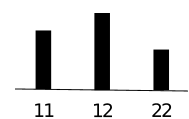
Selektion på kvantitativ karakter

Naturlig selektion i et autosomalt locus med to alleler kan opdeles i tre forskellige typer

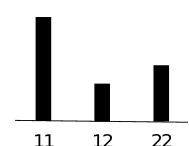
1. Retningsselektion, hvor de tre genotyper har fitnessværdier, enten som $W_{11} \geq W_{12} \geq W_{22}$ med højst ét lighedstegn eller som $W_{11} \leq W_{12} \leq W_{22}$ med højst ét lighedstegn. Der må højst være et lighedstegn, for ellers vil der ikke være forskel i fitness mellem de tre genotyper.



2. Overdominans, hvor heterozygoten har en højere fitness end begge homozygoter, det vil sige $W_{12} > W_{11}$ og $W_{12} > W_{22}$.

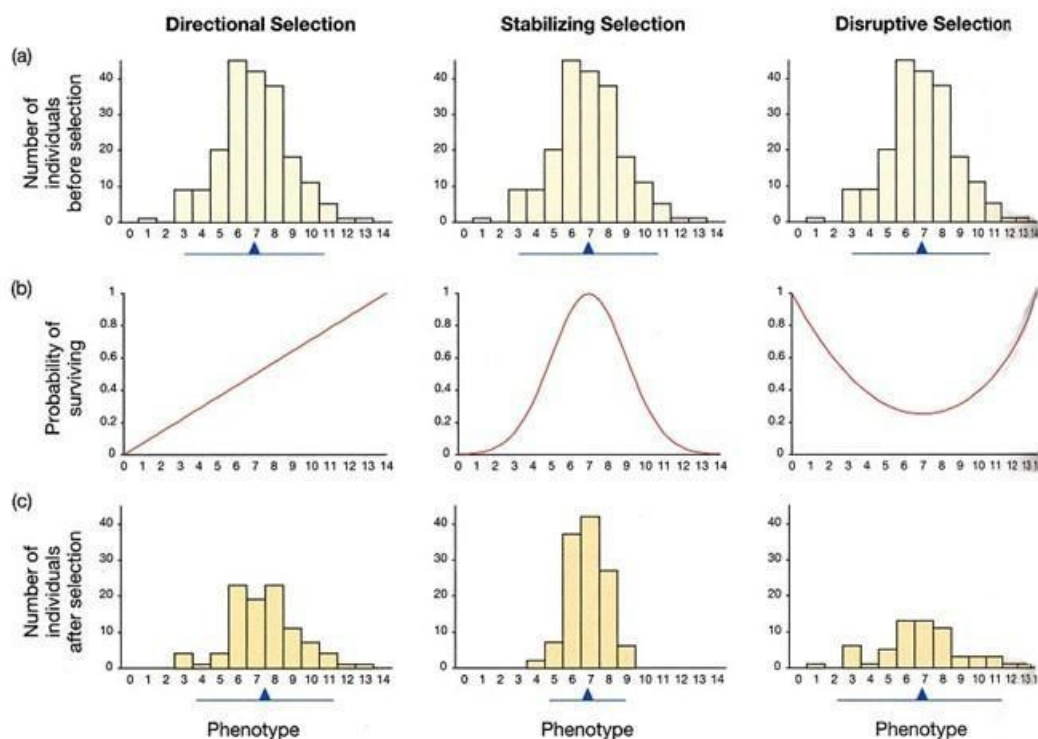


3. Underdominans, hvor heterozygoten har en lavere fitness end begge homozygoter, det vil sige $W_{12} < W_{11}$ og $W_{12} < W_{22}$.



For kvantitative karakterer har vi tilsvarende typer for selektion, der illustreret i den efterfølgende figur. De tre typer er

1. Retningsselektion, hvor sandsynligheden for at overleve stiger som funktion af karakterens værdi. Her vil middelværdien forskydes til højre efter selektionen har virket på karakteren. (Man kan selvfølgelig også have det omvendte tilfælde, hvor sandsynligheden for at overleve aftager som funktion af karakterens værdi.)
2. Stabiliserende selektion, hvor sandsynligheden for at overleve er størst for individer med intermediære værdier af karakteren. Her vil naturlig selektion i ligevægten sørge for at middelværdien for karakteren er konstant.
3. Disruptiv selektion, hvor individer med ekstreme karakterer har en øget sandsynlighed for at overleve end individer, der har en karakter tæt på middelværdien. Med denne selektion øges variansen af karakteren.



Kvantitativ Genetik Opgaver

Formål

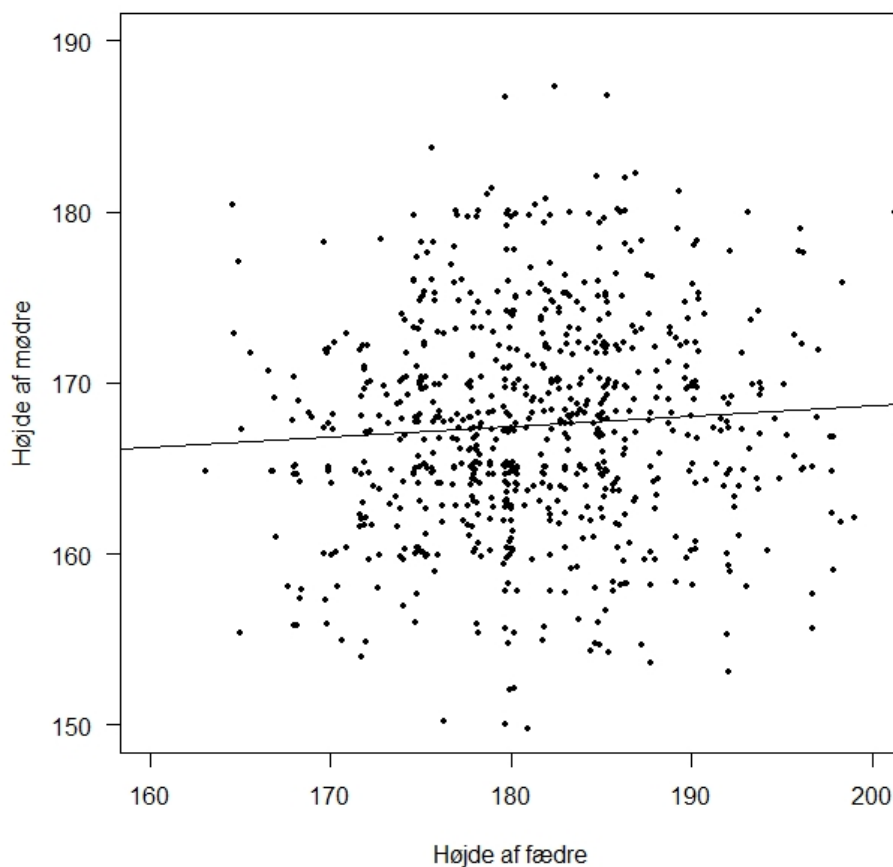
I de følgende opgaver fokuseres der på de følgende emner med baggrund i kvantitativ genetik

- Assortativ parring
- Komponenter af fænotypiske varians
- Heritabilitet
- Breeders equation, $R = h^2S$

Opgave 1

I denne opgave analyseres to kvantitative karakterer hos mennesket, nemlig højde og antal børn. Data er blevet indsamlet over flere år på kurset i evolutionsbiologi. (Se de efterfølgende figurer og tabeller.

Den følgende figur viser sammenhængen mellem de studerendes forældres højder. Vi kan benytte dette for at se om der er "assortativ parring" med hensyn til højde hos mennesket, dvs., om der er en tendens til høje mennesker finder en partner, der også er høj, samt at lave mennesker har den samme tendens.

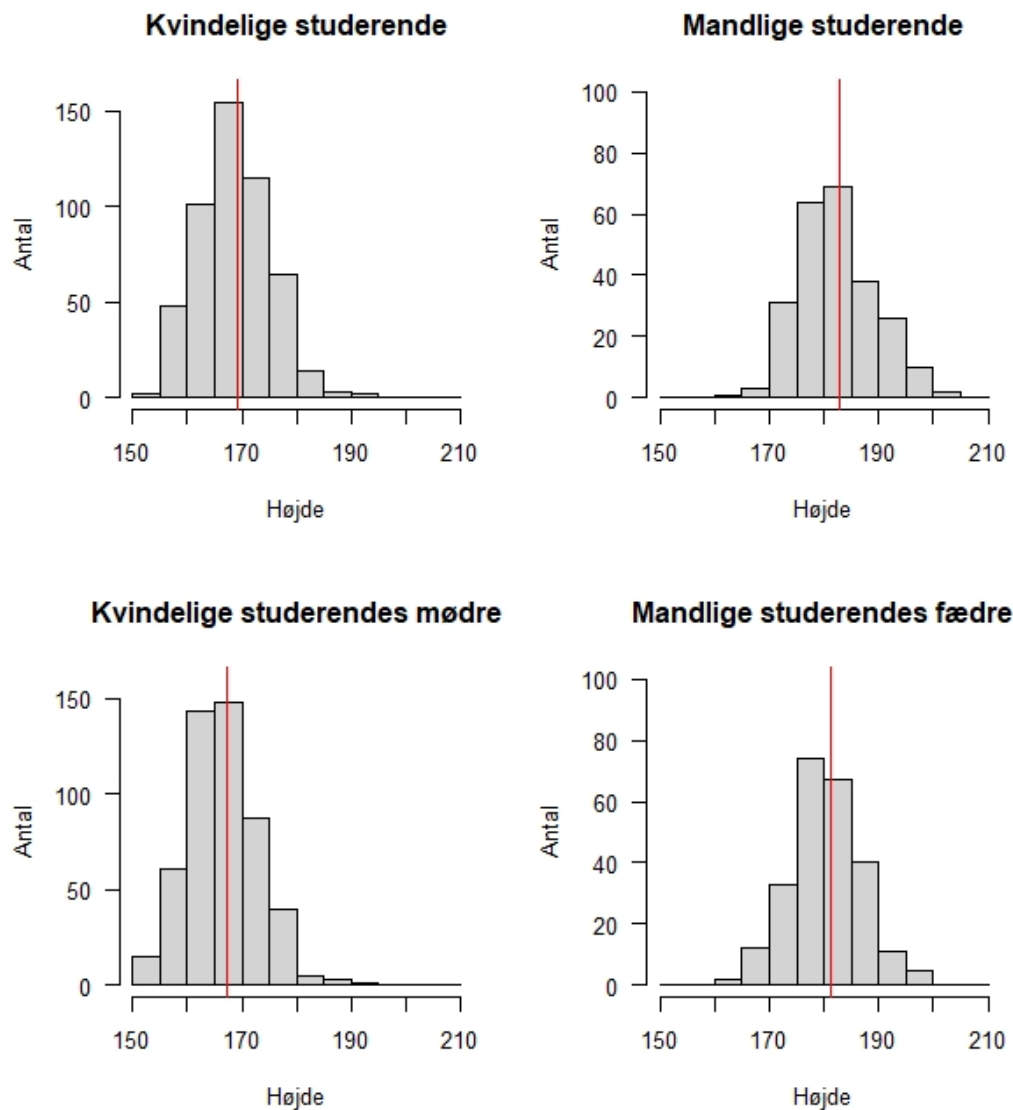


1. Figuren indeholder regressionslinjen for mødres højde som funktion af fædres højde. Den har hældningen 0,061. Korrelationskoefficienten er 0,068, som ikke er signifikant på 0,05 niveauet. Er der tegn på "assortativ parring"?

▼ Klik for at se svaret.

Ikke ret meget, det ligner jo et skud hagl, og signifikansniveauet er over 0,05. Det ser ud som om danskerne finder sammen stort set tilfældigt med hensyn til højde.

De følgende figurer viser fordelingerne af højde for mandlige og kvindelige studerendes højde, samt for deres forældres højde.



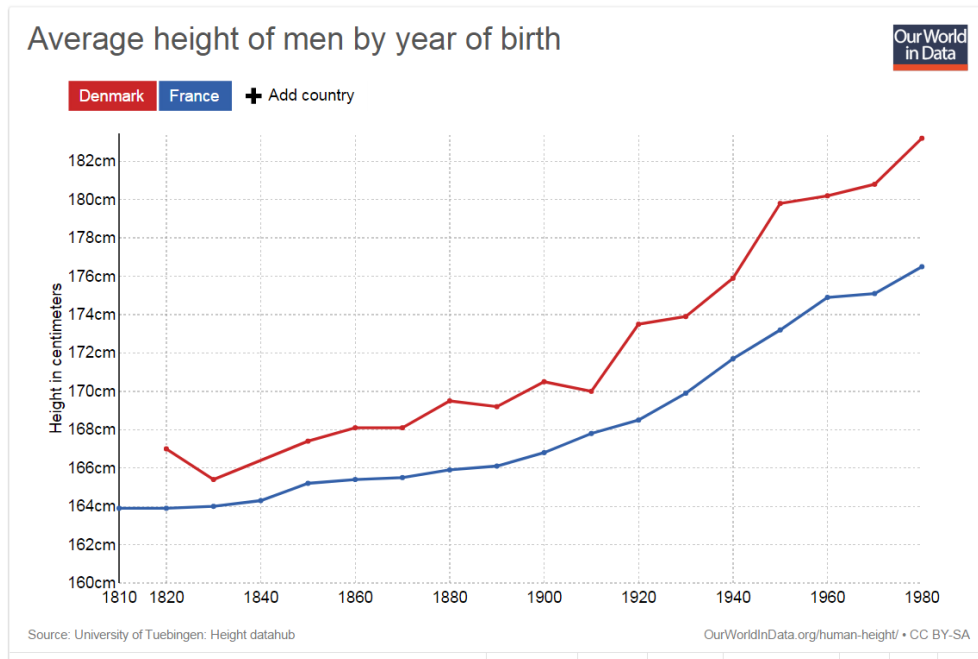
Højde	Gennemsnit	Varians	N
Kvindelige studerende	169,33	42,84	503
Kvindelige studerendes mødre	167,35	40,43	503
Mandlige studerende	182,98	47,24	244
Mandlige studerendes fædre	181,24	40,68	244

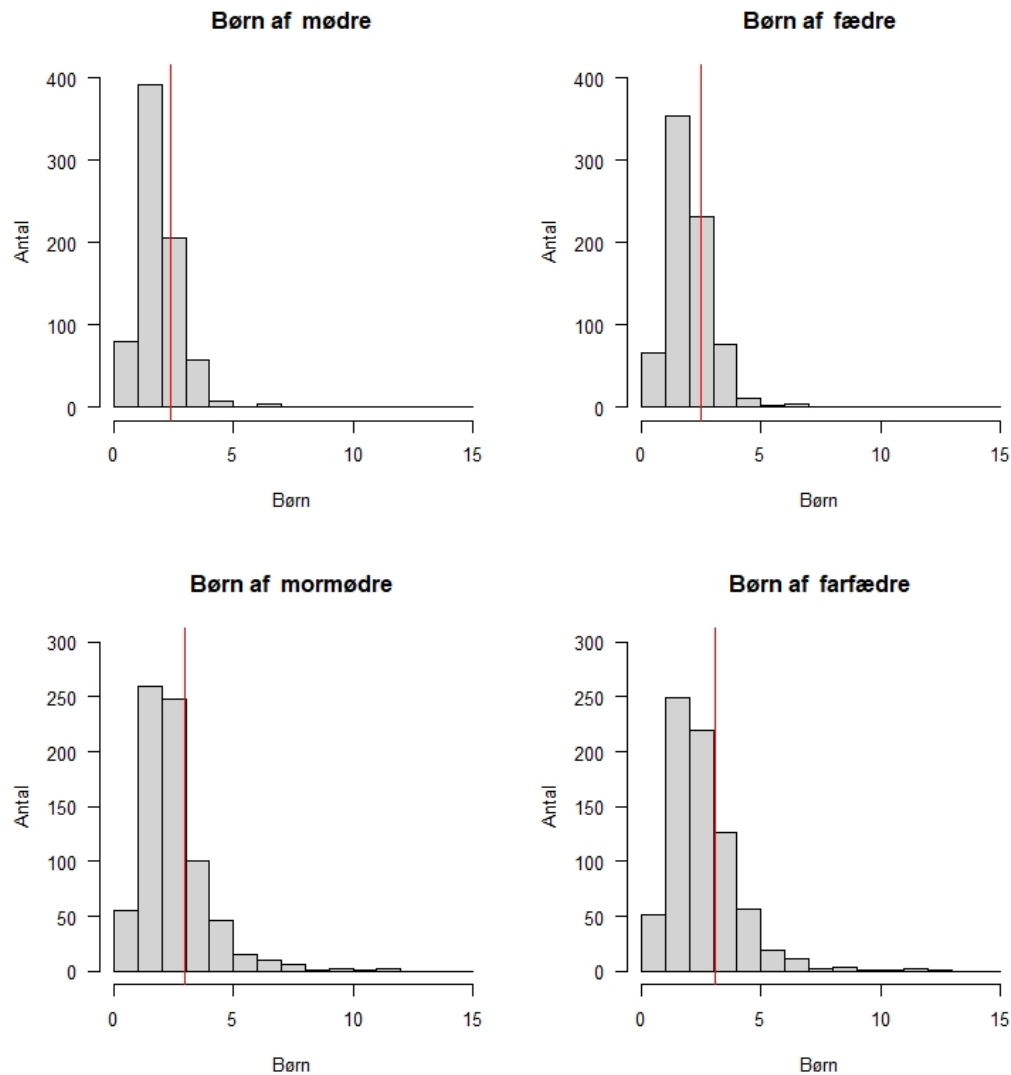
2. Hvordan ændres højden for de to køn sig mellem generationerne? Man kan vise, at forskellen er statistisk signifikant for begge køn. (Det skal ikke gøres her.)

▼ Klik for at se svaret.

For kvinderne stiger højden med 1,98 cm og for mændene med 1.74 cm. Det ligner en parallelforskydning mod større højder.

Man har data for mændenes højde tilbage i tiden, da denne er blevet målt på sessionerne. I den følgende figur vises data for danske (og franske) mænd fra begyndelsen af det nittende århundrede og op til slutningen af det tyvende århundrede. Det ses, at danske mænds højde er vokset fra 166 cm i 1830 til 183 i 1980, dvs 17 cm på 150 år, dvs. 2,83 cm per generation, hvis vi regner med en generationstid på 25 år.





	Gennemsnit	Varians	N
Mødre	2,38	0,79	503
Mormødre	2,99	2,17	503
Fædre	2,51	0,89	244
Farfædre	3,10	2,36	244

3. Hvordan ændres antallet af børn for de to køn sig mellem generationerne? Man kan vise, at forskellen er statistisk signifikant for begge køn. (Det skal ikke gøres her.)

▼ Klik for at se svaret.

Antallet af børn hos mødre aftager med 0,61. Hos fædrene aftager antallet af børn med 0,59.

Bemærk, at hverken fædrene eller mødrene til de studerende har fået flere end 7 børn, medens der hos mormødre observeres helt op til 12 børn og hos farfædre 13 børn.

Værdierne er ikke gældende for den danske population som helhed. Værdierne er biased opad. Vi har jo kun medtaget personer, der har fået mindst et barn i de foregående to generationer.

4. Forklar **kort**, om forskellene i højden og antal børn skyldes genetiske eller miljømæssige forskelle mellem generationerne.

▼ Klik for at se svaret.

Det skyldes formentligt miljømæssige forskelle mellem generationerne. Miljøet har generelt forbedret sig i forhold til folks størrelsesvækst. Ændringerne med hensyn til antal børn skyldes kulturelle ændringer, hvilket også kan henføres til miljøet.

Bemærk (dette er ikke en del af den korrekte besvarelse): En høj heritabilitet (her for højde) betyder, at variationen i en population hovedsageligt skyldes variation mellem genotyper. Det betyder dog ikke, at fænotypen er givet fordi vi kender genotypen. Ændringer i miljøet kan selvfølgelig ændre en genotypes fænotype, og populationen kan dermed ændre sin middelværdi. Tilsvarende kan gennemsnittet for en karakter med lav heritabilitet også ændres, når miljøet ændres.

5. Hvad sker der med variansen af børn mellem de to generationer? (Man kan vise, at forskellen er statistisk signifikant for begge køn. [Det skal ikke gøres her.]) Hvilken effekt har det på genetisk drift? For at belyse dette, kan man se på ændringen af den effektive populationsstørrelse mellem generationerne. Hvis ikke man kan argumentere tilstrækkeligt med baggrund i sin intuition, kan man eventuelt benytte den følgende formel, der viser forholdet mellem den effektive populationsstørrelse og den aktuelle populationsstørrelse

$$\frac{N_e}{N} \approx \frac{2}{k - 1 + \frac{V_k}{k}}$$

Her er k er det gennemsnitlige antal børn, og V_k er variansen af antal børn. Det er den effektive populationsstørrelse for kvinder, der her er tale om. (Normalt er N_e mindre end N , men der kan ske det modsatte.) Tag udgangspunkt i mormødre og mødre.

▼ Klik for at se svaret.

Intuition:

Jo større variansen er i antal afkom, des større er effekten af genetisk drift. Variansen i antal afkom er aftaget dramatisk: fra 2,37 til 0,73. Derfor er genetisk drift aftaget i den danske population.

Formel:

Mor: $N_e/N = 2/(2,38 - 1 + 0,79/2,38) = 1,17$

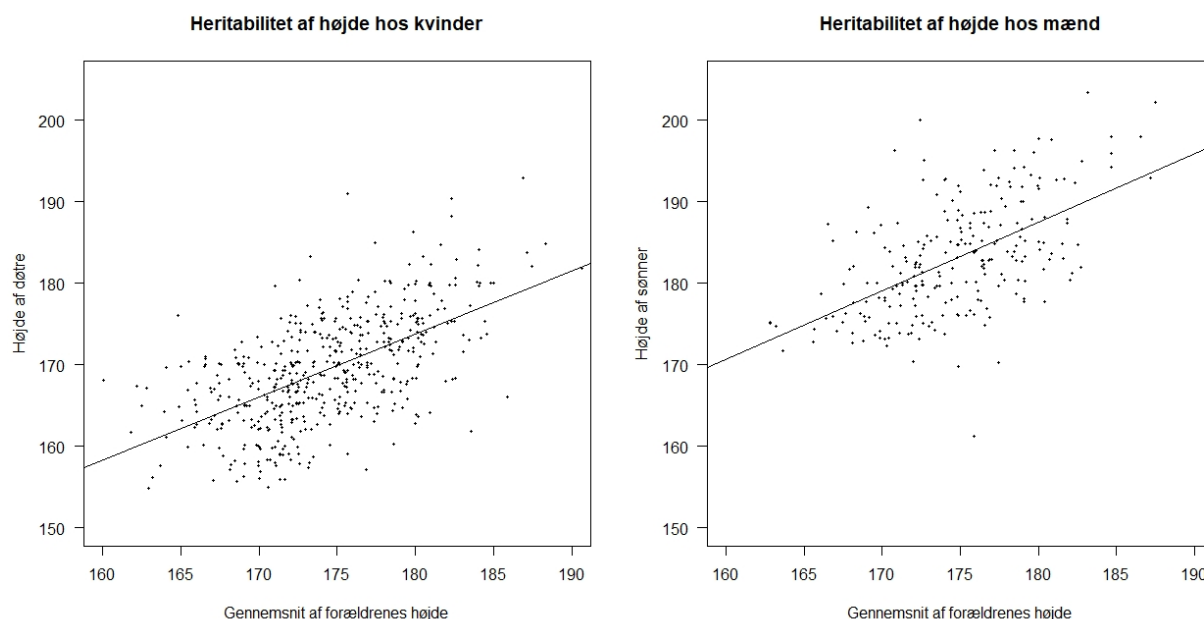
Mormor: $N_e/N = 2/(2,99 - 1 + 2,18/2,99) = 0,74$

Vi ser her en stor effekt. Genetisk drift har næsten fået halveret sin effekt.

6. Hvilke andre forhold end varians af antal børn spiller ind på genetisk drifts virkning i en population?

▼ Klik for at se svaret.

Kønssratio, der afviger fra 1:1 i særkønnede arter. Populationssvingninger igennem tid.



De følgende tabeller viser varianser og covarianser, som er nødvendige for at beregne "narrow sense" heritabilitet for højde hos mennesket.

Varianser og covarianser for højde hos kvinder

Varians	
Varians af forældrenes gennemsnitshøjde [$V(x)$]	24,82
Covarians af datters og forældres gennemsnitshøjde [$Cov(x,y)$]	19,23
Antal observationer	503

Varianser og covarianser for højde hos mænd

Varians	
Varians af forældrenes gennemsnitshøjde [$V(x)$]	21,21
Covarians af sønnens og forældres gennemsnitshøjde [$Cov(x,y)$]	17,77
Antal observationer	244

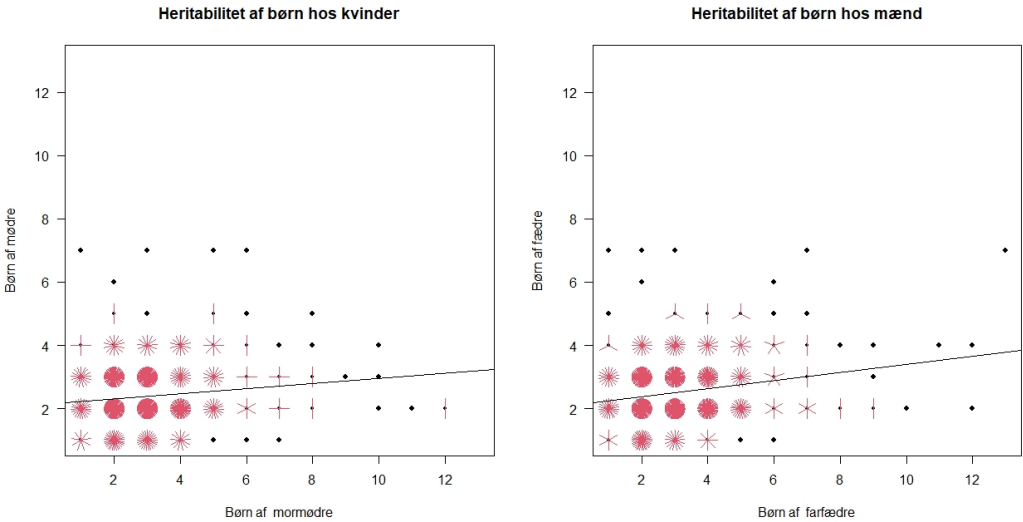
7. Beregn "narrow sense" heritabiliteten for højde hos mennesket (for kvinder og mænd).

▼ Klik for at se svaret.

$$h_N^2(\text{kvinder}) = b = \text{Cov}(x,y)/V(x) = 19,23/24,82 = 0.77$$

$$h^2_N(\text{mænd}) = b = \text{Cov}(x,y)/V(x) = 17,77/21,21 = 0.84$$

De følgende figurer viser antallet af mødres antal børn som funktion af mormødres antal børn, samt fædres antal børn som funktion af farfædres antal børn. Sammenhængen mellem disse benyttes til at beregne heritabiliteten af antal børn. Antallet af streger ud fra et punkt viser, hvor mange observationer, der er gjort for dette punkt.



De følgende tabeller viser varianser og covarianser, som er nødvendige for at beregne "narrow sense" heritabilitet for antal børn hos mennesket.

Varianser og covarianser for antal børn hos kvinder

Varians	
Varians af mormors antal børn [V(x)]	2,175
Covarians af mor og mormors antal børn [Cov(x,y)]	0,176
Antal observationer	747

Varianser og covarianser for antal børn hos mænd

Varians	
Varians af farfars antal børn [V(x)]	2,360
Covarians af fars og farfars antal børn [Cov(x,y)]	0,306
Antal observationer	747

8. Beregn "narrow sense" heritabiliteten for antal børn hos mennesket.

▼ Klik for at se svaret.

$$h^2_N(\text{kvinder}) = 2b = 2 \text{ Cov}(x,y)/ V(x) = 2 \times 0,176/2,175 = 0,162$$

$$h^2_N(\text{mænd}) = 2b = 2 \text{ Cov}(x,y)/ V(x) = 2 \times 0,306/2,360 = 0,259$$

Hos mange andre arter har man observeret lignende forskelle i heritabilitet mellem karakterer, der er fitnessrelaterede (som antal børn) og karakterer, der ikke er så direkte knyttet til fitness (som højde).

9. Hvad skyldes denne forskel?

▼ Klik for at se svaret.

Heritabiliteten for karakterer, der er nært knyttede til fitness, har ofte en forholdsvis lav heritabilitet. Dette skyldes, at naturlig selektion har virket på karakteren og herved reduceret dens heritabilitet.

I Frankrig er den gennemsnitlige højde for mænd 177 cm og 163 cm for kvinder. Heritabiliteten for højde i Frankrig er af samme størrelse som den, der er fundet i denne opgave.

10. Er forskellen i højde mellem danske og franske befolkning genetisk betinget?

▼ Klik for at se svaret.

Det ved vi intet om. Heritabiliteten fortæller kun noget om den brøkdel af den fænotypiske varians, som den additive varians udgør, $h^2 = V_A/V_P$. Den fortæller intet om forskelle mellem populationer. Det kan man undersøge i common garden eksperimenter, hvor man lader de samme genotyper leve i de forskellige miljøer, som man vil undersøge for en eventuel effekt

Opgave 2

Betragt en eksperimentel population af rotter, hvor man i 40 generationer har selekteret for hårlængde, som i løbet af forsøget øgedes fra et gennemsnit på 8 mm til 16 mm. I den første generation, som havde en gennemsnitlig hårlængde på 8 mm, udvalgte forældre med en gennemsnitlig hårlængde på 10 mm. Deres afkom havde en gennemsnitlig hårlængde på 9 mm.

1. Bestem heritabiliteten (narrow sense) for denne karakter i den første generation.

▼ Klik for at se svaret.

$$h^2 = R/S = (9-8)/(10-8) = 0,5$$

I generation 39 var den gennemsnitlige hårlængde 15,8 mm, hvoraf man udvalgte forældre med en gennemsnitlig hårlængde på 17 mm. I generation 40 var gennemsnittet 16

2. Bestem heritabiliteten på dette tidspunkt.

▼ Klik for at se svaret.

$$h^2 = R/S = (16-15,8)/(17-15,8) = 0,2/1,2 = 0,17$$

3. Forklar forskellen i heritabiliteten mellem de to tidspunkter.

▼ Klik for at se svaret.

Selektionen ændrer den genetiske sammensætning af populationen, her ved enten at fiksere alleler eller ved at nærme sig ligevægte, hvorved den additve genetiske varians i forhold til den fænotypiske varians reduceres.

Man stoppede selektionseksperimentet og observerede i de følgende generationer et fald i hårlængden.

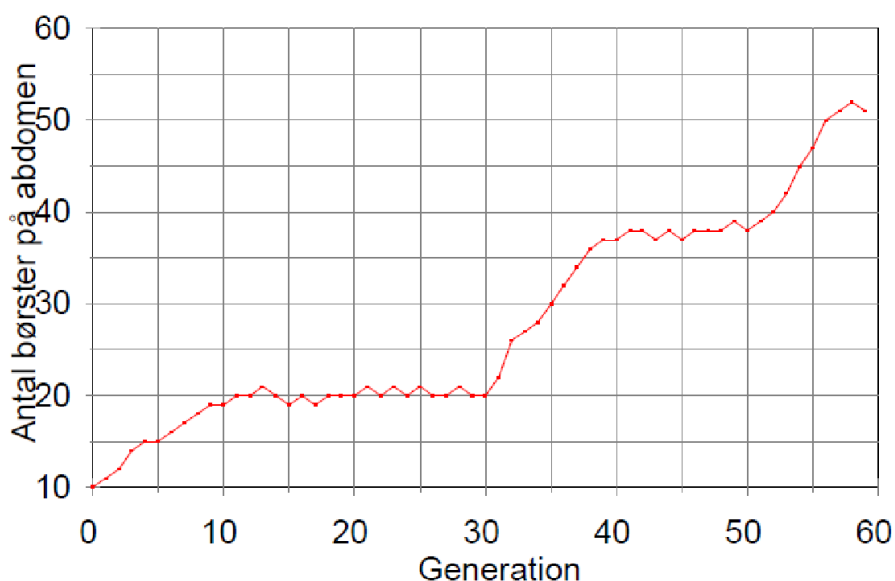
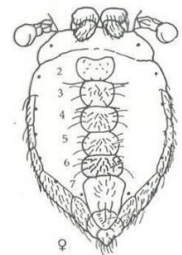
4. Giv en forklaring på dette fald.

▼ Klik for at se svaret.

Faldet skyldes naturlig selektions virkning. Pleiotrope effekter af de selekterede gener kan have reduceret fitness og bliver nu selekteret imod af naturlig selektion. Der kan også have været selekteret skadelige gener koblet til de selekterede loci igennem hitchhiking. Efter den kunstige selektion ophører, bliver de skadelige gener elimineret gennem naturlig selektion.

Opgave 3

Den efterfølgende figur illustrerer et forsøg, hvor man i 60 generationer kunstigt har selekteret for et øget antal børster på abdomen hos bananfluen *Drosophila melanogaster*. Selektionen foregik ved at man i hver generation udvalgte de 10 % af hannerne og hunnerne, som havde det højeste antal børster til at være forældrene til næste generation. Som det ses, så øgedes antallet af børster gennem kunstig selektion. Det foregik imidlertid ikke jævnt. Perioder med stigende antal børster afløstes af perioder med næsten konstant antal, som så efterfulgtes af en pludselig stigning som respons på selektionen.



1. Hvorledes ændres heritabiliteten sig under forløbet?

▼ Klik for at se svaret.

Heritabiliteten aftager jævnt og ender med værdien 0 når der nås et plateau. (Når der ikke er respons ($R = 0$) må heritabiliteten være 0; $R = h^2S$)

2. Hvilke biologiske fænomener kan have forårsaget at et plateau afløses af en periode med stigende respons på selektionen?

▼ Klik for at se svaret.

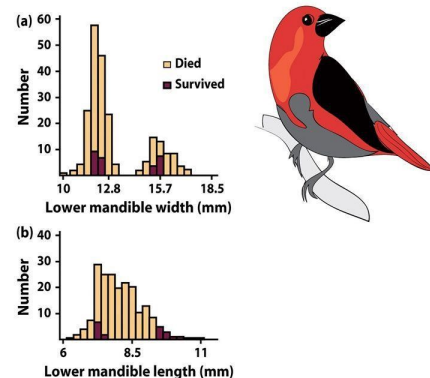
Mutationer kan bidrage med fornyet variation, der bidrager til en fornyet respons på selektionen. Det er nok mere sandsynligt, at der på grund af rekombination er skabt ny variation, der selekteres på. Betragt en række loci på et kromosom, hvor + er en allel, der bidrager positivt til den kvantitative karakter og 0 ikke bidrager med noget. Der findes to kromosomer i populationen(++++0000 og 0000++++), og dermed tre genotyper

11	12	22
++++0000 =====	++++0000 =====	0000++++ =====
++++0000	0000++++	0000++++

Hvis allelerne alle er additive, vil de have den samme fænotype; der er jo 8 +’er i hver genotype. Det er først når der sker en rekombination, hvor man får dannet kromosomet ++++++++ at selektionen kan fikse populationen for dette kromosom og hvor gennemsnittet så vil stige til 16.

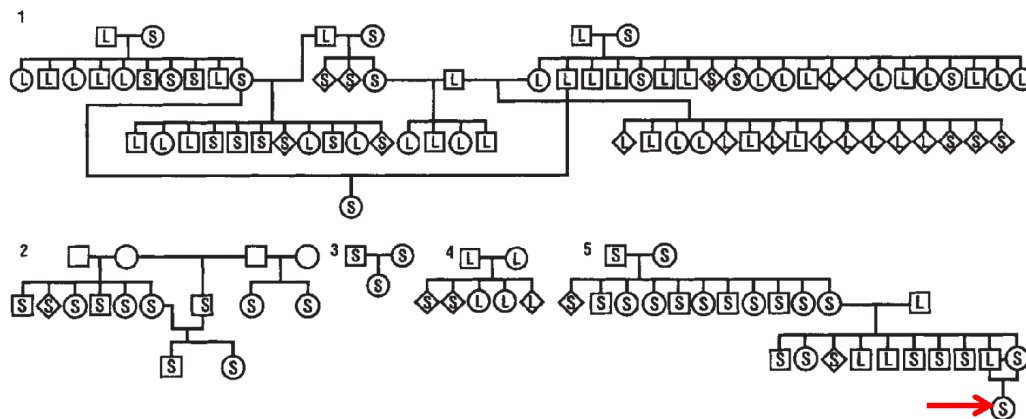
Opgave 4

Den afrikanske finke *Pyrenestes ostrinus* er blevet studeret af Thomas Bates Smith. Fugle i denne art findes i to grupper med forskellig næbstørrelse; en gruppe med store næb og en gruppe med små næb. Figuren til højre viser en fordeling af næbstørrelsen i en naturlig population i Cameroun (som størrelse for næbstørrelsen er vist bredden af næbbet).



Disruptive selection on bill size in the black-bellied seedcracker

Bates Smith analyserede udspaltningen af afkom fra forskellige parringer i en population. Der foregår tilfældig parring med hensyn til næbstørrelse. Den følgende figur viser stamtavler for forskellige krydsninger. I stamtavlen får hunner en cirkel, medens hanner får en firkant. Er kønnet ukendt, angives det som . Individer med stor næbstørrelse er angivet med L (Large), medens individer med små næb er angivet med S (Small).



1. Benyt stamtavlerne til at udlede den genetiske baggrund for fænotyperne S og L. Angiv hvilke genotyper, der bestemmer de to fænotyper og angiv dominansforhold.

Begrundes **kort**.

▼ Klik for at se svaret.

Udspaltningerne peger på et enkelt locus med to alleler, S og L, hvor L dominerer over S. S krydset med S får altid S afkom, medens de øvrige krydsninger spalter ud. Genotyperne LL og LS resulterer i fænotypen stort næb L, medens genotypen SS resulterer i fænotypen lille næb S.

2. Angiv genotyperne for forældrene i stamtavle nr. 4.

▼ Klik for at se svaret.

LS og LS

3. Hvad er indavlskoefficienten af individet, der er angivet med en pil, hvis vi antager at olde- og bedsteforældrene er ubeslægtede?

▼ Klik for at se svaret.

Det er afkom af to helsøskende, så indavlskoefficienten er $(1/2)^3 + (1/2)^3 = (1/2)^2$

Finken lever hovedsageligt af frø, hvor størrelsen af de frø, der spises, er korreleret med næbstørrelsen. Finker med små næb spiser små bløde frø, medens finker med store næb spiser store hårde frø. Fordelingen over næbstørrelsen vises for unge fugle, hvor de mørke søjler er dem, der overlever til voksenstadiet, medens de lyse søjler viser fugle, som ikke overlever til voksenstadiet.

4. Hvilken form for naturlig selektion virker, når man betragter begge størrelsesklasser af finken?

▼ Klik for at se svaret.

Disruptiv selektion, hvor de to grupper har forskellige fødenicher.

5. Hvilken form for naturlig selektion virker, når man betragter de to størrelsesklasser af finken hver for sig?

▼ Klik for at se svaret.

Stabiliserende selektion, hvor individer tæt på middelværdien af en given størrelsesklasse har højere overlevelse end individer længere væk fra middelværdien.

Opgave 5

Fra en meget stor population af bananfluer indfanges der en stikprøve, der bruges til et kvantitativt genetisk forsøg. De holdes på en konstant populationsstørrelse i hver generation ($N = 15$). Man analyserer en kvantitativ genetisk karakter, hvis fænotypiske varians (V_P) udelukkende består af additiv genetisk varians (V_A) og miljøvariens (V_E),

$$V_P = V_A + V_E.$$

Additiv genetisk varians aftager på samme måde som gendiversitet som følge af genetisk drift,

$$V_A(t) = V_A(0) \left(1 - \frac{1}{2N}\right)^t,$$

Hvor $V_A(t)$ og $V_A(0)$ er henholdsvis den additive genetiske varians i generation t og i generation 0.

1. Hvor stor en brøkdel af den additive genetiske varians er der tilbage efter 16 generationer?

▼ Klik for at se svaret.

$$\begin{aligned} \frac{V_A(t)}{V_A(0)} &= \left(1 - \frac{1}{2N}\right)^t \\ &= \left(1 - \frac{1}{30}\right)^{16} \\ &= 0,58 \end{aligned}$$

2. Forventes V_A at gå mod nul, når tiden går mod uendelig, eller er der andre ting, der modvirker dette?

▼ Klik for at se svaret.

Vi forventer, at der indstiller sig en ligevægt mellem tab gennem genetisk drift og input via nye mutationer.

Man laver et selektionseksperiment med fluer, der stammer fra den 16. generation og med fluer, der indsamles fra den store vilde population. Man selekterer ved, at man udvælger en gruppe individer, der i gennemsnit har fire enheder mere end populationens gennemsnit, der er 10 enheder (gælder for begge populationer.). Heritabiliteten er 0,75 i den vilde population. Den fænotypiske varians for karakteren er 8 i populationen.

3. Hvad er miljøvariansen i den vilde population?

▼ Klik for at se svaret.

$$V_E = V_P - V_A = 8 - 0,75 \times 8 = 2$$

4. Hvad er middelværdien af afkomsgenerationen i populationen, der har været i laboratoriet, og den, der er indsamlet på ny?

▼ Klik for at se svaret.

Selektionsdifferentialet er ens i begge populationer, $S = 4$

Responsen er givet ved

$$R = h^2 \times S$$

Ny-indsamlet population

$$R = 0,75 \times 4 = 3$$

Afkomspopulationens middelværdi: $10 + 3 = 13$

Population, der har været 16 generationer i laboratoriet

$$R = 0,58 \times 0,75 \times 4 = 1,74.$$

Afkomspopulationens middelværdi: $10 + 1,74 = 11,74$

(Her er heritabiliteten 0,58 af den oprindelige.)

Man indsamler fluer fra en anden population, der viser sig at have den samme heritabilitet for karakteren, nemlig 0,75. Her er gennemsnittet af karakteren 14

5. Kan man på denne baggrund sige, at forskellen mellem de to populationer genetisk betinget?

▼ Klik for at se svaret.

Det ved vi intet om. Heritabiliteten fortæller kun noget om variationen inden for en population. Vi bliver nødt til at lave et common garden experiment.

Opgave 6

Fie er forsker og arbejder med at fremavle kalkuner med hurtigere vækst. Den egenskab Fie selekterer på er, hvor hurtigt kalkunerne opnår en slagtevægt på 6 kg. I gennemsnit tager det almindelige kalkuner 12 uger at opnå en vægt på 6 kg. Heritabiliteten i snæver forstand, h^2 , for dette træk er 0,4. Fie vil etablere en avlstamme for hurtigere vækst. Hun udvælger en gruppe kalkuner, som i gennemsnit vejer 6 kg efter kun 11 uger, og deres afkom udgør første afkomsgeneration.

1. Hvor stort er selektionsdifferentialet?

▼ Klik for at se svaret.

$$S = 11 \text{ uger} - 12 \text{ uger} = -1 \text{ uge}$$

2. Hvor mange uger vil det i gennemsnit tage for den første afkomsgeneration, at opnå en vægt på 6 kg?

▼ Klik for at se svaret.

Respons: $R = h^2 \times S = -1 \times 0,4 = -0,4$ Middelværdi af afkomsgenerationen: $12 - 0,4 = 11,6$

Fie har brugt en del SNP-markører i sit avlsarbejde. Når hun sammenligner nukleotiddiversiteten i udgangspopulationen med nukleotiddiversiteten efter 8 generationer, opdager hun at diversiteten er faldet til det halve.

3. Ud fra det slutter hun, at den effektive populationstørrelse i avlspopulationen har været ca. 6 under selektionseksperimentet. Hvordan kommer hun til det resultat?

▼ Klik for at se svaret.

$$H_t = H_0(1 - 1/(2N_e))^t$$

$$H_t/H_0 = 0,5 \approx (1 - 1/(2 \times 6))^8$$

4. Fie mener, at det er vigtigt at bevare så meget af den genetiske variation som muligt i avlsstammen. Hvilke(n) faktor(er) vil påvirke tabet af genetiske variation i avlsstammen og hvordan kan Fie modvirke dette?

▼ Klik for at se svaret.

Det er primært genetisk drift der vil påvirke den genetiske variation i avlsstammen. Tabet af variation reduceres bedst ved at have så stor population som muligt i hver generation (min. genetisk drift) + lige mange haner som høner + lige meget afkom pr høne.