

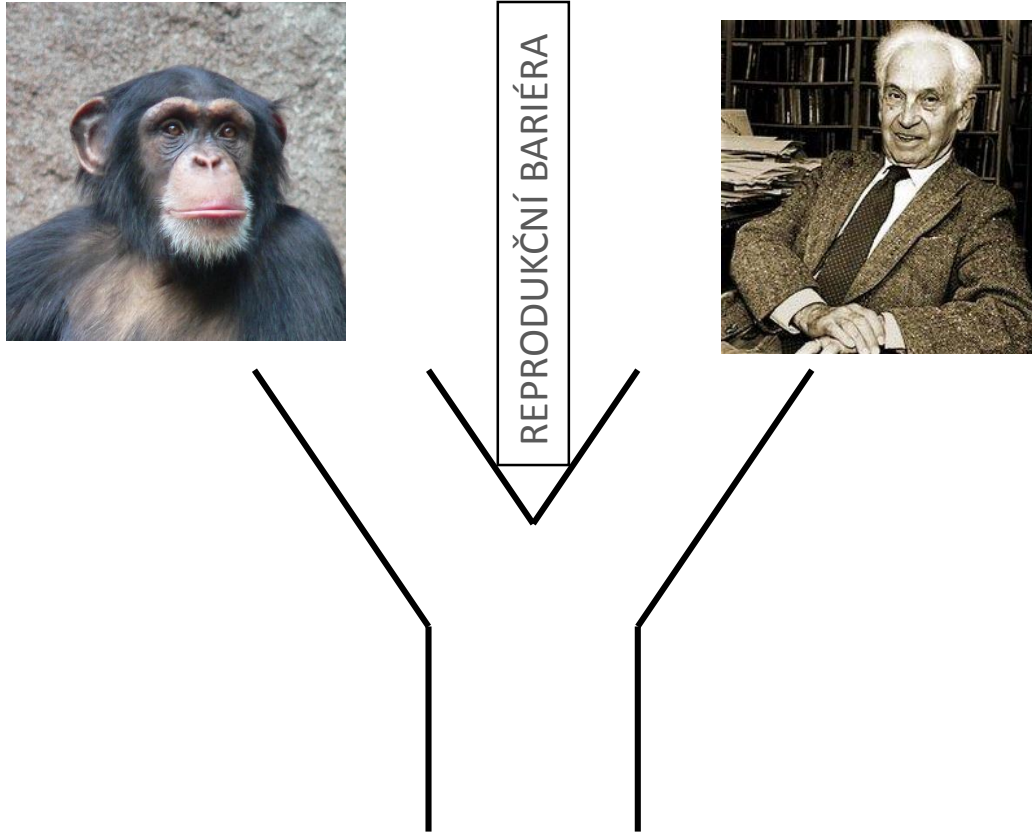
Populační a speciální genomika na modelu dvou druhů slavíků

Radka Reifová, Libor Mořkovský, Václav Janoušek et al.

Katedra zoologie, PřF UK



Speciace

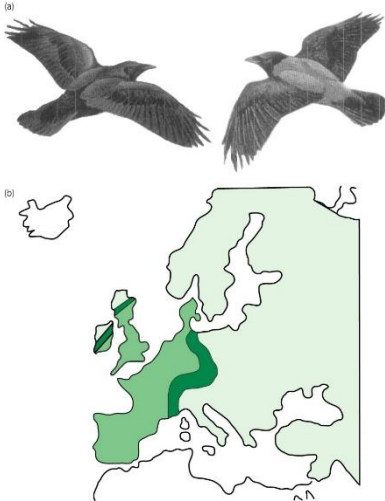


Biologická koncepce druhu (Ernst Mayr, 1942)

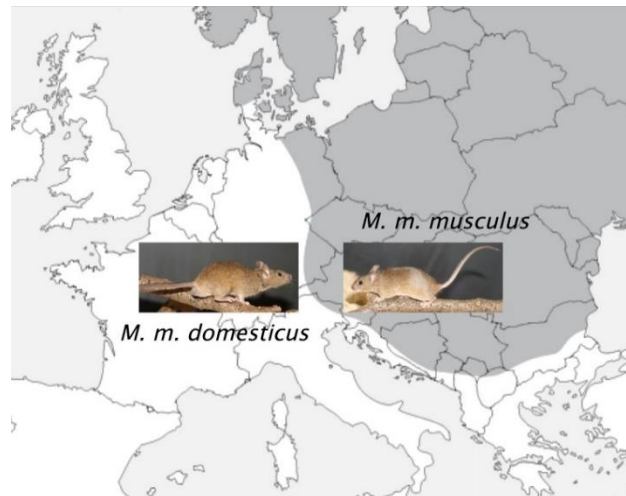
- Druh je skupina jedinců, kteří se vzájemně plodně kříží a jsou reprodukčně izolované od jiných druhů.

Sekundární kontakt a hybridní zóny

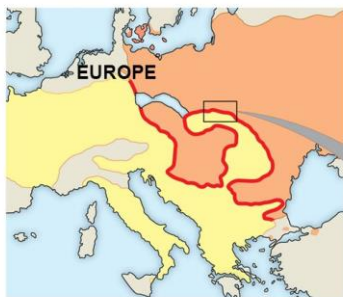
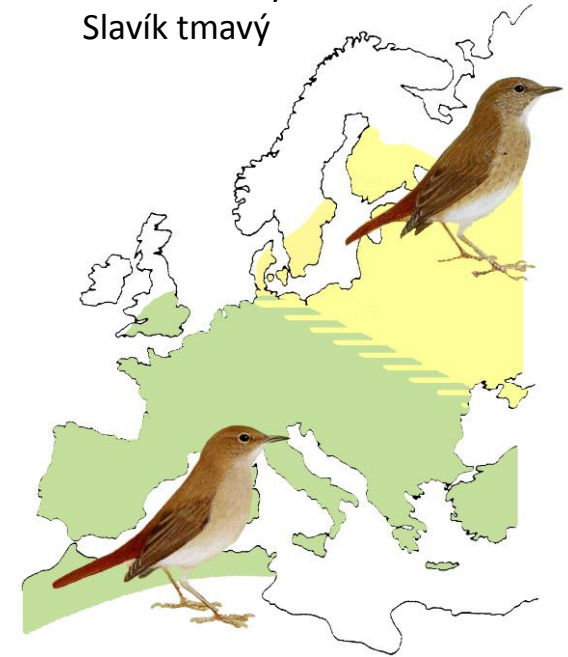
Vrána obecná černá
Vrána obecná šedivá



Myš domácí



Slavík obecný
Slavík tmavý

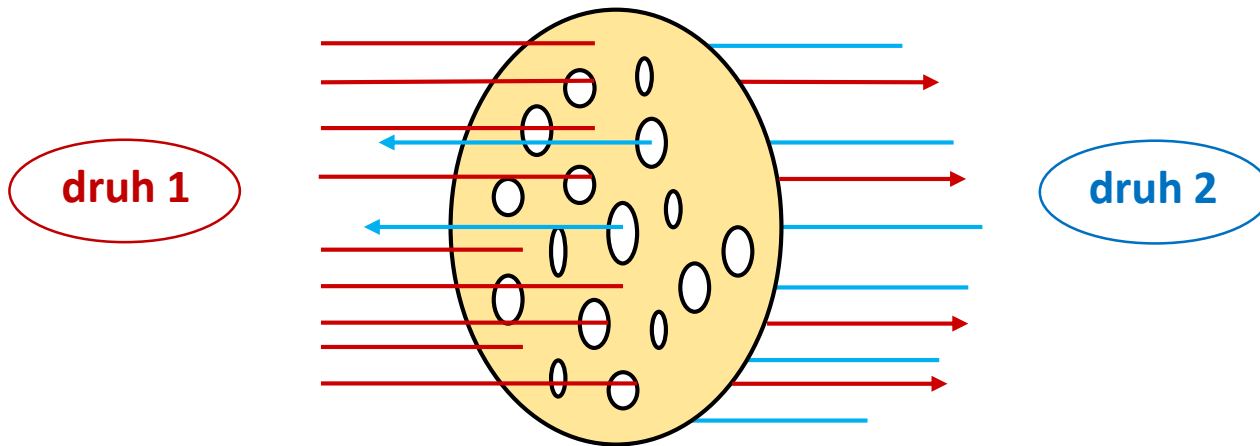


Fire-bellied
toad range
Hybrid zone
Yellow-bellied
toad range



Kuňka žlutobřichá
Kuňka ohnivá

Polopropustná reprodukční bariéra

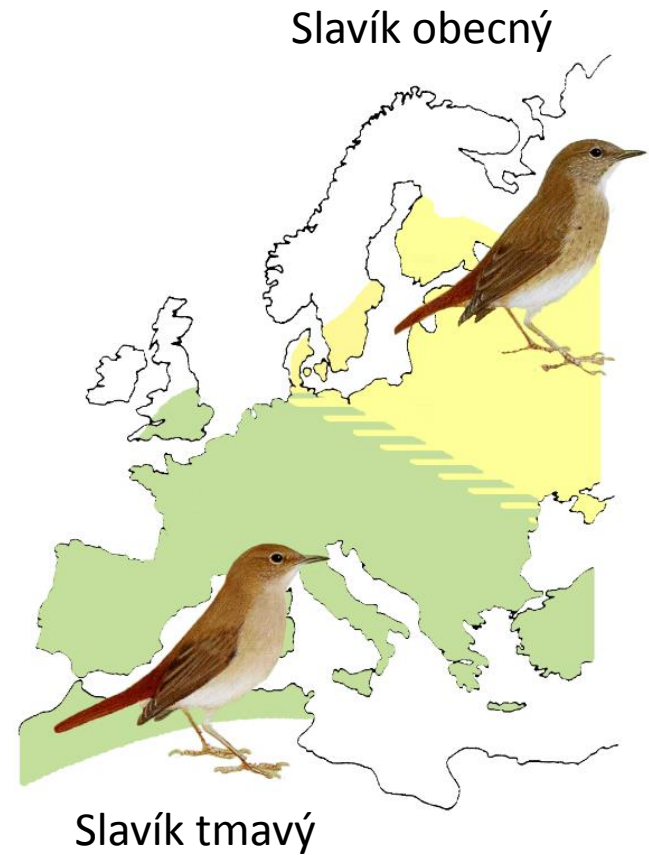
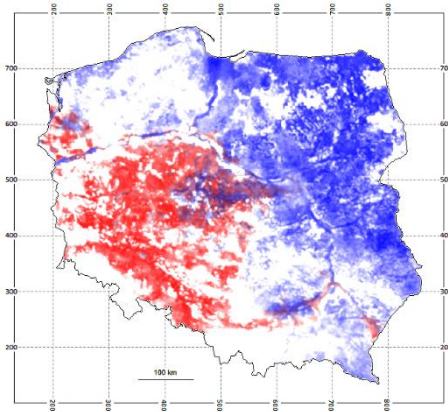


Genová koncepce druhu (Chung-I Wu, 2001)

- Druh tvoří populace geneticky kompatibilních jedinců, kteří se vzájemně kříží a jsou geneticky izolovaní od jiných populací.
- Izolaci může zajišťovat celkem malý počet genů nekompatibilních mezi populacemi. Ostatní geny si mohou populace vyměňovat.

Náš modelový systém

- Hybridizace v sekundární kontaktní zóně
- F1 hybridní samci fertilní, F1 hybridní samice sterilní (Haldaneovo pravidlo)



Odhad základních populačně genetických parametrů pomocí modelu Isolation with migration (IM)



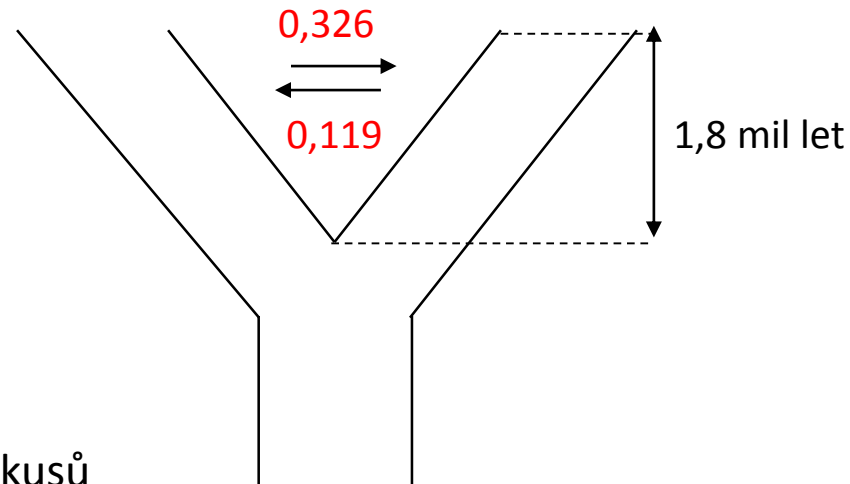
slavík obecný

$N_1 = 450\,000$



slavík tmavý

$N_2 = 850\,000$



- 12 intronových lokusů

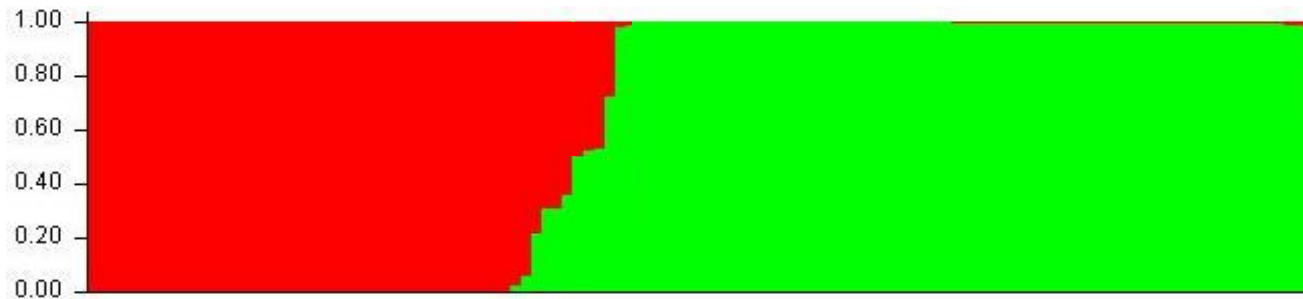
→ **Populační migrační rychlost ($2Nm$)**

Autosomy: $2N_1m_1 = 0,081$, $2N_2m_2 = 0,763$

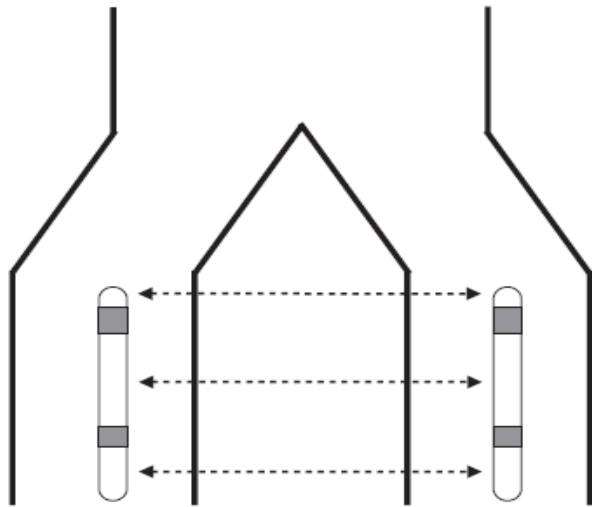
Chr Z: $2N_1m_1 = 0,034$, $2N_2m_2 = 0,002$

Identifikace hybridů v současné sympatrické populaci pomocí NewHybrids a Structure

- ddRAD data
- 120 jedinců, cca 100 druhově diagnostických SNP
- V sympatrické populaci přítomni F1 i BC hybridi



Genomické ostrovy diferenciace



Speciation-with-gene-flow

Migration homogenizes much of the genome

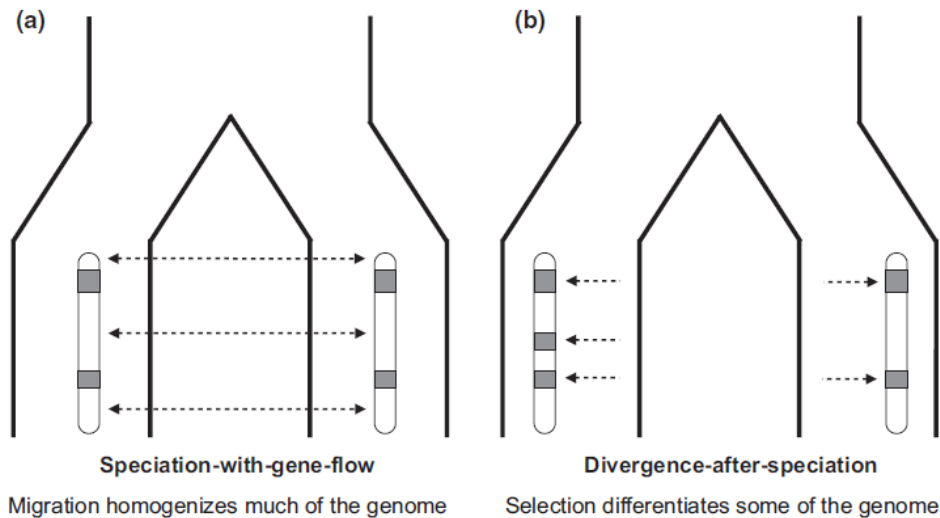


$$F_{ST} = \frac{\pi_T - \pi_S}{\pi_T}$$

π_T očekávaná heterozygotnost
pro celkovou populaci

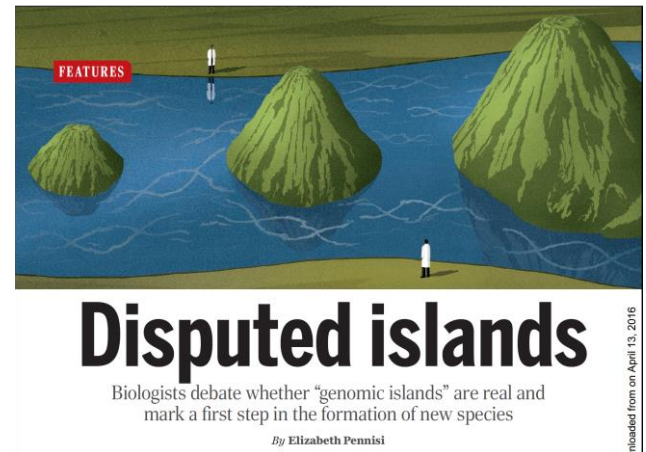
π_S průměrná očekávaná heterozygotnost
pro subpopulace

- Transkriptomy jater z 15 jedinců obou druhů slavíků
- Mapovány na genom zebřičky



Vyšší d_{XY} v
ostrovech

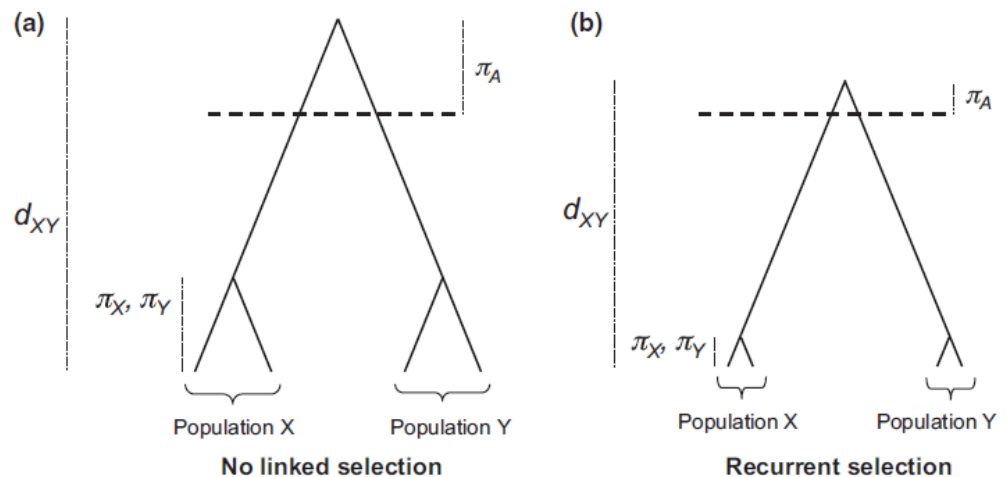
nižší d_{XY} v
ostrovech



Science 2014

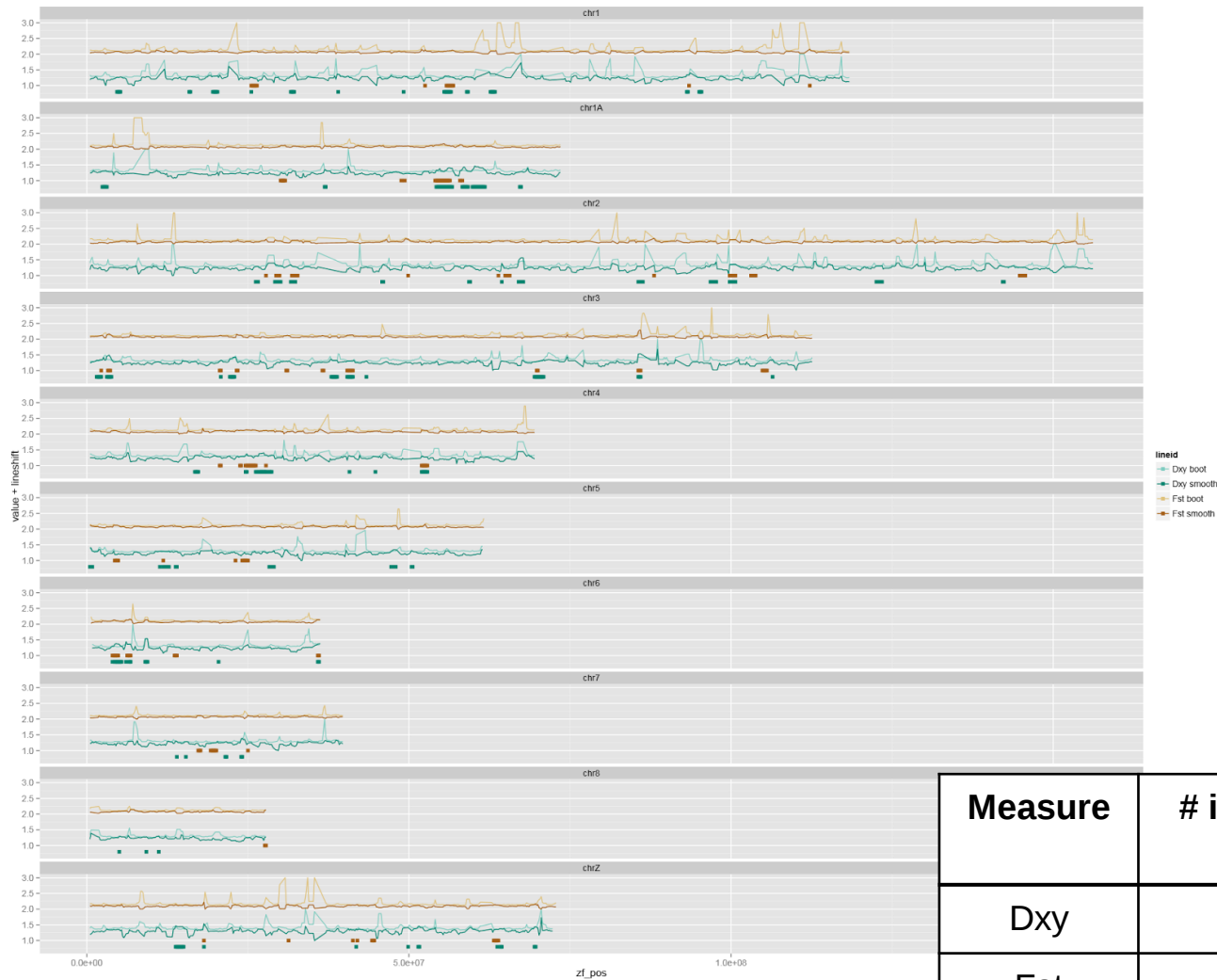
d_{XY} , absolutní divergence

- Průměrná divergence mezi dvojicemi sekvencí z populace X a Y.
- Nezávisí na π_S



Cruickshank and Hahn, 2014

Genomické ostrovy diferenciácie u slavičů



Measure	# islands	Mean length (bp)
Dxy	80	2,807,454
Fst	60	2,725,097
both	38	2,222,539

Funkční analýza genů v ostrovech diferenciace

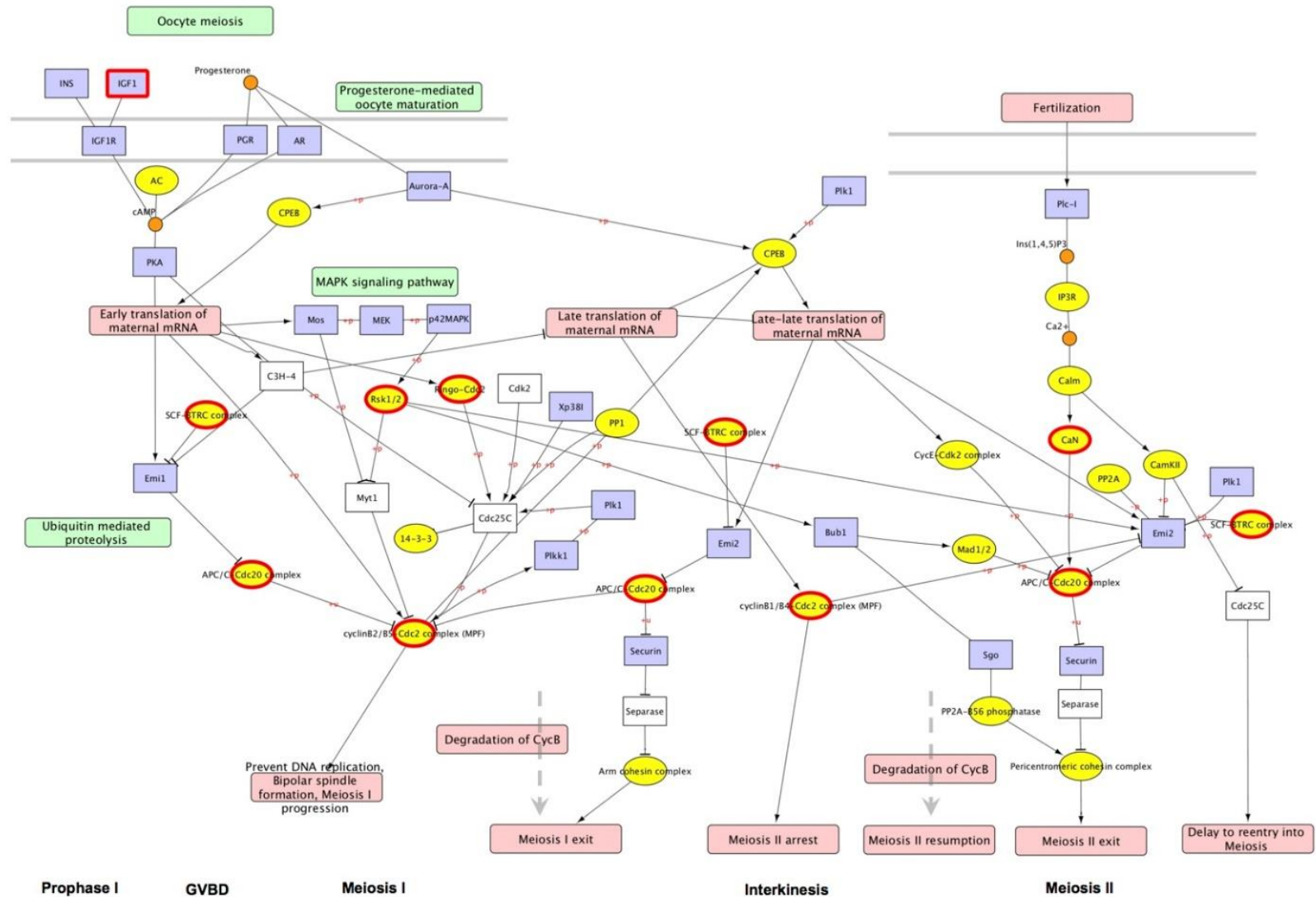
Kegg Pathway ID	Background number of genes	Obs	Exp	Obs/Exp	BT (p-value)	BT (FDR p-value)	Pathway description
tgu04120	76	12	3.372	3.56	0.000199	0.0328	Ubiquitin mediated proteolysis
tgu04114	66	9	2.929	3.07	0.00319	0.2632	Oocyte meiosis
tgu04914	52	7	2.307	3.03	0.009401	0.2693	Progesterone-mediated oocyte maturation
tgu04110	79	9	3.505	2.57	0.009795	0.2693	Cell cycle
tgu00562	43	6	1.908	3.14	0.01335	0.2778	Inositol phosphate metabolism
tgu04070	61	7	2.707	2.59	0.020606	0.34	Phosphatidylinositol signaling system

Překryv genů v jednotlivých KEGG drahách

KEGG ID		tgu04120	tgu04114	tgu04914	tgu04110	tgu00562	tgu04070
	KEGG Description	Ubiquitin mediated proteolysis	Oocyte meiosis	Progesterone-mediated oocyte maturation	Cell cycle	Inositol phosphate metabolism	Phosphatidylinositol signaling system
tgu04120	Ubiquitin mediated proteolysis	12	4	3	5	0	0
tgu04114	Oocyte meiosis	4	9	7	5	0	0
tgu04914	Progesterone-mediated oocyte maturation	3	7	7	4	0	0
tgu04110	Cell cycle	5	5	4	9	0	0
tgu00562	Inositol phosphate metabolism	0	0	0	0	6	6
tgu04070	Phosphatidylinositol signaling system	0	0	0	0	6	7

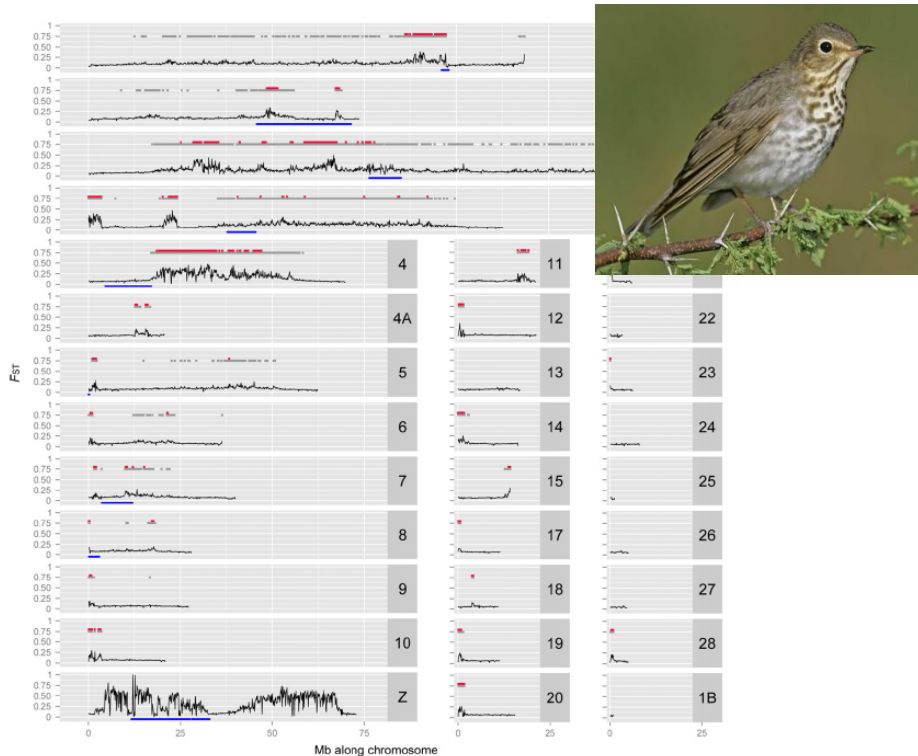
Oocyte meiosis KEGG pathway

- Geny v ostrovech znázorněny červeně



Ostrovny diferenciace u drozda malého

- Asociace genů v ostrovech s migrací



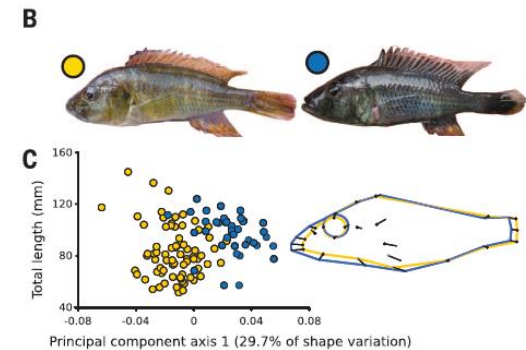
RESEARCH ARTICLE

GENOMIC EVOLUTION

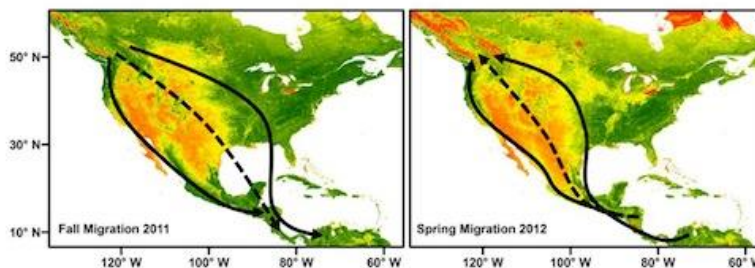
Genomic islands of speciation separate cichlid ecomorphs in an East African crater lake

Milan Malinsky,^{1,2,†} Richard J. Challis,^{3,†,‡} Alexandra M. Tyers,³ Stephan Schiffels,¹ Yohey Terai,⁴ Benjamin P. Ngatunga,⁵ Eric A. Miska,^{1,2} Richard Durbin,¹ Martin J. Genner,^{6*} George F. Turner^{3*}

Science 2015



- Asociace genů v ostrovech s vizuálním vnímáním a morfogenezí



Delmore et al. 2015, MolEcol

Poděkování

Libor Mořkovský (Katedra zoologie, Přf UK)

Václav Janoušek (Katedra zoologie, Přf UK)

Jiří Reif (Ústav pro životní prostředí, Přf UK)

Jakub Rídl (Ústav molekulární genetiky AV ČR)

Jan Pačes (Ústav molekulární genetiky AV ČR)

Lukáš Choleva (Ústav živočišné fyziologie a genetiky AV ČR)

Karel Janko (Ústav živočišné fyziologie a genetiky AV ČR)

Michael W. Nachman (University of California, Berkeley, USA)