

Badanie sekwencji mikrosatelitarnych w populacji Lisa rudego



Spis treści

- 1) Lis rudy
- 2) Wprowadzenie
- 3) Charakterystyka sekwencji w populacji i w subpopulacjach
- 4) Statystyka F
- 5) Wnioski
- 6) Podsumowanie
- 7) Bibliografia

Lis rudy

Lis rudy (*Vulpes vulpes*) jest drapieżnym ssakiem należącym do rodziny psowatych. Jest jednym z pięciu rodzimych przedstawicieli tej rodziny na obszarze Europy. Występuje też na większości terenów Azji, północy Afryki i Ameryki Północnej. Do Australii został sprowadzony przez człowieka i stanowi tam jeden z groźniejszych gatunków inwazyjnych. W zależności od klimatu Lis rudy występuje w różnych biotopach od leśnych po otwarte, nizinne po górskie. W Polsce można go spotkać wszędzie, wliczając w to duże miasta. Lis jest generalnie gatunkiem osiadłym, ale w skrajnie trudnych warunkach podejmuje na zimę migracje do obszarów o łagodniejszym klimacie. Cechuje go duża zmienność ubarwienia ale większość osobników tego gatunku posiada typowe, mniej lub bardziej rude futro. Lisy polują głównie na małe gryzonie, ale żywią się też zajęcami, bezkręgowcami, młodymi ssaków kopytnych, sporadycznie spożywają też rośliny w tym owoce i warzywa.



Wprowadzenie

Krótką charakterystyką badań

Otrzymaliśmy dane dla dwóch populacji Lisa rudego. Badaliśmy trzy sekwencje REN25E18, REN397J23 oraz REN75M10. Naszym zadaniem była analiza obu populacji oraz wyprowadzenie na podstawie obliczeń wniosków czy populacje znajdują się w równowadze Hardy'ego-Weinberga względem podanych sekwencji.

Opis badanych parametrów

- Heterozygotyczność oczekiwana - frekwencja heterozygot oszacowana dla frekwencji alleli danego locus w populacji w warunkach równowagi Hardy'ego-Weinberga.
- Heterozygotyczność obserwowana - rzeczywista frekwencja heterozygot występująca w populacji.
- Parametr F - charakteryzuje heterozygotyczność danej populacji.
- H_I - obserwowana heterozygotyczność danej sekwencji
- H_S - oczekiwana heterozygotyczność danej sekwencji
- \bar{p}_i - średnia frekwencja danego allele w obu populacjach
- H_T - oczekiwana heterozygotyczność danej sekwencji obliczona na podstawie średniej częstości alleli w populacji
- F_{ST} - współczynnik utrwalenia
- F_{IS} - współczynnik inbredu

Charakterystyka sekwencji w populacji i w subpopulacjach

Frekwencje alleli

	REN25E18		REN307J23		REN75M10	
Populacja I	238	1	356	0,797	184	0,469
			360	0,094	178	0,234
			354	0,109	182	0,109
					180	0,188
Populacja II	238	0,828	348	0,016	161	0,016
	234	0,172	350	0,266	163	0,016
			352	0,047	167	0,016
			354	0,141	169	0,094
			356	0,078	172	0,063
			358	0,250	174	0,109
			360	0,016	176	0,156
			362	0,063	178	0,109
			364	0,063	180	0,203
			366	0,016	182	0,172
			368	0,047	184	0,016
					186	0,016
					188	0,016

Frekwencje genotypów

	REN25E18		REN307J23		REN75M10
Populacja I	238x238	1	354x356	0,219	178x184
			356x360	0,188	184x184
			356x356	0,594	180x184
					0,281
					178/182
					0,094
					182/184
					0,063
					182/182
					0,031
Populacja II	234×238	0,344	348×358	0,031	161×176
	238×238	0,656	350×350	0,063	163×180
			350×356	0,063	167×178
			350×354	0,125	169×169
			350×362	0,031	169×172
			350×368	0,063	169×182
			352×358	0,031	169×184
			352×362	0,031	169×186
			354×354	0,031	172×174
			354×356	0,031	172×180
			354×358	0,063	172×182
			356×358	0,031	174×174
			356×364	0,031	174×176
			358×358	0,063	174×178
			358×360	0,031	174×180
			358×362	0,031	176×176
			358×366	0,031	176×178
			358×368	0,031	176×180

	REN25E18		REN307J23		REN75M10
		362×364	0,031	176×182	0,031
		364×364	0,031	178×178	0,031
		350×358	0,094	178×180	0,031
		350×352	0,031	180×180	0,094
				180×182	0,031
				182×182	0,094
				182×188	0,031

Wartość obserwowana genotypów

	REN25E18		REN307J23		REN75M10
Populacja I	238x238	1	354x356	0,219	178x184
			356x360	0,188	184x184
			356x356	0,594	180x184
					0,281
					178/182
					0,094
					182/184
					0,063
					182/182
					0,031
Populacja II	234×238	0,344	348×358	0,031	161×176
	238×238	0,656	350×350	0,063	163×180
			350×356	0,063	167×178
			350×354	0,125	169×169
			350×362	0,031	169×172
			350×368	0,063	169×182
			352×358	0,031	169×184
			352×362	0,031	169×186
			354×354	0,031	172×174
			354×356	0,031	172×180
			354×358	0,063	172×182
			356×358	0,031	174×174
			356×364	0,031	174×176
			358×358	0,063	174×178
			358×360	0,031	174×180
			358×362	0,031	176×176
			358×366	0,031	176×178
			358×368	0,031	176×180

	REN25E18		REN307J23		REN75M10
		362×364	0,031	176×182	0,031
		364×364	0,031	178×178	0,031
		350×358	0,094	178×180	0,031
		350×352	0,031	180×180	0,094
				180×182	0,031
				182×182	0,094
				182×188	0,031

Wartość oczekiwana genotypów

	REN25E18		REN307J23		REN75M10
Populacja I	238x238	1	354x356	0,174	178x184
			356x360	0,149	184x184
			356x356	0,635	180x184
					178/182
					182/184
					182/182
					178/180
					180/180
					0,051
					0,103
Populacja II	234×238	0,285	348×358	0,008	161×176
	238×238	0,686	350×350	0,071	163×180
			350×356	0,042	167×178
			350×354	0,075	169×169
			350×362	0,033	169×172
			350×368	0,025	169×182
			352×358	0,023	169×184
			352×362	0,006	169×186
			354×354	0,020	172×174
			354×356	0,022	172×180
			354×358	0,070	172×182
			356×358	0,039	174×174
			356×364	0,010	174×176
			358×358	0,063	174×178
			358×360	0,008	174×180
			358×362	0,031	176×176
			358×366	0,008	176×178
			358×368	0,023	176×180
					0,063

REN25E18		REN307J23		REN75M10	
	362×364	0,008	176×182	0,054	
	364×364	0,004	178×178	0,012	
	350×358	0,133	178×180	0,044	
	350×352	0,025	180×180	0,041	
			180×182	0,070	
			182×182	0,030	
			182×188	0,005	

Statystyka F

Statystyka F osobno dla sekwencji

	REN25E18		REN307J23		REN75M10	
Populacja I	Ho	0	Ho	0,406	Ho	0,813
	He	0	He	0,344	He	0,678
	F	1	F	-0,180	F	-0,198
Populacja II	Ho	0,344	Ho	0,813	Ho	0,656
	He	0,285	He	0,828	He	0,867
	F	-0,208	F	0,019	F	0,243

	REN25E18		REN307J23		REN75M10	
	Hi	0,172	Hi	0,610	Hi	0,735
	Hs	0,358	Hs	0,586	Hs	0,773
	HT	0,157	HT	0,754	HT	0,841
	Fst	-1,276	Fst	0,222	Fst	0,082
	Fis	0,519	Fis	-0,040	Fis	0,049
	Fit	0,095	Fit	0,191	Fit	0,127

Statystyka F wspólnie dla sekwencji

	REN25E18		REN307J23		REN75M10	
	Hi	0,505				
	Hs	0,572				
	HT	0,584				
	Fst	0,021				
	Fis	0,117				
	Fit	0,135				

Wnioski

Sekwencja REN25E18

- Allel najczęściej występujący w I populacji: 238
- Allel występujący najczęściej w II populacji: 238
- Allel występujący najczęściej w obu populacjach: 238
- Wnioski do statystyki F:
 - W przypadku tej sekwencji dla populacji pierwszej, statystyka F wynosi 1 co oznacza brak jakiekolwiek heterozygotyczności. W przypadku populacji drugiej Statystyka F wynosi -0,208 co świadczy o przechyleniu parametru F w stronę heterozygotyczności.
- Wnioski do F_{ST} :
 - Współczynnik wyniósł -1,276, najprawdopodobniej z powodu wzięcia pod uwagę tylko wycinka populacji. Traktujemy go jako zerowy. Wskazuje na małe genetyczne zróżnicowanie obu subpopulacji.
- Wnioski do F_{IS}
 - Współczynnik wsobności wynosi 0,519 co świadczy, że populacja nie jest zbliżona do równowagi Hardy'ego-Weinberga. Wynik wskazuje na zwiększoną ilość homozygot w populacji.

Sekwencja REN307J23

- Allel najczęściej występujący w I populacji: 356
- Allel występujący najczęściej w II populacji: 350
- Allel występujący najczęściej w obu populacjach: 356
- Wnioski do statystyki F:
 - W przypadku tej sekwencji dla populacji pierwszej, statystyka F wynosi -0,180 co oznacza, że parametr F jest przechylony w stronę heterozygotyczności. W przypadku populacji drugiej Statystyka F wynosi 0,019 co świadczy o lekkim przechyleniu parametru F w stronę homozygotyczności.
- Wnioski do F_{ST} :
 - Współczynnik wynosi 0,222, co wskazuje na duże zróżnicowanie genetyczne pomiędzy subpopulacjami. Może być spowodowane odległością obu populacji od siebie, selekcji lub też dryfu genetycznego.
- Wnioski do F_{IS}
 - Współczynnik inbredu wynosi -0,040, co świadczy o lekkim przechyleniu w kierunku heterozygotyczności. Jednak populacja jest zbliżona do równowagi Hardy'ego-Weinberga. Heterozygotyczność obserwowana i oczekiwana w obu populacjach są silnie do siebie zbliżone.

Sekwencja REN75M10

- Allel najczęściej występujący w I populacji: 184
- Allel występujący najczęściej w II populacji: 180
- Allel występujący najczęściej w obu populacjach: 184
- Wnioski do statystyki F:
 - W przypadku tej sekwencji dla populacji pierwszej, statystyka F wynosi -0,198, co oznacza że przechylenie parametru F w kierunku heterozygotyczności. W przypadku populacji drugiej Statystyka F wynosi 0,243, co oznacza przechylenie parametru F w kierunku homozygotyczności.
- Wnioski do F_{ST} :
 - Współczynnik utrwalenia wynosi 0,082, co wskazuje na bardzo duże zróżnicowanie genetyczne obu populacji. Może być spowodowane odległością obu populacji od siebie, selekcji lub też dryfu genetycznego.
- Wnioski do F_{IS} :
 - Współczynnik wsobności jest silnie zbliżony do 0, wynosi 0,049 co świadczy, że populacja jest zbliżona do równowagi Hardy'ego-Weinberga - heterozygotyczność oczekiwana i obserwowana są niemal sobie równe.

Podsumowanie

Wykonane obliczenia dotyczące frekwencji genotypów oraz statystyk F mają na celu zbadanie wśród populacji lisa pospolitego zjawiska równowagi genetycznej i zróżnicowania genetycznego wśród osobników.

Sekwencja REN25E18 wykazuje małą zmienność genetyczną oraz wysoką homozygotyczność. Sekwencja ta jest niezgodna z prawem Hardy'ego - Weinberga. Może to świadczyć o tym, że populacja została w jakiś sposób odseparowana, lub też u homozygot ujawniają się cechy korzystniejsze w środowisku życia badanych osobników.

Wśród sekwencji REN307J23 widać duże zróżnicowanie genetyczne między subpopulacjami, istnieją też różnice w ich strukturze - w populacji II występuje znaczna przewaga liczby genotypów nad populacją I. Podczas gdy pierwsza populacja jest przechylona w stronę heterozygotyczności, druga skłania się również w stronę homozygotyczności - dlatego sekwencja ta jest zbliżona do równowagi Hardy'ego-Weinberga, ale jej nie osiąga.

Sekwencja REN75M10 najsilniej dąży do równowagi Hardy 'ego-Weinberga. Również wartość obserwowana i oczekiwana heterozygotyczności w całej populacji jest najbardziej zbliżona.

Należy pamiętać, że badania były prowadzone na małych populacjach, zatem wyniki mogą być niemiarodajne i nie pokrywać się z rzeczywistą sytuacją występującą w populacji lisa rudego.



Bibliografia

[https://www.igib.uw.edu.pl/files/7213/8814/5934/
Analizy_populacyjne._Genetyka_w_archeologii_i_kryminalistycze._24-28_maja_2010.pdf](https://www.igib.uw.edu.pl/files/7213/8814/5934/Analizy_populacyjne._Genetyka_w_archeologii_i_kryminalistycze._24-28_maja_2010.pdf)

[https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/5/59/
Vulpes_vulpes_at_shipwreck.jpg](https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/5/59/Vulpes_vulpes_at_shipwreck.jpg)

[https://www.tapeciarnia.pl/tapety/normalne/tapeta-lezacy-rudy-
lis.jpg](https://www.tapeciarnia.pl/tapety/normalne/tapeta-lezacy-rudy-lis.jpg)

[https://www.tapetus.pl/obrazki/n/255690_lis-rudy-snieg-
galazki.jpg](https://www.tapetus.pl/obrazki/n/255690_lis-rudy-snieg-galazki.jpg)

https://tapety.tja.pl/obrazki/tja_normalne/219961.jpg

https://www.wikiwand.com/pl/Lis_rudy