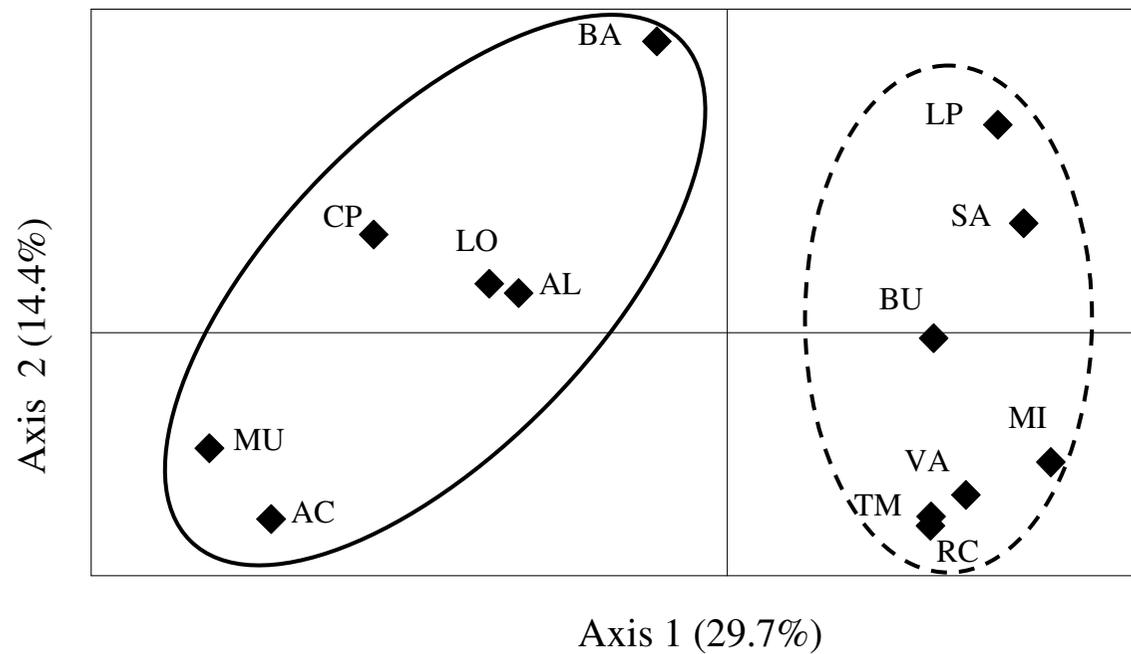


SUBESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL

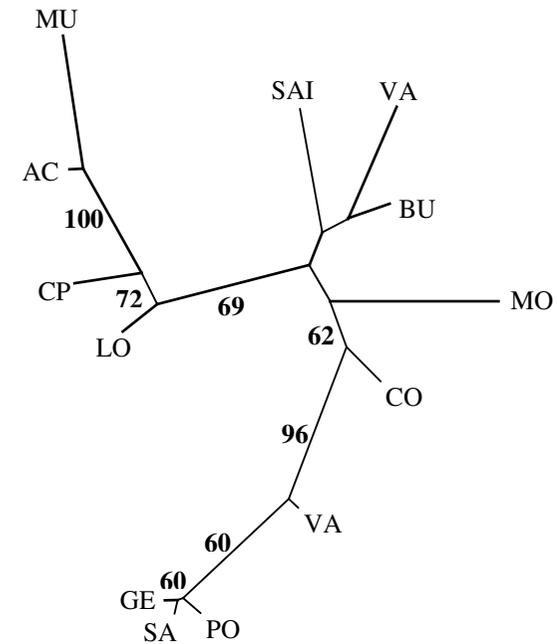
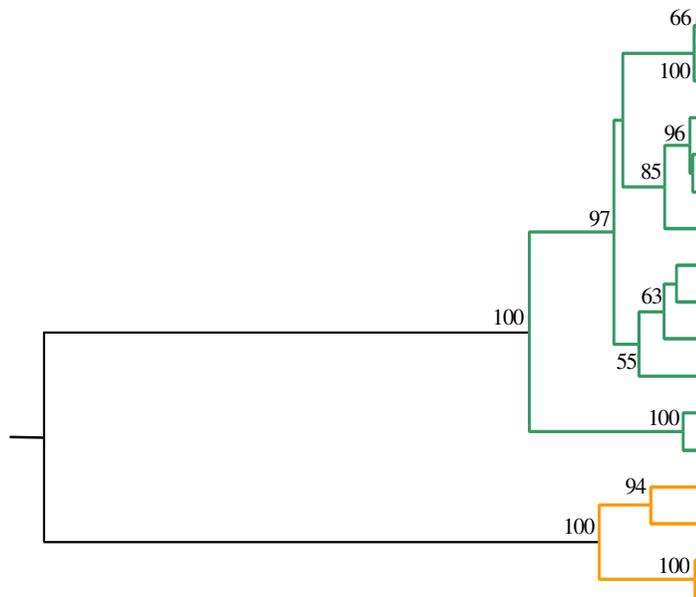
SUBESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL

❖ AFC; PCA; MDS



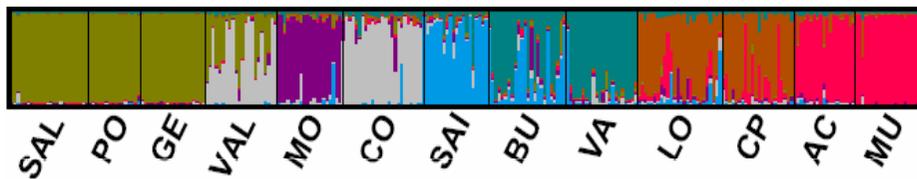
SUBESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL

❖ Árvores filogenéticas (ex. UPGMA; NJ)

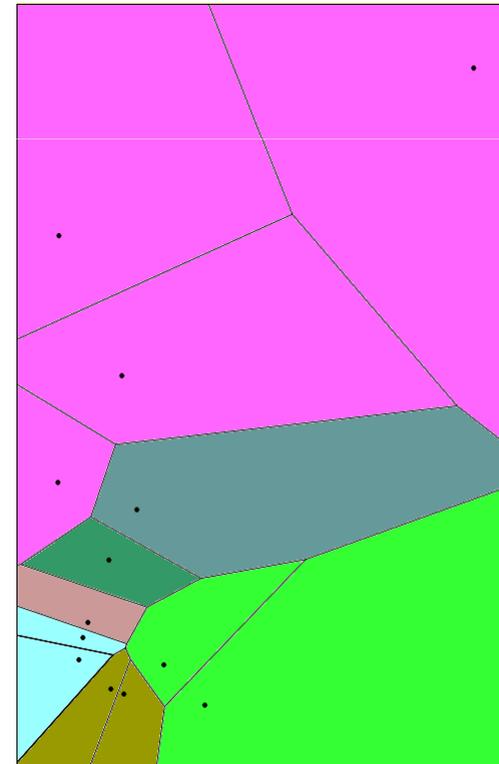


SUBESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL

❖ Métodos Bayesianos de agrupamentos multilocus



- Partition
- **Structure**
- Baps
- Geneland
- Geneclust
- Tess
- Newhybrids

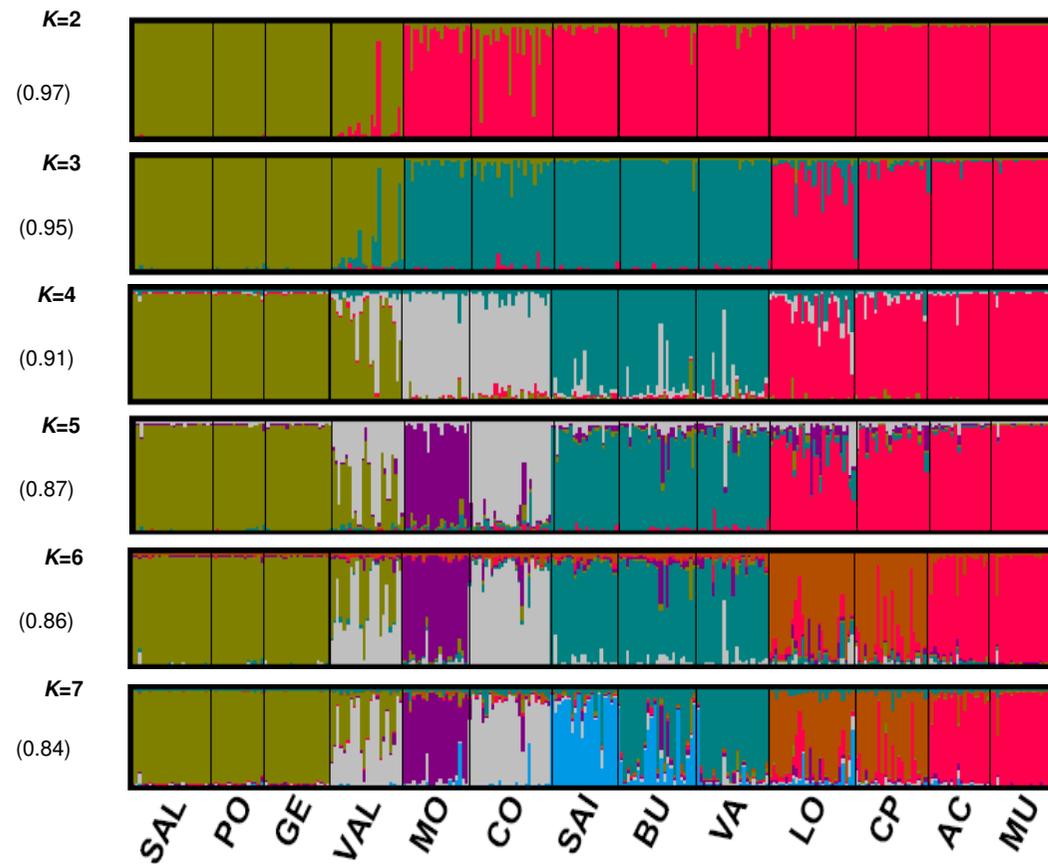


SUBESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL

❖ STRUCTURE

- É um método Bayesiano que utiliza MCMC
- Não assume a existência de populações predefinidas. Existem K populações, cada uma das quais é caracterizada por um conjunto de frequências alélicas por locus
- O algoritmo implementado assume que em cada população os loci estão em HWE e LE
- Estimativa probabilística de cada indivíduo pertencer a uma ou mais populações
- Não incorpora informação geográfica (mas pode usar os locais de amostragem como informação à priori quando o número de marcadores e indivíduos é relativamente baixo, e baixo nível de estruturação)
- A amostragem pode ser individual, i.e, indivíduos distribuídos uniformemente por toda a área, não precisa ser ao nível “populacional”
- Não assume nenhum modelo de evolução específico

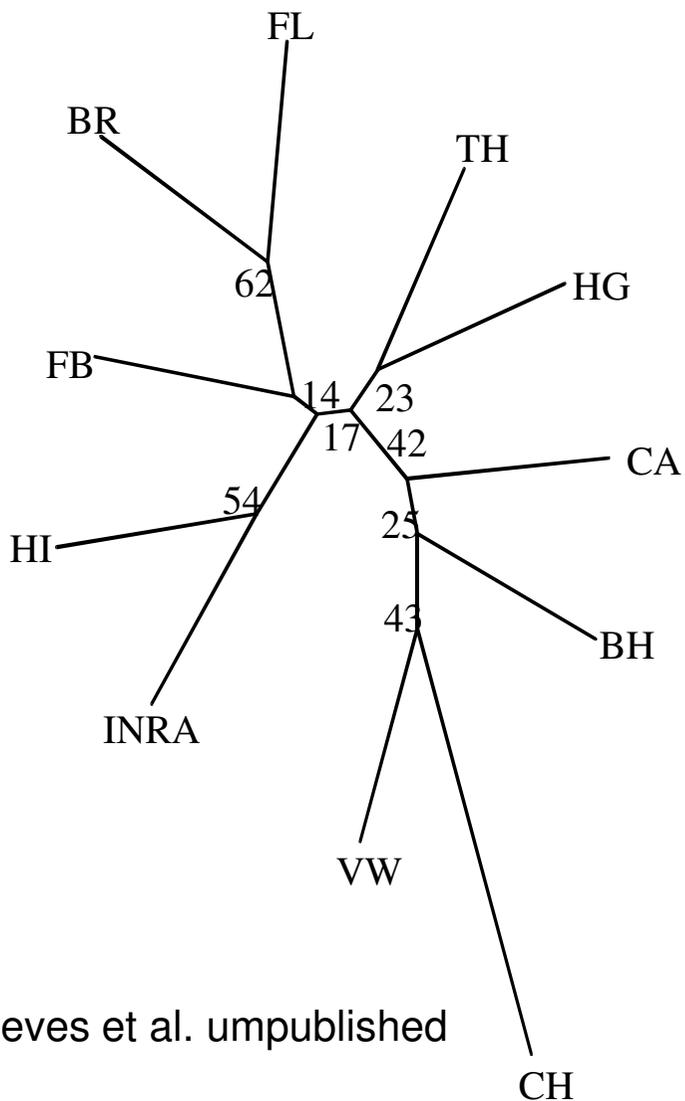
SUBESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL



SUBESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL

Raças de Coelhos domésticos

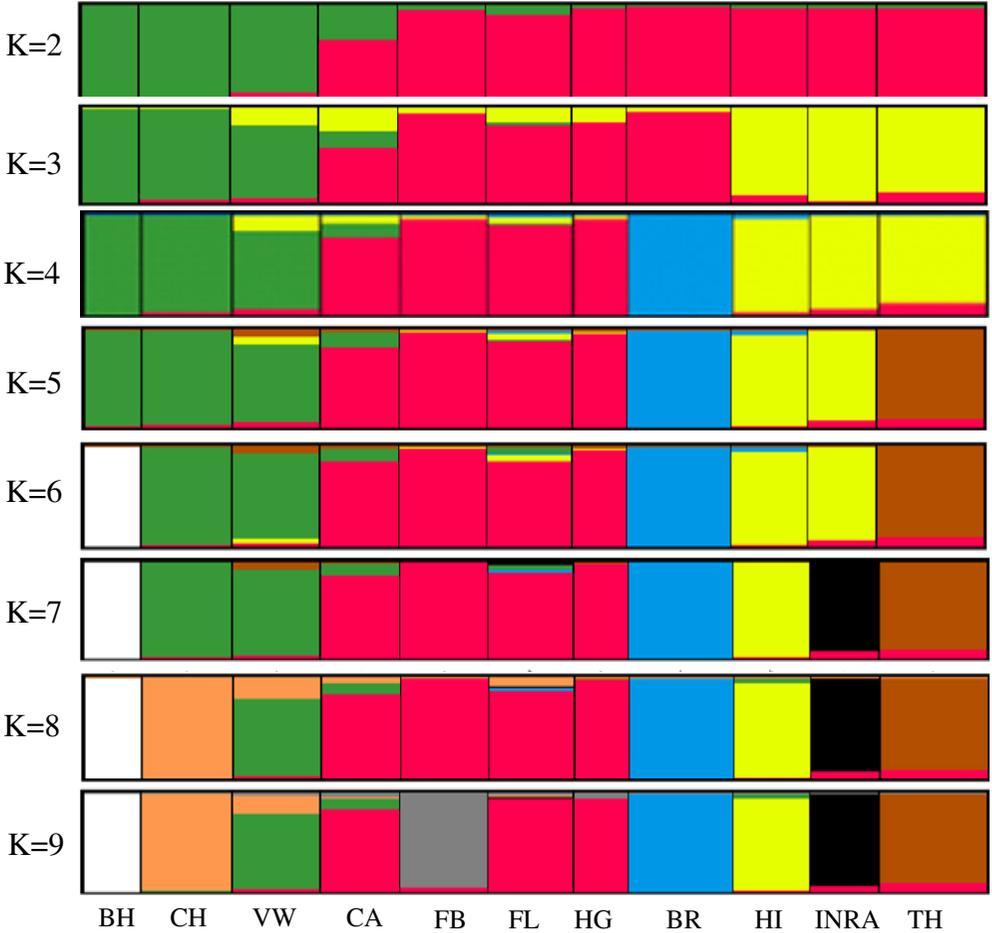
38 loci nucleares



- BH – Belgian hare
- CH – Chinchila
- VW – Vienna white
- CA – Chapagne
- FB – Fauve Bourgogne
- FL – Freench Loop
- HG – Hungaryan Giant
- BR – British
- HI - Himalyan
- INRA – Strnizen
- TH - Thuringer

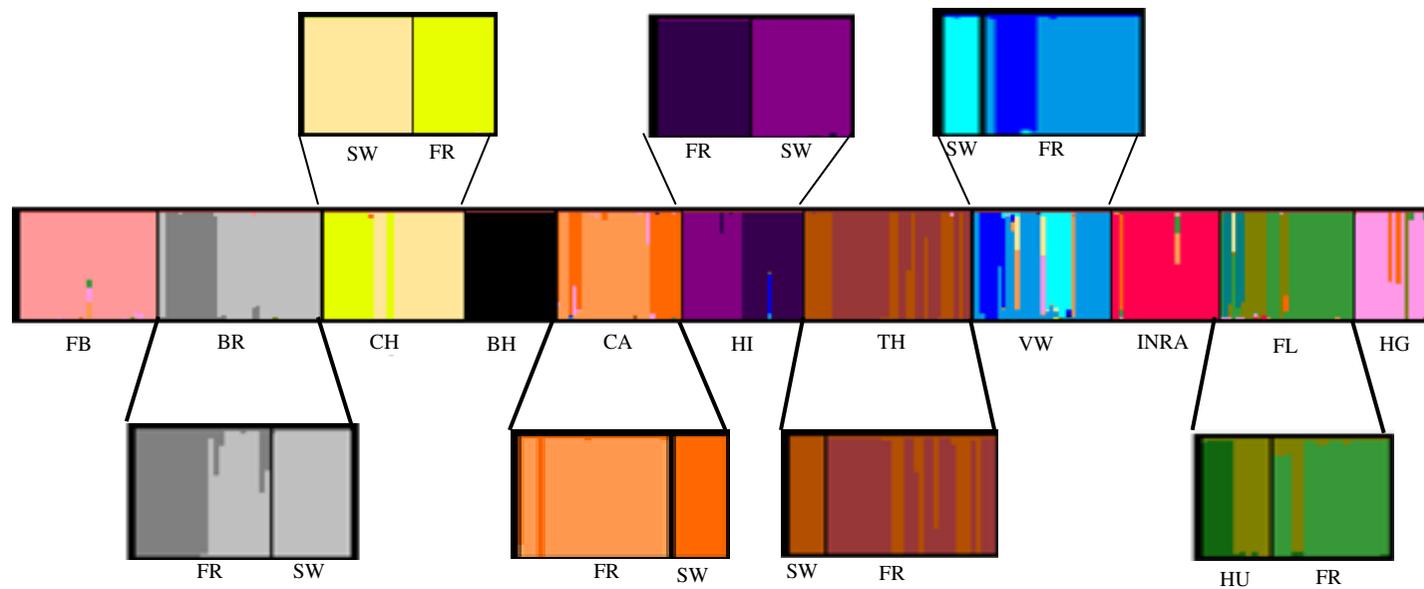
Esteves et al. unpublished

SUBESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL

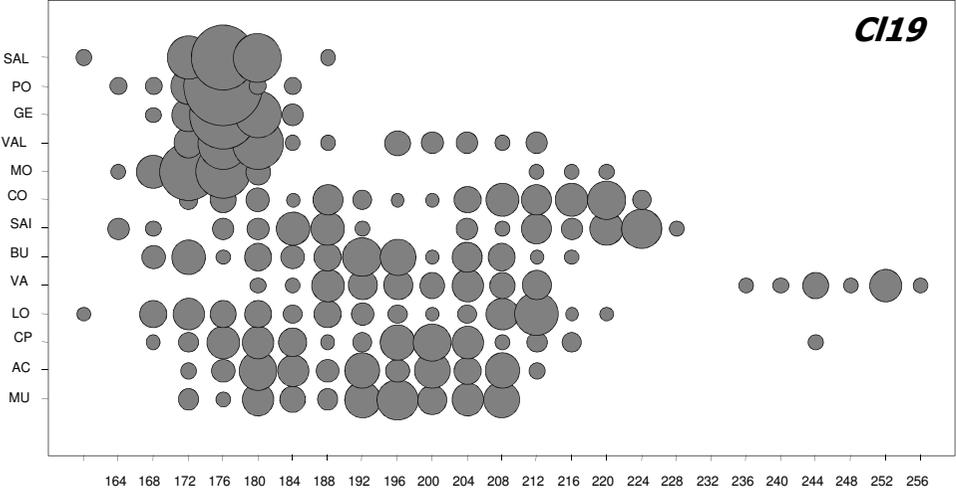
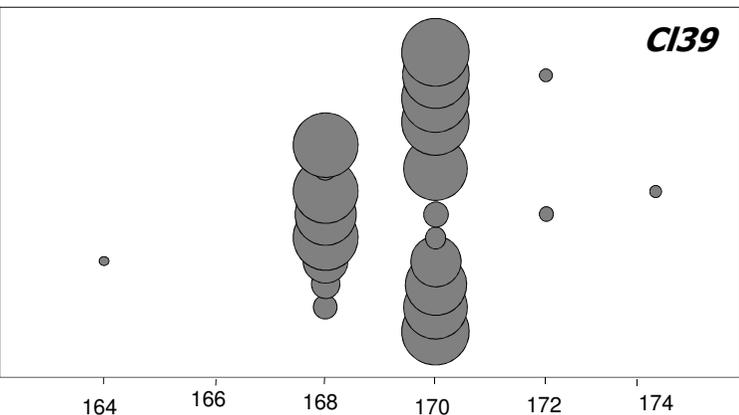
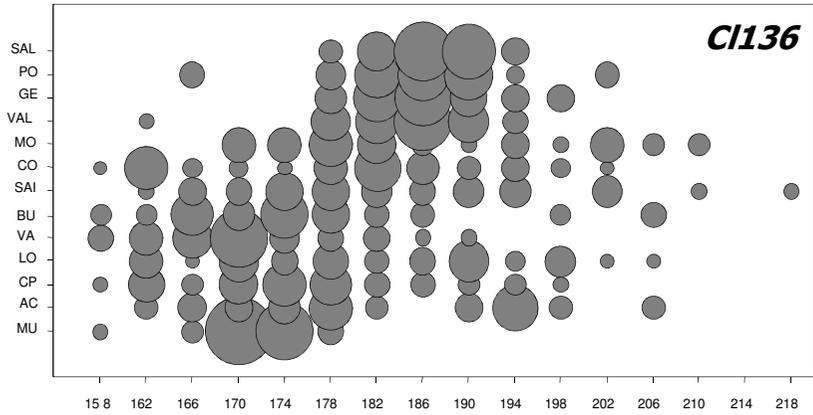
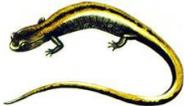


- BH – Belgian hare
- CH – Chinchila
- VW – Vienna white
- CA – Chapagne
- FB – Fauve Bourgogne
- FL – Freench Loop
- HG – Hungaryan Giant
- BR – British
- HI - Himalyan
- INRA – Strnizen
- TH - Thuringer

SUBESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL

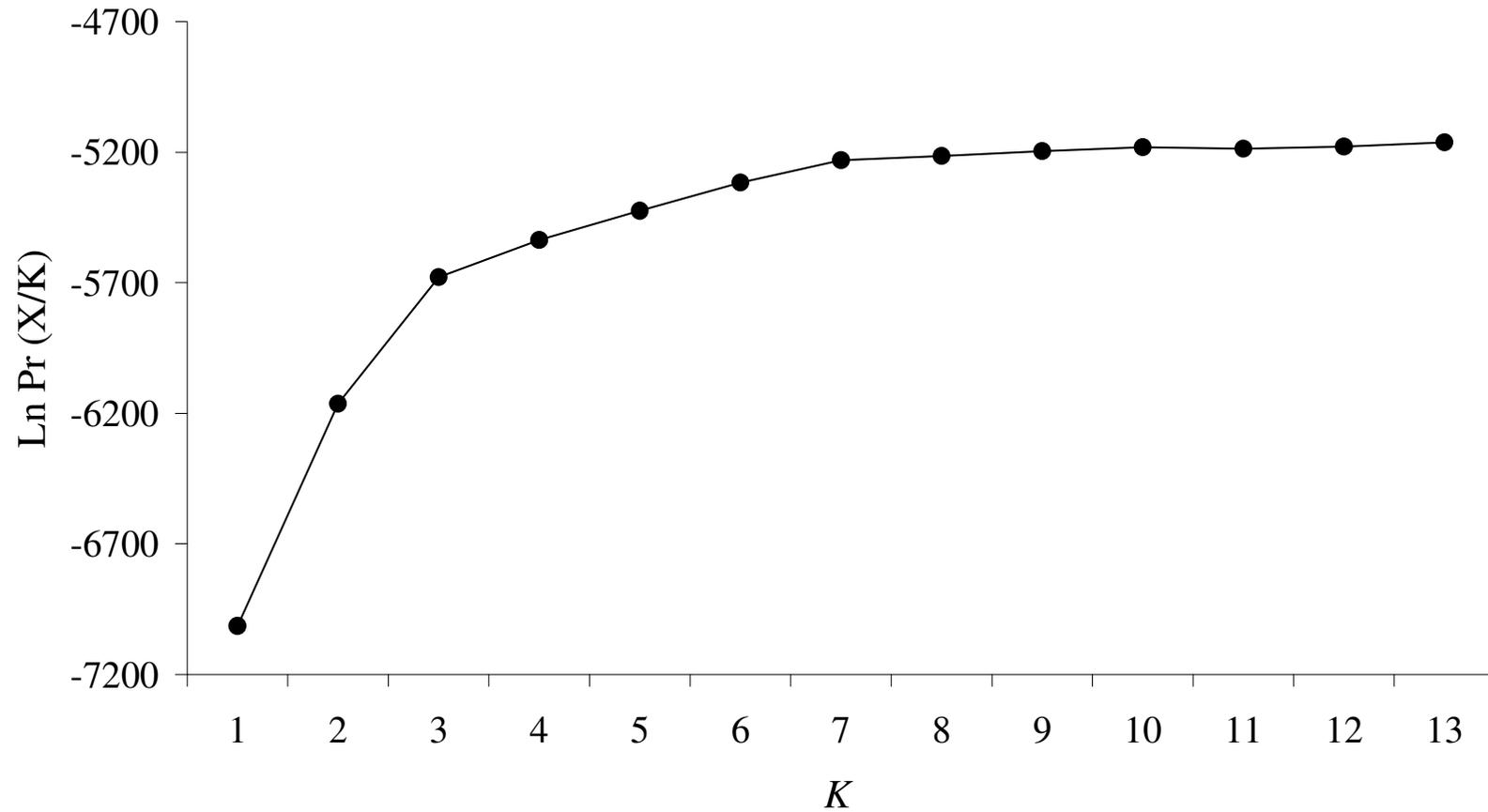


Phylogeography



Estimativa do K

- maior valor $\text{Ln Pr}(X/K)$
- k correspondente ao plateau de $\text{Ln Pr}(X/K)$



Estimativa do K

Molecular Ecology (2005) 14, 2611–2620

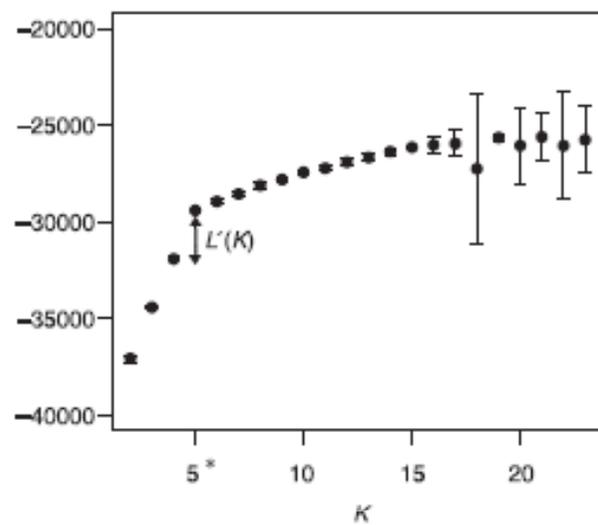
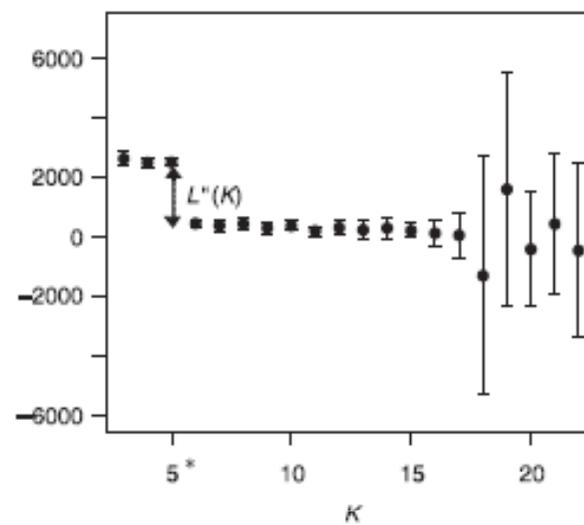
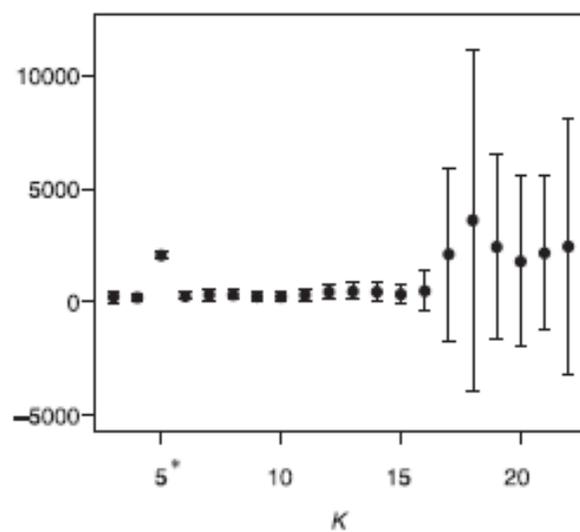
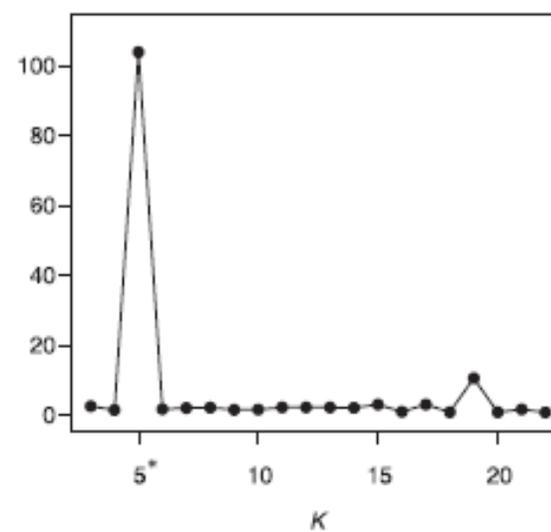
doi: 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x

Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study

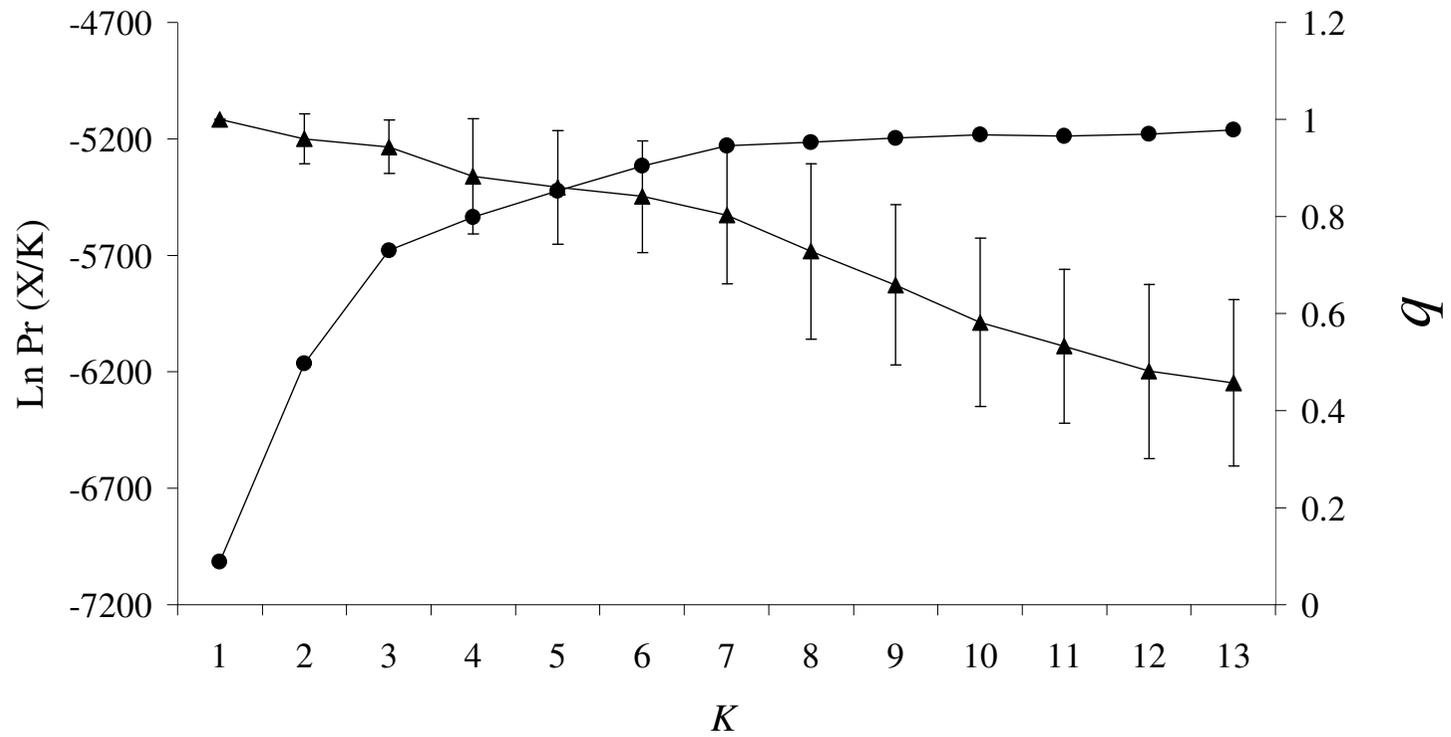
G. EVANNO, S. REGNAUT and J. GOUDET

Department of Ecology and Evolution, Biology building, University of Lausanne, CH 1015 Lausanne, Switzerland

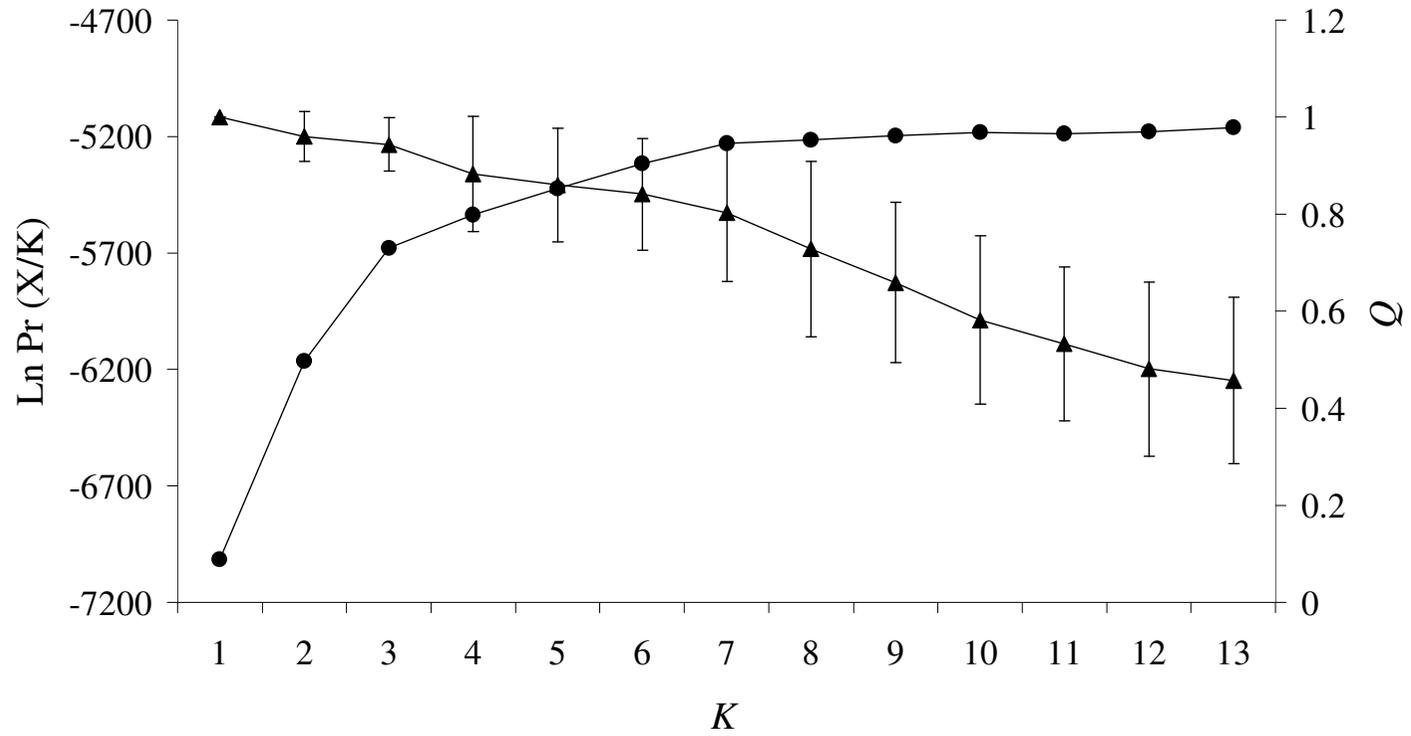
Método K (ΔK)

A. $L(K)$ B. $L'(K)$ C. $|L''K|$ D. $\Delta K = m(|L''K|) / s[L(K)]$ 

Estimativa do K



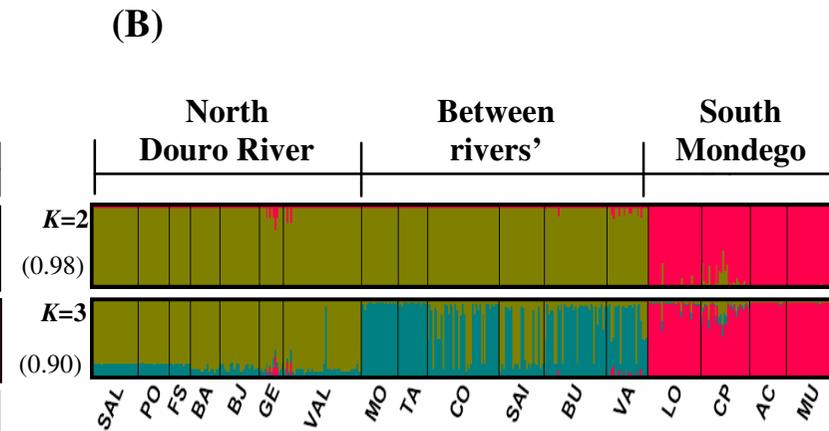
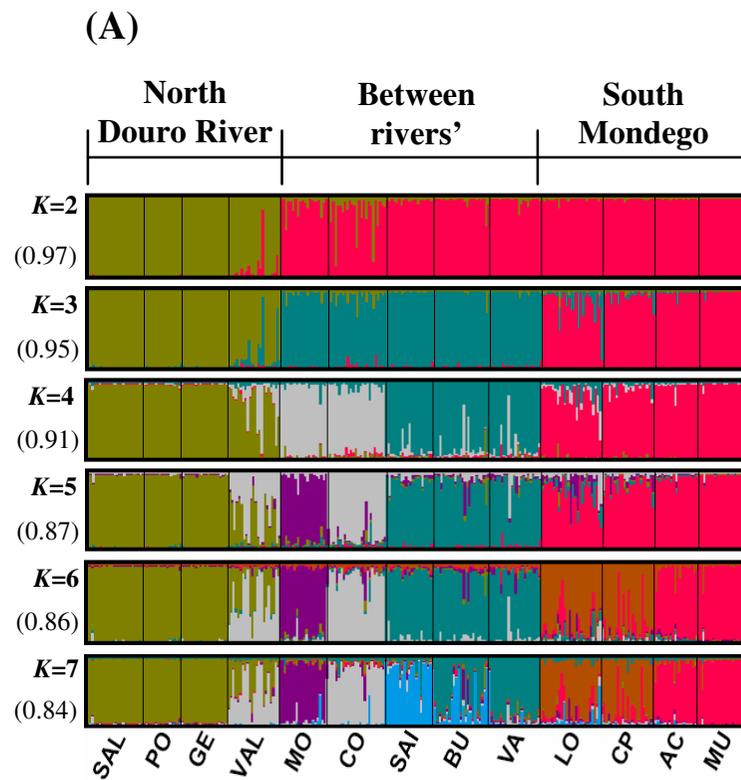
Estimativa do K

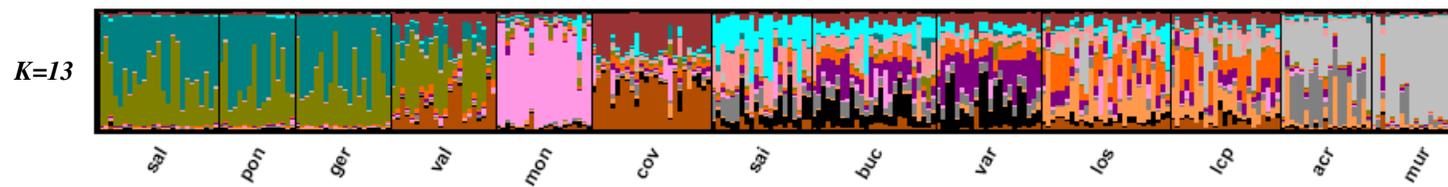
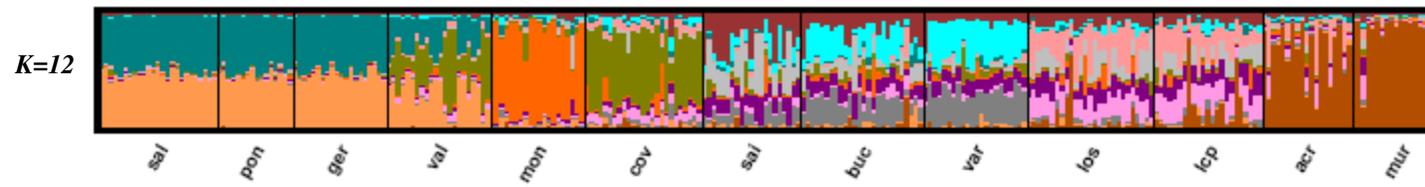
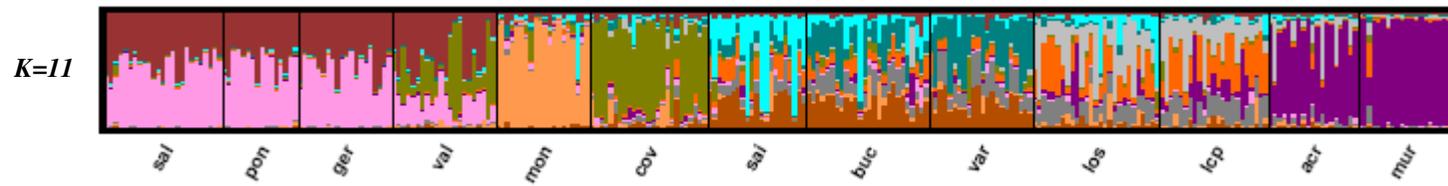
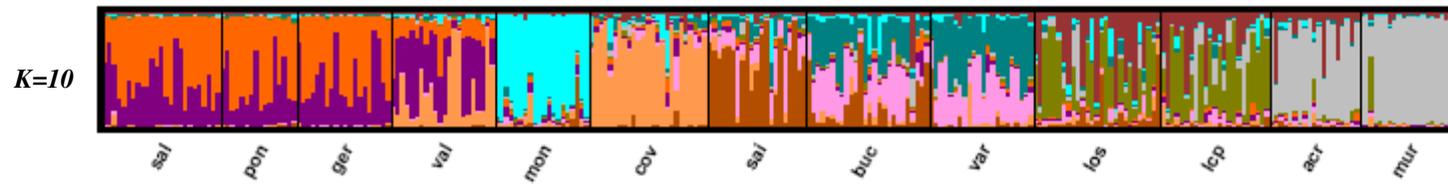
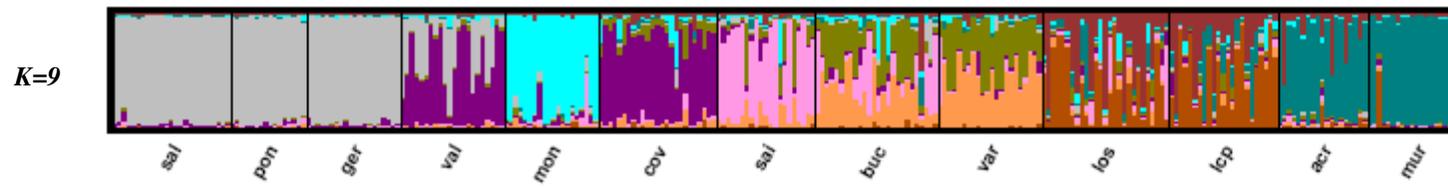
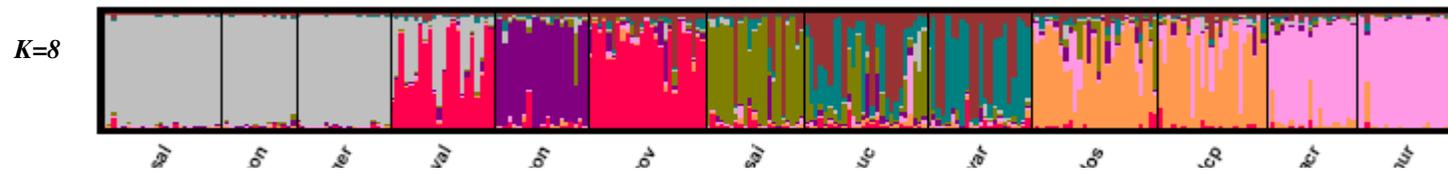


STRUCTURE HARVESTER

[http://taylor0.biology.ucla.edu/
struct_harvest/](http://taylor0.biology.ucla.edu/struct_harvest/)

SUBESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL





SUBESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL

❖ TESS

- É um método Bayesiano que utiliza MCMC
- Não assume a existência de populações predefinidas. Existem K populações, cada uma das quais é caracterizada por um conjunto de frequências alélicas por loci
- Estimativa probabilística de cada indivíduo pertencer a uma ou mais populações
- Incorpora também informação geográfica para classificar cada indivíduo
- A amostragem pode ser individual, i.e, indivíduos distribuídos uniformemente por toda a área, não precisa ser ao nível “populacional”

SUBESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL

