



Udako Euskal Unibertsitatea

Flora mehatxatua eta populazioen genetika

PILAR CATALÁN RODRÍGUEZ

Iruña 2007



Universidad
de Zaragoza

ZER DA POPULAZIOEN GENETIKA?

Populazioen bariazio genetikoaren herentzia (eta bariazio horrek denboran eta espazioan duen aldaketa) aztertzen duen ikerketa teoriko eta esperimentalak da.

Helburua: populazioen osaera genetikoa eta osaera hau erabakitzen eta aldatzen duten faktoreak ulertzea.

POPULAZIOEN GENETIKAN ERABILITAKO MARKAGAILU MOLEKULARRAK

| <u>Markagailua</u> | <u>Ezaugarri Mendeliarrak</u> | <u>Oroimen historikoa</u> |
|------------------------|-------------------------------|---------------------------|
| Isoenzimak | Kodominanteak | Ez (*) |
| RFLP | Kodominanteak | Bai |
| RAPD | Gainartzailea | Ez |
| AFLP | Gainartzailea | Ez (*) |
| Minisateliteak | Gainartzailea | Ez |
| SSR Mikrosatelitak | Kodominanteak | Bai (*) |
| PCR: ISSR, RAMP, etab. | Gainartzailea | Ez |
| DNA Sekuentziazioa | ? | Bai |

Ereduzko populazioa:

Izakia diploidea da ($2x$)

Sexualki bakarrik ugal daiteke

Ez dago belaunaldien arteko gainjarpenik

Estalketak zorizkoak dira

Populazioa neurrigabeko (edo oso handia) da

Ez dago migraziorik (edo ez du garrantziarik)

Ez dago mutaziorik (edo alde batera utzi daitezke)

Hautespen naturalak ez du eraginik aztertutako

aleloetan



HARDY-WEINBERGEn PRINTZIPIOA

Populazioen aldakortasun genetikoaren kuantifikazioa

1 Populazioa :

$$\begin{array}{cc} \underline{A_1} & \underline{A_2} \\ (0.5) & (0.5) \end{array}$$

2 Populazioa :

$$\begin{array}{ccc} \underline{A_1} & \underline{A_3} & \underline{A_4} \\ (0.05) & (0.10) & (0.85) \end{array}$$

Zein populazio da aldakorragoa?

Aldakortasun genetikoaren deskribatzaileak (populazioa)

Borderea (isoenzimak) (Segarra & Catalán 2002)



Populazio mailako aldakortasun genetikoa. N=lagin zenbakia. A=locus bakoitzeko dauden aleloen batzbestekoa. **P95, P99**=%95 eta 99 irizpideen arabeko loci polimorfikoen neurria. **H_o**=batazbesteko heterozigosia (zenbatze zuzena). **H_e**=ustezko batazbesteko heterozigosia (Hardy-Weinbergen printzipioa jarraituz).

| Populazioa | N | A±σ | P ₉₅ | P ₉₉ | H _o ±σ | H _e ±σ |
|------------|----|-----------|-----------------|-----------------|-------------------|-------------------|
| Bc1 | 51 | 1.14±0.08 | 9.52 | 9.52 | 0.078±0.055 | 0.046±0.031 |
| Bp1 | 58 | 1.29±0.12 | 14.29 | 19.05 | 0.123±0.069 | 0.075±0.039 |
| Bp2 | 60 | 1.19±0.09 | 14.29 | 14.29 | 0.124±0.069 | 0.069±0.037 |
| Bp3 | 60 | 1.14±0.08 | 14.29 | 14.29 | 0.126±0.071 | 0.071±0.039 |
| Bp4 | 60 | 1.19±0.09 | 9.52 | 14.29 | 0.098±0.065 | 0.050±0.033 |
| Bp5 | 60 | 1.19±0.11 | 14.29 | 14.29 | 0.121±0.069 | 0.073±0.040 |
| Bp6 | 60 | 1.24±0.12 | 19.05 | 19.05 | 0.135±0.070 | 0.085±0.043 |

Borderea pyrenaicaren aldakortasun genetikoaren estimazioa

Mikrosateliteak (Segarra et al. 2007)

Borderea pyrenaicaren aldakortasun genetikoaren estimatzaileak

| | | N_A | A | A_P | P_{95} | P_{99} | H_O | H_E |
|----------|------------------------------|-------|-------|-------|----------|----------|-------|-------|
| Gavarnie | Bp01 | 37 | 2.056 | 2.727 | 50.00 | 61.11 | 0.175 | 0.201 |
| | Bp02 | 44 | 2.444 | 3.600 | 44.44 | 44.44 | 0.221 | 0.235 |
| | Bp03 | 28 | 1.556 | 2.429 | 38.89 | 38.89 | 0.122 | 0.129 |
| | Bp04 | 29 | 1.611 | 2.375 | 38.89 | 38.89 | 0.129 | 0.146 |
| | Bp05 | 39 | 2.167 | 3.100 | 50.00 | 55.56 | 0.204 | 0.210 |
| | Bp06 | 39 | 2.167 | 3.333 | 38.89 | 44.44 | 0.170 | 0.179 |
| | Bp07 | 32 | 1.833 | 2.667 | 44.44 | 50.00 | 0.203 | 0.204 |
| | Bp08 | 28 | 1.778 | 2.556 | 44.44 | 50.00 | 0.188 | 0.200 |
| | Bp10 | 33 | 1.833 | 2.667 | 44.44 | 50.00 | 0.141 | 0.168 |
| | Bp11 | 33 | 2.111 | 3.222 | 44.44 | 44.44 | 0.164 | 0.170 |
| | Bp12 | 28 | 1.556 | 2.429 | 38.89 | 38.89 | 0.183 | 0.172 |
| | Hego- aurre- pirineoak | Bp13 | 41 | 2.278 | 3.091 | 61.11 | 61.11 | 0.232 |
| Bp14 | | 58 | 3.222 | 4.077 | 55.56 | 66.67 | 0.197 | 0.241 |
| Bp15 | | 42 | 2.389 | 3.083 | 38.89 | 61.11 | 0.136 | 0.172 |
| Bp16 | | 45 | 2.444 | 4.250 | 44.44 | 44.44 | 0.175 | 0.209 |

N_A , $p=0.016$

A, $p=0.014$

P_{99} , $p=0.027$

Aldakortasun genetikoaren deskribatzaileak (espeziea)



Borderea (isoenzimak) (Segarra & Catalán 2002)

Especie mailako estadistiko genetikoak. A =locuseko aleloen batzbestekoa. A_p =locus polimorfikoko aleloen batzbestekoa. U =alelo eskusiboen zenbakia. $P_{(1)}$ =alelo eskusiboen batzbesteko maiztasuna. H_T =aldakortasun genetiko osoa. Populazio barneko (H_S) edo arteko (D_{ST}) aldakortasun genetiko batzbestekoa. G_{ST} =populazioen arteko desberdintasun genetiko koefizientea.

| | $A \pm \sigma$ | A_p | U | $P_{(1)}$ | $H_T \pm \sigma$ | $H_S \pm \sigma$ | $D_{ST} \pm \sigma$ | $G_{ST} \pm \sigma$ |
|---------------------|----------------|-------|-----|-----------|------------------|------------------|---------------------|---------------------|
| <i>B. chouardii</i> | 1.143±0.078 | 2.000 | 1.0 | 1.00 | 0.046±0.031 | ---- | ---- | ---- |
| <i>B. pyrenaica</i> | 1.381±0.129 | 2.143 | 6.0 | 0.18 | 0.074±0.039 | 0.070±0.037 | 0.003±0.002 | 0.035±0.016 |

***B. pyrenaica*ren aldakortasun genetikoaren zatidura (AMOVA):**

%95.6 populazioen barne eta %4.4 populazioen artean.



Loci polimorfikoen endogamia indizea

$$F_{IS} = (H_e - H_o) / H_e$$

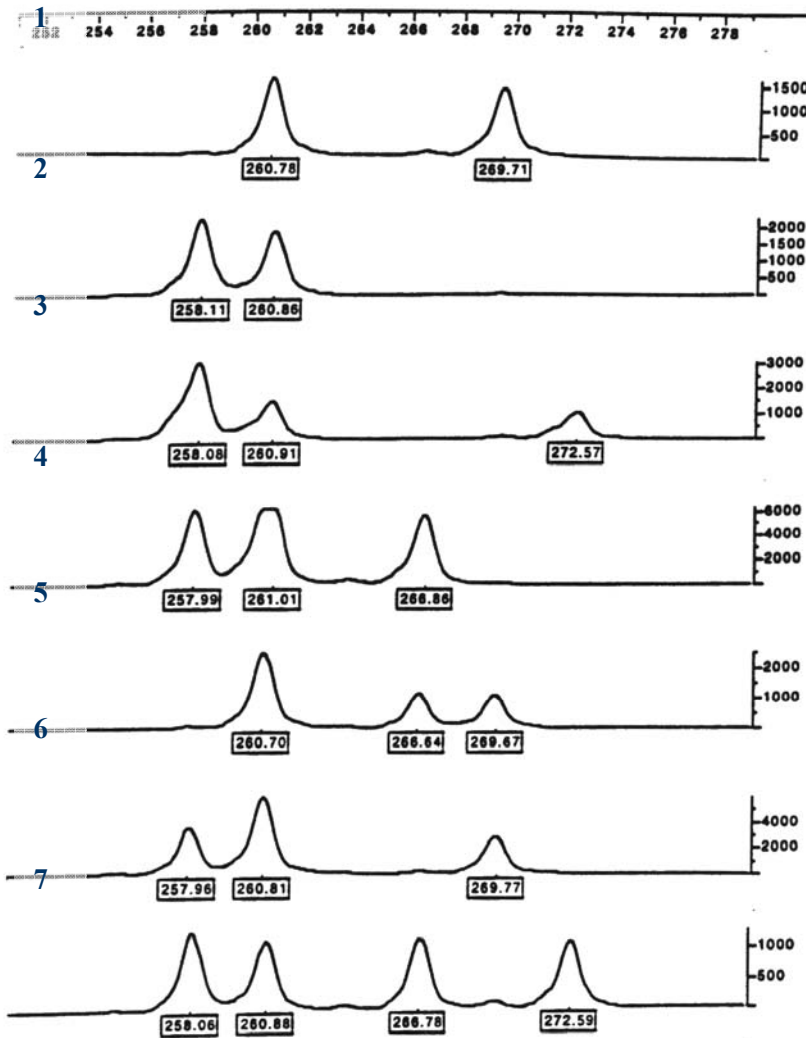
Loci polimorfikoen finkapen indizeak (F_{IS}) *Borderearen* 7 populaziotarako.

* Hardy-Weinberg orekarekiko desbideratze esanguratsuak ($p < 0.05$).

| Locus | Bc1 | Bp1 | Bp2 | Bp3 | Bp4 | Bp5 | Bp6 |
|--------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|
| AAT | --- | -0.009 | --- | --- | --- | --- | --- |
| IDH | -0.010 | -1.000* | -1.000* | -1.000* | -1.000* | -1.000* | -1.000* |
| MNR-1 | -0.374* | -0.125 | -0.368* | -0.330* | -0.017 | -0.223 | -0.300* |
| PGI-2 | -1.000* | -0.967* | -1.000* | -1.000* | -1.000* | -0.724* | -0.601* |
| PGM-2 | --- | 0.658* | -0.008 | --- | --- | --- | --- |
| SKD | --- | --- | --- | --- | -0.008 | --- | --- |
| TPI-2 | --- | --- | --- | --- | --- | --- | -0.101 |

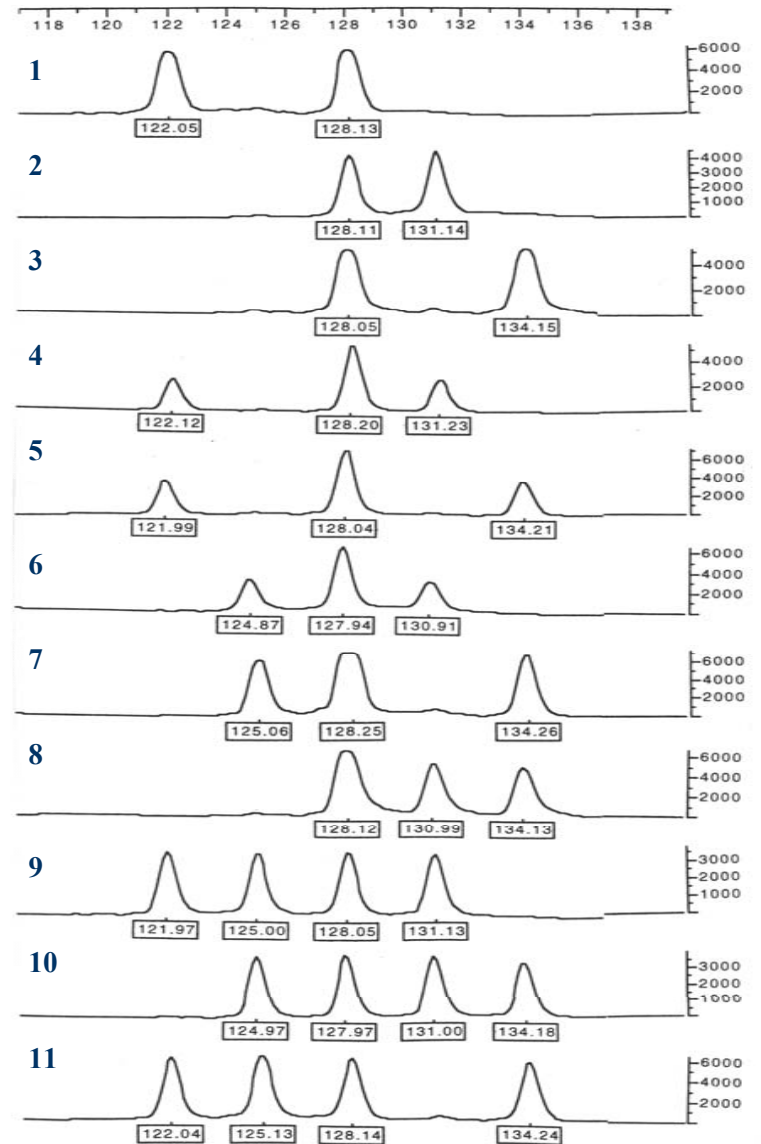
SSR Borderea

Bc1274



Borderea chouardii

Bc1357



Borderea pyrenaica

Bayesian analysis of the nature of *Borderea* tetraploidy

(Catalán et al. 2006)

Autotetraploid (tetrasomic inheritance):

$$p(y | H_{auto}) = \frac{n!}{\prod_{i=1, n_g} n_i!} \prod_{i=1, n_g} \left(\frac{4!}{\prod_{j=1, n_a} x_{ij}!} \right)^{n_i} \frac{\Gamma\left(\sum_{j=1, n_a} \alpha_j\right) \prod_{j=1, n_a} \Gamma\left(\sum_{i=1, n_g} x_{ij} n_i + \alpha_j\right)}{\prod_{j=1, n_a} \Gamma(\alpha_j) \Gamma\left(4n + \sum_{j=1, n_a} \alpha_j\right)}$$

$$B_{allo, auto} = \frac{p(y | H_{allo})}{p(y | H_{auto})}$$

Allotetraploid (disomic inheritance):

$$p(y | H_{allo}) = \prod_{h=1, 2} \left\{ \frac{n!}{\prod_{i=1, n_{hg}} n_{h_i}!} \prod_{i=1, n_{hg}} \left(\frac{2!}{\prod_{j=1, n_{ha}} x_{h_{ij}}!} \right)^{n_{h_i}} \right. \\ \times \frac{\Gamma(\sum_{j=1, n_{ha}} \alpha_{h_j})}{\prod_{j=1, n_{ha}} \Gamma(\alpha_{h_j})} \\ \left. \times \frac{\prod_{j=1, n_{ha}} \Gamma(\sum_{i=1, n_{hg}} x_{h_{ij}} n_{h_i} + \alpha_{h_j})}{\Gamma(2n_h + \sum_{j=1, n_{ha}} \alpha_{h_j})} \right\}$$

Bayes factor
(Kass & Rafteri 1995)

(*B. chouardii*: 803.38 ; *B. pyrenaica*: 13169.28)

Aldakortasun genetikoaren indizeak (markagailu gainartzaileak)

Nei (1973)

$$h = 1 - \frac{\sum_l \sum_u p_{lu}^2}{m}$$

Shannon &
Weaver (1949)

$$h = - \sum p_i \log_2 p_i$$

Borderea (RAPD) (Segarra & Catalán 2002)

Neiren aldakortasun genetikoa (1973)

| RAPD beita/Taxoia | <i>Borderea</i> | <i>B. chouardii</i> | <i>B. pyrenaica</i> | | | | | | |
|---|-----------------|---------------------|---------------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| | <i>sl.</i> | | Espezia | Populazioa | | | | | |
| | | | | Bp1 | Bp2 | Bp3 | Bp4 | Bp5 | Bp6 |
| OPA12 | 0.843 | 0.218 | 0.127 | 0 | 0.171 | 0.133 | 0.190 | 0.101 | 0.160 |
| OPB3 | 0.519 | 0.234 | 0.258 | 0.230 | 0.250 | 0.230 | 0.190 | 0.250 | 0.370 |
| OPB5 | 0.457 | 0.091 | 0.333 | 0.210 | 0.290 | 0.460 | 0.280 | 0.310 | 0.390 |
| OPB6 | 0.621 | 0.046 | 0.330 | 0.340 | 0.310 | 0.450 | 0.270 | 0.250 | 0.250 |
| OPB7 | 0.617 | 0.156 | 0.551 | 0.530 | 0.550 | 0.570 | 0.460 | 0.580 | 0.510 |
| OPB8 | 0.460 | 0.281 | 0.475 | 0.490 | 0.480 | 0.530 | 0.460 | 0.400 | 0.440 |
| OPB9 | 0.778 | 0 | 0.090 | 0.020 | 0.070 | 0.030 | 0.010 | 0.030 | 0.320 |
| OPB10 | 0.772 | 0.323 | 0.762 | 0.616 | 0.720 | 0.784 | 0.776 | 0.754 | 0.750 |
| OPB11 | 0.367 | 0 | 0.197 | 0.218 | 0.142 | 0.218 | 0.164 | 0.167 | 0.183 |
| OPB12 | 0.190 | 0.112 | 0.200 | 0.168 | 0.200 | 0.210 | 0.218 | 0.244 | 0.133 |
| OPB15 | 0.515 | 0.006 | 0.112 | 0.220 | 0.187 | 0.102 | 0.046 | 0.028 | 0.064 |
| OPB18 | 0.537 | 0.145 | 0.316 | 0.295 | 0.320 | 0.332 | 0.326 | 0.319 | 0.287 |
| Loci polimorfikoen proportzioa | 96.43 | 47.50 | 92.59 | 62.96 | 69.13 | 70.37 | 58.02 | 60.49 | 71.60 |
| Batazbesteko aniztasun genetikoa | 0.574 | 0.139 | 0.379 | 0.345 | 0.367 | 0.414 | 0.340 | 0.355 | 0.377 |

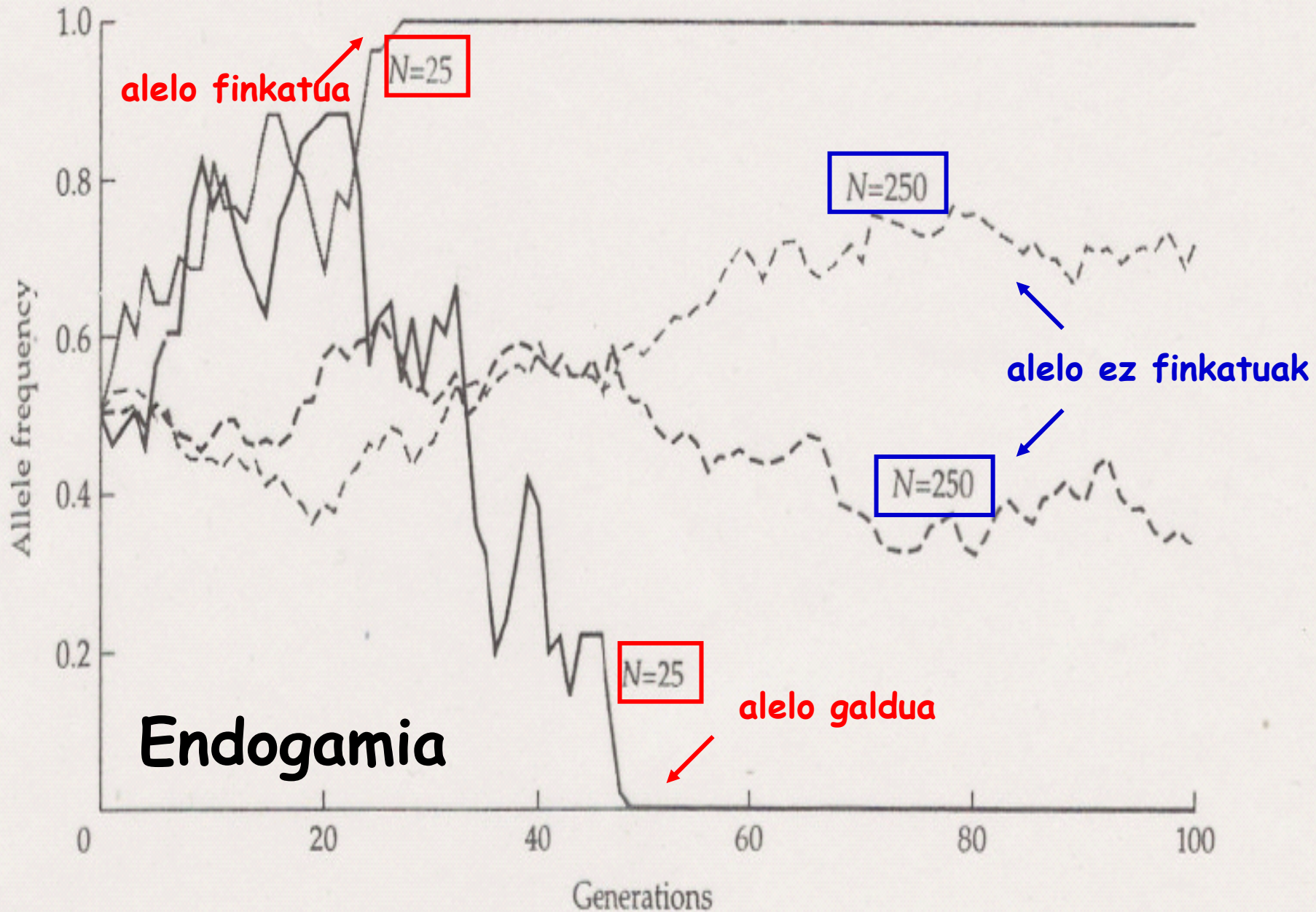
POPULAZIOEN EBOLUZIOAREN ZERGATIAK:

Benetazko populazioak ez dira populazio idealak!

Populazioen eboluzioan eragina duten faktoreak:

- **Deriba genetikoa** ★
- **Populazioaren estrukturatzea** ★
- **Mutazioa**
- **Migrazioa** ★
- **Hautespen naturala**

DERIBA GENETIKOA



POPULAZIOEN ESTRUKTURATZEA (AZPIPOPULAZIOAK):

WRIGHTen F ESTADISTIKOAK

Wrighten indizeek jario genikoa egon den estimatzeko balio dute

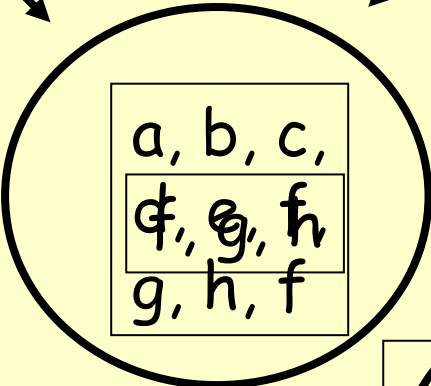
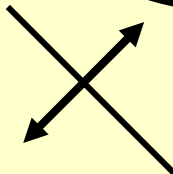
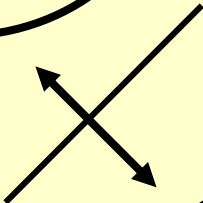
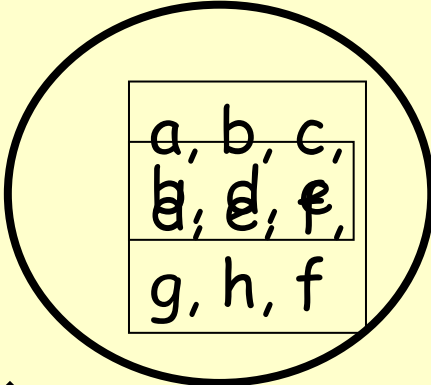
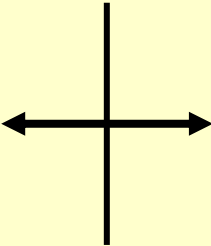
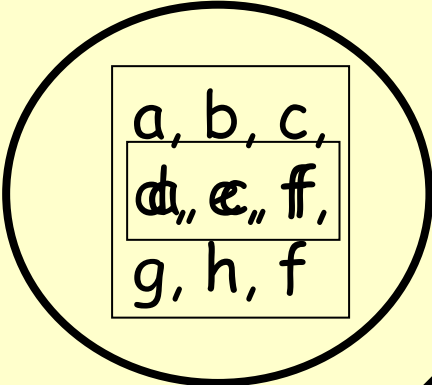
Finkatze indizea:

$$F_{ST} = (H_T - H_S) / H_T$$

A

A₁

A₂



A₃

F_{st} ~ 0

F_{st} ~ 1

DISTANTZIA GENETIKOAK

**ANTZEKOTASUN EDO
EZBERDINTASUN INDIZEAK**

MARKAGAILU KODOMINANTEAK

(ISOENZIMAK)

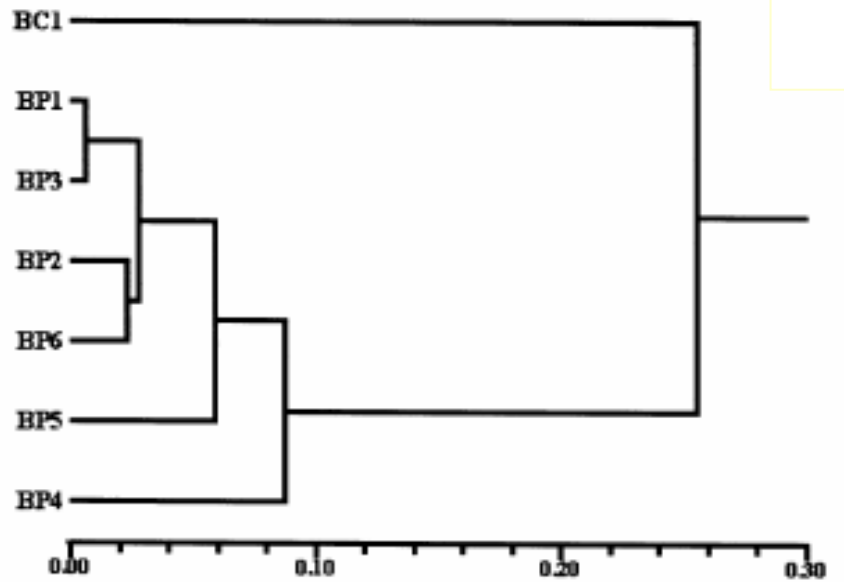
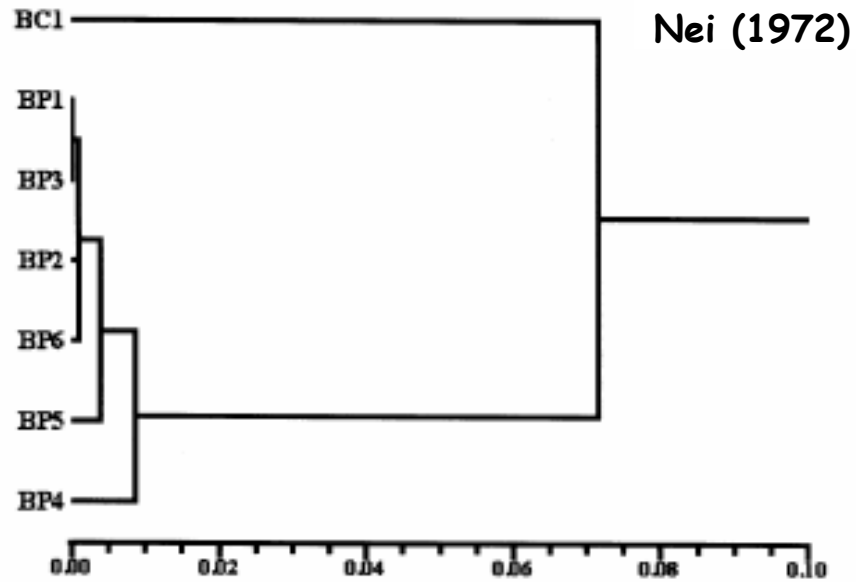
Maiztasun alelikoetan oinarritutako distantziak (populazioak)

Populazioen arteko distantzia
genetikoak

Nei (1972) $D_S = -\ln \left[\frac{J_{xy}}{\sqrt{J_x J_y}} \right]$ $J_x = \frac{\sum_j^r \sum_i^{mj} X_{ij}^2}{r}$ $J_y = \frac{\sum_j^r \sum_i^{mj} Y_{ij}^2}{r}$ $J_{xy} = \frac{\sum_j^r \sum_i^{mj} X_{ij} Y_{ij}}{r}$

Rogers (Wright, 1978) $D_R = \frac{1}{r} \sum_j^r \sqrt{\frac{\sum_i^m (X_{ij} - Y_{ij})^2}{2}}$

Cavalli-Sforza & Edwards (1967) $D_C = \frac{2}{\prod r} \sum_j^r \sqrt{2 \left(1 - \sum_i^{mj} \sqrt{X_{ij} Y_{ij}} \right)}$



Rogers (Wright, 1978)

Borderea (isoenzimak)
(Segarra & Catalán 2002)

MARKAGAILU GAINARTZAILEAK (RAPD, ISSR, AFLP, ...)

Multilocus markagailuen (fenotipoak) edo beste koefizienteen (populazioak) desberdintasunen zenbatekoan oinarritutako distantziak

Jaccard (1908) $J = \frac{a}{(a + b + c)}$

Dice (1945) $D = \frac{2a}{(2a + b + c)}$

Nei & Li (1979) $D = 1 - \frac{2a}{(2a + b + c)}$

| | | X INDIBIDUOA | | |
|-------|---|--------------|---|--------------------------------------|
| Y IND | | 1 | 0 | banda 1=presentzia 0=ausentzia |
| | 1 | a | b | |
| | 0 | c | d | |

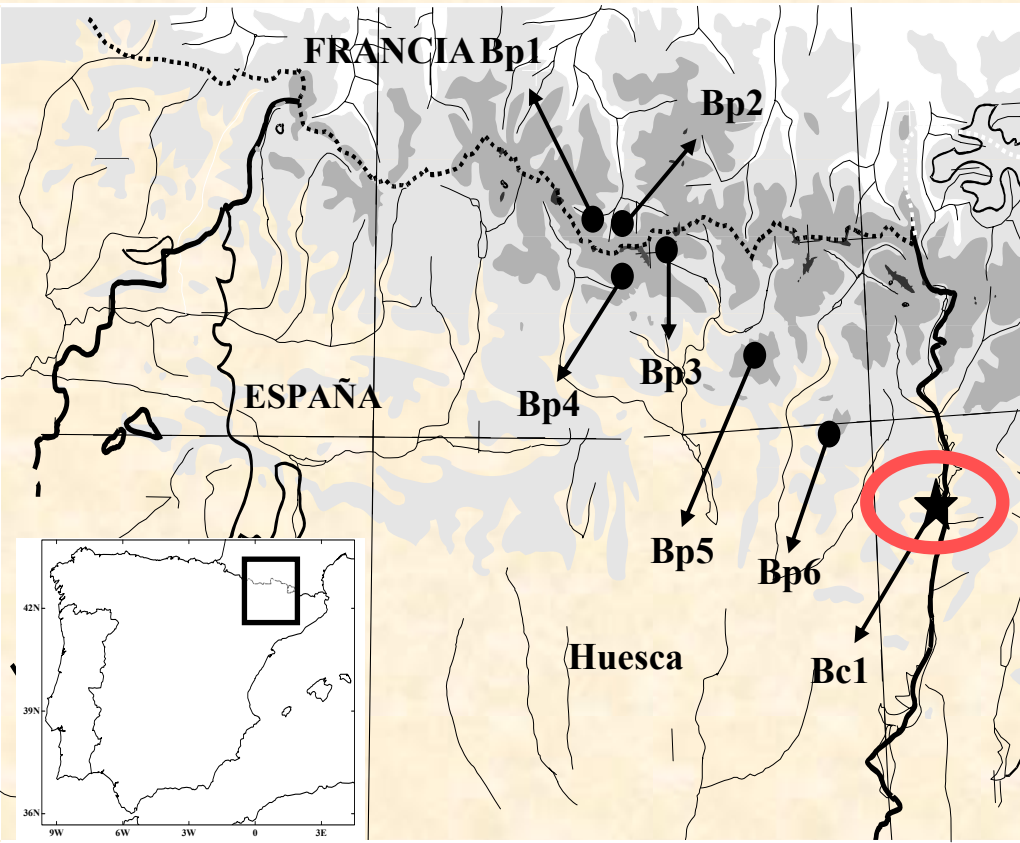
Distantzia Euklidearra
(Excoffier & al., 1992)

$$D_{(XY)} = \sqrt{\sum_i (X_i - Y_i)^2}$$

Borderea chouardii (Gaussen) Heslot

Galzorian (UICN)

Segarra-Moragues et al. (2005)





- Populazio bakarra ezagutzen da

**-2.100 indibiduo inguru guztira
(1/3 eme ugalkorrak)**

- Endogamia sakona

**- Hazien sakabanaketa eskasa
(postkarpotropismoa)**

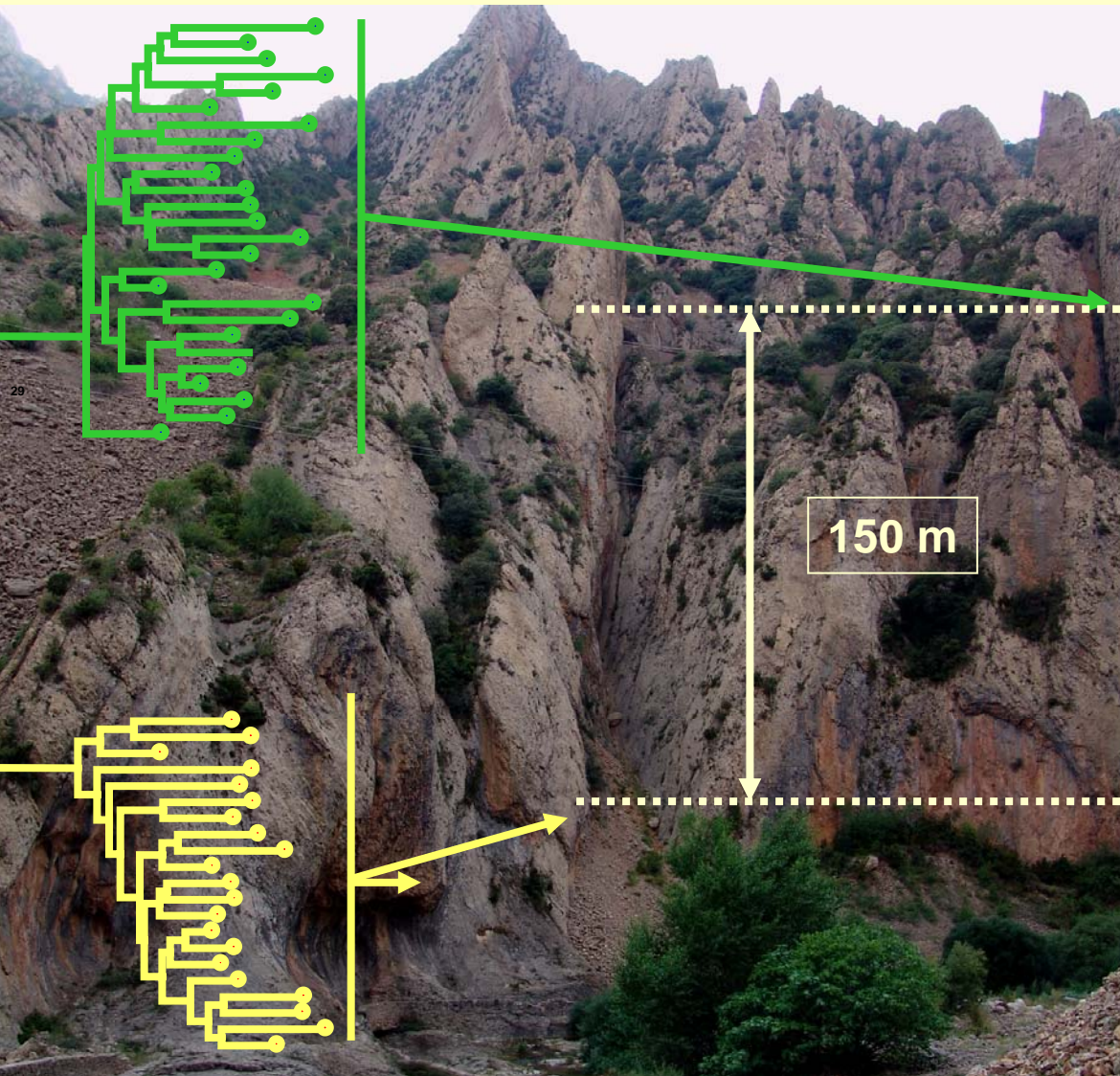
- Kolonizatzaile potentzial bajua

- Galzorian

**-Berreskuratze plan berezia
(Aragoiko Gobernu)**

B. chouardii mikrosateliteen analisisia

(Segarra-Moragues et al. 2005)



-Bi azpipopulazio
(goiko/beheko labarra)

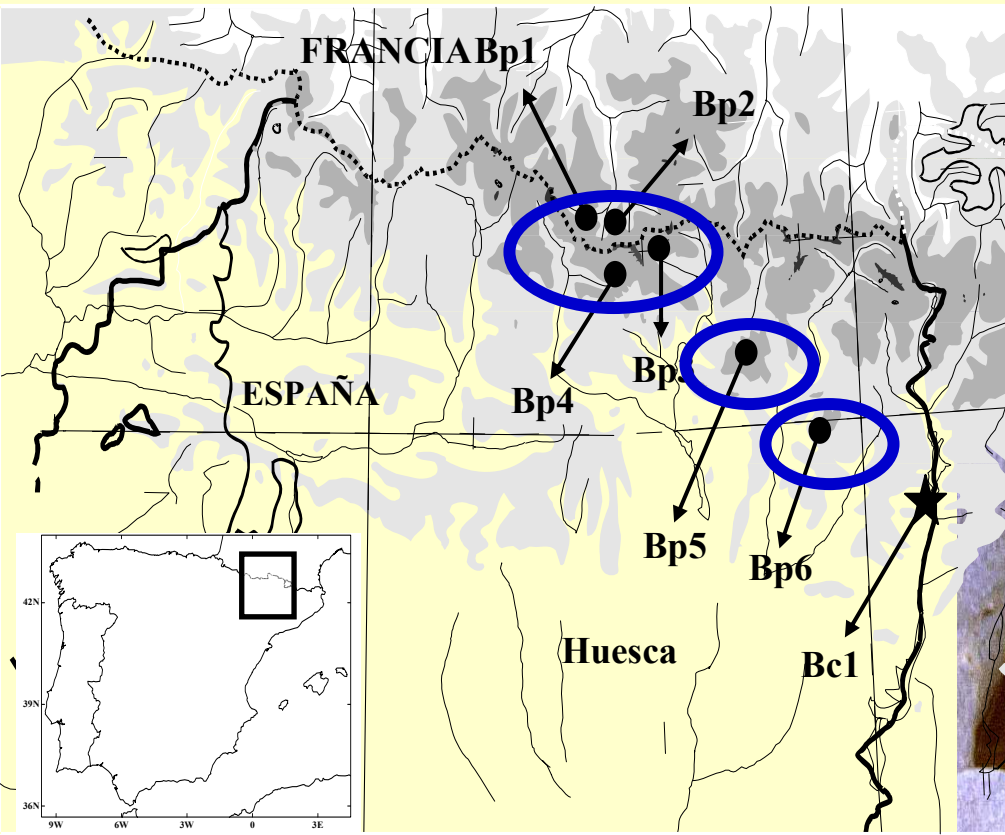
-Isolamendu
mikroespazialarekin
korrelazionaturiko
distantzia genetiko handia

-Emitza genetikoek *in-situ*
eta *ex-situ* babes neurri
berriak sustatu dituzte

Borderea pyrenaica Miégeville

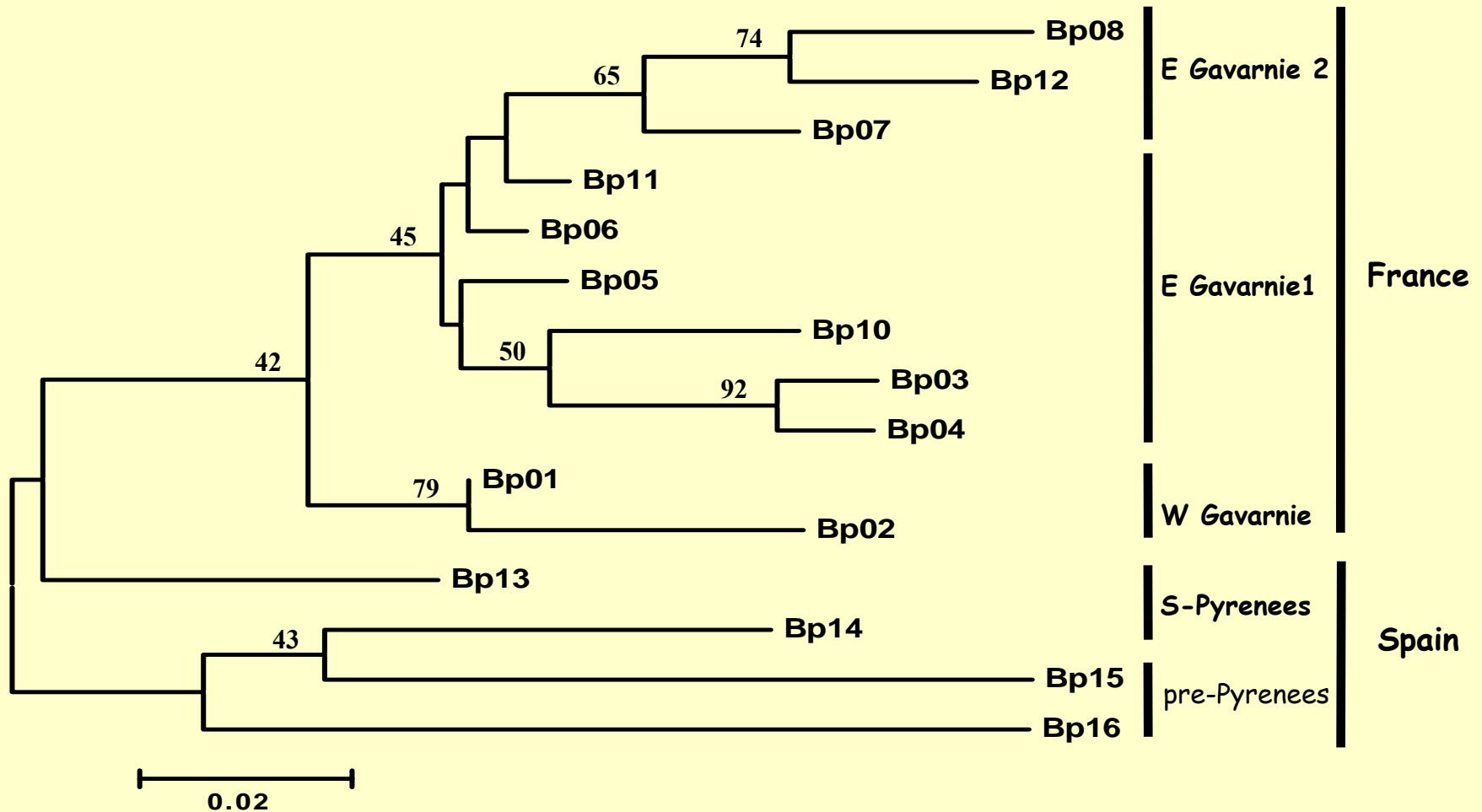
(Kaltebera, UICN) (PNP)

Segarra-Moragues et al. (2007)



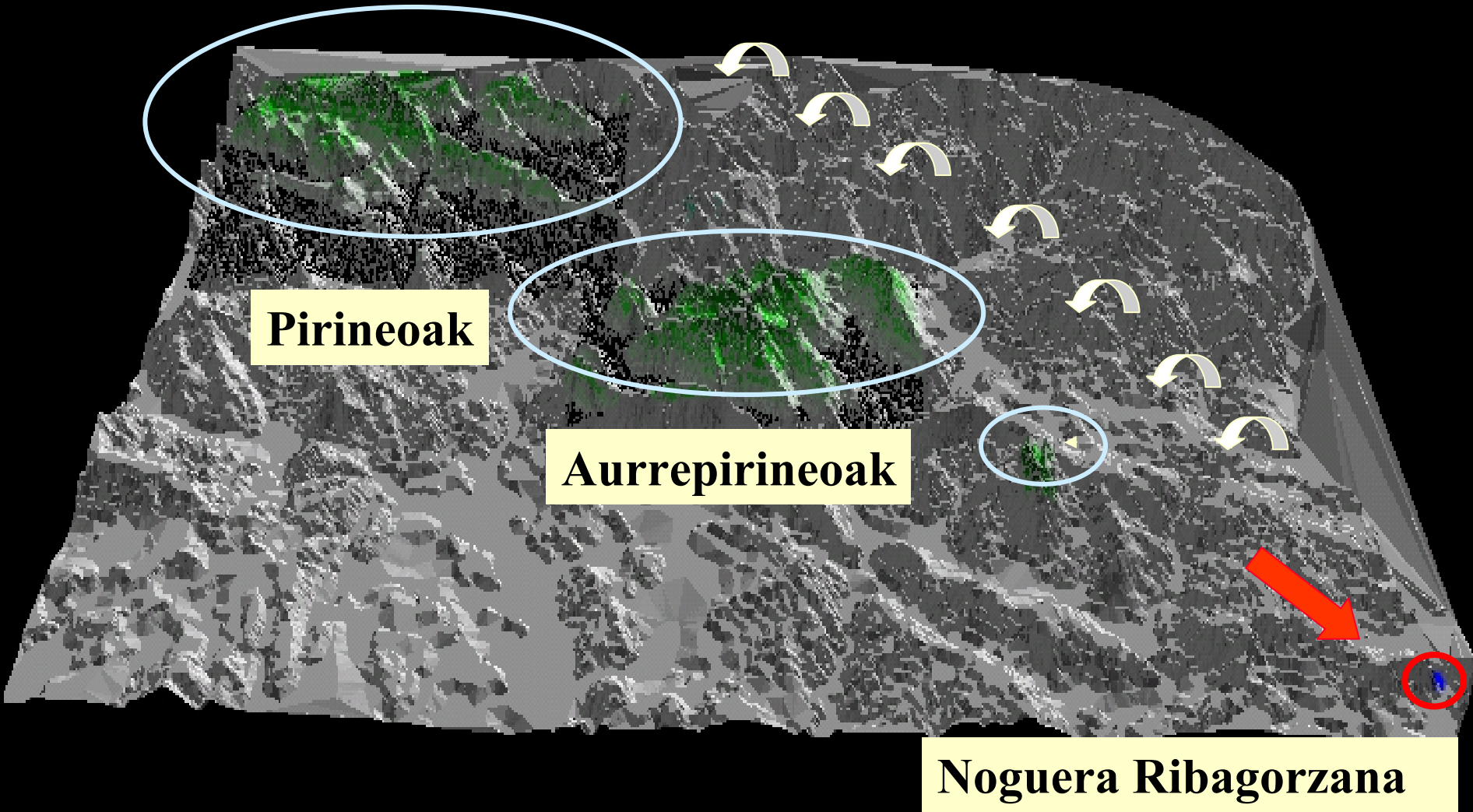
B. pyrenaica mikrosateliteen analisia

(Segarra-Moragues et al. 2007)



D_A distantzian oinarrituriko Neighbor-joining zuhaitza (Nei et al. 1983)

GLAZIAZIO ONDORENGO KOLONIZAZIO ESZENATOKIA



Bujaruelo
(Ordesa)

WG

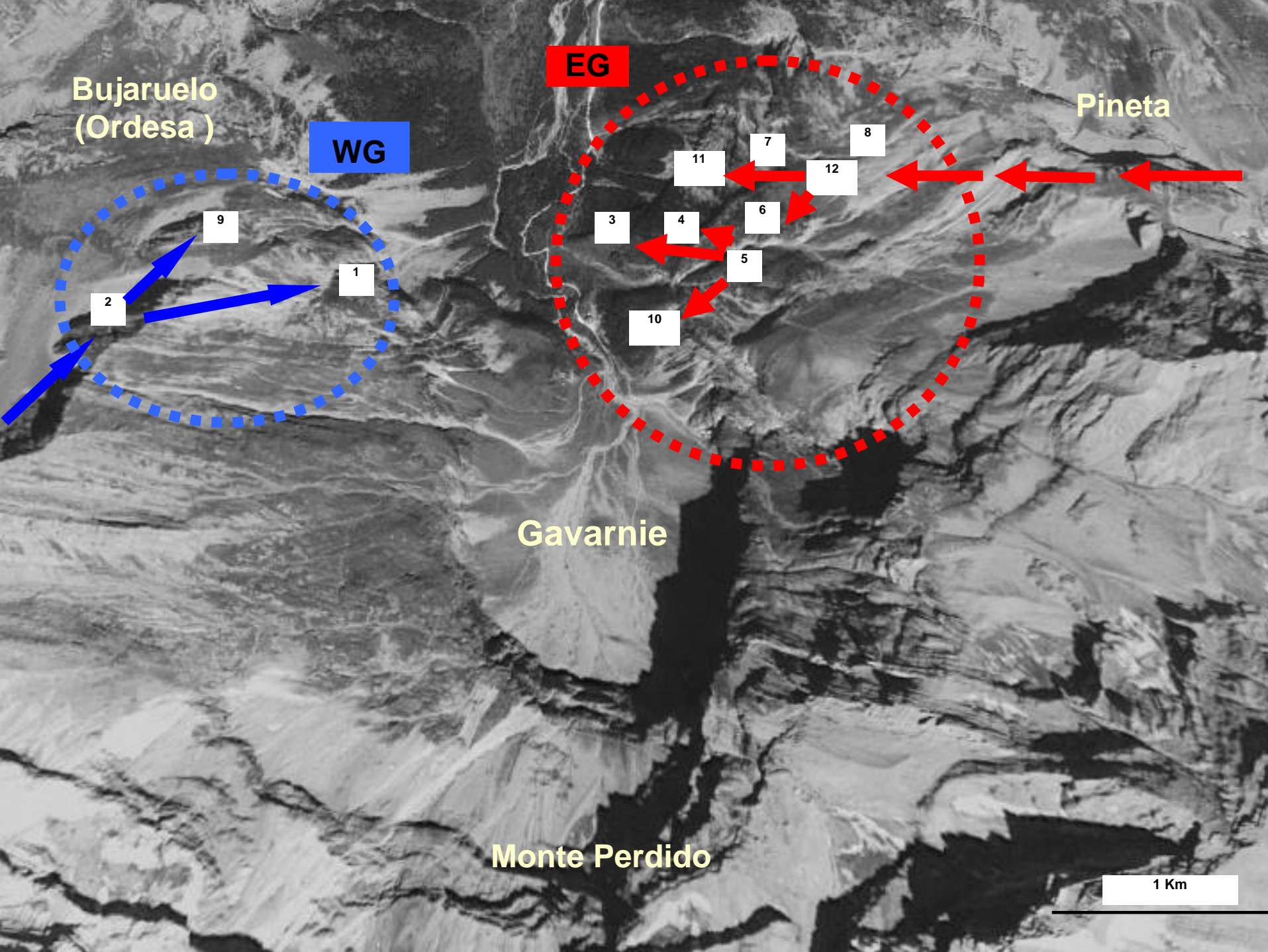
EG

Pineta

Gavarnie

Monte Perdido

1 Km

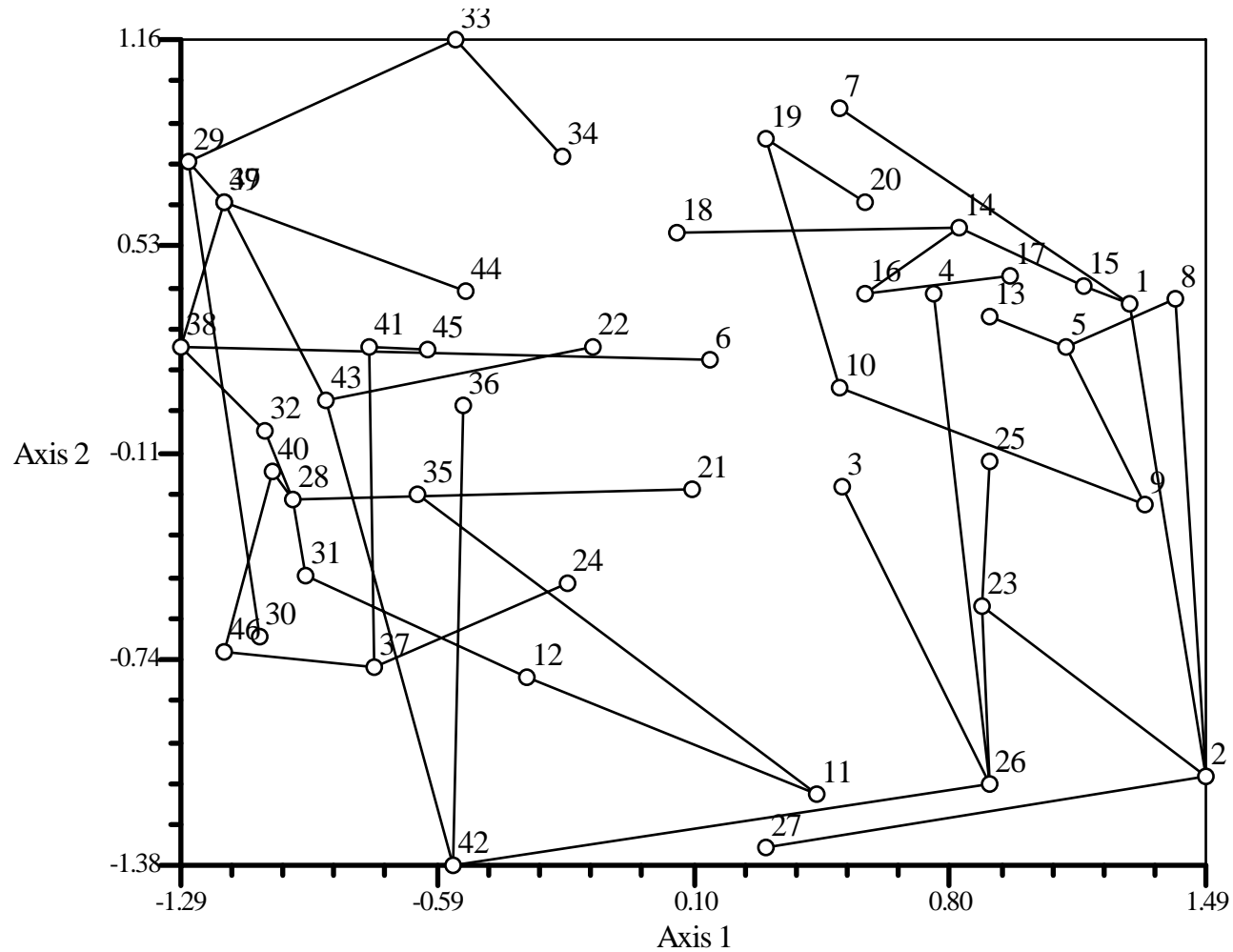


**INDIBIDUOEN ARTEKO
DISTANTZIA GENETIKOETAN
OINARRITURIKO ERLAZIO
GENOTIPIKO EDO
FENOTIPIKOAK**

- KOORDENATU NAGUSIEN ANALISIA
(PCO)**
- MINIMUM SPANNING TREE (MST)**

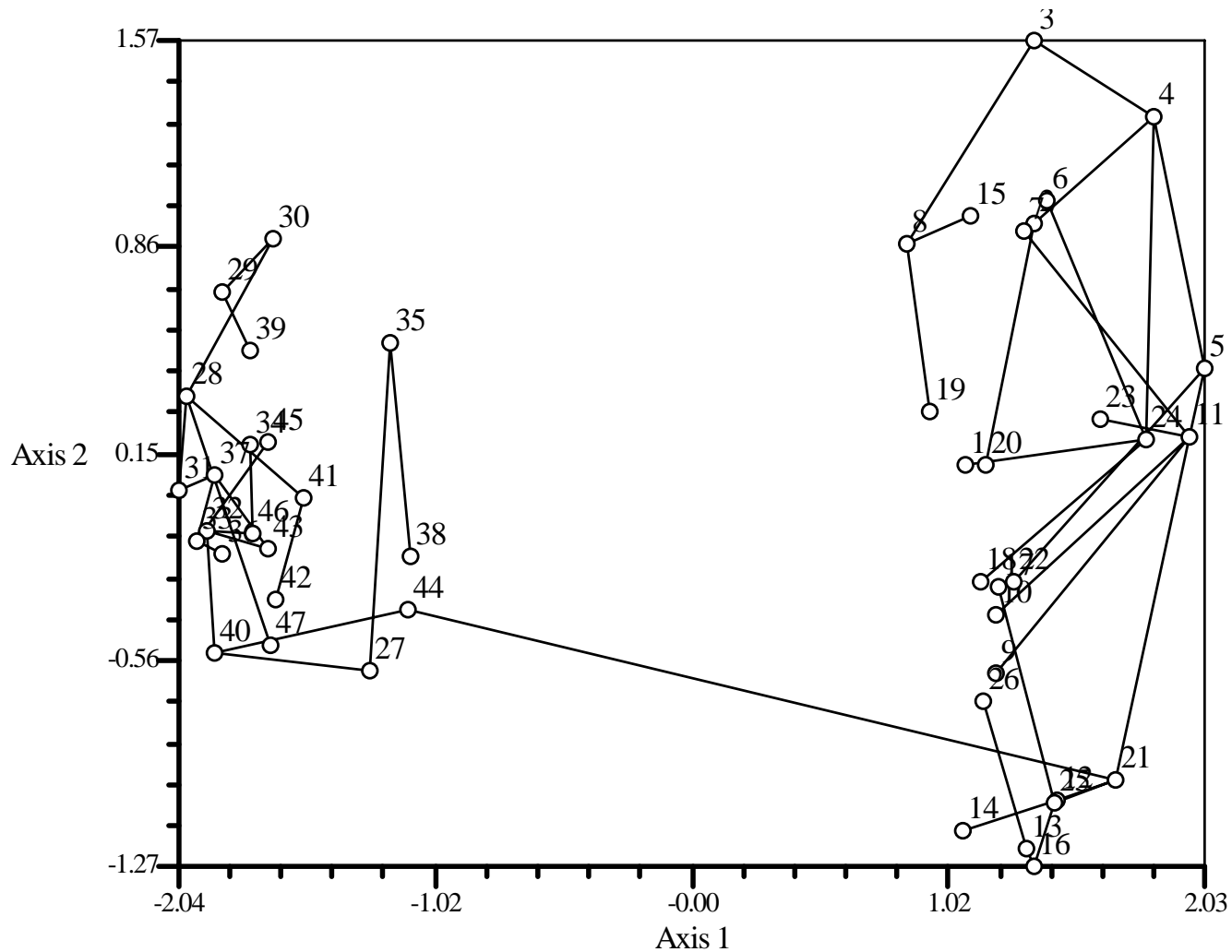
Borderea chouardii (Segarra-Moragues et al. 2005)

RAPD: PCO + MST



Borderea chouardii (Segarra-Moragues et al. 2005)

SSR: PCO - MST



POPULAZIOEN EGITURA:

-AMOVA: BARIANTZAREN ZATIKETA

(Excoffier *et al.*, 1992), ARLEQUIN (Schneider *et al.*, 2000)

-MODELU BAYESIARRAK: SIMULAZIOA

STRUCTURE v.2.0 (Pritchard *et al.*, 2000)

v.2.2 (+ Falush *et al* 2007) (AFLP, alelos baliogabeak)

B. chouardii populazioen egituraren estimazioa

Mikrosateliteak: AMOVA

| Bariantzaren zatiketa (AMOVA) | | | | |
|--------------------------------------|---------------------|------|---------------------------|-------|
| <i>Borderea chouardii</i> | Σ quadratuak | g.l. | Bariantzaren konponenteak | % |
| IAM (Kimura & Crow, 1964) | | | | |
| Goiko vs Beheko labarra | 28.030 | 1 | 0.57594 | 31.24 |
| Azpipupolazioak barnean | 116..608 | 92 | 1.26748 | 68.76 |
| SMM (Kimura & Ohta, 1978) | | | | |
| Goiko vs Beheko labarra | 215.424 | 1 | 4.33915 | 23.93 |
| Azpipupolazioak barnean | 1268.810 | 92 | 13.79142 | 76.07 |

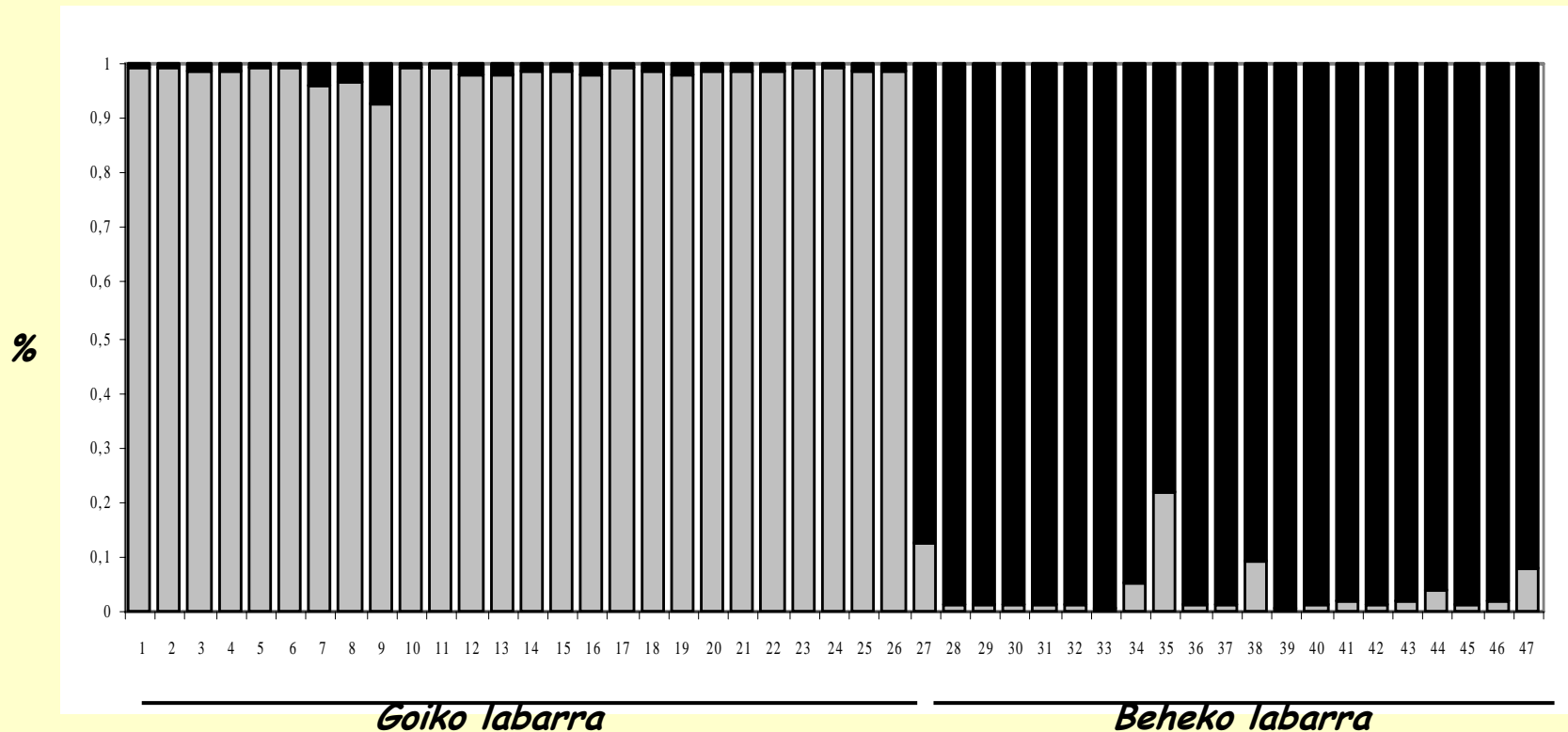
$$F_{ST} = 0.312 \text{ } p < 0.001$$

$$R_{ST} = 0.239 \text{ } p < 0.001$$

ARLEQUIN (Schneider & al., 2000) Pairwise difference (Excoffier & al., 1992)

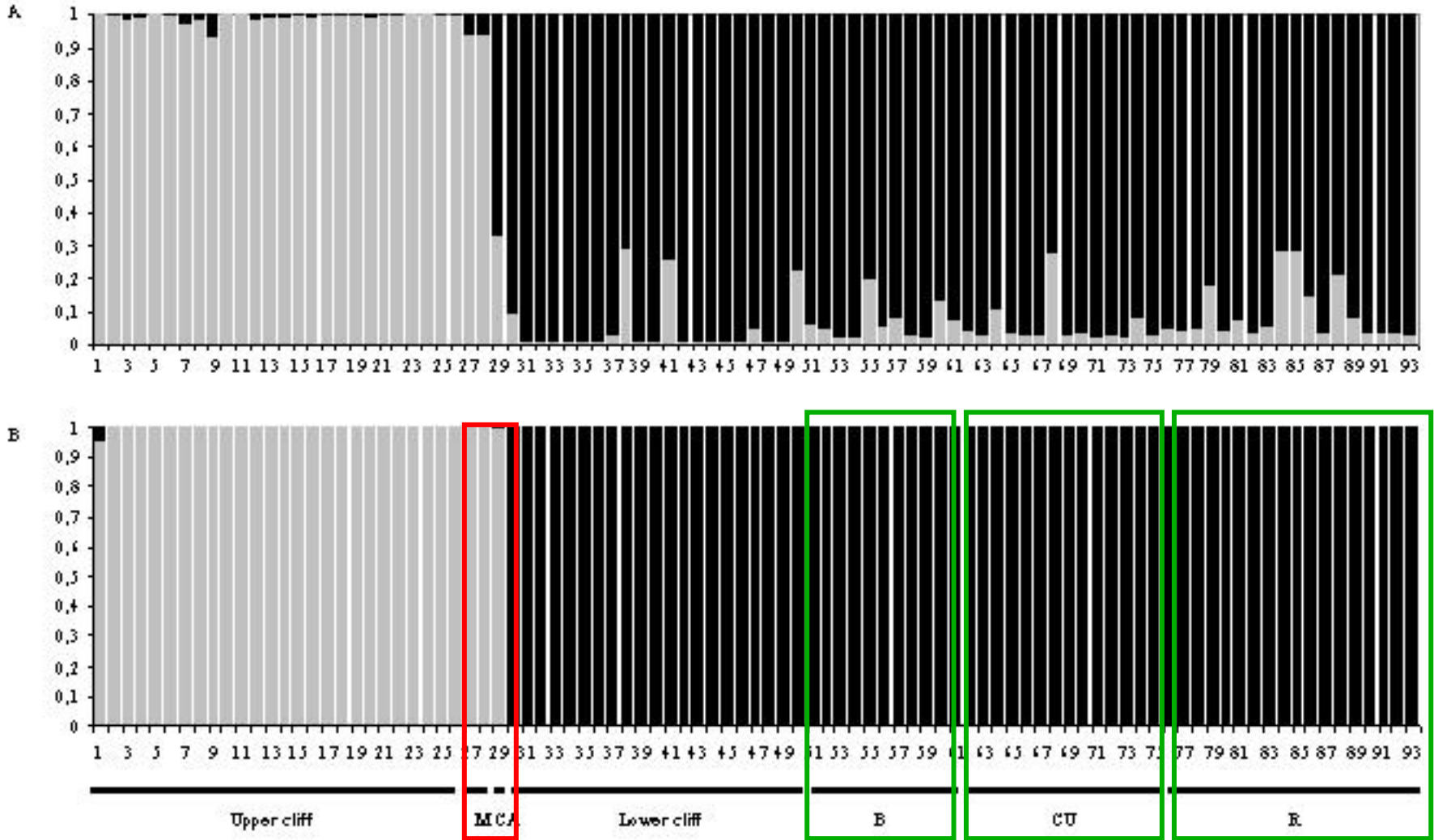
B. chouardii populazioen egituraren estimazioa

Mikrosateliteak: Inferentzia Bayesiarra (Structure)



Borderea chouardii (Segarra-Moragues et al. 2005)

Borderea chouardii hazi bankuaren analisia (SSR)

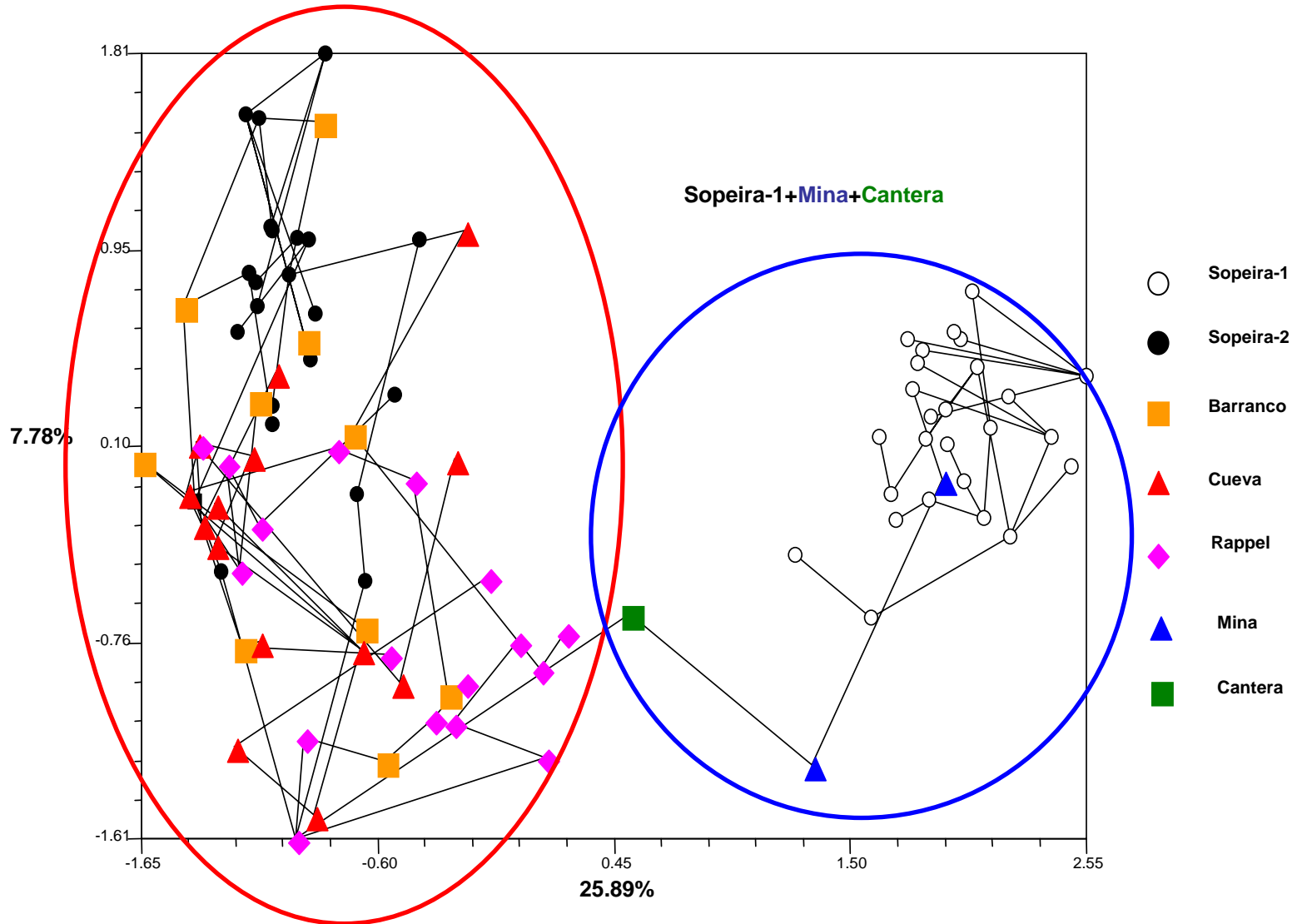


A) genotipoak
B) fenotipoak

(Segarra-Moragues, Iriando & Catalán (2005))

Borderea chouardii hazi bankuaren analisia (SSR)

Sopeira-2+Barranco+Cueva+Rappel



Migrazioa

Migrazioa populazioen edo azpipopulazioen arteko indibiduo mugimendua da, homogeneizazio genetikoaren arrazoa, deribak sortzen duen dibergentzia indargabetzen baitu.

Jario genikoaren estimazioa (Nm):

- *Wrighten* orekaren adierazpena (1951):

$$G_{ST} / \phi_{ST} = \frac{1}{1 + 4Nm} \quad \begin{array}{l} 4\text{-diploideak,} \\ 2\text{-haploideak} \end{array}$$

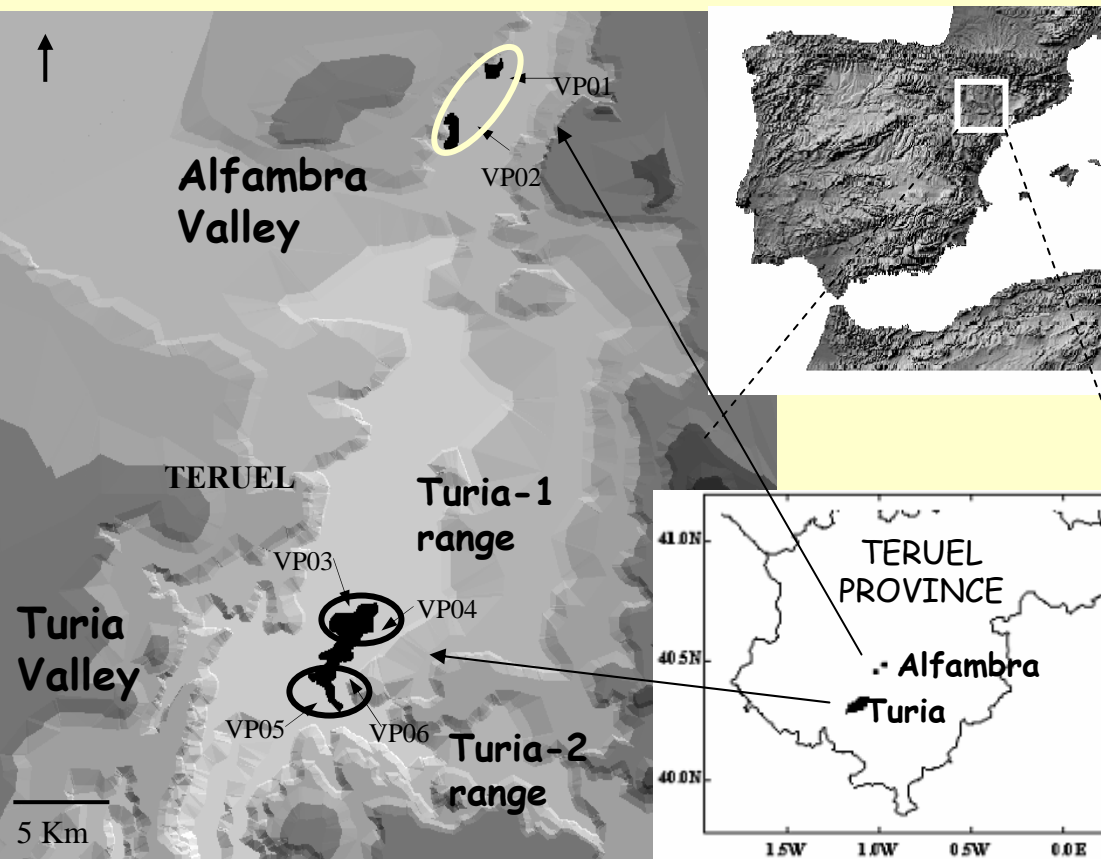
- *Slatkin* (1985) eta *Barton & Slatkinen* (1986) alelo arraroen metodoa:

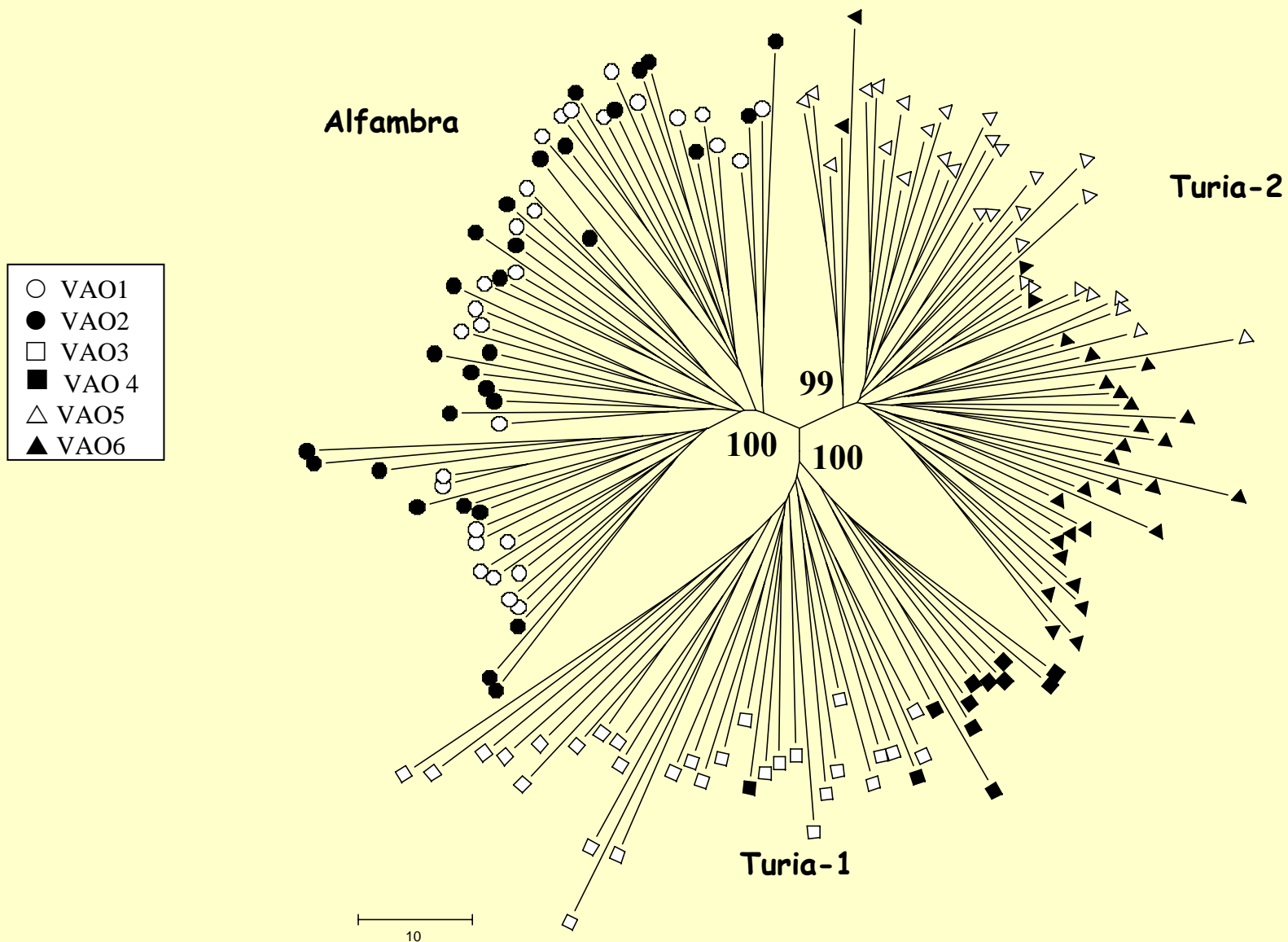
$$\log_{10} \overline{p_1} = a \cdot \log_{10} Nm + b$$

Vella pseudocytisus L. subsp. *pau* Gomez-Campo
(Brassicaceae)
(Galzorian, UICN)

(Pérez-Collazos & Catalán 2006)

AFLP

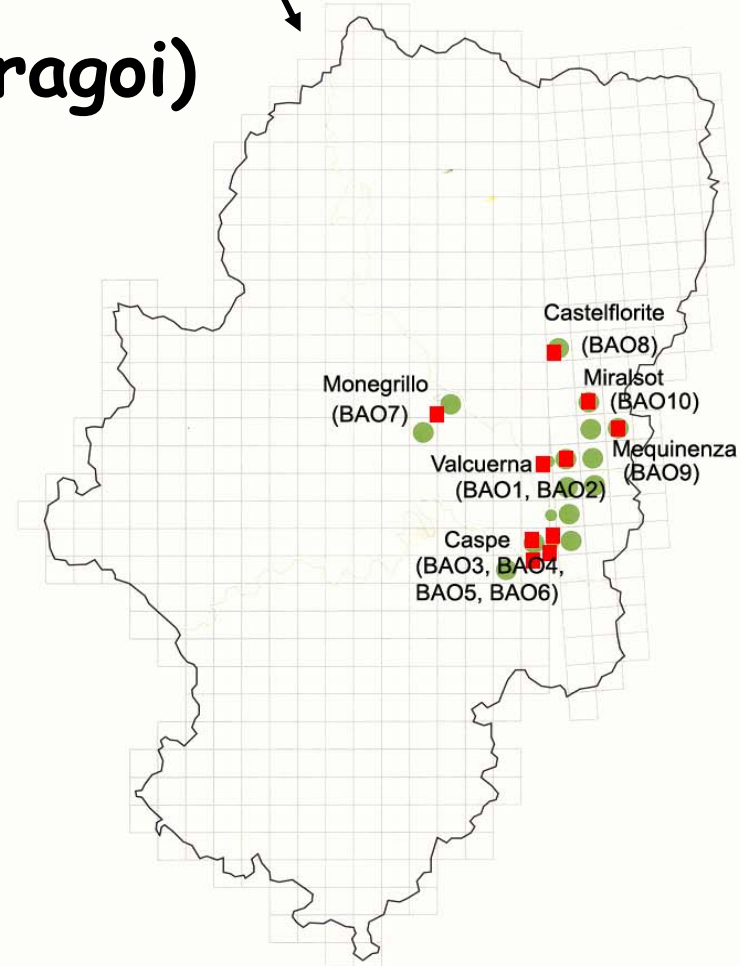
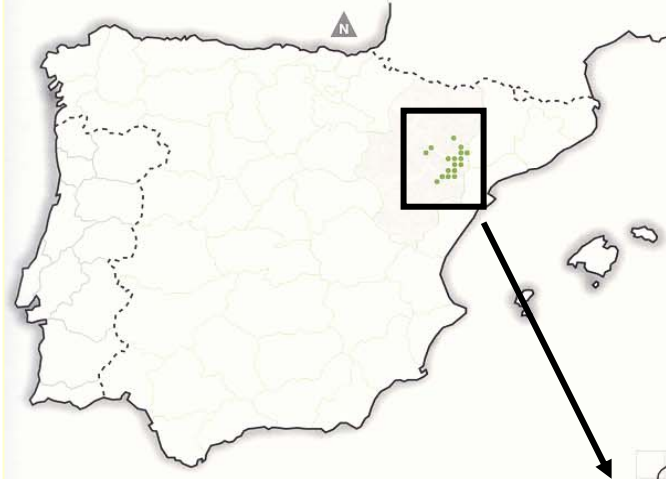


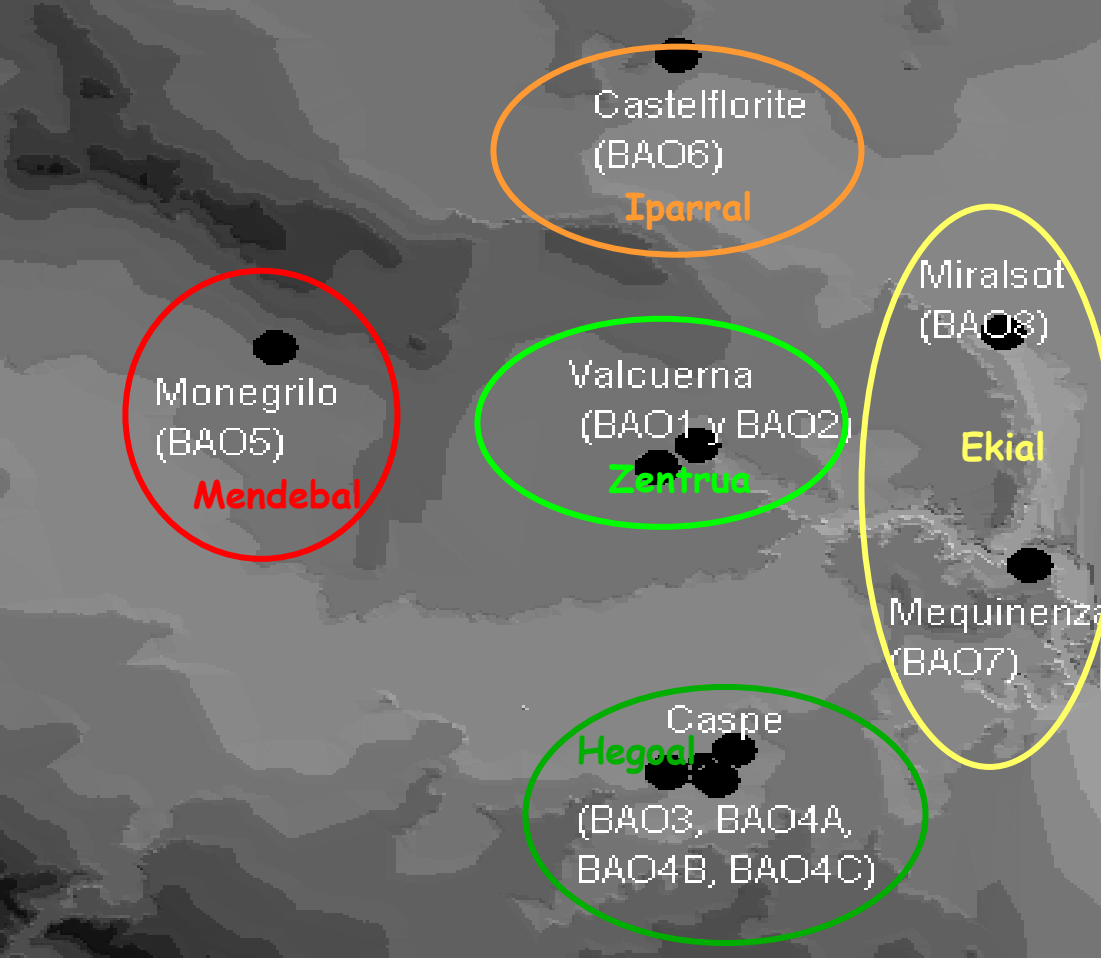


Vella pseudocytisus subsp. *Paui* ren 6 populazioetako 162 AFLP fenotipoen Nei & Li (1979) distantzietan oinarritutako Neighbor-Joining zuhaitza

Boleum asperum
(Pers.) Desv.
(Brassicaceae)

(Interes bereziko espeziea, Aragoi)





Boleum asperum (Pers.) Desv.

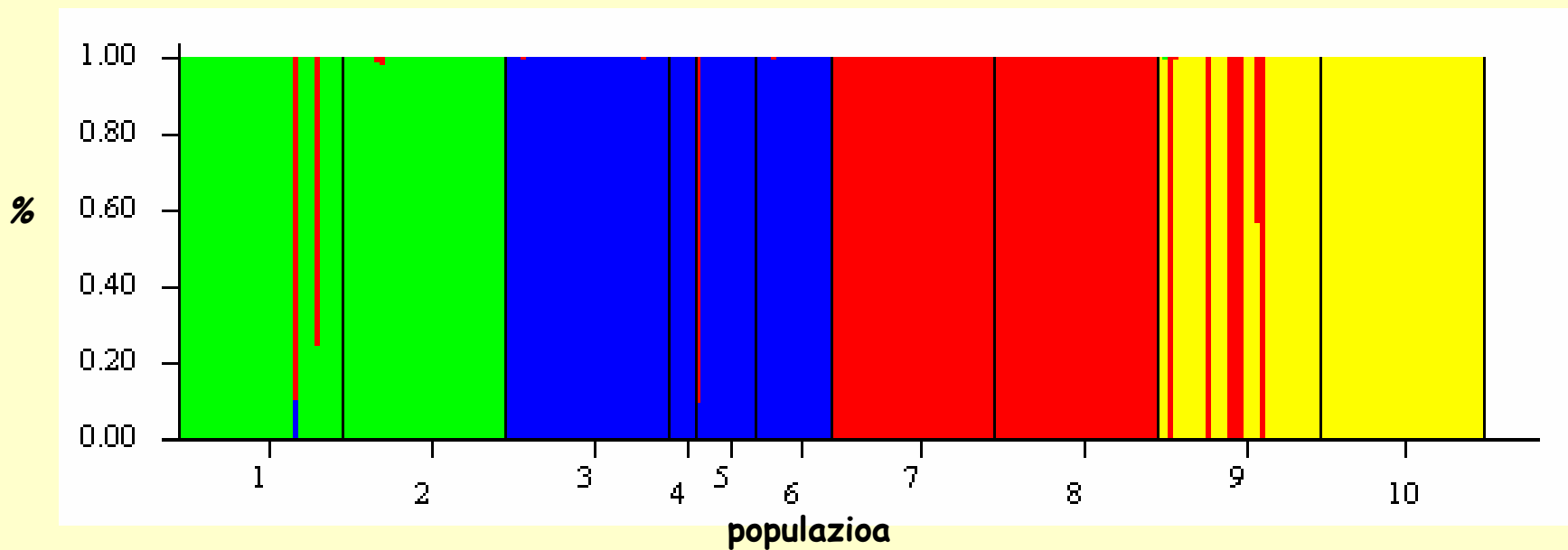
(6x)

AFLPs

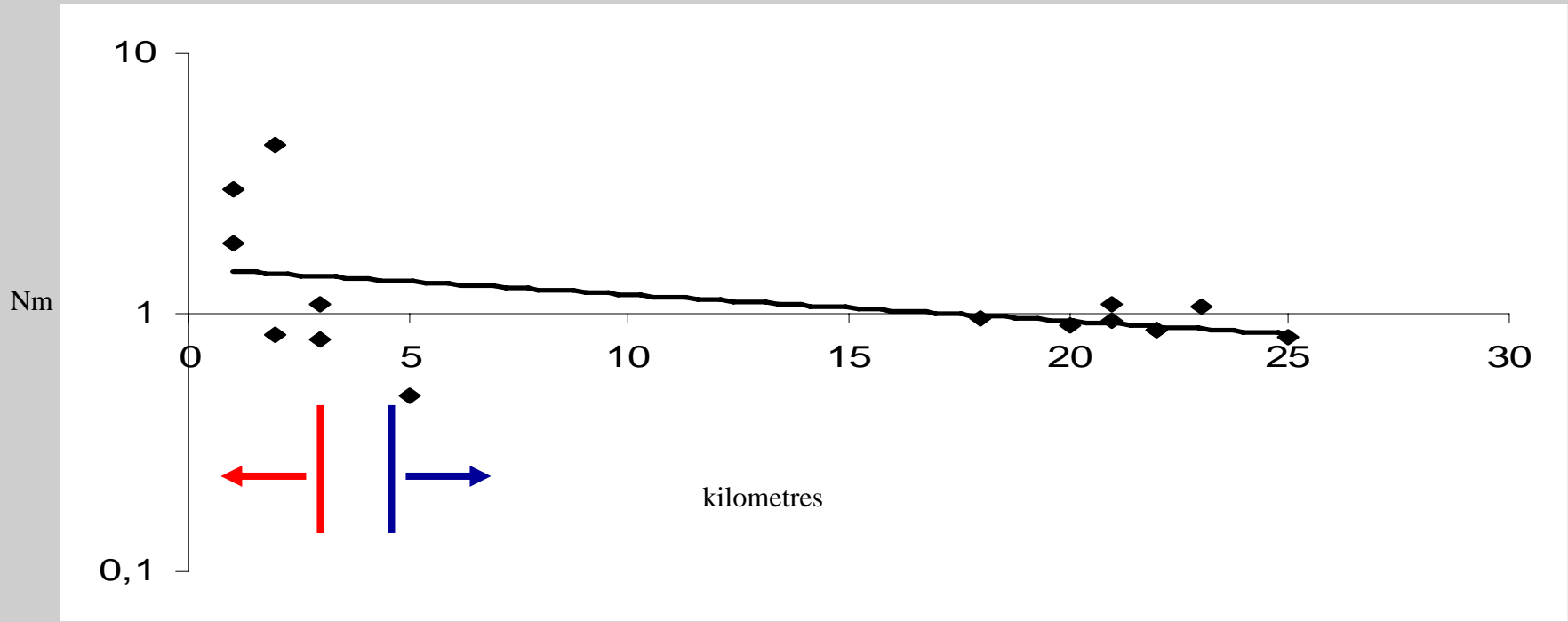
(Pérez-Collazos et al. 2007)

STRUCTURE K = 4

| Populazioa | | Ondorioztatutako taldeak | | | |
|------------|------|--------------------------|----------|----------|----------|
| | | 1 Taldea | 2 Taldea | 3 Taldea | 4 Taldea |
| Zentrua | BA01 | 0.941 | 0.004 | 0.055 | 0.000 |
| | BA02 | 0.999 | 0.000 | 0.001 | 0.000 |
| | BA03 | 0.000 | 1.000 | 0.000 | 0.000 |
| Hegoa | BA04 | 0.000 | 1.000 | 0.000 | 0.000 |
| | BA05 | 0.000 | 0.918 | 0.082 | 0.000 |
| | BA06 | 0.000 | 1.000 | 0.000 | 0.000 |
| | BA07 | 0.000 | 0.000 | 1.000 | 0.000 |
| I-M | BA08 | 0.000 | 0.000 | 1.000 | 0.000 |
| | BA09 | 0.000 | 0.000 | 0.214 | 0.786 |
| Ekia | BA10 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 1.000 |



Vella pseudocytisus subsp. *pau* Pérez-Collazos & Catalán 2006



jario genikoa: <2.5 km

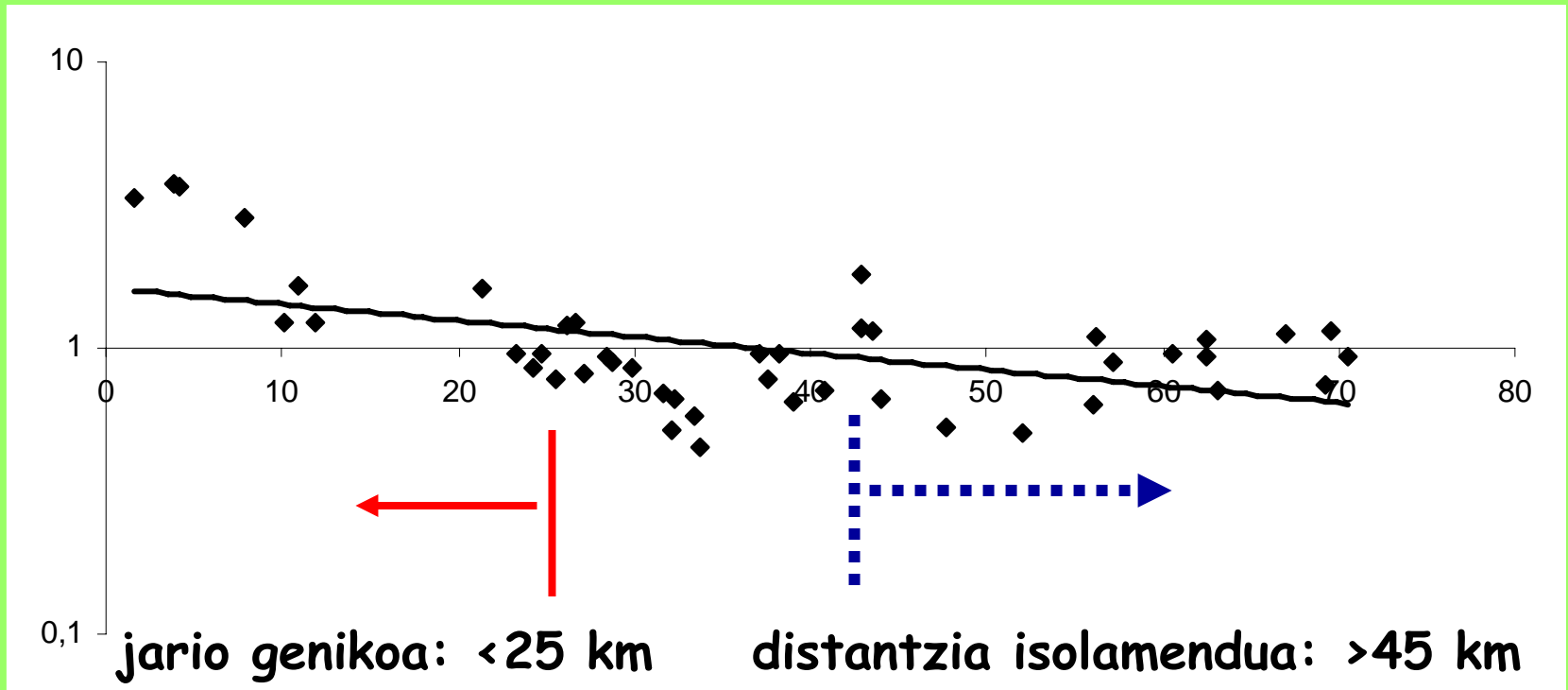
Distantzia isolamendua: >5 km

*Vella p. pau*ren ikertutako 6 populazioen distantzia geografikoa (x ardatza kilometrotan) eta migrante zenbatekoen (Nm) (y ardatza eskala logaritmikoan) arteko erlazioa.

(y>1 diren baloreak signifikatiboak dira)

Boleum asperum

Pérez-Collazos et al. 2007



*Boleum asperum*en ikertutako 10 populazioen distantzia geografikoa (x ardatza kilometrotan) eta migrante zenbatekoen (N_m) (y ardatza eskala logaritmikoan) arteko erlazioa. ($y > 1$ diren baloreak signifikatiboak dira)

DISTANTZIA GENETIKOA ETA DISTANTZIA GEOGRAFIKOAREN ARTEKO KORRELAZIOA

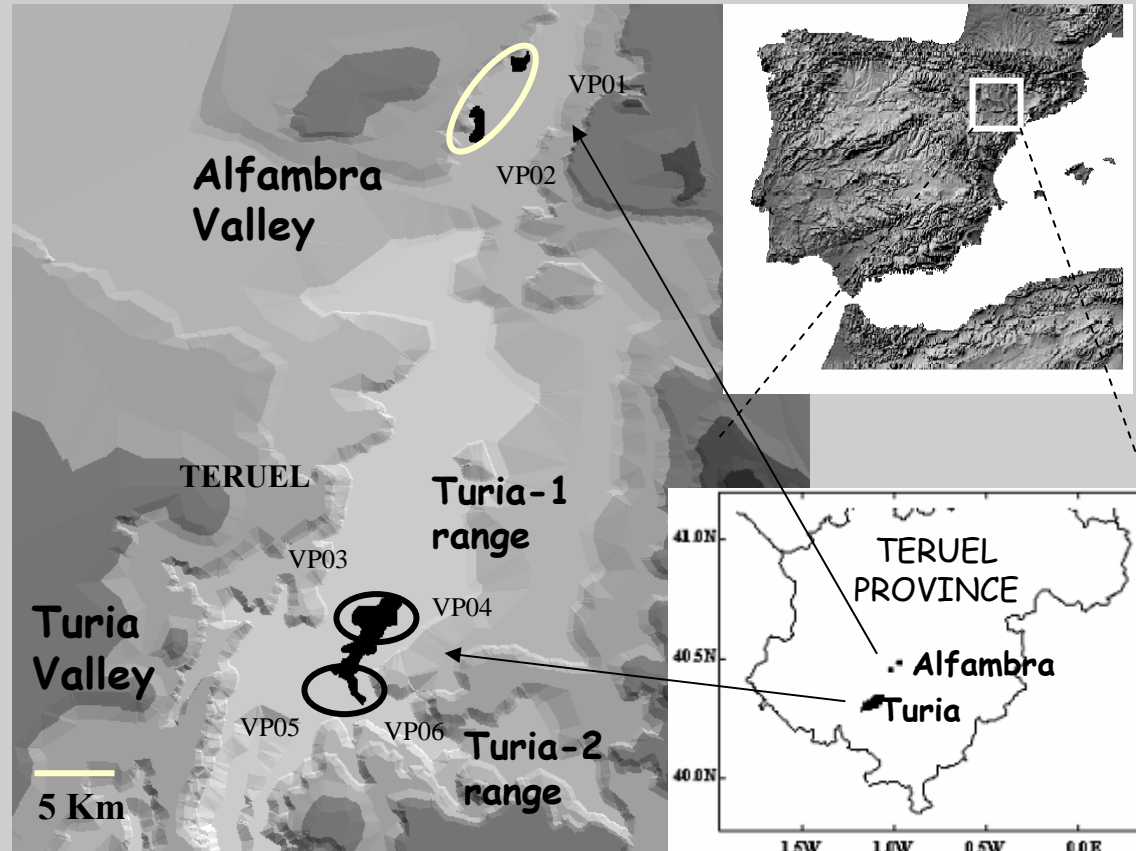
- 1- *Mantelen* korrelazio lineala (1967): distantzia genetiko eta distantzia geografikoen matrizeen artekoa
- 2- Distantzia genetiko eta distantzia geografiko klaseen arteko korrelazioak:
 - + *Mantelen* testa (1967)
 - + *Moranen* indize normalizatua (I_M) (Sokal 1979)
- 3- Populazio edo talde geografikoen arteko distantzia genetikoetan oinarritutako autokorrelazioa

Vella pseudocytisus subsp. *pau* (AFLP)

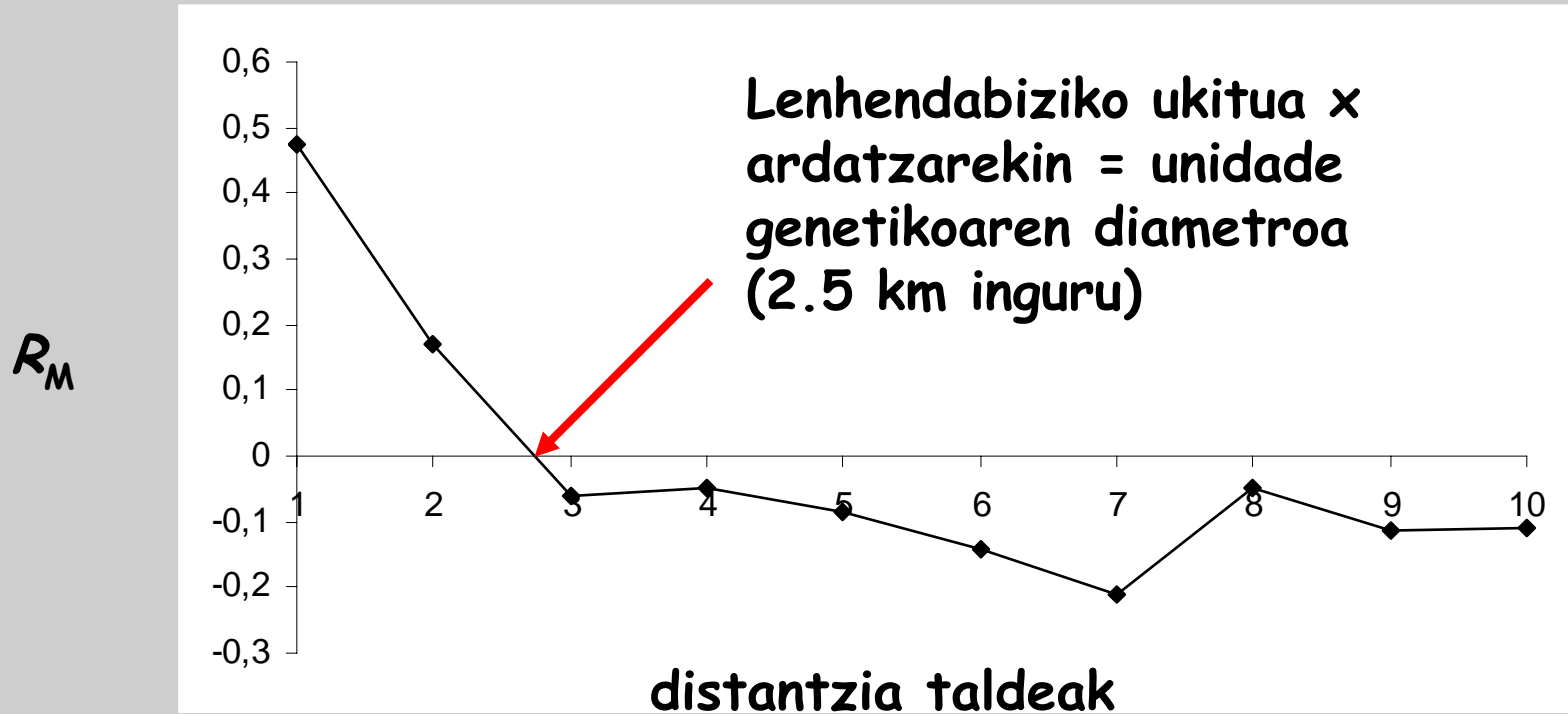
Pérez-Collazos & Catalán (2006)

Distantzia geografiko taldeak:

- (1) $0 < d < 1$ km;
- (2) $1 \leq d < 2$ km;
- (3) $2 \leq d < 3$ km;
- (4) $3 \leq d < 4$ km;
- (5) $4 \leq d < 19$ km;
- (6) $19 \leq d < 21$ km;
- (7) $21 \leq d < 22$ km;
- (8) $22 \leq d < 23$ km;
- (9) $23 \leq d < 24$ km;
- (10) $24 \leq d < 30$ km



Vella pseudocytisus subsp. *pau* (AFLP).



Vella pseudocytisus subsp. *pau* ikertutako populazioen R_M balioen (y ardatza) eta distantzia geografikoen (10 talde, x ardatza) arteko Mantelen korrelograma

Balio guztiak zeroren desberdinak izan dira signifikatiboki ($p < 0.05$), Bonferroniren korrekzioa egin ondoren.

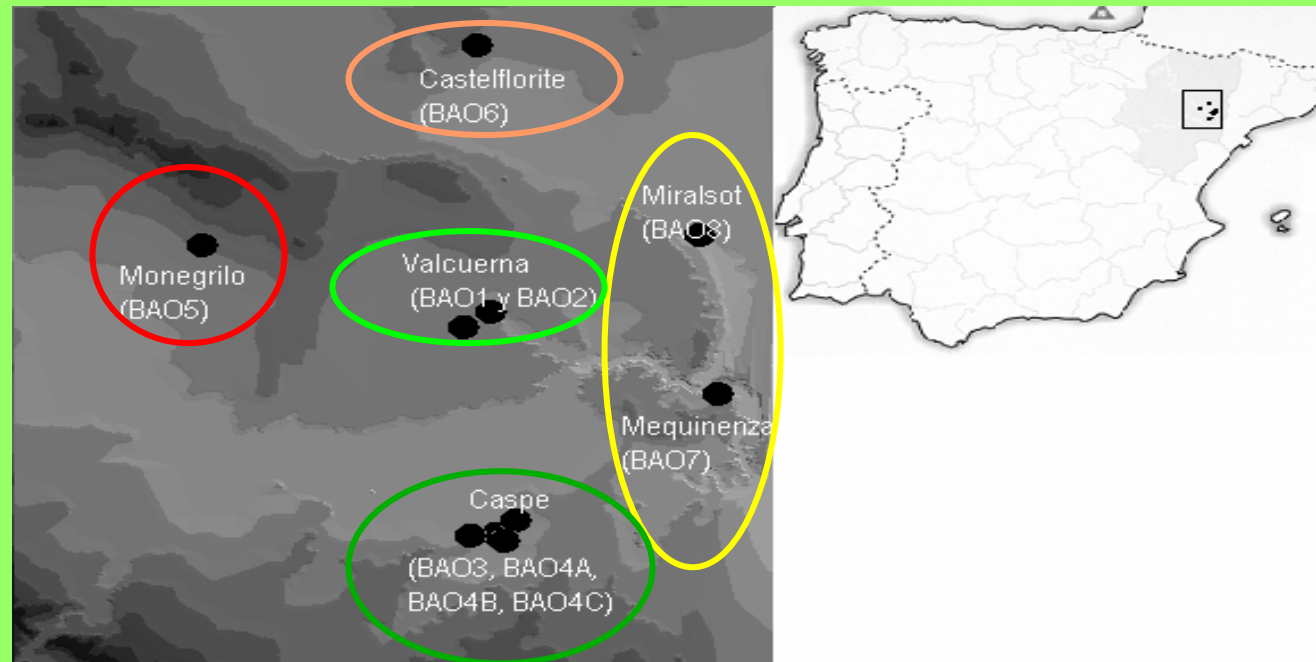
Distantzia genetiko eta distantzia geografiko taldeen arteko *Moranen* indize normalizatua (I_M).

Boleum asperum (AFLP)

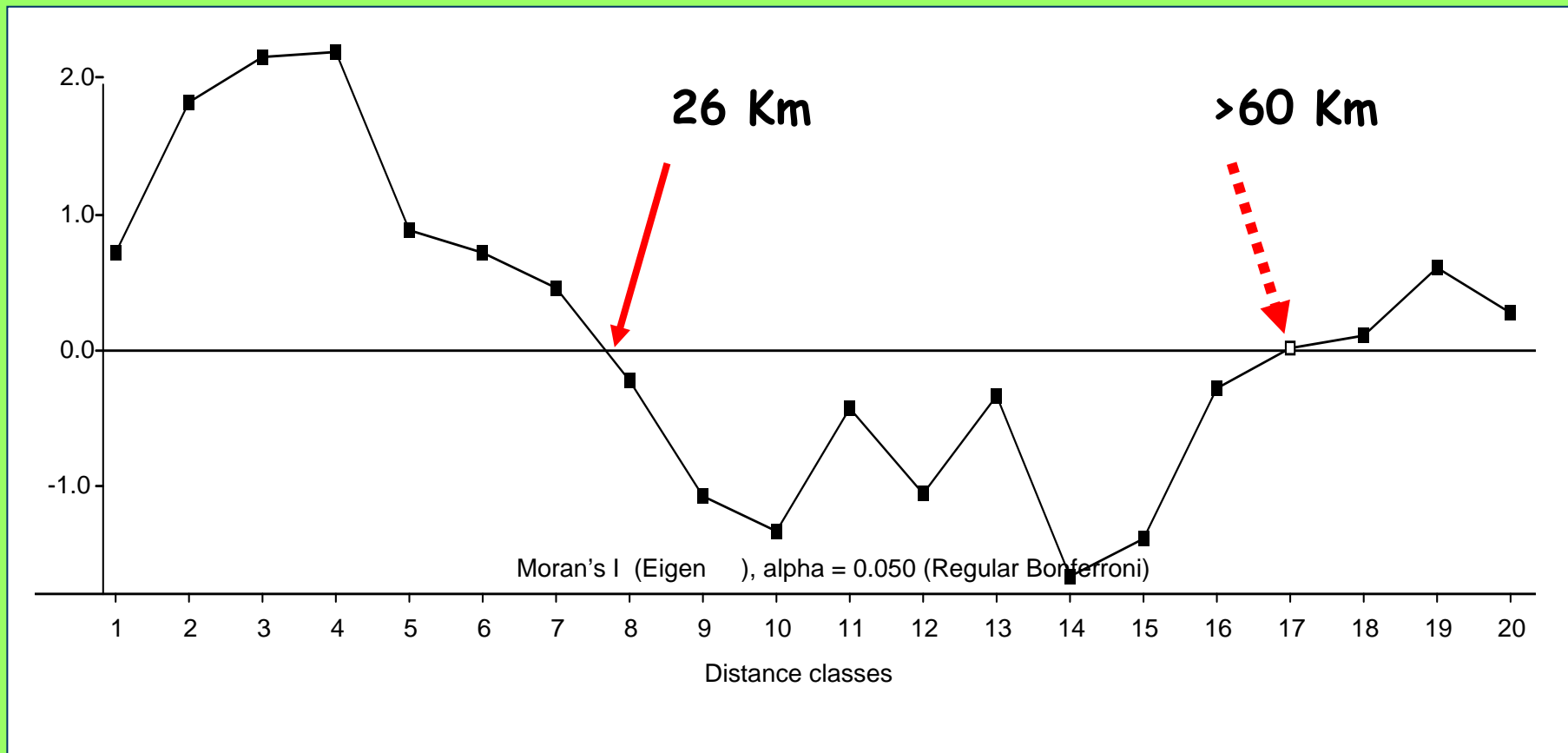
(Pérez-Collazos et al. 2007)

Distantzia geografiko taldeak:

- (1) 0-3.5 km;
- (2) 3.5=d<7.1km;
- (3) 7.1=d<10.6km;
- (4) 10.6=d<14.2km;
- (5) 14.2=d<17.7km;
- (6) 17.7=d<21.3km;
- (7) 21.3=d<24.8km;
- (8) 24.8=d<28.4km;
- (9) 28.4=d<31.9km;
- (10) 31.9=d<35.5km;
- (11) 35.5=d<39.0km;
- (12) 39.0=d<42.6km;
- (13) 42.6=d<46.1km;
- (14) 46.1=d<49.7km;
- (15) 49.7=d<53.2km;
- (16) 53.2=d<56.8km;
- (17) 56.8=d<60.3km;
- (18) 60.3=d<63.9km;
- (19) 63.9=d<67.5km;
- (20) 67.5=d<71.0km.



Boleum asperum (AFLP)



Boleum asperum 10 populazioen distantzia taldeen arteko Moranen (I_M) korrelograma. Karratu ilunek signifikatiboki ($p=0.05$) zeroren ezberdinak diren R_M baloreak erakusten dituzte.

II1 hjgfjwgfsfw2hsgfjkws
 sh3jshgf2jwhs
 hj2whsg2jkhsg2
 gh2jshg2jkhsg2ws
 II; 15/07/2007

Konserbaziorako Garrantzitsuak diren Unitate Genetikoen Identifikazioa *Relevant Genetic Units for Conservation* (RGUCs)

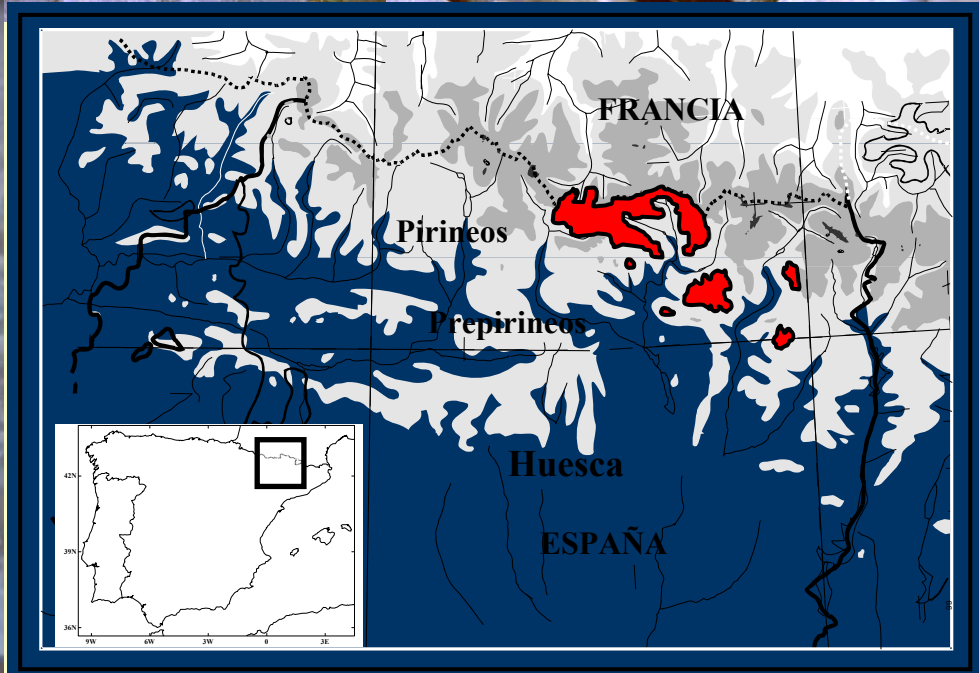
Datu genetikoak RGUCak identifikatzeko eta ondorengo estimazioak egiteko erabili daitezke:

- a) zenbat populazio muestreatu beharra dagoen landarearen dibersidade genetiko globala behar bezala adierazteko
- b) zein populazio diren bakanagoak beren dibertsitate genetikoa kontutan hartuta eta zeintzuri eman lehentasuna konserbazio ekimenetan

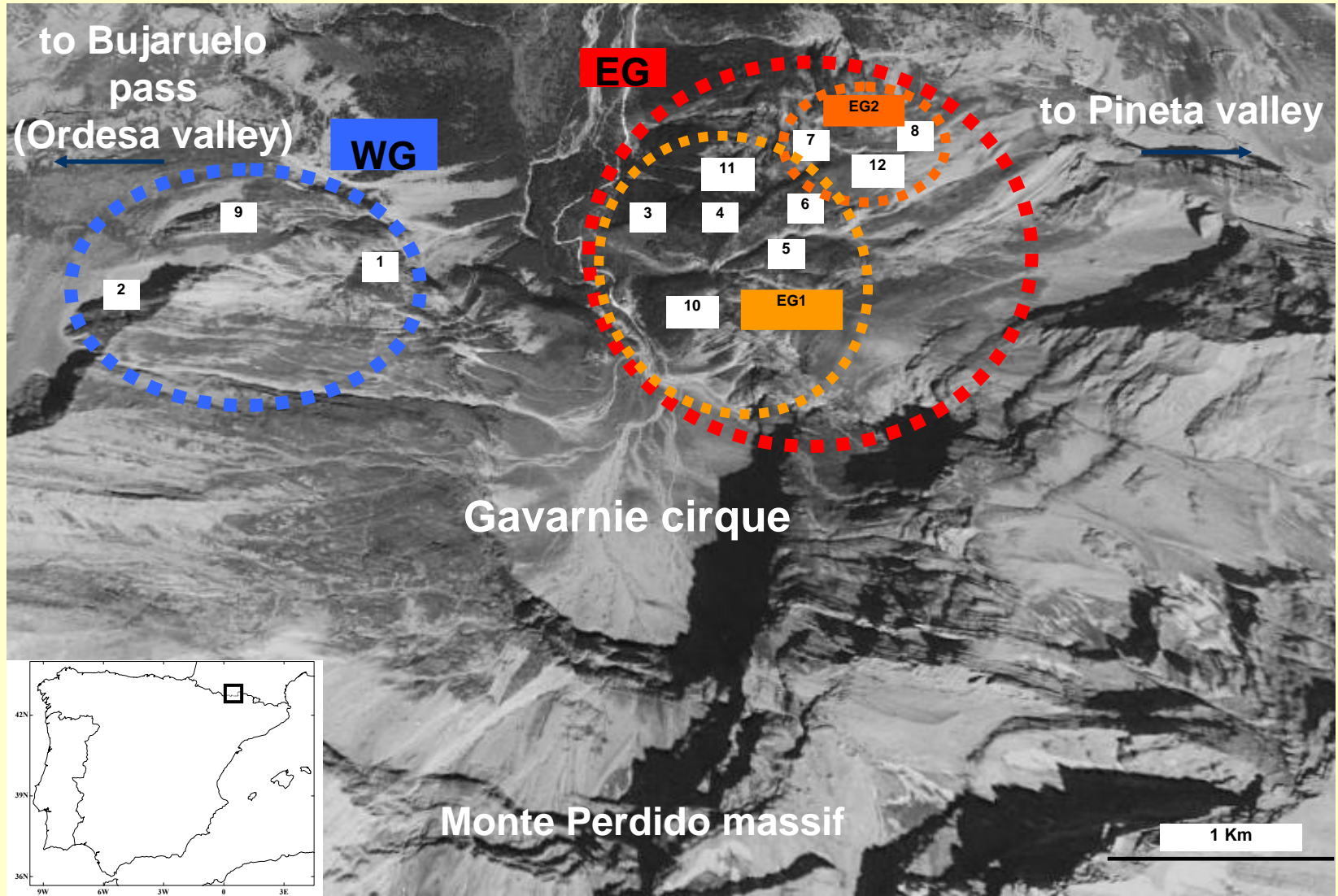
Aproximazioak: Alelo arruntak, Alelo arraroak

Borderea pyrenaica (SSR)

Segarra-Moragues et al. 2007



B. pyrenaicaren hedapena Gavarnien (Kaltebera, UICN) (PNP)



B. pyrenaica Gavarnien babesteko Unidate Genetiko Garrantzitsuen hautapena

Estimatzaileak

1. Maiztasun aleliko totalean oinarriturikoak

Neiren populazioen egituraren estadistikoak (1973)

$$P=(1-G_{ST})^n$$

Ceska & al. (1997)

P= bariabilidade aleliko osoaren adierazgarritasuna (%99,9)

n=Babestu beharreko populazioen zenbatekoa

2. Alelo arraroen maiztasunean oinarriturikoak

“Alelo arraroen” irizpidea Caujapé-Castells & Pedrola-Monfort (2004)

1. Maiztasun batazbestekoa < 0.50
2. Populazioen %50an baino gutxi egon behar dute

$$L=(1-p)^{2n}$$

Bengtsson & al. (1995)

L=alelo bat sartzeko aukera

p=aleloaren maiztasuna

n=populazio zenbatekoa

B. pyrenaica Gavarnien babesteko Unitate Genetiko Garrantzitsuen hautapena

Alelo arruntetan oinarritutako estimazioa (G_{ST} estadistikoa)

| <u>Estadísticos de estructuración poblacional de Nei (1973)</u> | | | | | |
|---|----------------------|----------------------|-----------------------|-----------------------|--------------------------|
| <u>Rango geográfico\Estadístico</u> | <u>H_T</u> | <u>H_S</u> | <u>D_{ST}</u> | <u>G_{ST}</u> | <u>P_{99.9%}</u> |
| Gavarnie s.l. | 0.312 | 0.251 | 0.061 | 0.196 | 5 |
| Gavarnie Mendebal | 0.344 | 0.324 | 0.020 | 0.059 | 2 |
| Gavarnie Ekia | 0.320 | 0.260 | 0.060 | 0.189 | 4 |
| Gavarnie Ekia-1 | 0.281 | 0.248 | 0.033 | 0.119 | 3 |
| Gavarnie Ekia-2 | 0.430 | 0.379 | 0.051 | 0.120 | 3 |

$$P=(1-G_{ST})^n \quad \text{Ceska \& al. (1997)}$$

Alelo arraroetan oinarrituriko estimazioa

-Alelo arraroen ohartutako galtzeko (L_o) eta ustezko galtzeko (L_e) probabilitateen baloreak kalkulatu dira

$$L=(1-p)2n \quad (\text{Bengtsson \& al., 1995})$$

-Ohartutako galtzeko probabilitatea (L_o) kalkulatzeko, n aleloa aurkitu den populazioen zenbatekoari dagokio, eta p bere maiztasunari. $L_o=(1-p)2n$

-Ustezko galtzeko probabilitatea (L_e), alelo arraroa populazio guztietan maiztasun batzbestekoan (p) agertzea litzake, eta formularen n ikertutako populazioen zenbateko orokorrarekin (N) ordezkaturik kalkulatu da. $L_e=(1-p)2N$

Alelo arraroetan oinarrituriko estimazioa

$-\text{Log}L_o$ eta $-\text{Log}L_e$ (y ardatza) alelo bakoitzaren maiztasunarekin (x ardatza) batera grafikoki irudikatzen dira eta dagozkien erregresio linearrak kalkulatu dira.

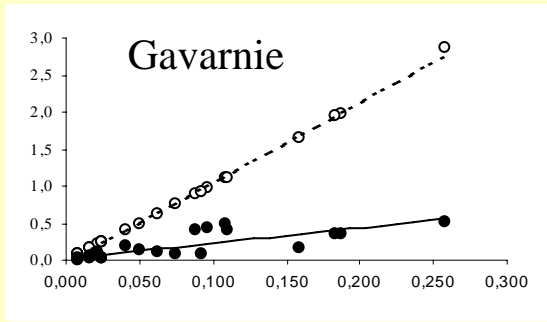
Ustezko erregresio lerroaren maldaren (L_e balioetan oinarritua) eta ohartutako erregresio lerroaren maldaren (L_o balioetan oinarritua) arteko zatidurak adierazgarritasunaren balioa (R) estimatu du, eta populazio bakar bat lagintzean atzemandako alelo arraroen proportzioaren berri ematen digu

$$R = m(-\text{Log}L_e) / m(-\text{Log}L_o)$$

(Caujapé-Castells & Pedrola-Monfort, 2004).

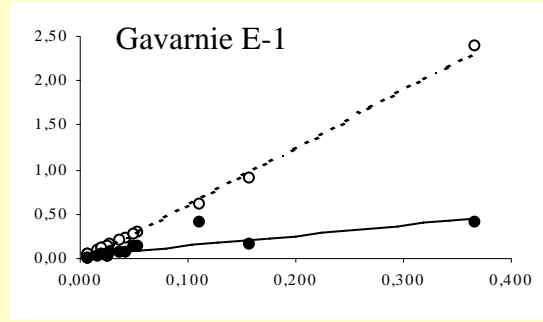
B. pyrenaica populazio gune desberdinen adierazgarritasuna (R) Gavarnien agertzen diren alelo arraroekin alderatuz

-log galtzeko probabilitatea



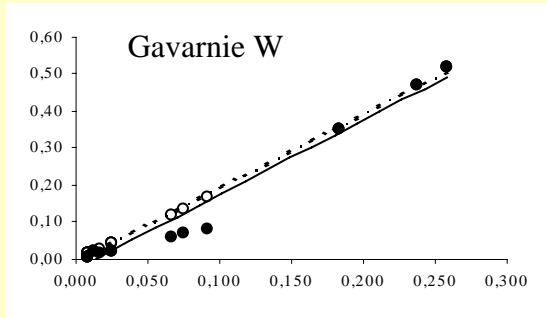
$$R=0.307$$

$$N_A=24$$



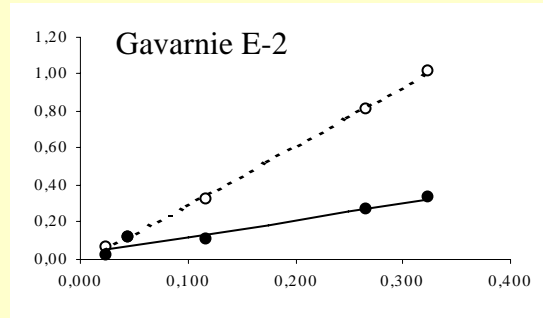
$$R=0.266$$

$$N_A=16$$



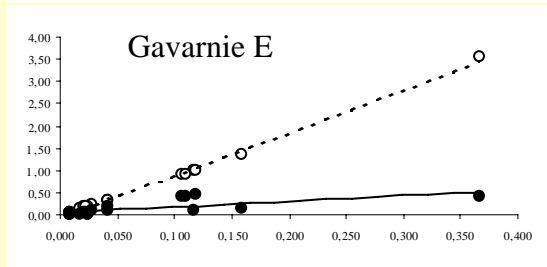
$$R=1.000$$

$$N_A=17$$



$$R=0.314$$

$$N_A=5$$



$$R=0.263$$

$$N_A=17$$

Alelo arraroen maiztasun batzbestekoa

$$R = m(-\text{Log}L_e) / m(-\text{Log}L_o)$$

N_A = kontutan hartutako
aleloen zenbatekoa

Alelo arraroen maiztasun batazbestekoetan eta alelo hauek populazio desberdinetan duten hedapenean oinarrituz, hauetako alelo bakoitzak galtzeko probabilitate txikiagoa duen eremua (= atzemateko probabilitate handiagoa zorizko populazio bat lagintzean) Gavarnie Mendebaldea izan zen 10 alditan, Gavarnie Ekialdea-1 beste 10etan, eta Gavarnie Ekialdea-2 4tan.

Balio hauek lagindu (eta babestu) beharreko populazioen proportzioaren adierazle dira, zatidura geografiko bakoitzarentzat, eta 0.4:0.4:0.2 erlazioarekin adierazi daiteke W, E-1 y E-2 eremuetarako.

B. pyrenaica Gavarnien babesteko Unitate Genetiko Garrantzitsuen hautapena

| Mikrosateliten 24 alelo arraroen galtzeko probabilitatea | | | | | | | | | | |
|--|--------|----------|-----|------|------|----------------------------|----------------------------|-------|--------------------------------|---|
| Locus-a | Aleloa | <i>N</i> | | | | Batazbezteko maiztasuna | Galtzeko probabilitatea | | Lagintzeko area agokiena | |
| | | Gavarnie | G-W | G-E1 | G-E2 | | L_o | L_e | | |
| Bc1258a | 162 | 2 | 2 | 0 | 0 | 0.258 | 0.303 | 0.001 | G-W | ← |
| Bc1258b | 145 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0.025 | 0.951 | 0.573 | G-W | ← |
| Bc1422a | 177 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0.008 | 0.983 | 0.832 | G-E1 | ← |
| | 186 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0.075 | 0.856 | 0.180 | G-W | ← |
| Bc1422b | 192 | 5 | 1 | 3 | 1 | 0.088 | 0.397 | 0.131 | G-E2 | ← |
| | 201 | 3 | 1 | 2 | 0 | 0.050 | 0.735 | 0.324 | G-W | ← |
| | 204 | 2 | 1 | 0 | 1 | 0.063 | 0.771 | 0.239 | G-E2 | ← |
| | 210 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0.025 | 0.951 | 0.573 | G-E1 | ← |
| | 213 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0.017 | 0.967 | 0.690 | G-E1 | ← |
| | 216 | 3 | 1 | 2 | 0 | 0.017 | 0.904 | 0.692 | G-E1 | ← |
| | 219 | 5 | 2 | 3 | 0 | 0.022 | 0.803 | 0.617 | G-E1 | ← |
| Bc1644b | 169 | 2 | 1 | 1 | 0 | 0.017 | 0.935 | 0.690 | G-E1 | ← |
| | 181 | 5 | 0 | 2 | 3 | 0.041 | 0.656 | 0.395 | G-E2 | ← |
| Bc166a | nulo | 1 | 0 | 1 | 0 | 0.158 | 0.708 | 0.023 | G-E1 | ← |
| Bp126 | 232 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0.008 | 0.983 | 0.832 | G-E1 | ← |
| Bp2214 | 204 | 2 | 1 | 1 | 0 | 0.188 | 0.436 | 0.010 | G-E1 | ← |
| Bp2290b | 155 | 5 | 1 | 3 | 1 | 0.096 | 0.363 | 0.108 | G-E2 | ← |
| | 158 | 5 | 2 | 2 | 1 | 0.108 | 0.318 | 0.080 | G-W | ← |
| | 161 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0.025 | 0.951 | 0.573 | G-W | ← |
| Bp2391b | 143 | 4 | 0 | 4 | 0 | 0.110 | 0.392 | 0.076 | G-E1 | ← |
| | 146 | 2 | 2 | 0 | 0 | 0.183 | 0.445 | 0.012 | G-W | ← |
| | 149 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0.092 | 0.825 | 0.121 | G-W | ← |
| | 153 | 2 | 1 | 1 | 0 | 0.008 | 0.967 | 0.832 | G-W | ← |
| | 159 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0.025 | 0.951 | 0.573 | G-W | ← |

Gavarnie W 10
Gavarnie E-1 10
Gavarnie E-2 4

Proportzioa
0.4:0.4:0.2

B. pyrenaica Gavarnien babesteko Unitate Genetiko Garrantzitsuen hautapena

➔ 1° Hurbilketa: $G_{ST} \approx 5$ populazio

➔ 2° Hurbilketa: 0.4:0.4:0.2 hedapena

Biak elkartzuz:

2 populazio Gavarnie Mendebaldean

2 populazio Gavarnie Ekialdea-1

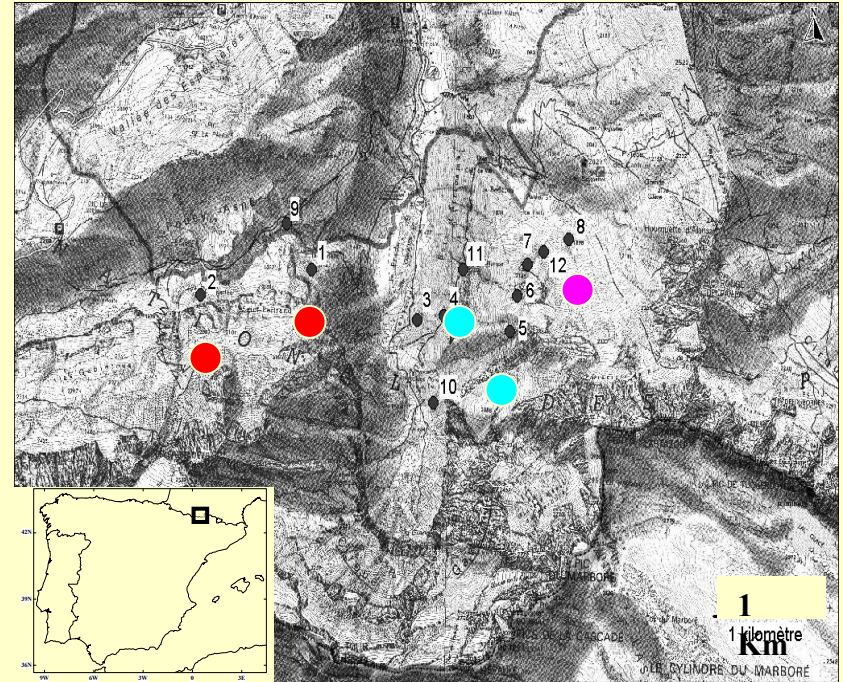
1 populazio Gavarnie Ekialdea-2

Populazio aukeratuak

Gavarnie Mendebala : Bp01, Bp02

Gavarnie Ekialdea-1 : Bp05, Bp11

Gavarnie Ekialdea-2 : Bp08



Gavarnien agertzen diren 24 alelo arraroetatik 23(% 95.83)

Gavarnien agertzen diren 56 alelo arruntetatik 55(% 98.21)



Bioflora

