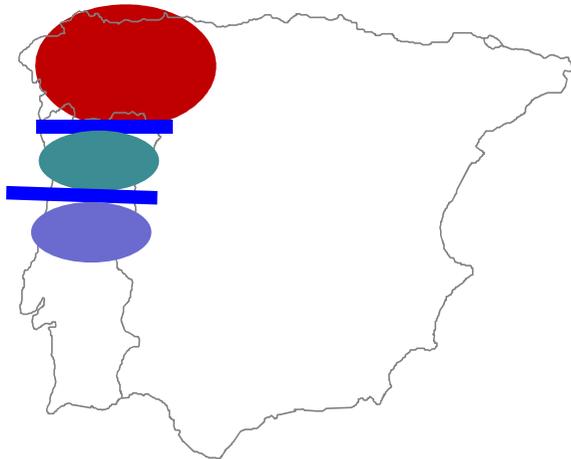
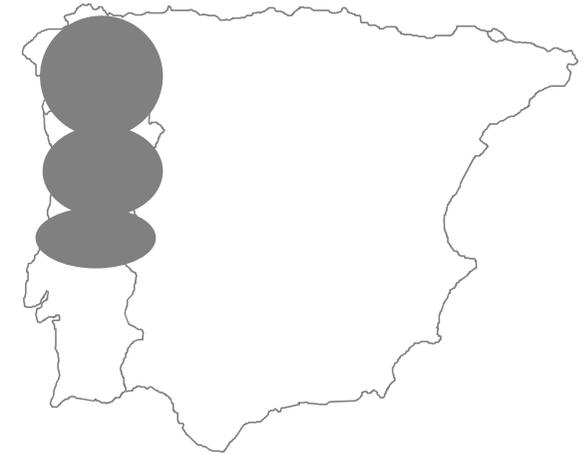
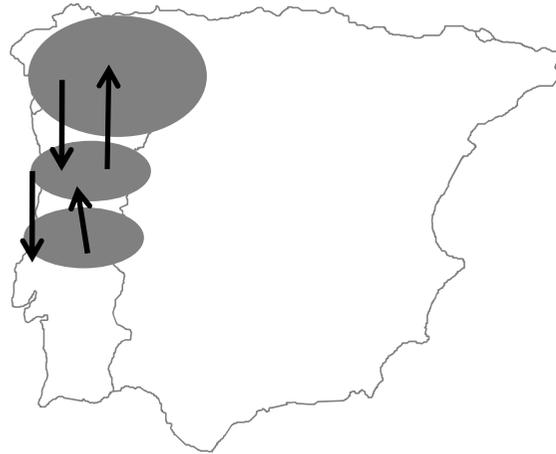
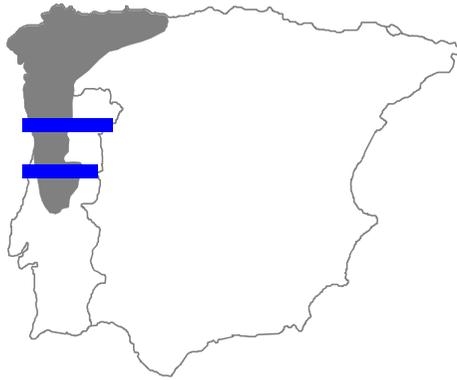


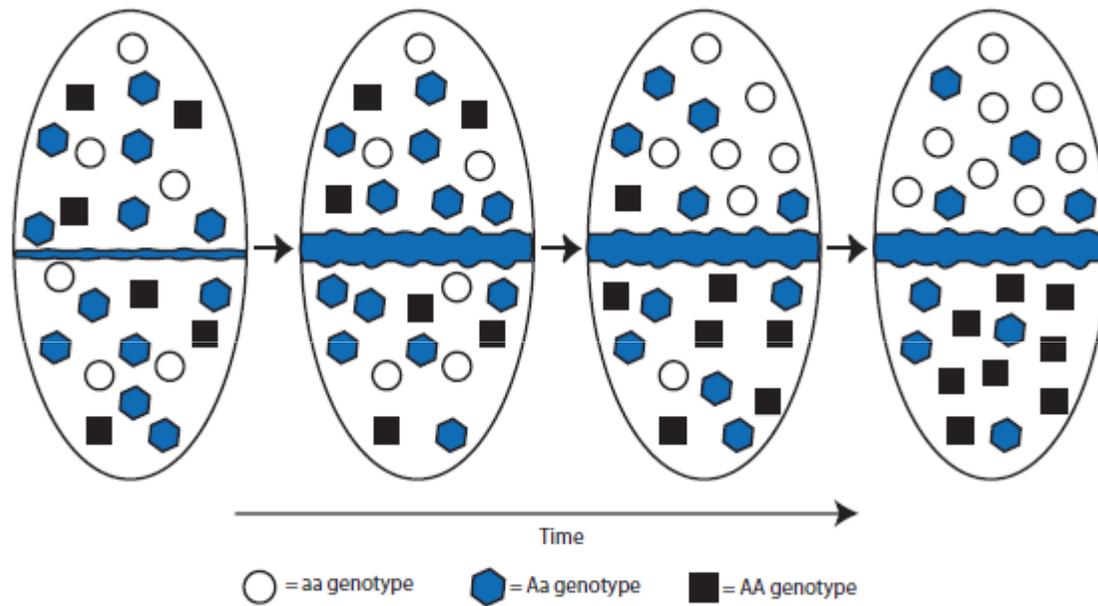
ESTRUTURA POPULACIONAL

ESTRUTURA POPULACIONAL

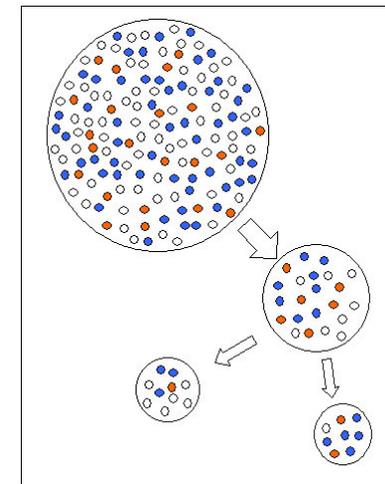


- ❖ fluxo génico
- ❖ Selecção natural
- ❖ Processos ao acaso na transmissão dos alelos de uma geração para outra – deriva genética
- ❖ Diferenças de frequências alélicas entre os fundadores iniciais das populações

ESTRUTURA POPULACIONAL

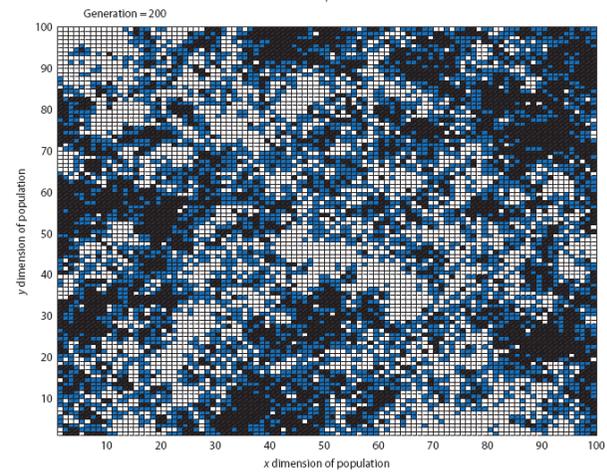
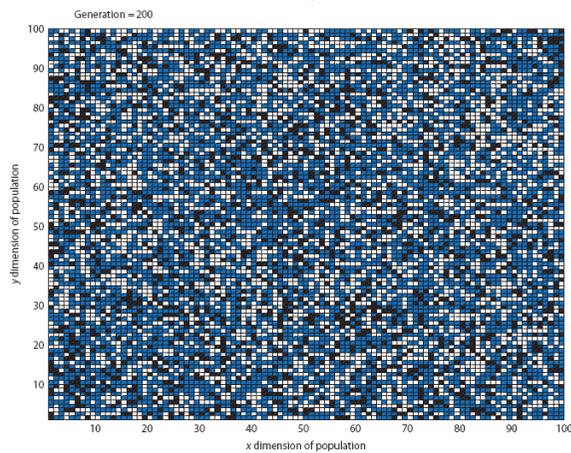
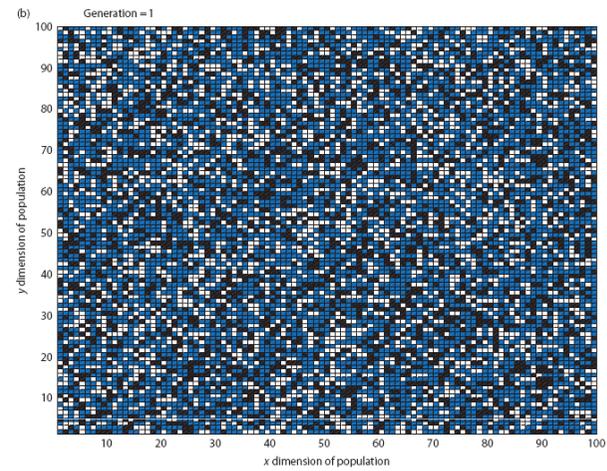
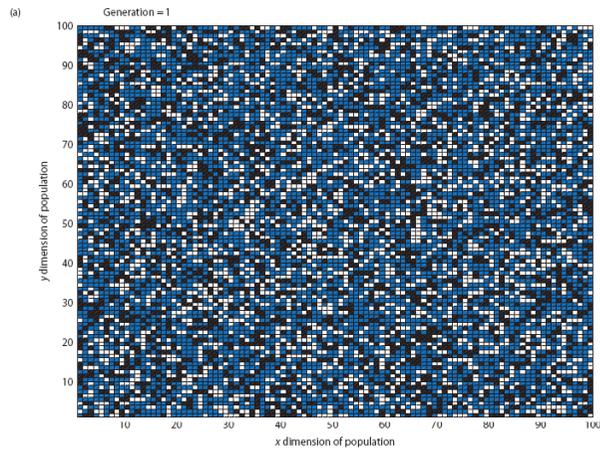


Vicariância



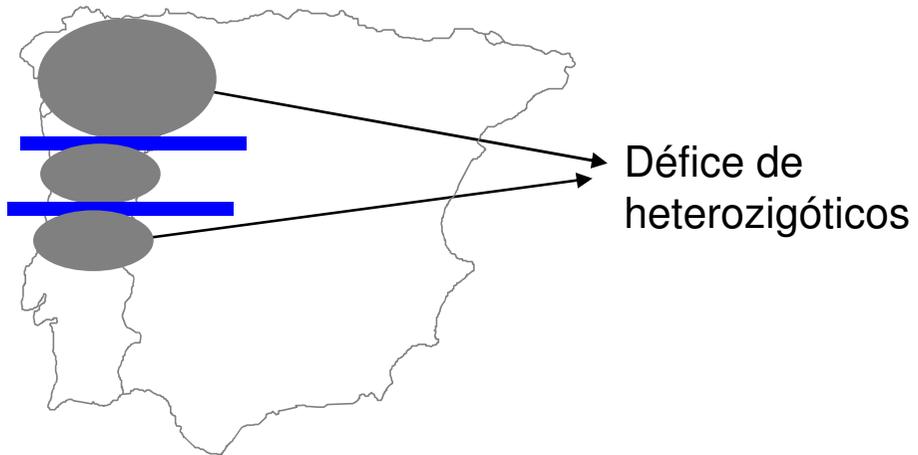
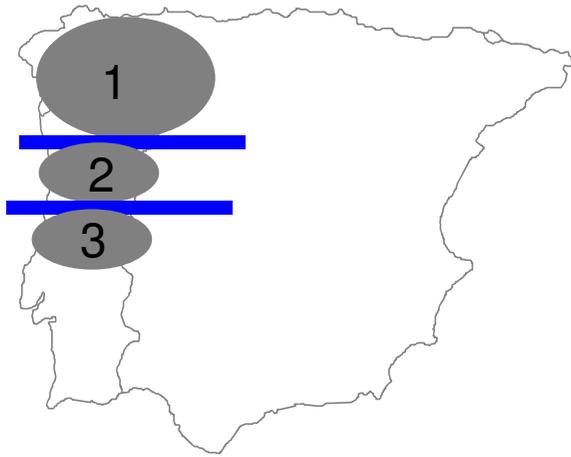
Efeito fundador

ESTRUTURA POPULACIONAL

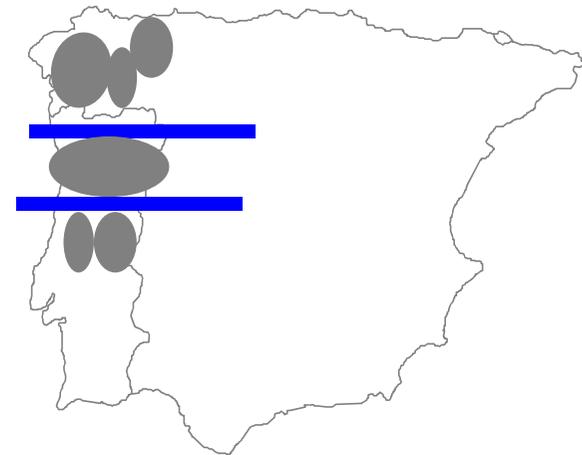


Isolamento pela distância

ESTRUTURA POPULACIONAL

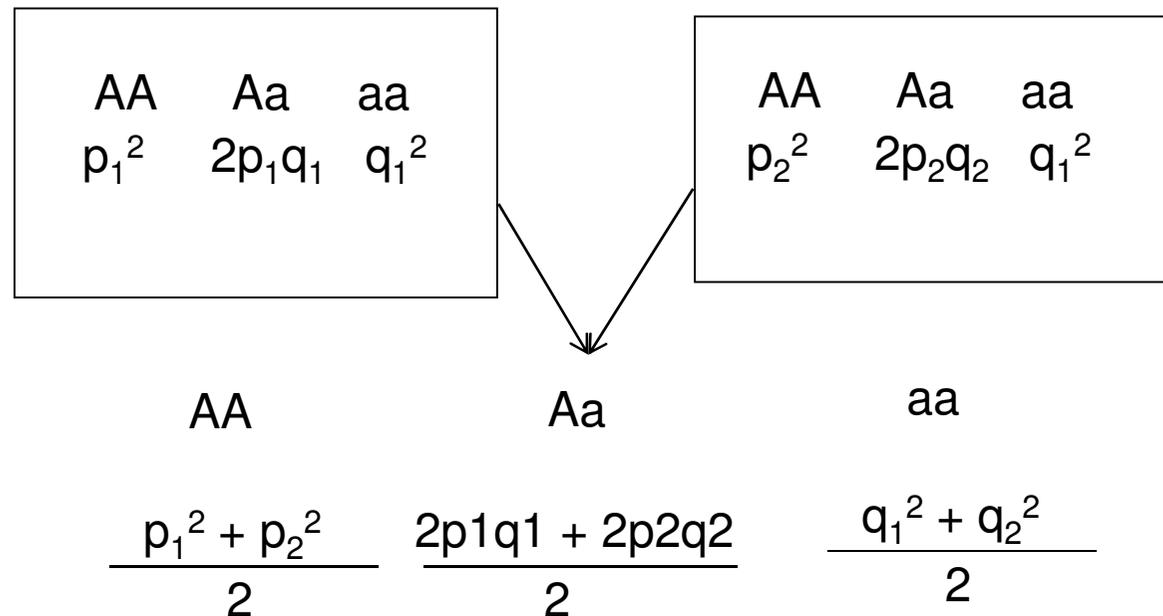


Défice de heterozigóticos

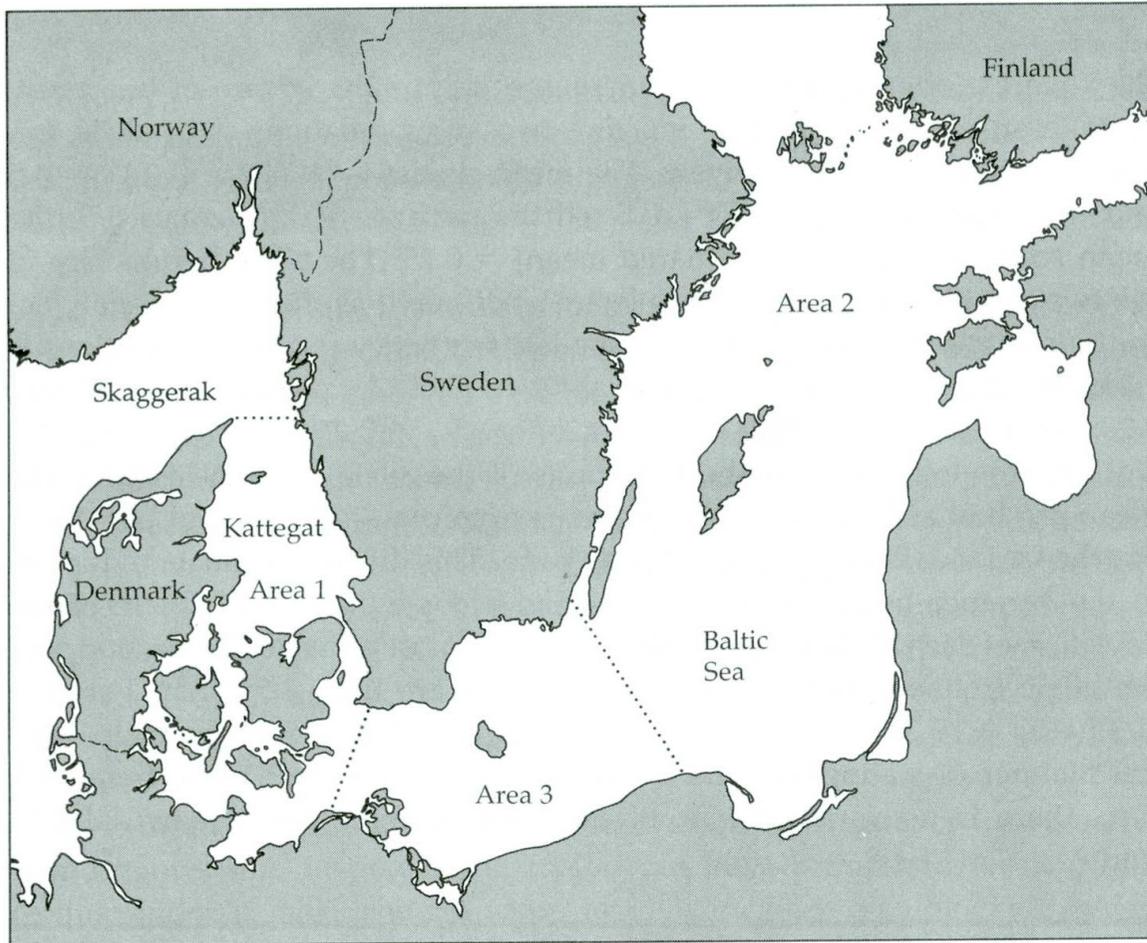


O EFEITO DE WAHLUND

A mistura de indivíduos provenientes de duas populações com frequências alélicas diferentes causa um déficit de heterozigóticos



O EFEITO DE WAHLUND



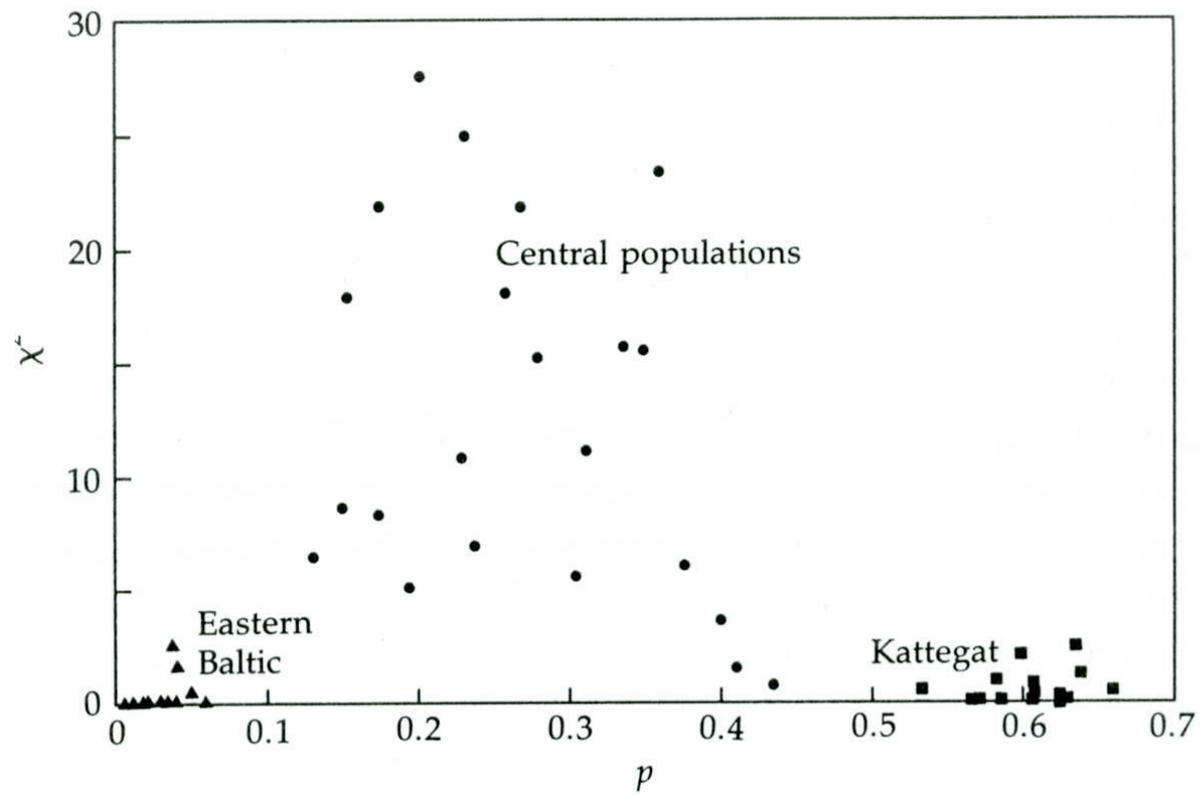
Gadus morhua

Sick (1965)

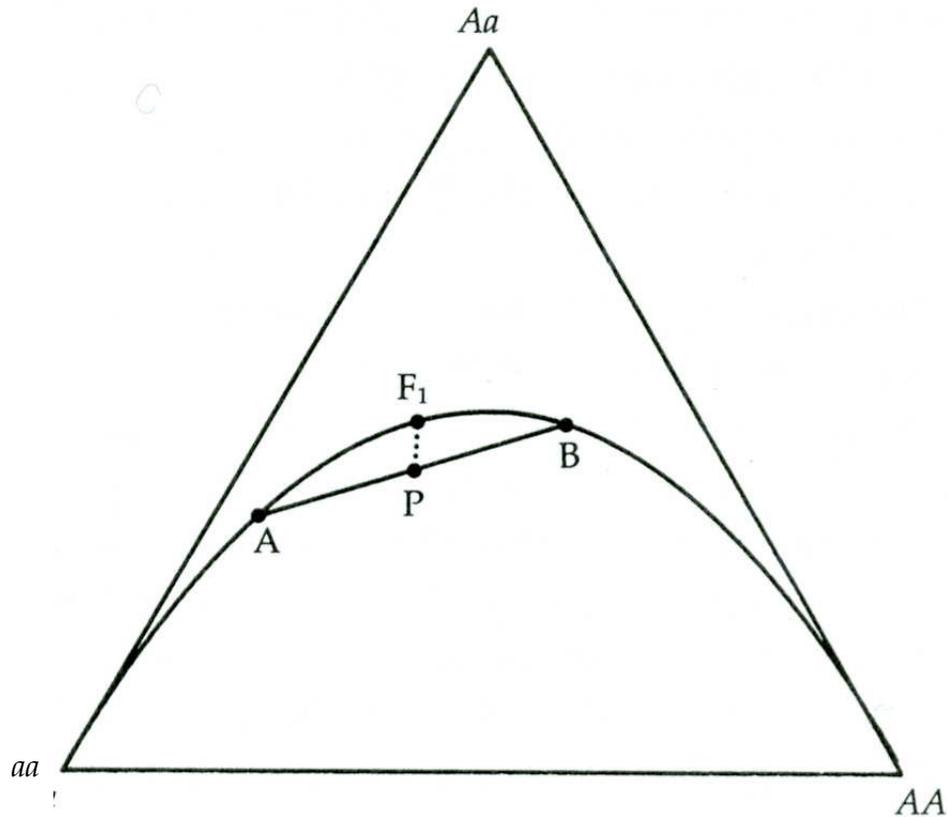
O EFEITO DE WAHLUND

	<i>Hb¹/Hb¹</i>	<i>Hb¹/Hb²</i>	<i>Hb²/Hb²</i>	χ^2	<i>P</i>
Region 1	511 (521.7)	685 (663.6)	200 (210.7)	1.453	0.23
Region 2	3 (0.5)	29 (33.9)	538 (535.5)	0.179	0.90
Region 3	418 (180.8)	749 (1223.3)	2306 (2068.8)	522.117	0

O EFEITO DE WAHLUND



O EFEITO DE WAHLUND



A e B - Populações em equilíbrio de HW.

linha - representa as frequências dos genótipos possíveis que resultaram da mistura das duas populações

P - população composta por 50% dos genótipos de A e B

F1 - representa a população P após uma geração de cruzamentos ao acaso

Uma geração de cruzamentos aleatórios é suficiente para se atingir HW

O efeito principal da subestrutura das populações é uma diminuição da heterozigotia média entre subpopulações, relativamente à heterozigotia esperada se ocorressem acasalamientos aleatórios numa hipotética população total.

AS ESTATÍSTICAS F DE WRIGHT

Os níveis de complexidade numa população subdividida:
indivíduos (I), subpopulações (S) e população total (T).

As partições da heterozigotia:

H_I - heterozigotia de um indivíduo numa subpopulação (média da heterozigotia observada para cada indivíduo em todas as subpopulações)

H_S – média da heterozigotia esperada em cada subpopulação com cruzamentos aleatórios

H_T - heterozigotia esperada de um indivíduo na população total com cruzamentos aleatórios

AS ESTATÍSTICAS *F* DE WRIGHT

Número de indivíduos				Freq. Genótipos		
	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂
POP1	352	63	12	0.824	0.148	0.028
POP2	312	77	27	0.750	0.185	0.065

HI (heterozigotia observada média) = $(0.148+0.185)/2=0.167$

Hs (heterozigotia média esperada HW) = $(2pqPOP1+2pqPOP2)/2$;
precisamos de calcular a frequência de p e q em cada população

POP1 – p=0.898
q=0.102
2pq=0.183

POP2 – p=0.842
q=0.158
2pq=0.265

Hs = $(0.183+0.265)/2= 0.224$

AS ESTATÍSTICAS *F* DE WRIGHT

	Número de indivíduos			Freq. Genótipos		
	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂
POP1	352	63	12	0.824	0.148	0.028
POP2	312	77	27	0.750	0.185	0.065

HT – Heterozigotia esperada para a população total HW;
precisamos calcular a frequência média do alelo p e q na população “total”

$$(p_1+p_2)/2 = 0.871$$

$$(q_1+q_2)/2=0.130$$

$$\begin{aligned} \text{POP1} - p &= 0.898 \\ q &= 0.102 \\ 2pq &= 0.183 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{POP2} - p &= 0.842 \\ q &= 0.158 \\ 2pq &= 0.265 \end{aligned}$$

$$HT = 2pq = 2(0.871)(0.130)/2 = 0.226$$

AS ESTATÍSTICAS *F* DE WRIGHT

O cálculo das estatísticas *F*:

$$F_{IS} = H_s - H_i / H_s$$

Coeficiente de *inbreeding* - redução de heterozigotia de um indivíduo devido à inexistência de cruzamentos aleatórios na sua subpopulação - desvio do HW dentro da subpopulação

$$F_{IT} = H_T - H_o / H_T$$

Coeficiente de *inbreeding* total - redução de heterozigotia de um indivíduo relativamente a população total, tendo em conta os efeitos da subdivisão populacional e a inexistência de cruzamentos aleatórios nas subpopulações - desvio do HW na população total

$$F_{ST} = H_T - H_s / H_T$$

Índice de fixação - redução de heterozigotia de uma subpopulação relativamente à população total - diferenciação genética entre subpopulações

AS ESTATÍSTICAS F DE WRIGHT

$$F_{ST} = \frac{HT - H_s}{HT}$$
$$= \frac{(0.226 - 0.224)}{0.226} = 0.009$$

$F_{ST} < 0.05$ indicativo de pouca diferenciação genética

$F_{ST} > 0.25$ indicativo de elevada diferenciação genética

Species	\hat{F}_{ST}
Amphibians	
<i>Alytes muletansis</i> (Mallorcan midwife toad)	0.12–0.53
Birds	
<i>Gallus gallus</i> (broiler chicken breed)	0.19
Mammals	
<i>Capreolus capreolus</i> (roe deer)	0.097–0.146
<i>Homo sapiens</i> (human)	0.03–0.05
<i>Microtus arvalis</i> (common vole)	0.17
Plants	
<i>Arabidopsis thaliana</i> (mouse-ear cress)	0.643
<i>Oryza officinalis</i> (wild rice)	0.44
<i>Phlox drummondii</i> (annual phlox)	0.17
<i>Prunus armeniaca</i> (apricot)	0.32
Fish	
<i>Morone saxatilis</i> (striped bass)	0.002
<i>Sparisoma viride</i> (stoplight parrotfish)	0.019
Insects	
<i>Drosophila melanogaster</i> (fruit fly)	0.112
<i>Glossina pallidipes</i> (tsetse fly)	0.18
<i>Heliconius charithonia</i> (butterfly)	0.003
Corals	
<i>Seriatopora hystrix</i>	0.089–0.136

AS ESTATÍSTICAS F DE WRIGHT

F_{IS} , F_{IT} e F_{ST} , e a forma como estão relacionadas:

$$(1-F_{IS}) (1-F_{ST}) = (1-F_{IT})$$

AS ESTATÍSTICAS F DE WRIGHT

O F_{ST} é uma medida de diferenciação genética e está relacionado com outras distâncias genéticas descritas por outros autores

G_{st} : é uma extensão do F_{ST} para múltiplos alelos, com algumas alterações

Θ_{st} : inclui correcção para tamanhos desiguais de amostras

R_{st} : tem em conta as elevadas taxas de mutação dos microssatélites e a dependência do tamanho do alelo mutante relativa ao tamanho do alelo mutado)

F_{st} de Hudson's et al (1992): para sequências (incorpora informação no número de mutações)

N_{st} : idêntico ao anterior com correcção de JC

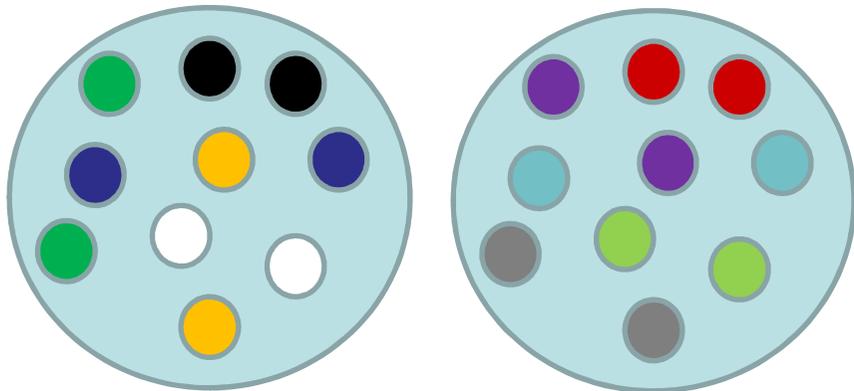
Diferenciação não é o mesmo que distância

(embora muitas vezes se atribua informalmente a estas duas mediadas o mesmo significado)

Diferenciação - considera o modo como a diversidade genética se encontra distribuída dentro e entre as populações.

Distância - considera a partilha de alelos e também as frequências alélicas

Fst (medida de diferenciação) - mede a proporção da variância total das frequências alélicas que ocorre entre subpopulações - os efeitos da subdivisão da população e a redução da heterozigotia de uma subpopulação devido à deriva genética



Distância é muito elevada (não há partilha de alelos).

Diferenciação é baixa (muita variação dentro das populações)

DIFERENCIAÇÃO *VERSUS* DISTÂNCIA GENÉTICA

		CI6	CI39	CL5	CI19	CL136	CI17	CI145
Salas	215	147147	170170	116116	176180	182190	207207	122126
Salas	216	147147	170170	116116	172180	178186	207207	122126
Salas	217	147147	170170	116116	176188	190190	203207	122126
Muradal	423	156159	172174	119137	184204	170174	191195	120134
Muradal	176	159159	172172	143161	192208	166174	191191	120130
Muradal	177	156162	172172	119143	192196	170174	191195	114130
Muradal	178	159162	172172	146158	184196	170170	191195	130130

Weir & Cock **FIS= -0.13744** **FIT= 0.39912** **FST= 0.47173**

Distância Cavalli-Sforza & Edwards= 0.85

Alozimas e microssatélites

Nei (1972) – Tem em consideração a mutação e a deriva
Cavalli-Sforza and Edwards (1967) – somente a deriva

Microssatélites (Stepwise mutation model)

ASD

$(\delta\mu)^2$

Dsw

(algumas destas medidas também tentam controlar a homoplasia e o aumento de linearidade com o tempo)

AS ESTATÍSTICAS F DE WRIGHT

Existem outras formas de determinar as estatísticas F :

- ❖ Análise de variância de Cockerham
- ❖ Métodos de reamostragem de Weir e Cockerham (usam “bootsatrap”)

A ANÁLISE DE VARIÂNCIA MOLECULAR (AMOVA)

É uma extensão do método de análise de variância das frequências alélicas de Cockerham a dados moleculares

Análise de Variância Molecular (AMOVA)

Classe de medidas relacionadas com o F_{st} , mas considera níveis hierárquicos de diferenciação

Dentro das populações (A)

Entre populações dentro dos grupos (B)

Entre grupos (C)

Estima a percentagem de variância entre os grupos (em %), o resultado são três índices:

Φ_{ct} (C/T)

Φ_{st} ((C+B)/T)

Φ_{sc} (B/(B+A))

A ANÁLISE DE VARIÂNCIA MOLECULAR (AMOVA)

Source of variation	Degrees of freedom	Sum of squares (SSD)	Expected mean squares
Among Groups	$G - 1$	SSD(AG)	$n''\sigma_a^2 + n'\sigma_b^2 + \sigma_c^2$
Among Populations /	$P - G$	SSD(AP/WG)	$n\sigma_b^2 + \sigma_c^2$
Within Groups			
Within Populations	$N - P$	SSD(WP)	σ_c^2
Total:	$N - 1$	SSD(T)	σ_T^2

$$F_{CT} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_T^2}, \quad F_{SC} = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_b^2 + \sigma_c^2} \quad \text{and} \quad F_{ST} = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_b^2}{\sigma_T^2}$$

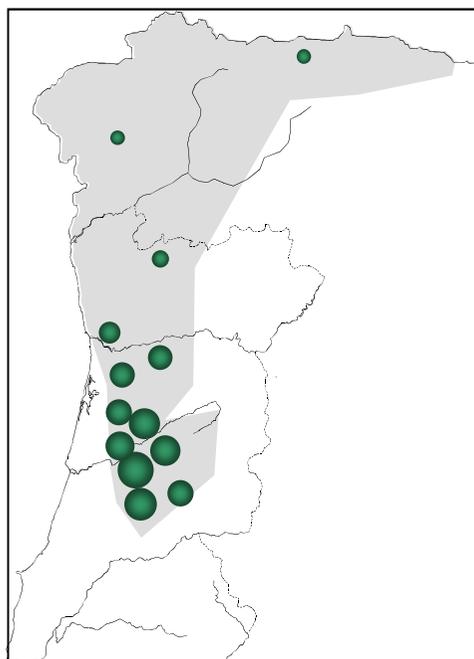
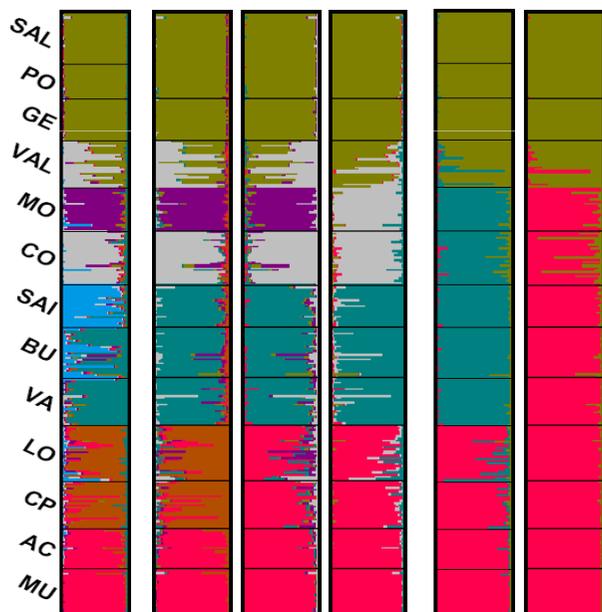
We test σ_c^2 and F_{ST} by permuting haplotypes among populations among groups.

We test σ_b^2 and F_{SC} by permuting haplotypes among populations within groups.

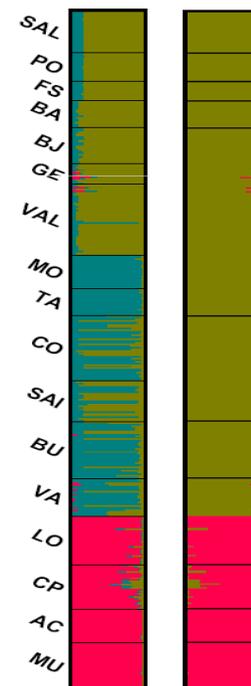
We test σ_a^2 and F_{CT} by permuting populations among groups.

A ANÁLISE DE VARIÂNCIA MOLECULAR (AMOVA)

microssatélites



Alozimas



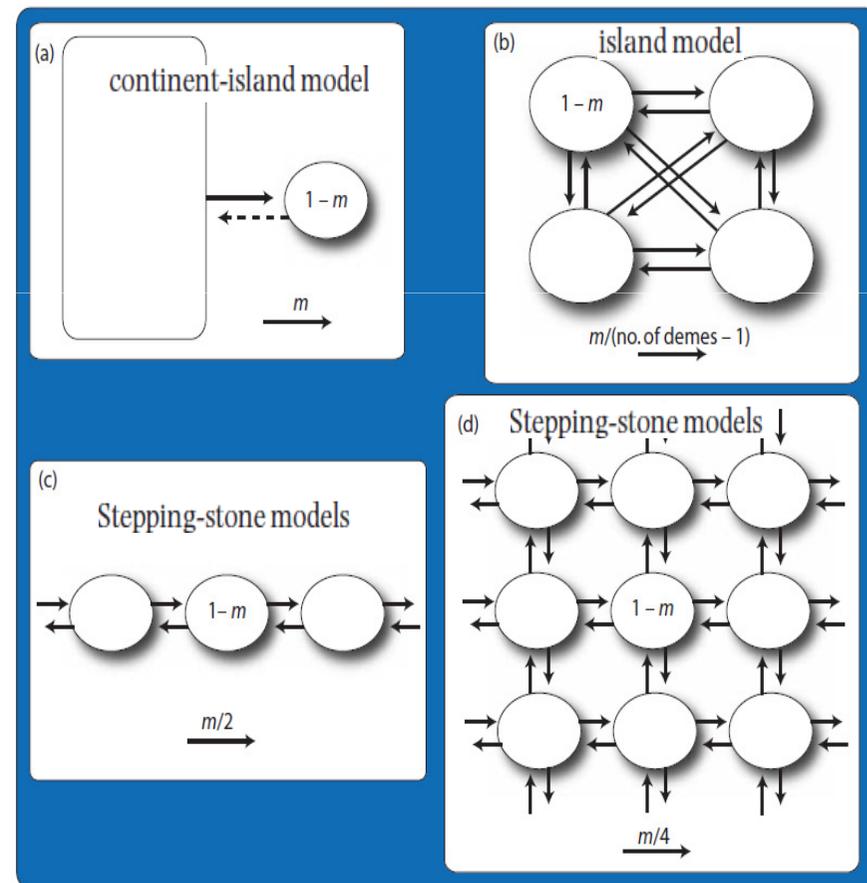
A ANÁLISE DE VARIÂNCIA MOLECULAR (AMOVA)

Table 4. Analysis of molecular variance results according to the partitioning of genetic diversity revealed by different markers

Marker	Among groups		Among populations within groups		Within populations		Fixation indices
	% of total	Total variance	% of Total	Total variance	% of total	Total variance	
<i>Microsatellites</i>							
K2	20.9	0.588	14.6	0.411	64.5	1.811	$\Phi_{ST} = 0.355$; $\Phi_{CT} = 0.209$; $\Phi_{SC} = 0.185$
K7	25.5	0.648	3.2	0.082	71.3	1.811	$\Phi_{ST} = 0.287$; $\Phi_{CT} = 0.255$; $\Phi_{SC} = 0.043$
<i>Allozymes</i>							
K2	67.4	0.951	12.0	0.169	20.6	0.291	$\Phi_{ST} = 0.794$; $\Phi_{CT} = 0.674$; $\Phi_{SC} = 0.367$
K3	60.9	0.627	10.9	0.113	28.2	0.291	$\Phi_{ST} = 0.718$; $\Phi_{CT} = 0.609$; $\Phi_{SC} = 0.279$
<i>mtDNA</i>							
G2	78.0	3.415	12.0	0.523	10.0	0.439	$\Phi_{ST} = 0.900$; $\Phi_{CT} = 0.780$; $\Phi_{SC} = 0.544$
G6	85.0	2.846	1.94	0.065	13.1	0.439	$\Phi_{ST} = 0.869$; $\Phi_{CT} = 0.850$; $\Phi_{SC} = 0.129$

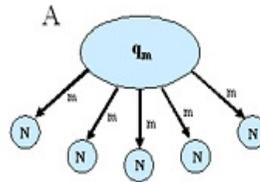
OS MODELOS DE ESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL E FLUXO GÉNICO

- ❖ Modelos, embora simplificados, úteis para o estudo dos princípios gerais que são responsáveis pela diferenciação genética entre subpopulações;
- ❖ O impacto de factores evolutivos, como o fluxo génico, o tamanho efectivo e os padrões de conexão entre as subpopulações na evolução das frequências alélicas e genotípicas dentro e entre as subpopulações.



ISLAND MODEL

Este modelo pode corresponder à subdivisão de uma população grande em várias subpopulações dispersas geograficamente, como ilhas de um arquipélago, ou à distribuição de uma espécie de peixe num conjunto de lagos



- ❖ deriva genética, mutação e selecção natural é ignorada
- ❖ As frequências alélicas dos migrantes é igual aos valores médios das subpopulações - \bar{p}

ISLAND MODEL

Evolução da frequência de um alelo *A* ao longo do tempo:

$$p_t = p_{t-1} (1-m) + \bar{p}m,$$

$$p_t = \bar{p} + (p_0 - \bar{p})(1-m)^t$$

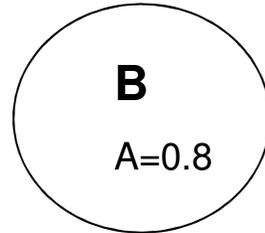
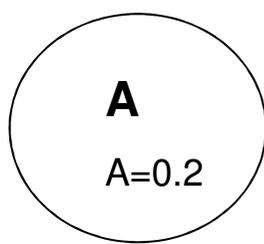
Depende da frequência alélica existente na proporção da população da ilha que não são imigrantes ($1 - m$) na geração ($t - 1$) e da frequência alélica da proporção da população da ilha que chega do continente, com frequência \bar{p}

Probabilidade do alelo *A* vir de um indivíduo da mesma subpopulação na geração ($t - 1$) com a probabilidade ($1 - m$)

+ probabilidade desse alelo vir de um indivíduo migrante (m) na geração $t-1$ (com probabilidade m) = \bar{p}

ISLAND MODEL

Exemplo:



$m = 0.10$ i.e 10% dos indivíduos em cada geração são migrantes

Frequência do alelo A nas duas populações ao fim de 10 gerações?

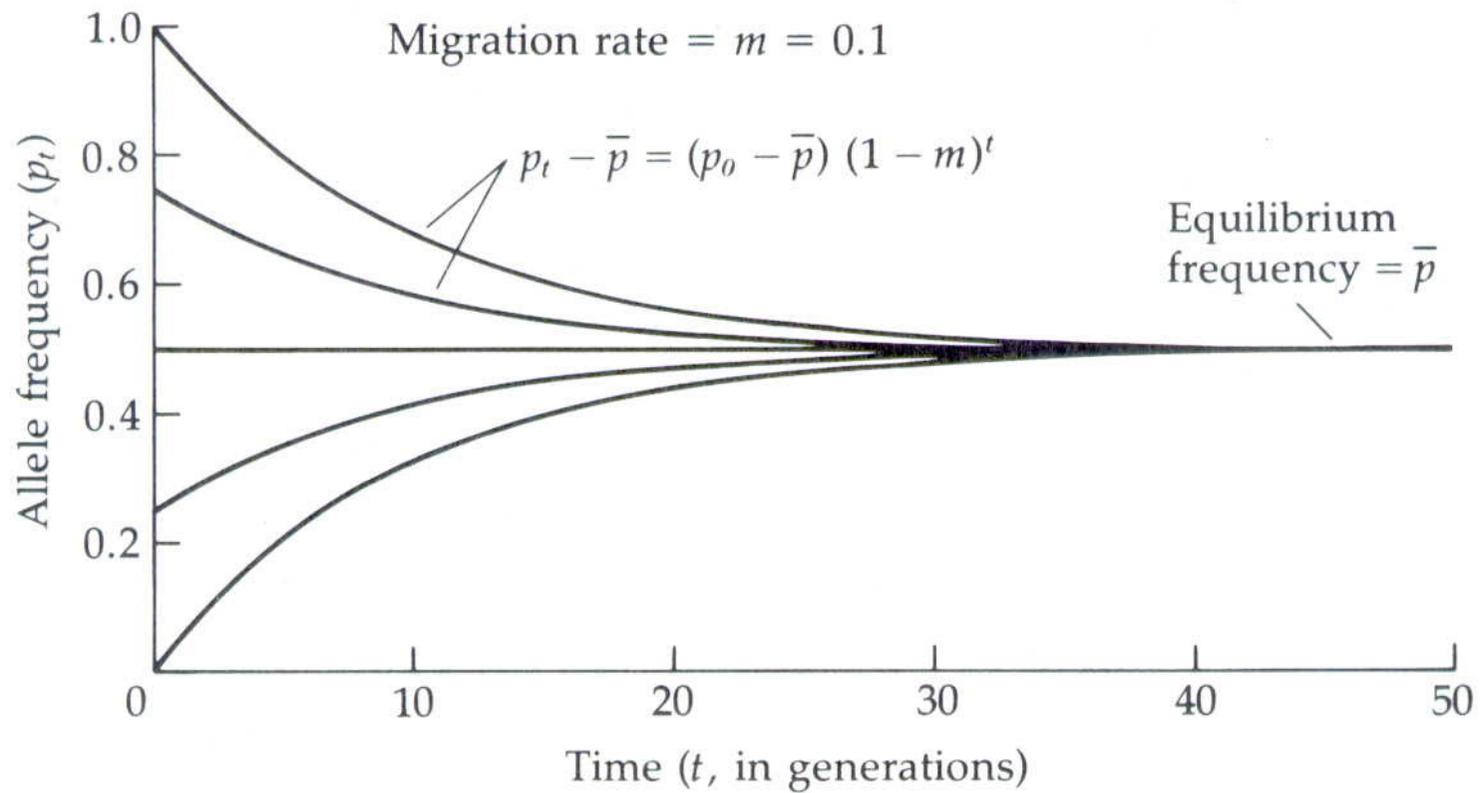
$$p_t = \bar{p} + (p_0 - \bar{p})(1-m)^t \quad P_t^{\text{island}} = p^{\text{continent}} + (p_{t=0}^{\text{island}} - p^{\text{continent}})(1 - m)^t$$

$$\bar{p} = (0.2+0.8)/2 = 0.5$$

POPA $P_{10} = 0.5 + (0.2 - 0.5)(1 - 0.10)^{10} = 0.395$

POPB $P_{10} = 0.5 + (0.8 - 0.5)(1 - 0.10)^{10} = 0.605$

ISLAND MODEL



ISLAND MODEL

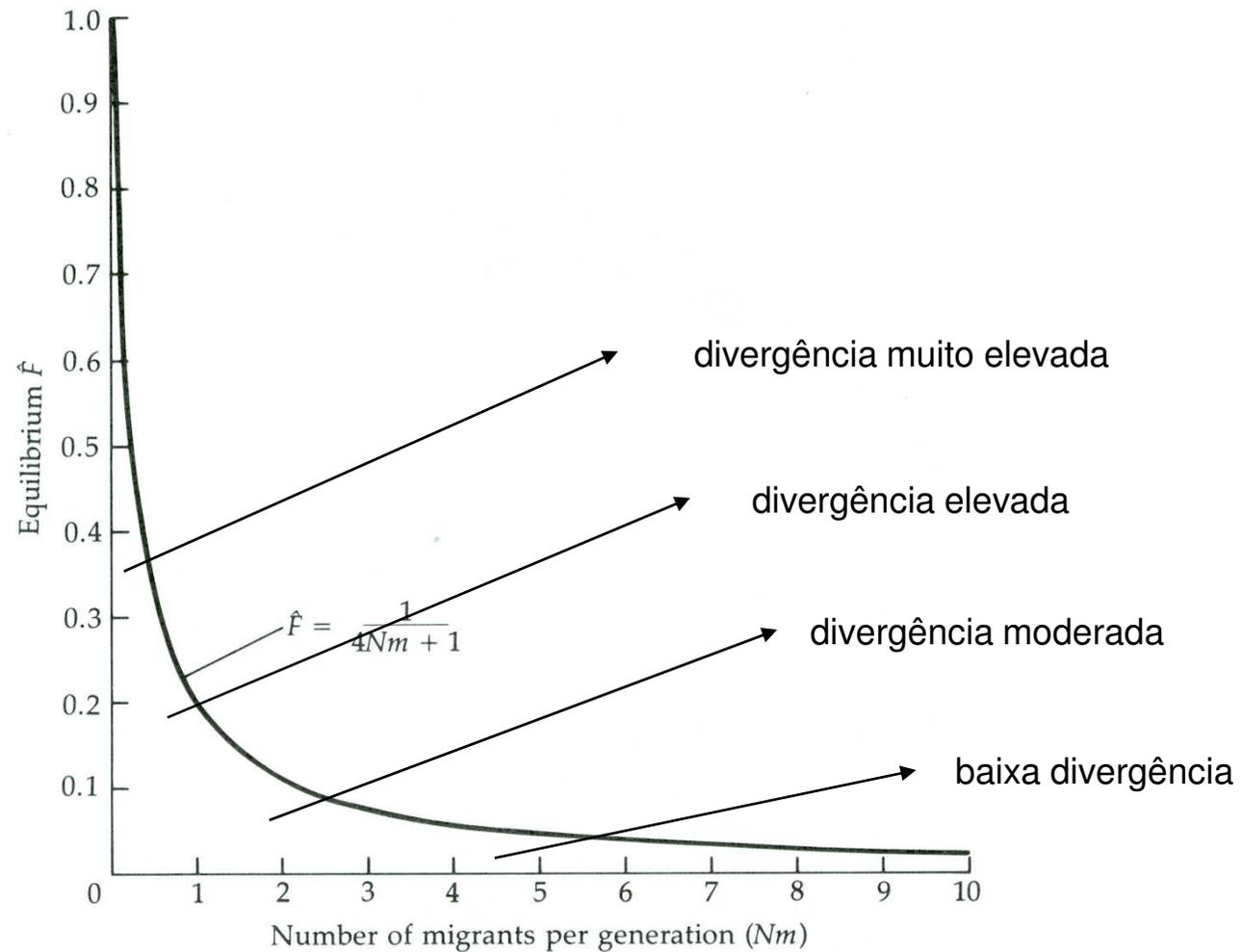
No modelo de Wright-Fisher pode incluir-se a migração e verificar como esta pode contrabalançar a ocorrência de deriva genética

$$F = [1/2N + (1-1/2N)F_{t-1}] (1-m)^2$$

No equilíbrio,

$$F = 1 / (4Nm + 1)$$

ISLAND MODEL

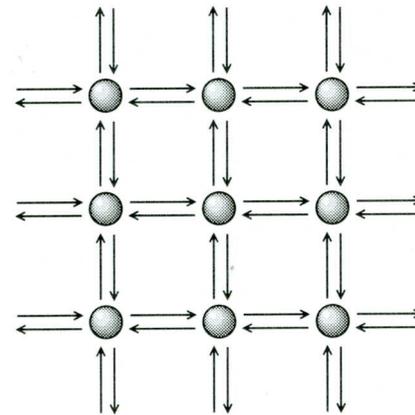


STEPPING STONE MODEL

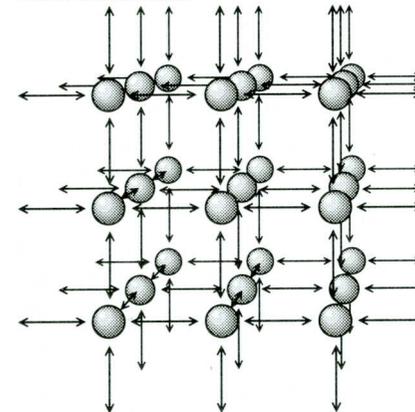
One dimension



Two dimensions



Three dimensions



STEPPING STONE MODEL II

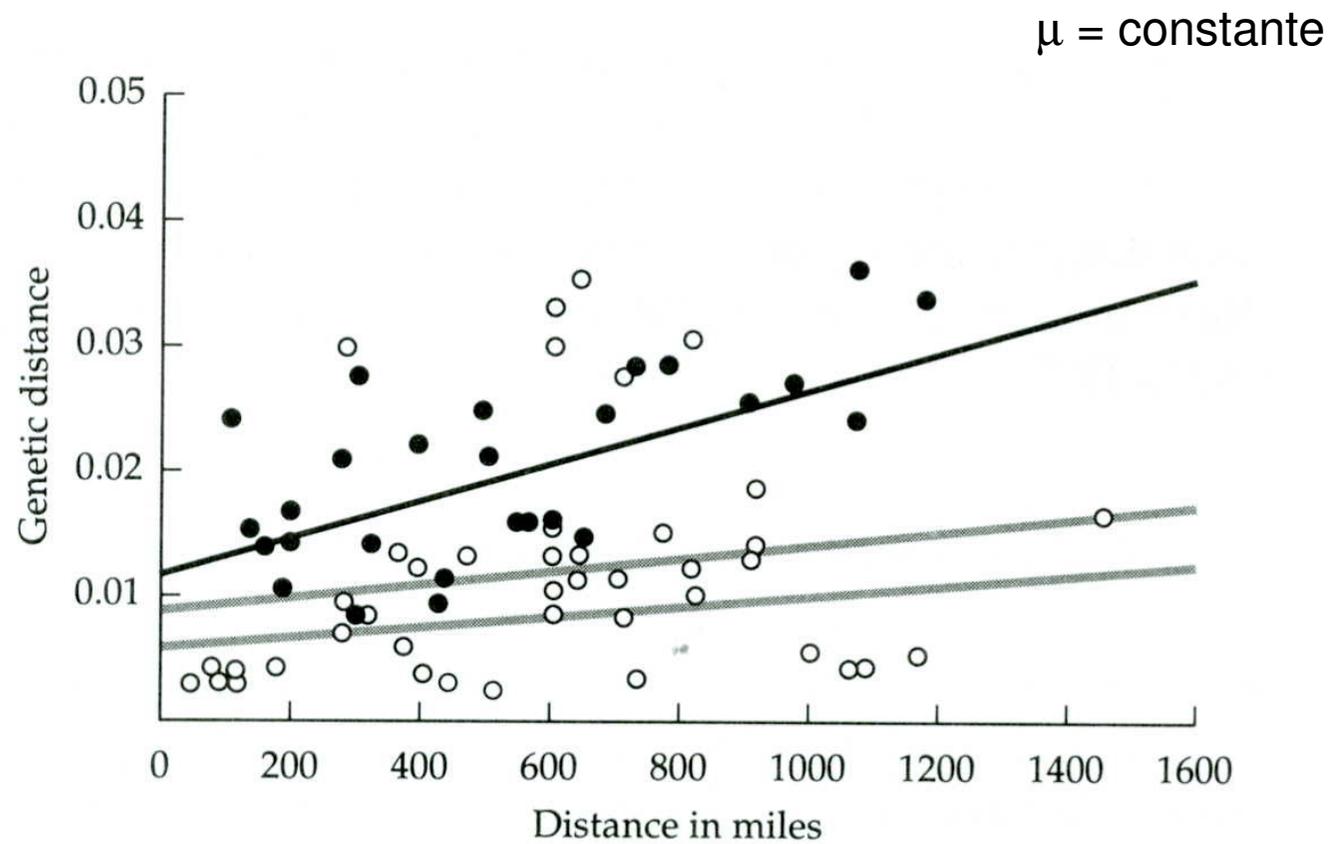
Alguns dos resultados previstos por este tipo de modelo são bastante simples e incluem os gradientes de frequências alélicas ao longo de um transecto geográfico como resultado de:

Miscigenação de populações diferenciadas

Isolamento pela distância

Seleção diferencial

O ISOLAMENTO PELA DISTÂNCIA



ESTIMATIVAS DO FLUXO GÉNICO

As estimativas do fluxo génico entre populações mais ou menos diferenciadas geneticamente são muito difíceis de obter. De entre os métodos mais utilizados para o conseguir refiram-se

- ❖ F_{ST}
- ❖ **Método dos alelos privados de Slatkin**
- ❖ **Métodos baseados na teoria da coalescência (Island model e Isolation Model)**

ESTIMATIVAS DO FLUXO GÉNICO

Método dos Alelos Privativos

Slatkin propôs que a frequência dos alelos privativos (alelos presentes numa só população) é inversamente proporcional a Nm (taxa de migração da população)

Estimativas baseadas no ISLAND MODEL

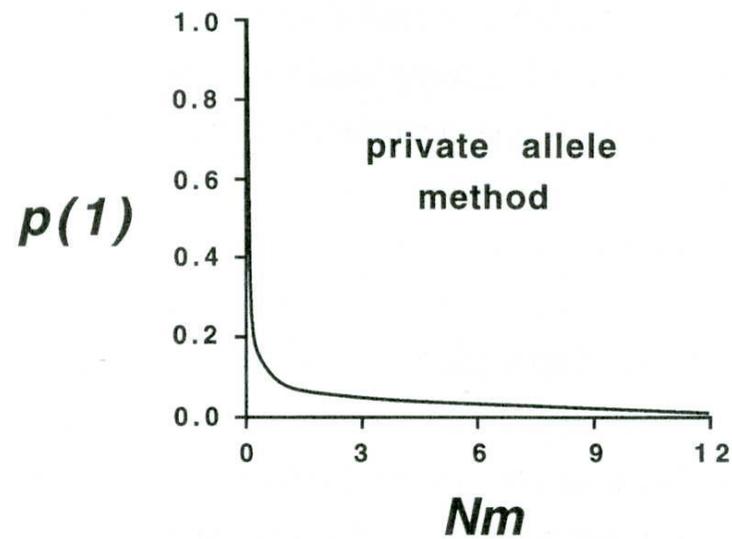
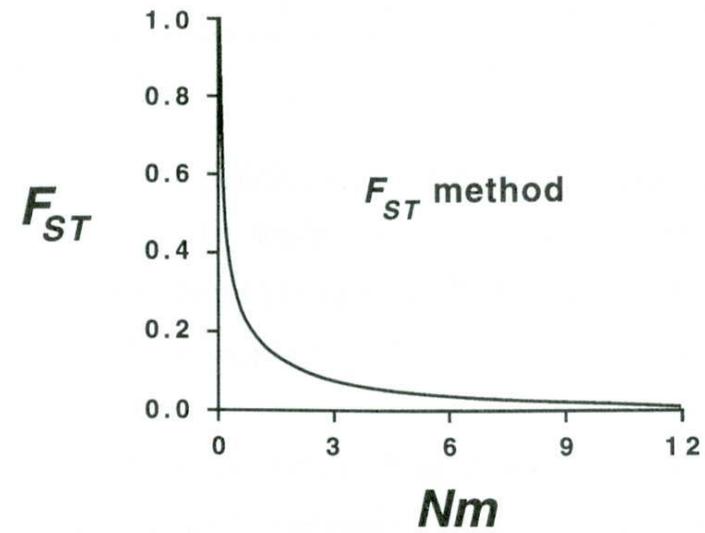
Wright (1931) mostrou que no equilíbrio,

$$1. F_{ST} = 1 / (1 + 4Nm)$$

$$Nm = (1 - F_{ST}) / 4F_{ST}$$

$F_{ST} = 0.009$; $Nm = 25.7$ indivíduos migrantes entre as duas populações por geração

ESTIMATIVAS DO FLUXO GÉNICO



ESTIMATIVAS DO FLUXO GÉNICO

Limitações:

- ❖ Tamanho populacional constante
- ❖ Número infinito de populações
- ❖ Taxas de migração simétricas
- ❖ Equilíbrio (mutação, deriva genética e fluxo génico)
- ❖ Espécies com elevado fluxo génico poderão não apresentar um n° de alelos privados suficientes
- ❖ Sobrestimativa devido ao polimorfismo ancestral

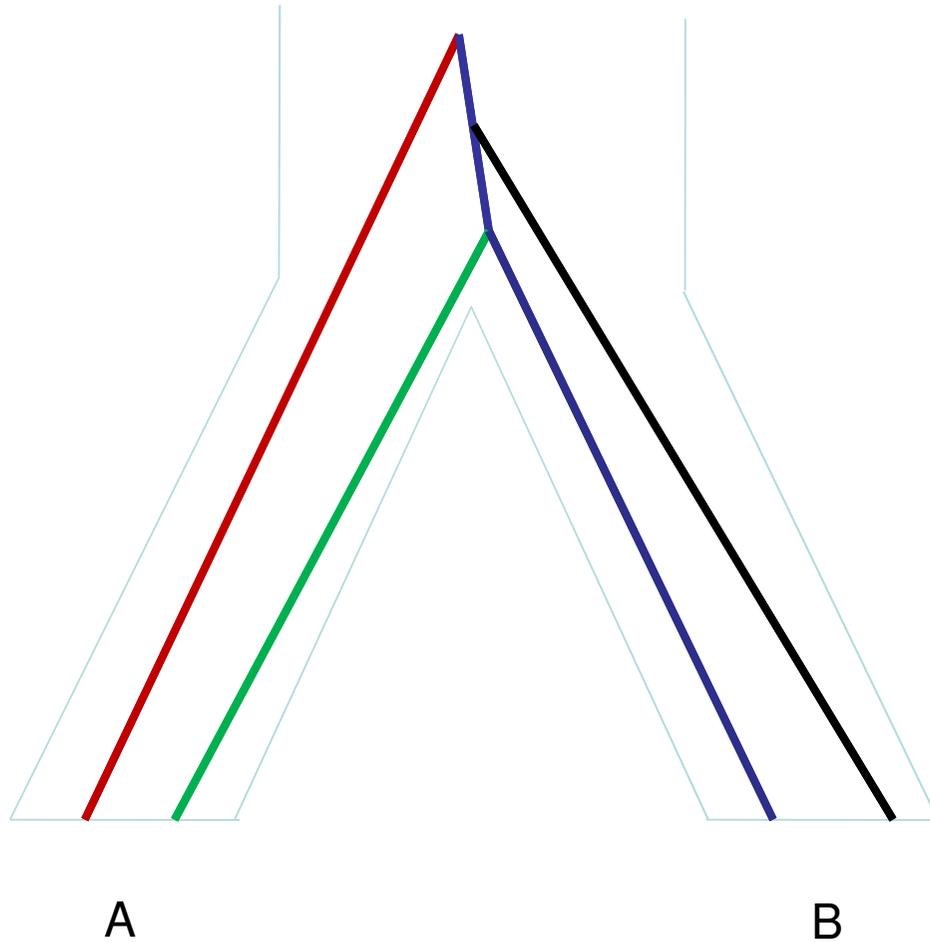
2. Métodos baseados na teoria da coalescência (Island Model)

Métodos de máxima verosimilhança e Bayesianos que utilizam Markov Chain Monte Carlo MCMC (p.ex. software MIGRATE)

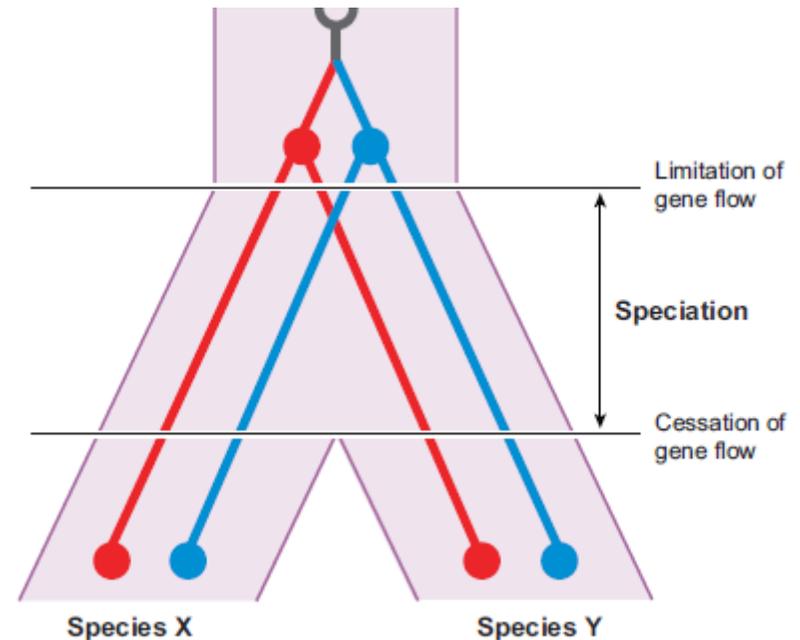
Limitações:

- ❖ Este modelo assume que as populações separaram-se há um tempo infinitamente longo e que as populações estão em equilíbrio de migração-deriva.
- ❖ Sobrestimativa devido à possibilidade de retenção de polimorfismo ancestral

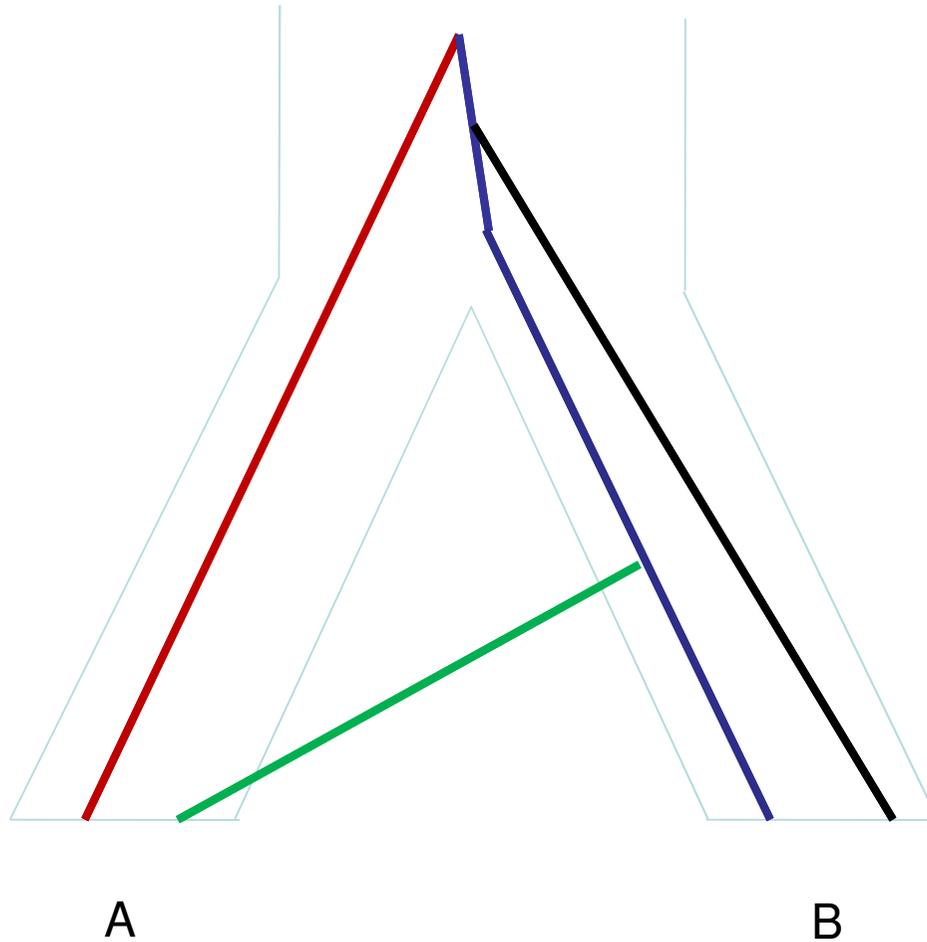
De acordo com este modelo, a partilha de polimorfismo entre as populações é sempre devido à migração. Mas.....



Neste exemplo, não ocorreu fluxo génico desde a divergência, mas mesmo assim existe partilha de polimorfismo (polimorfismo ancestral)



De acordo com este modelo, a partilha de polimorfismo entre populações é sempre devido à migração. Mas.....



Neste exemplo, não ocorreu fluxo génico desde a divergência, mas mesmo assim existe partilha de polimorfismo (polimorfismo ancestral)

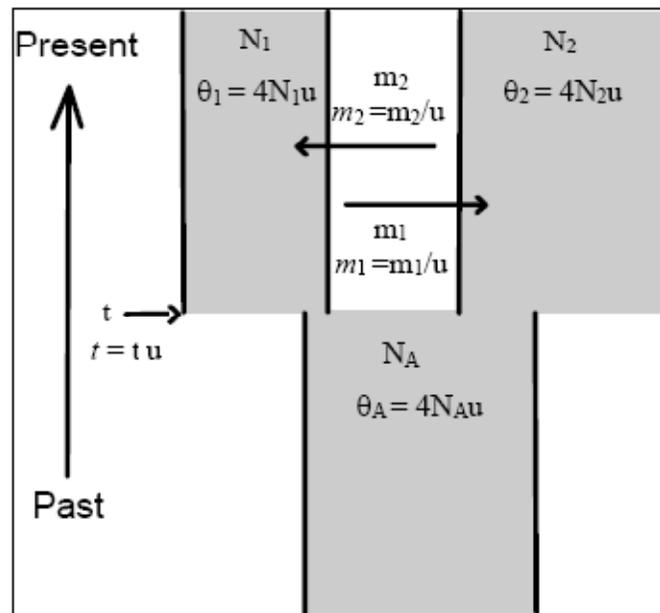
Se forem estimadas taxas de migração baseados no island model iríamos inferir (erradamente) ocorrência fluxo génico.

Partilha de polimorfismo ancestral é comum, pelo menos nos estádios iniciais de divergência, logo não se deverá usar este modelo nestas circunstâncias

3. Estimativas baseadas com base em ISOLATION WITH MIGRATION MODEL

Migração ou retenção de polimorfismo ancestral?

(Hey & Nielsen 2004).



A taxa de migração é estimada num contexto de divergência entre populações (que podem ter divergido há relativamente pouco tempo) podendo assim avaliar a causa da partilha de polimorfismo

Isolation with Migration Model

Permite estimar fluxo génico:

- i) entre populações que diferem ao nível do tamanho do efectivo;
- ii) taxas de migração assimétricas (incluindo vários modelos);
- iii) situações de não equilíbrio (fluxo génico em populações que divergiram recentemente);
- iv) Permitem distinguir entre retenção de polimorfismo ancestral e fluxo génico

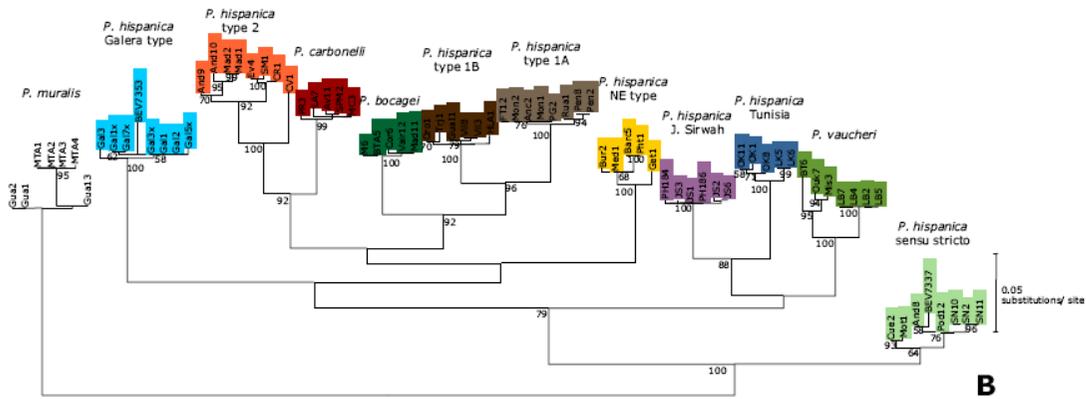
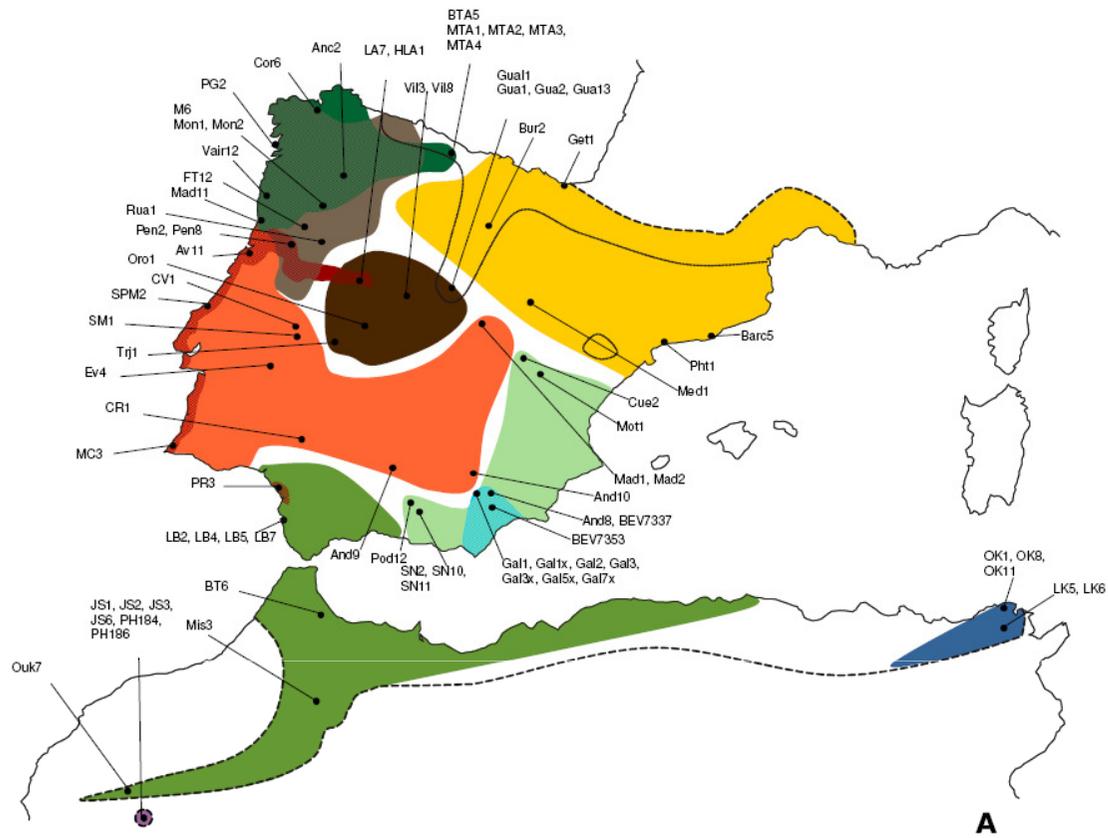


Table 2: Pairwise F_{ST} and corresponding Nm values [7] between species of Iberian and North African *Podarcis*. F_{ST} and Nm values are shown below and above the diagonal, respectively. Nm values higher than 1 are shown in bold. Species names are abbreviated as follows: *Pb* – *P. bocagei*; *Pc* – *P. carbonelli*; *Pv* – *P. vaucheri*; *PhIA* – *P. hispanica* type IA; *PhIB* – *P. hispanica* type IB; *Ph2* – *P. hispanica* type 2; *Phss* – *P. hispanica sensu stricto*; *Ph3* – *P. hispanica* type 3; *PhGal* – *P. hispanica* Galera type; *PhJS* – *P. hispanica* Jebel Sirwah type; *PhTun* – *P. hispanica* Tunisian type; *Pm* – *P. muralis*.

		<i>Pb</i>	<i>Pc</i>	<i>Pv</i>	<i>PhIA</i>	<i>PhIB</i>	<i>Ph2</i>	<i>Phss</i>	<i>Ph3</i>	<i>PhGal</i>	<i>PhJS</i>	<i>PhTun</i>	<i>Pm</i>
<i>Pb</i>	mtDNA	-	0.02	0.09	0.02	0.03	0.11	0.04	0.04	0.03	0.01	0.03	0.04
	nDNA	-	0.15	0.28	0.51	0.43	0.32	0.22	0.24	0.07	0.06	0.04	0.01
<i>Pc</i>	mtDNA	0.9649	-	0.10	0.02	0.03	0.14	0.06	0.05	0.03	0.02	0.03	0.04
	nDNA	0.6240	-	0.36	0.38	0.39	0.48	0.73	0.87	0.22	0.18	0.15	0.05
<i>Pv</i>	mtDNA	0.8428	0.8277	-	0.08	0.09	0.18	0.14	0.13	0.09	0.11	0.12	0.09
	nDNA	0.4728	0.4084	-	1.69	1.19	0.89	0.66	0.69	0.23	0.26	0.25	0.06
<i>PhIA</i>	mtDNA	0.9572	0.9565	0.8649	-	0.05	0.09	0.04	0.04	0.03	0.02	0.02	0.04
	nDNA	0.3274	0.3952	0.1288	-	1.76	0.79	0.79	0.73	0.25	0.25	0.25	0.07
<i>PhIB</i>	mtDNA	0.9348	0.9432	0.8435	0.9072	-	0.10	0.05	0.05	0.03	0.02	0.03	0.04
	nDNA	0.3674	0.3880	0.1742	0.1244	-	1.02	0.88	0.89	0.25	0.24	0.23	0.06
<i>Ph2</i>	mtDNA	0.8175	0.7790	0.7380	0.8522	0.8265	-	0.13	0.12	0.08	0.09	0.10	0.10
	nDNA	0.4391	0.3427	0.2187	0.2413	0.1965	-	0.69	0.72	0.32	0.33	0.33	0.08
<i>Phss</i>	mtDNA	0.9186	0.8919	0.7858	0.9253	0.9028	0.7986	-	0.07	0.05	0.05	0.06	0.07
	nDNA	0.5286	0.2550	0.2752	0.2404	0.2206	0.2651	-	1.64	0.51	0.20	0.20	0.05
<i>Ph3</i>	mtDNA	0.9235	0.9089	0.7966	0.9282	0.9079	0.8006	0.8760	-	0.06	0.03	0.06	0.05
	nDNA	0.5119	0.2236	0.2648	0.2557	0.2200	0.2568	0.1322	-	0.34	0.22	0.22	0.08
<i>PhGal</i>	mtDNA	0.9389	0.9373	0.8454	0.9426	0.9360	0.8578	0.9090	0.8982	-	0.03	0.04	0.04
	nDNA	0.7910	0.5367	0.5255	0.5041	0.5038	0.4352	0.3299	0.4240	-	0.08	0.07	0.02
<i>PhJS</i>	mtDNA	0.9787	0.9685	0.8143	0.9703	0.9614	0.8496	0.9113	0.9349	0.9523	-	0.04	0.04
	nDNA	0.8123	0.5837	0.4924	0.4974	0.5132	0.4324	0.5534	0.5272	0.7614	-	0.12	0.02
<i>PhTun</i>	mtDNA	0.9471	0.9453	0.8044	0.9529	0.9368	0.8283	0.8867	0.8963	0.9322	0.9276	-	0.05
	nDNA	0.8492	0.6325	0.4977	0.5034	0.5229	0.4287	0.5603	0.5328	0.7892	0.6794	-	0.01
<i>Pm</i>	mtDNA	0.9321	0.9237	0.8414	0.9310	0.9189	0.8387	0.8740	0.9025	0.9229	0.9338	0.9169	-
	nDNA	0.9498	0.8372	0.8094	0.7928	0.8164	0.7576	0.8265	0.7494	0.9198	0.9381	0.9557	-

		from											
		Pb	Pc	Pv	Ph1A	Ph1B	Ph2	Phss	Ph3	PhGal	PhJS	PhTun	Pm
to	Pb	-	0.001	0.001	0.002	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.004	0.001	0.001
			0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -
			1.232 ⁺	0.800	2.868 ⁺	1.753 ⁺	0.887	0.928	1.110	0.646	0.752	0.782	0.354
	Pc	0.037	-	0.005	0.066	0.127	0.006	0.004	0.005	0.005	0.006	0.006	0.006
		0.002 -		0.002 -	0.002 -	0.002 -	0.002 -	0.002 -	0.001 -	0.003 -	0.003 -	0.003 -	0.003 -
		2.154		1.593	1.870	1.916	1.503	5.057 ⁺	7.860 ⁺	1.883	1.893	1.983	0.617
	Pv	0.016	0.012	-	0.015	0.008	0.011	1.218*	0.402	0.010	0.009	0.009	0.009
		0.006 -	0.005 -		0.006 -	0.001 -	0.004 -	0.003 -	0.004 -	0.004 -	0.004 -	0.004 -	0.005 -
		12.359	3.413		12.032	18.631 ⁺	2.354	9.669	52.568 ⁺ ‡	8.074‡	2.748	3.761	1.119
Ph1A		7.501*	0.015	0.014	-	0.019	0.018	0.013	0.017	0.013	0.017	0.018	0.011
		0.009 -	0.007 -	0.002 -		0.006 -	0.010 -	0.006 -	0.009 -	0.007 -	0.008 -	0.008 -	0.006 -
		51.669 ⁺ ‡	2.520	28.035 ⁺		28.481‡	1.942	10.953	5.504	2.034	16.823‡	15.027	0.853
Ph1B		0.012	0.010	0.036	0.009	-	0.012	0.338	0.012	0.009	0.012	0.011	0.009
		0.006 -	0.006 -	0.004 -	0.003 -		0.006 -	0.004 -	0.005 -	0.005 -	0.005 -	0.005 -	0.005 -
		25.531 ⁺ ‡	2.069	57.672 ⁺ ‡	7.664		3.894	20.194	7.917	2.436	5.222	5.445	0.876
Ph2		0.018	0.019	0.018	0.017	0.016	-	0.017	0.017	0.018	0.018	0.017	0.015
		0.010 -	0.011 -	0.010 -	0.010 -	0.008 -		0.009 -	0.009 -	0.010 -	0.009 -	0.009 -	0.009 -
		2.931	1.835	4.859	1.795	5.134		3.345	2.222	2.154	2.196	2.376	0.958
Phss		0.005	0.054	0.005	0.004	0.005	0.005	-	0.003	1.212*	0.006	0.005	0.005
		0.002 -	0.002 -	0.002 -	0.002 -	0.002 -	0.002 -		0.001 -	0.129 -	0.003 -	0.002 -	0.003 -
		2.065	5.791	2.362	1.448	6.000 ⁺	0.814		10.353 ⁺	6.020	2.067	1.719	0.501
Ph3		0.012	0.012	0.007	0.008	0.011	0.010	0.015	-	0.013	0.009	0.009	0.157
		0.005 -	0.005 -	0.001 -	0.003 -	0.004 -	0.005 -	0.005 -		0.005 -	0.004 -	0.004 -	0.004 -
		13.516‡	20.759‡	13.320	2.515	9.743	1.568	69.944 ⁺ ‡		10.353‡	6.933‡	9.892	2.130
PhGal		0.002	0.002	0.002	0.002	0.002	0.000	0.002	0.002	-	0.002	0.002	0.002
		0.001 -	0.001 -	0.001 -	0.001 -	0.001 -	0.000 -	0.001 -	0.001 -		0.001 -	0.001 -	0.001 -
		0.665	0.722	0.819	0.653	0.544	0.119	0.640	0.640		0.708	0.740	0.391
PhJS		0.001	0.001	0.001	0.000	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	-	0.105	0.001
		0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -		0.000 -	0.000 -
		0.733	1.507	1.167	2.321 ⁺	1.431	0.727	0.899	1.171 ⁺	0.732		1.585 ⁺	0.277
PhTun		0.003	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.002	-	0.001
		0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -		0.000 -
		0.721	1.126	0.914	1.762 ⁺	0.864	0.712	0.900	0.995	0.752	1.149		0.305
Pm		0.003	0.012	0.013	0.013	0.010	0.001	0.016	0.002	0.007	0.003	0.000	-
		0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	0.000 -	
		0.267	0.347	0.524	0.468	0.454	0.445	0.354	0.676	0.264	0.219	0.228	

*: migration rate significantly different from 0 ($P < 0.05$).

‡, †: the actual interval could not be reliably estimated because the likelihood surfaces for θ (‡) or m (†) were relatively flat.

ISOLATION WITH MIGRATION MODEL

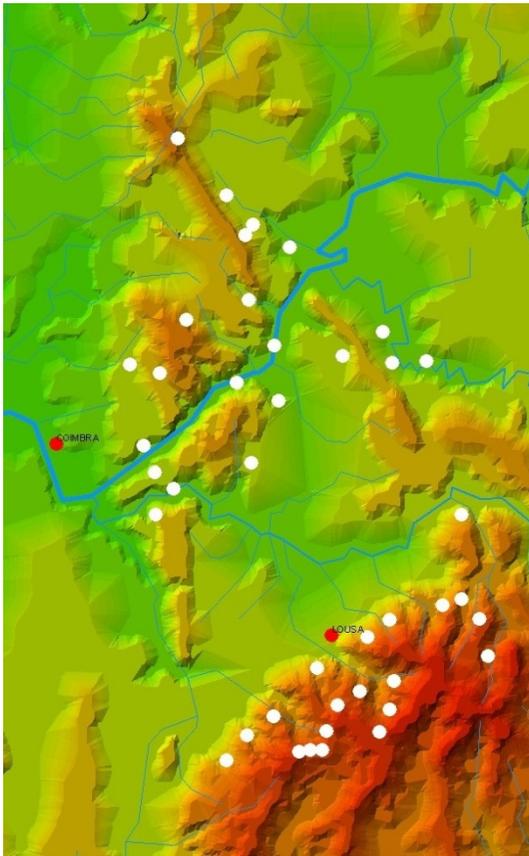
Table 4: Estimates of demographic parameters in the Southwest and Southeast edges of the Bantu expansions

	N_1	N_2	N_A	m_1	m_2	$2N_1m_1$	$2N_2m_2$	t (years)
Y chrom	10020 (6684–21557)	5510 (3313–12057)	1195 (647–2372)	0 ($0-4 \times 10^{-3}$)	0 ($0-6 \times 10^{-3}$)	0 (0–80.2)	0 (0–66.1)	1950 (1388–2940)
mtDNA								
A	33212 (22680–44905)	31885 (23592–46315)	7090 (3441–16129)	2.6×10^{-4} ($9.0 \times 10^{-5}-4.5 \times 10^{-3}$)	5.5×10^{-4} ($2.8 \times 10^{-4}-4.7 \times 10^{-3}$)	17 (6–297)	35 (18–298)	25410 (14612–39135)
B	35700 (24256–46066)	30558 (23055–46315)	7173 (3607–17041)	2.4×10^{-4} ($5.0 \times 10^{-5}-3.9 \times 10^{-3}$)	3.0×10^{-3} ($4.5 \times 10^{-4}-4.8 \times 10^{-3}$)	17 (4–275)	184 (21–296)	24978 (13749–38319)
Joint								
A	6894 (4631–9571)	6150 (4403–8619)	1394 (343–2246)	2×10^{-3} ($4.7 \times 10^{-4}-1.6 \times 10^{-2}$)	7×10^{-3} ($1.4 \times 10^{-3}-1.6 \times 10^{-2}$)	28 (6–215)	86 (17–191)	4133 (3071–13384)
B	7558 (5417–9929)	6274 (4884–8578)	1372 (933–2433)	1×10^{-3} ($4.5 \times 10^{-4}-1.1 \times 10^{-2}$)	9×10^{-3} ($4.5 \times 10^{-4}-1.5 \times 10^{-2}$)	15 (7–211)	113 (6–185)	3981 (3147–6332)

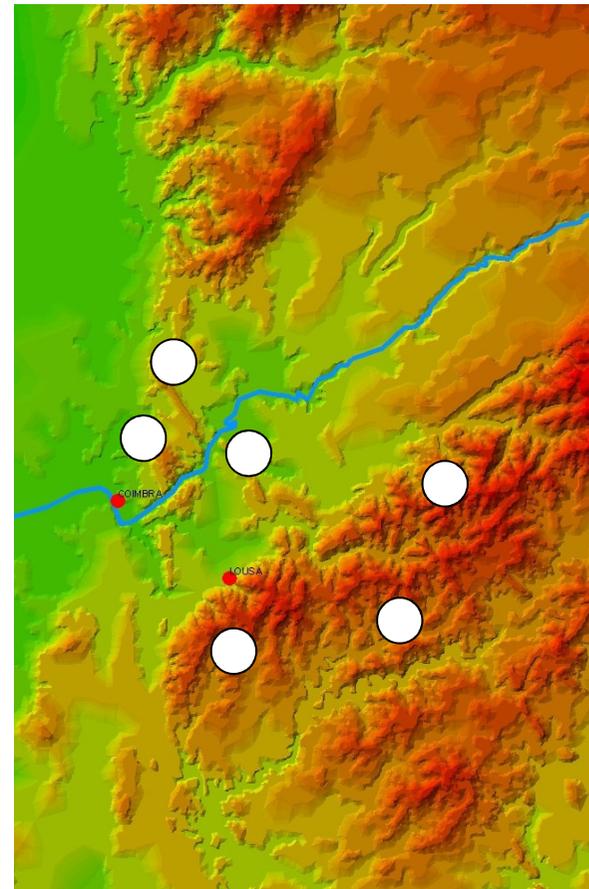
N_1 -Current effective population size in the Southwest edge; N_2 -Current population size in the Southeast edge; N_A -Ancestral effective population size; m_1 -Probability of migration from Southeast to Southwest Africa, per gene copy per generation; m_2 -Probability of migration from Southwest to Southeast Africa, per gene copy per generation; $2N_1m_1$ -Effective number of genes migrating into Southwest Africa, per generation; $2N_2m_2$ -Effective number of genes migrating into Southeast Africa, per generation; t-time since divergence from a common ancestor. 95% credibility intervals are given in parentheses. A and B show the outcome of runs with different probability density peaks for m_2 .

MÉTODOS BAYESIANOS

Amostragem individual



Amostragem “Populacional”



MÉTODOS BAYESIANOS

- 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
- Pode incorporar ou não informação geográfica
- A amostragem pode ser individual, i.e, indivíduos distribuídos uniformemente por toda a área, não precisa ser ao nível “populacional”

MÉTODOS BAYESIANOS

