



Základy populační a konzervační genetiky u ryb – 2. část



Jak se může změnit struktura populace ?

změny
 p & q

- **mutace** přináší nové alely
↑ diverzita uvnitř populací
- **migrace** přináší nové alely
↑ diverzita uvnitř populací
↓ diverzita mezi populacemi
- **genetický drift** ztráta alel
↓ diverzita uvnitř populací
↑ diverzita mezi populacemi
- **selekce** odstraňuje škodlivé alely
obvykle ↓ diverzitu uvnitř populace
může ↓ nebo ↑ diverzitu mezi populacemi
- **nenáhodné křížení** mění genotypové frekvence
↓ heterozygotnost

genotypové
frekvence
nejsou
 p^2 , $2pq$, q^2

Nenáhodné křížení (oplození)



Autogamická populace: tvořená jedinci, kteří se rozmnožují autogamií (samooplozením). Každý jedinec produkuje samčí i samičí gamety – hermafrodité, samosprašné rostliny.

Homozygotní jedinec (ať už homozygotně dominantní nebo homozygotně recesivní) může produkovat jen homozygotní potomky. Heterozygot produkuje heterozygoty pouze v 50 % případů (2. Mendelův zákon) a postupem času vznikají dvě čisté linie homozygotů. Heterozygoti neustále ubývají až téměř vymizí.

Alogamická populace: taková populace, kdy nový jedinec (potomek) vzniká splynutím 2 gamet od různých jedinců téhož druhu.

- **Panmiktická populace:** ideálním případem alogamické populace. V této populaci (ideální) se mezi sebou jedinci množí zcela náhodně (nedochází k jevům, které vedou ke změně četnosti alel a genotypů), populace je v Hardyho-Weinbergově rovnováze.

Nenáhodné křížení (oplození)



Nenáhodné oplození – opak náhodného oplození

- Asortativní oplození
- Inbríding

Asortativní oplození

Typ oplození, kdy je výběr partnera závislý na určitých fenotypových vlastnostech.

- Pozitivní assortativní oplození - páří se spíše fenotypově podobní jedinci, než by se dělo při náhodném oplození. Toto oplození je docela běžné a zvyšuje se při něm homozygotnost.
- Negativní assortativní oplození - páří se spíše fenotypově odlišní jedinci, než by se dělo při náhodném oplození. Toto oplození je méně běžné a zvyšuje se při něm heterozygotnost jedinců v populaci.

Nenáhodné oplození - inbríding



Inbríding

Situace, kdy se mezi sebou páří jedinci v populaci, kteří jsou úžeji příbuzní než by se očekávalo při náhodném páření.

- V přirozených populacích se může vyskytnout v případě malých populací, kde jsou potencionální rodiče s větší pravděpodobností více příbuzní než ve velkých.
- V chovech zvířat je občas prováděn za účelem fixace pozitivních alel v homozygotní kombinaci.
- Efektem inbrídingu je snížení průměrné heterozygotnosti a zvýšení homozygotnosti.
- Snížení heterozygotnosti se týká všech lokusů, neboť příbuzní jedinci jsou geneticky podobní podle společného původu a je více pravděpodobné, že sdílejí stejné alely ve svých genomech než nepříbuzní jedinci
- U pozitivního asortativního oplození se zvyšování homozygotnosti týká pouze lokusů, které ovlivňují fenotypové vlastnosti ovlivňující páření.



Extrémní inbríding - samooplození

- nejjednodušší znázornění účinku inbrídingu poskytuje opakované samooplození. Představme si populaci samosprašných rostlin, jež je složena z následujících genotypů:

generace	Genotypové frekvence		
	AA	Aa	aa
1	1/4	1/2	1/4
2	$1/4 + 1/8 = 3/8$	1/4	$1/4 + 1/8 = 3/8$
3	$3/8 + 1/16 = 7/16$	1/8	$3/8 + 1/16 = 7/16$
4	$7/16 + 1/32 = 15/32$	1/16	$7/16 + 1/32 = 15/32$
n	$[1 - (1/2)^n]/2$	$(1/2)^n$	$[1 - (1/2)^n]/2$
∞	1/2	0	1/2

HWE

Nyní už je zde nedostatek heterozygotů a přebytek homozygotů (čili narušena HWE), a tento trend pokračuje dále



Výpočet koeficientu inbrídingu dle heterozygotnosti populace

aktuální frekvence heterozygotů..... H

předpokládaná H_0 (při dvoualelovém modelu $H_0 = 2pq$)

koeficient inbrídingu F : $F = (H_0 - H) / H_0$

F vyjadřuje zlomkový úbytek heterozygosity vzhledem k náhodně se křížící populaci se stejnými alelovými frekvencemi

Po úpravách lze také popsat genotypové frekvence populace s koeficientem inbrídingu takto:

AA	$p^2(1 - F) + pF$
Aa	$2pq(1 - F)$
aa	$q^2(1 - F) + qF$

Nenáhodné oplození - inbríding



Výpočet koeficientu inbrídingu z rodokmenů (dle pravděpodobnosti)

- Koeficient inbrídingu udává pravděpodobnost, s jakou jsou dvě alely na jednom lokusu u daného jedince stejného původu.

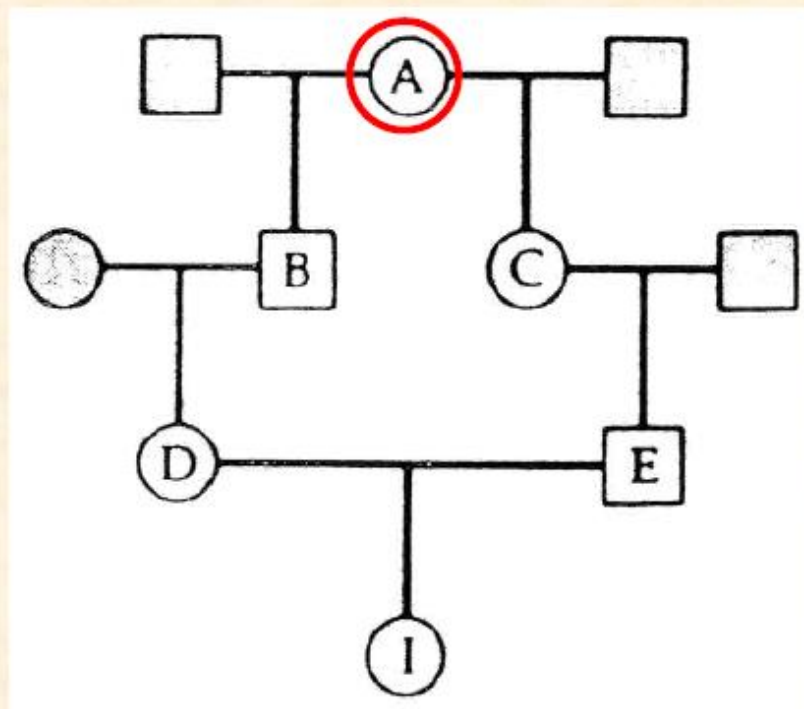
Generace	Četnosti genotypů			F
	<i>AA</i>	<i>Aa</i>	<i>aa</i>	
0	0	1	0	0
1	1/4	1/2	1/4	1/2
2	3/8	1/4	3/8	3/4
3	7/16	1/8	7/16	7/8
:	:	:	:	:
n	$[1-(1/2)^n] / 2$	$(1/2)^n$	$[1-(1/2)^n] / 2$	$1-(1/2)^n$
:	:	:	:	:
∞	1/2	0	1/2	1



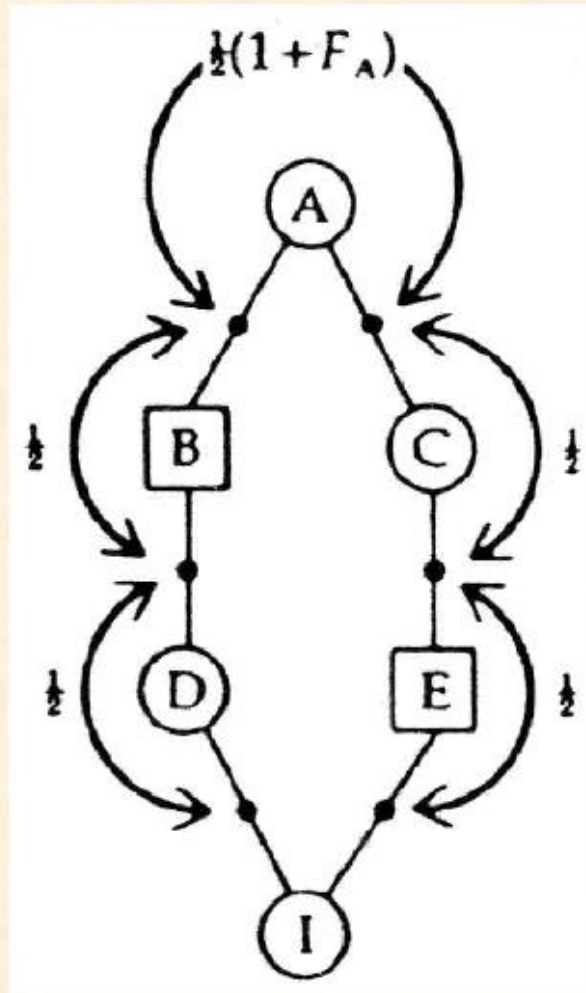
Výpočet koeficientu inbrídingu z rodokmenů

F_I je pravděpodobnost, že I je autozygotní

- nejdříve najdeme všechny společné předky (v tomto případě jen A)
- najít všechny cesty pro autozygositu (pouze DBACE)
- vypočítat pravděpodobnost autozygosity pro každou "cestu"; v tomto případě jsou na sobě nezávislé



Nenáhodné oplození - inbríding



$$f = (1/2)^N$$

- očekávaný inbríding vlivem společného předka

$$F_I = (1/2)^5$$

$$F_I = (1/2)^5(1 + F_A)$$

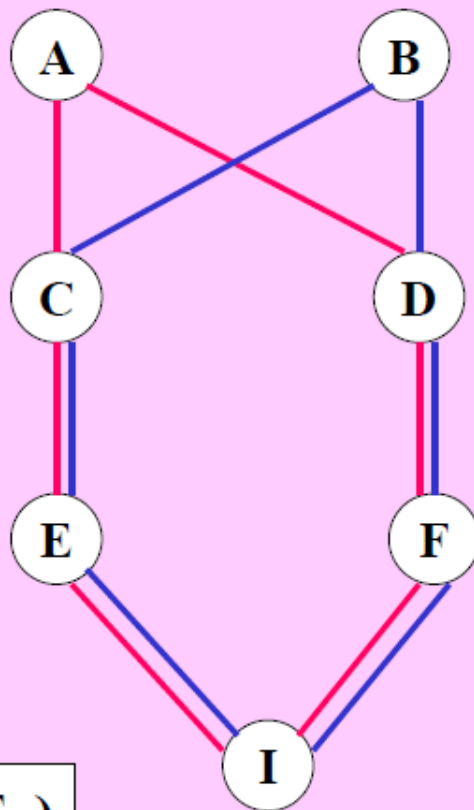
- jestliže je více společných předků, je koeficient inbrídingu součtem f pro různé řetězce

$$f = \sum (1/2)^{N_i}, i = +, \dots, m$$

Nenáhodné oplození - inbríding



Př.: Výpočet koeficientu inbrídingu při páření mezi bratrancem a sestřenicí



$$F_I = \sum (1/2)^i (1 + F_A)$$

$$F = (1/2)^5 + (1/2)^5 = 1/16$$

$$\text{Koeficient příbuznosti } r = 2F$$

$$r = 2 \times 1/16 = 1/8$$

Nenáhodné oplození - inbríding



Vyjádření škodlivosti příbuzenských sňatků

Četnost recesivních homozygotů
u příbuzenských sňatků ku sňatkům nepříbuzenským:

$$[q^2 (1-F) + q F] / q^2$$

pro křížení bratranec x sestřenice ($F = 1/16$):

$$[q^2 (1-1/16) + q 1/16] / q^2 =$$

$$= (1 - 1/16) + (1/16) / q =$$

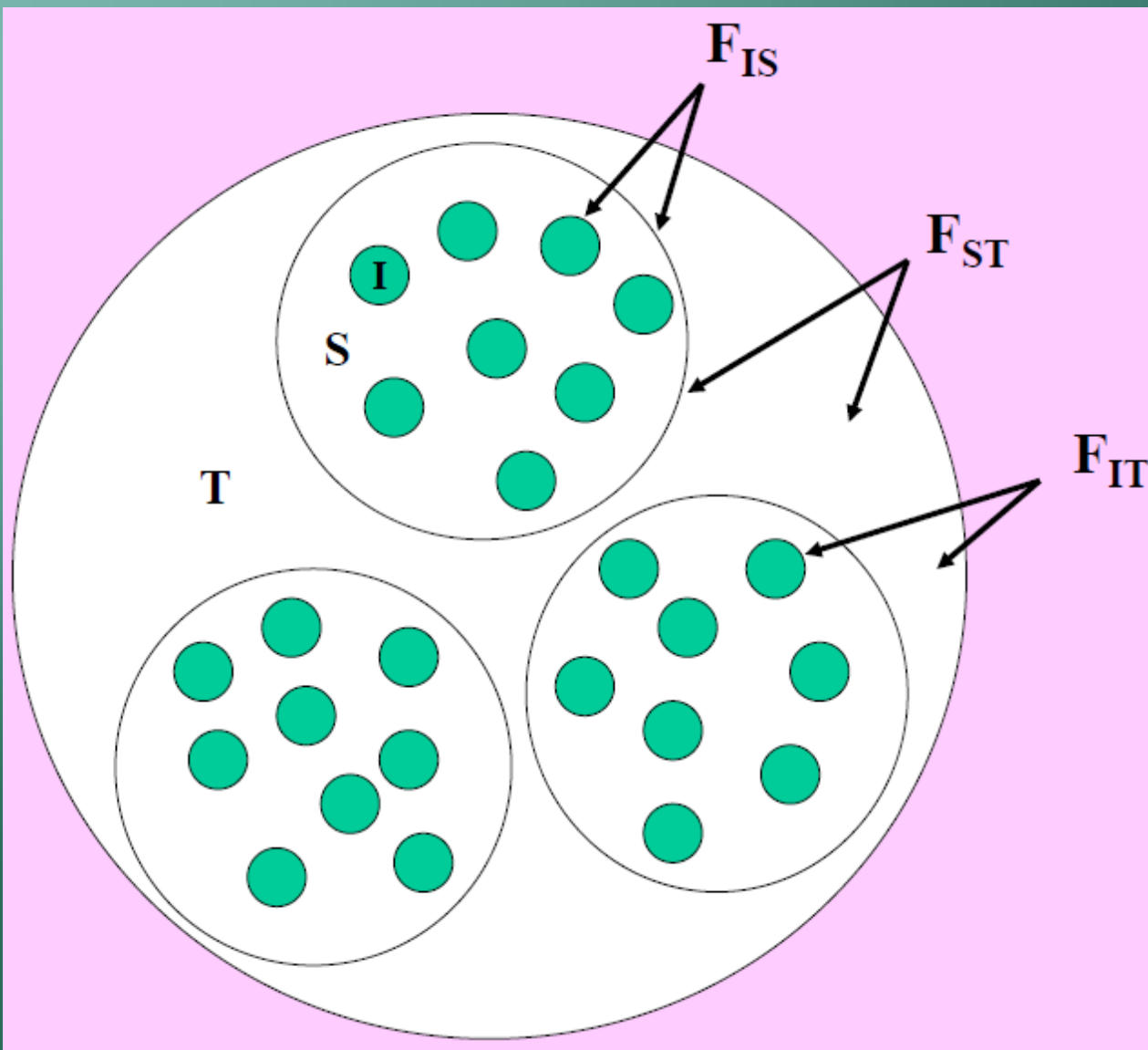
$$= 0,9375 + 0,0625 / q = (\text{při } q = 0,01) = 7,19$$

tj. asi 7 x zvýšené riziko



- Pokud chápeme populaci jako druh, je většina populací z důvodu výskytu v různých (často od sebe značně oddělených) lokalitách členěna na subpopulace. Díky vlivu evolučních nástrojů (mutace, selekce, migrace, genetický drift, nenáhodné páření) se genetická variabilita mezi subpopulacemi, ale i v rámci nich může značně lišit. Rozlišujeme:
 - ✓ Vnitropopulační variabilitu
 - ✓ Mezipopulační variabilitu
- Rozdíly mezi jednotlivými subpopulacemi popisujeme **tzv. Fixačními indexy (F)**
- Rozdíly stanovujeme na základě určení genetické variability jednotlivých populací – rozdíly definujeme odchylkami heterozygotnosti sledovaných alel (**H**) od očekávaných hodnot

Fixační indexy - F



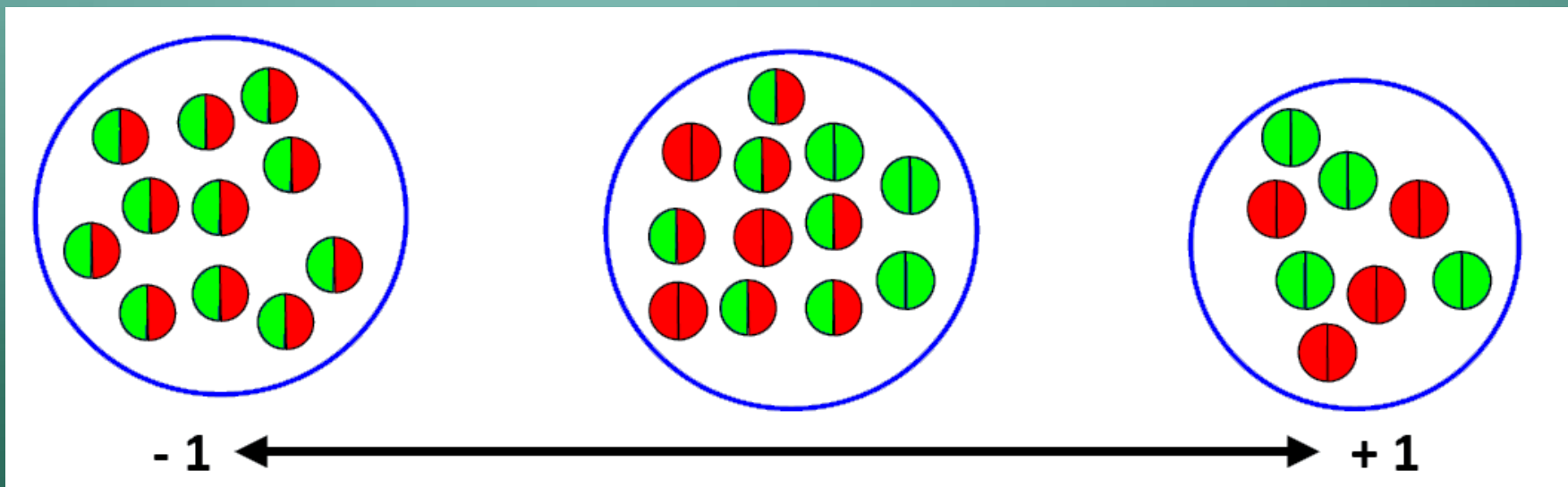
Rozdělení genetické variability na úrovně:

- **I** – jedinec (Individual)
- **S** – Subpopulace
- **T** – Celek (Total)



F_{IS} – Stupeň inbrídingu

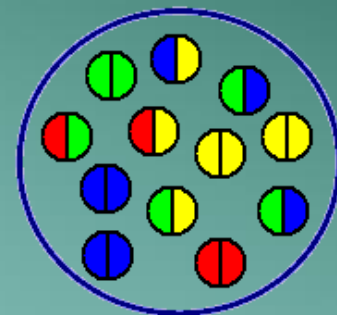
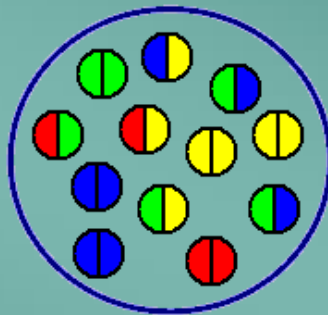
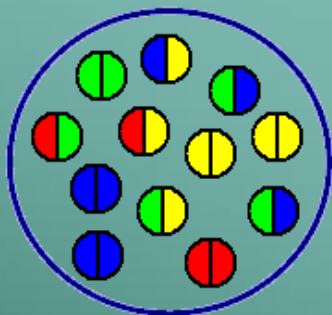
- **-1** – kompletně outbrední populace (žádní homozygoti)
- **0** – žádný inbríding
- **+1** – kompletně inbrední populace (žádní heterozygoti)



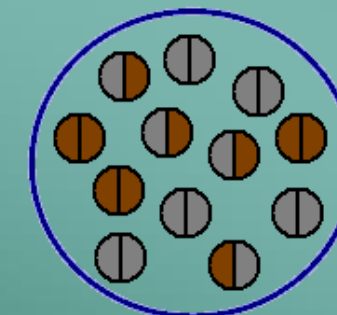
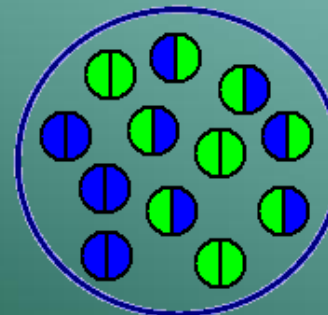
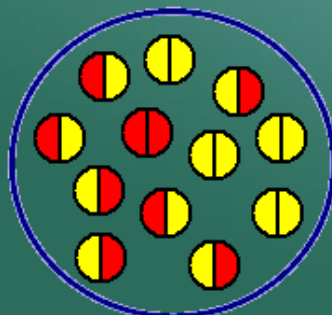


F_{ST} – Stupeň diferenciacie na populace (subpopulace)

0 – žádné rozdíly v genetické struktuře populací (subpopulací), tzn. všechny populace mají stejné frekvence alel



+1 – maximální genetická diferenciacie (genetické rozdíly), tzn. každá populace má jiné alely





interpretace velikosti F_{ST}

<i>hodnota F_{ST}</i>	<i>diferenciace</i>
0 – 0.05	malá
0.05 – 0.15	střední
0.15 – 0.25	vysoká
> 0.25	velmi vysoká



F_{IT} – odchylka od H-W ekvilibria (od náhodného párování)

- zahrnuje příspěvek způsobený nenáhodným oplozením uvnitř populace a příspěvek způsobený samotným podrozdělením, tzn. měří redukci heterozygotnosti jedince relativně k celkové populaci
- nejobsáhlejší měřítko inbrídingu

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

- Hodnota F_{IS} bývá v přírodních populacích často blízká 0. Poté platí, že:

$$F_{IT} = F_{ST}$$

Fixační indexy - F



H_I průměrná heterozygotnost jedinců v populacích

H_S očekávaná heterozygotnost v subpopulacích s náhodným oplozením $2p_i q_i$

H_T očekávaná heterozygotnost v populaci s náhodným oplozením $2p_o q_o$
 $p_o, q_o \dots$ průměrná alelová četnost subpopulací

Koeficient inbridingu vyjádřený jako redukce heterozygotnosti

Redukce H jedince podmíněná nenáhodným oplozením v dané subpopulaci

$$F_{IS} = (H_S - H_I) / H_S$$

Redukce H subpopulace podmíněná podrozdělením populace (driftem)

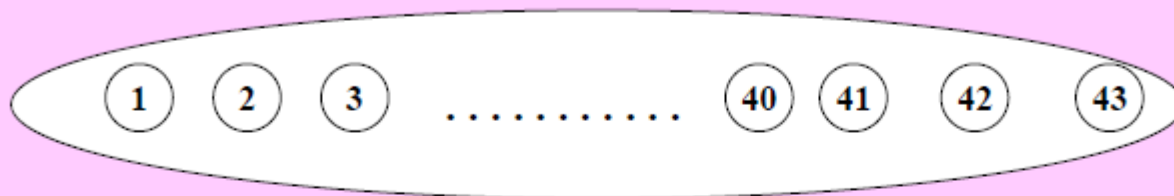
$$F_{ST} = (H_T - H_S) / H_T$$

Redukce H jedince relativně k celé populaci

$$F_{IT} = (H_T - H_I) / H_T$$



Příklad na výpočet F – fixačního indexu



Subpopulace 1 až 40: $p = 1$

$p=0,49$ $p=0,83$ $p=0,91$

Pozorovaná heterozygotnost subpopul. 1 až 40: $H=0$

$H=0,17$ $H=0,06$ $H=0,06$

Vypočtete průměrnou pozorovanou heterozygotnost jedinců H_I

$$H_I = [(40)(0) + 0,17 + 0,06 + 0,06] / 43 = 0,0067$$

Vypočtete průměrnou očekávanou heterozygotnost v subpopulacích H_S

$$H_S = [(40)(0) + 2(0,49)(0,51) + 2(0,83)(0,17) + 2(0,91)(0,09)] / 43 = 0,022$$

Vypočtete průměrnou očekávanou heterozygotnost v populaci H_T

$$\text{Průměrná alelová četnost: } p = [(40)(1) + 0,49 + 0,83 + 0,91] / 43 = 0,9821$$

$$H_T = 2(0,9821)(0,0179) = 0,0352$$

Fixační indexy - F



Příklad na výpočet F – fixačního indexu (koeficientu inbridingu)

$$H_I = 0,0067 \quad H_S = 0,022 \quad H_T = 0,0352$$

$$F_{IS} = (H_S - H_I) / H_S = (0,022 - 0,0067) / 0,022 = 0,70$$

Koeficient inbridingu způsobený nenáhodným oplozením v subpopulacích

$$F_{ST} = (H_T - H_S) / H_T = (0,0352 - 0,022) / 0,0352 = 0,38$$

Koeficient inbridingu způsobený rozdělením na subpopulace, tj. driftem

$$F_{IT} = (H_T - H_I) / H_T = (0,0352 - 0,0067) / 0,0352 = 0,81$$

Koeficient inbridingu způsobený kombinovaným vlivem nenáhodného oplození a driftem

Fixační indexy - F



Ukázka hodnot F_{ST} (nad uhlopříčkou) u populací lína obecného na základě výskytu haplotypů u růstového hormonu

Pop.	Blue	Chin	Doel	Felc	Hlub	Hung	Ital	Kowa	ML98	Roma	Bada	Ta98	Turk	VeMe	Vo96	Vo98
Blue	-	0.722	0.029	0.019	0.094	0.210	0.021	0.006	0.270	0.064	0.726	0.122	0.410	0.043	0.272	0.268
Chin	1.313	-	0.546	0.550	0.378	0.355	0.654	0.582	0.255	0.411	n.d.	0.508	0.323	0.478	0.352	0.295
Doel	0.050	0.550	-	0.054	0.060	0.068	0.141	0.062	0.138	0.006	0.551	0.159	0.314	0.067	0.236	0.169
Felc	0.025	1.001	0.087	-	0.039	0.173	0.034	0.031	0.191	0.056	0.554	0.109	0.326	0.009	0.169	0.162
Hlub	0.240	0.238	0.110	0.106	-	0.069	0.123	0.076	0.057	0.008	0.382	0.067	0.188	0.005	0.052	0.042
Hung	0.355	0.142	0.081	0.319	0.070	-	0.300	0.198	0.016	0.025	0.359	0.210	0.203	0.140	0.189	0.083
Ital	0.044	2.462	0.307	0.072	0.367	0.794	-	0.015	0.323	0.142	0.658	0.094	0.425	0.043	0.246	0.297
Kowa	0.011	1.061	0.107	0.060	0.192	0.363	0.029	-	0.239	0.062	0.586	0.055	0.358	0.022	0.212	0.241
ML98	0.575	0.060	0.200	0.407	0.056	0.014	1.033	0.537	-	0.060	0.259	0.212	0.148	0.143	0.117	0.020
Roma	0.134	0.286	0.011	0.124	0.014	0.019	0.368	0.129	0.075	-	0.416	0.091	0.218	0.031	0.133	0.090
Bada	1.313	0.000	0.550	1.001	0.238	0.142	2.462	1.061	0.060	0.286	-	0.512	0.327	0.483	0.355	0.299
Ta98	0.270	0.561	0.351	0.291	0.160	0.392	0.215	0.110	0.424	0.199	0.561	-	0.290	0.033	0.111	0.209
Turk	1.423	0.110	0.660	1.110	0.348	0.252	2.572	1.171	0.169	0.396	0.110	0.671	-	0.260	0.183	0.158
VeMe	0.088	0.571	0.122	0.017	0.012	0.228	0.099	0.038	0.259	0.062	0.571	0.063	0.681	-	0.091	0.121
Vo96	0.912	0.170	0.612	0.509	0.099	0.312	0.852	0.633	0.164	0.298	0.170	0.232	0.280	0.212	-	0.065
Vo98	0.731	0.100	0.317	0.394	0.057	0.098	1.080	0.679	0.015	0.158	0.100	0.510	0.210	0.264	0.095	-





Ukázka hodnot F_{IS} u populací kapra obecného na základě variability u 10 lokusů mikrosatelitní DNA

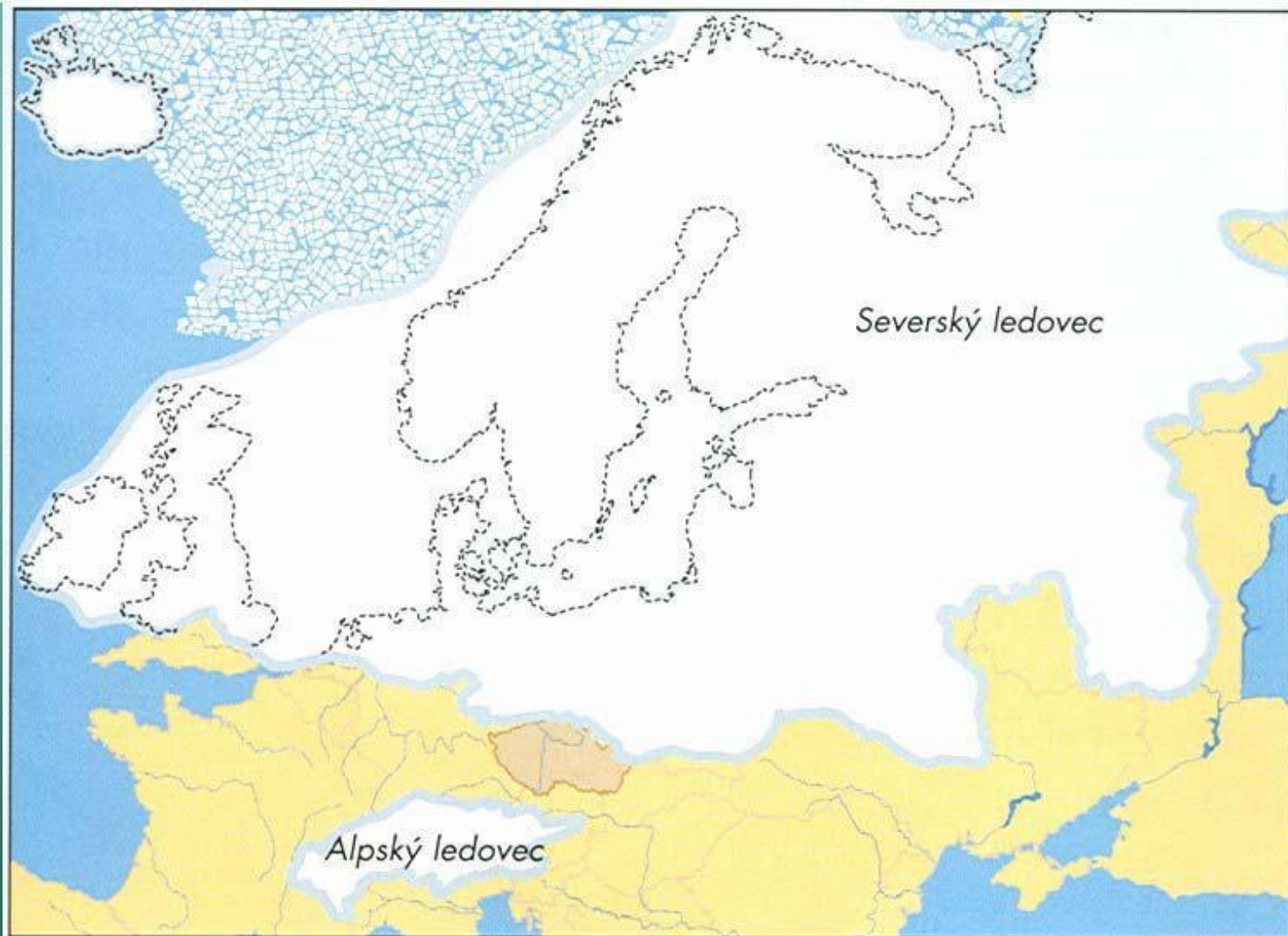
Breed	H_e	H_o	A	A_r	A_{pr}	F_{IS}
SPA	0.794	0.661	9.8	9.25	5	0.185
BAV	0.736	0.554	7.7	7.58	3	0.266
SAX	0.739	0.691	7.4	7.40	1	0.088
DOM	0.755	0.682	7.5	7.24	3	0.113
M72	0.649	0.489	5.0	7.00	3	0.164
FOR	0.681	0.521	7.3	6.97	0	0.259
KOI	0.699	0.540	6.6	6.83	2	0.250
TAT	0.655	0.540	5.4	6.54	3	0.248
AS	0.695	0.623	6.4	5.99	4	0.120
ROP	0.711	0.544	7.2	5.99	4	0.190
L15	0.605	0.587	6.0	5.81	1	0.050
DOR	0.663	0.548	6.3	5.13	2	0.193
M2	0.721	0.614	7.5	4.93	2	0.265



Co ovlivnilo genetickou variabilitu dříve?

- ✓ Doby ledové
- ✓ Doby meziledové
- Poslední doba ledová v Pleistocénu (počátek před 1,8 milióny let, konec po ústupu kontinentálního ledovce před 10 000 lety).
- Fragmentace areálu rozšíření jednotlivých druhů
- Vznik hydrologicky izolovaných a potenciálně malých subpopulací

Vývoj genetické variability

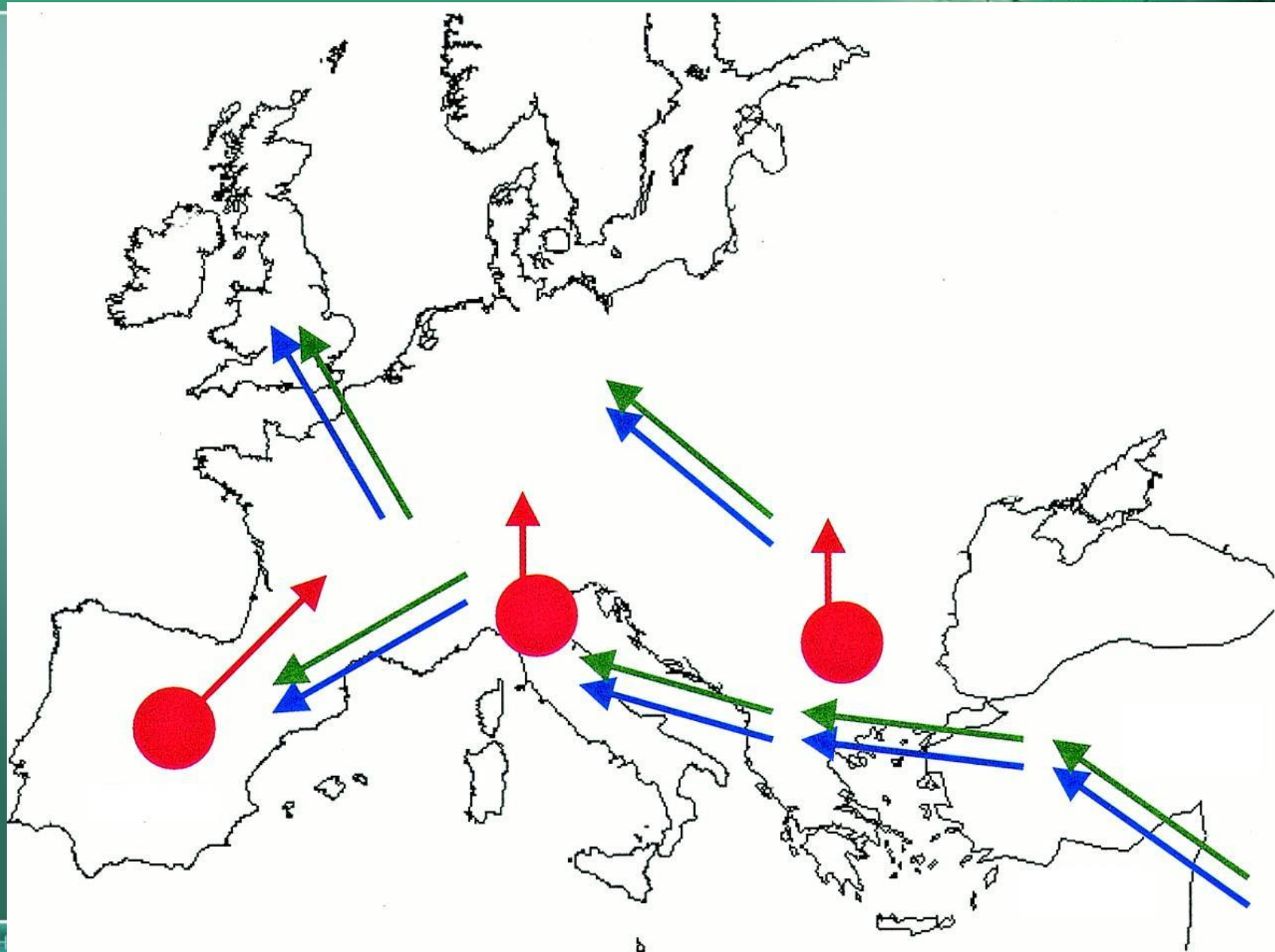


Severský ledovec v době největšího rozšíření zasahoval až do jižní Anglie, okolí Lipska a na severní úpatí Krkonoš i Tater.



- Po ustoupení ledovců došlo k postglaciální expanzi jednotlivých druhů
- Každý druh má přirozeně svoji vlastní kolonizační historii
- Byly navrženy kolonizační vzory, do kterých však ryby ne vždy zcela zapadají
- Naše území je hydrologicky rozděleno na tři povodí
- Tato povodí byla od sebe vzájemně izolována takřka 10 000 let.

Vývoj genetické variability



Vývoj genetické variability



Pstruh obecný (*Salmo trutta m. fario*)

- Komplex pstruha obecného skládá ze čtyř hlavních fylogeografických linií



Vývoj genetické variability



Lipán podhorní (*Thymalus thymalus*)

- U tohoto druhu není geografické rozložení populací tak zřejmé jako u pstruha
- Podobně jako u pstruha vysloveny hypotézy o existenci více poddruhů.
- S jistotou lze rozlišit dunajské a atlantické populace a lze uvažovat i o existenci jadranských subpopulací

Střevle potoční (*Phoxinus phoxinus*)

- Vysoce polymorfní druh
- Genetická diverzita této ryby není tolik dotčena hospodařením
- Na našem území převládá „atlantická linie“, která vytlačuje linie „dunajské“
- Pravděpodobně se opět jedná o komplex *Phoxinus* s více druhy či poddruhy

Vývoj genetické variability



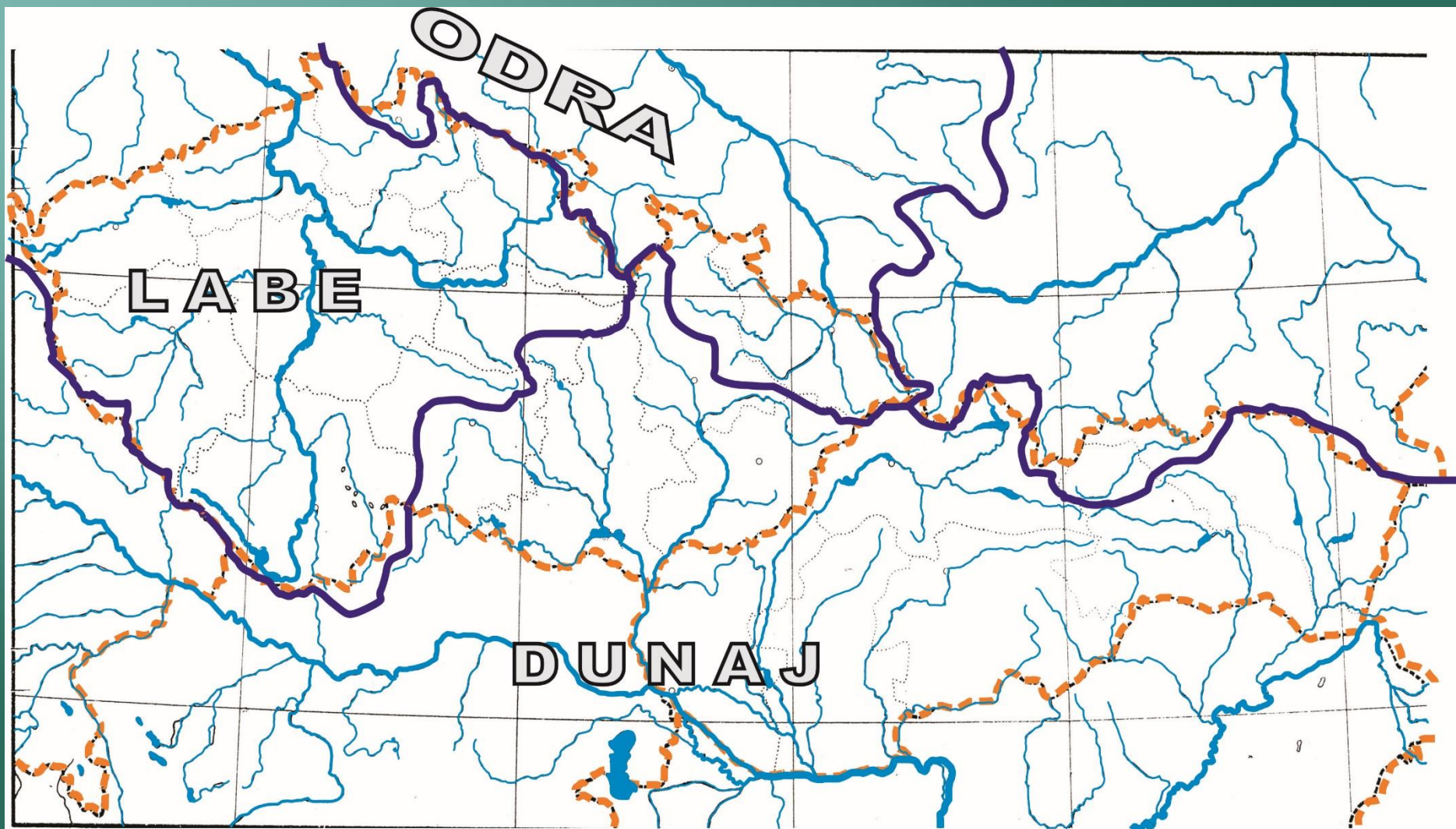
Parma obecná (*Barbus barbus*)

- Tento druh má několik hluboce odlišných linií v oblasti kolem Černého moře
- Zdá se, že pouze jediná z těchto linií v recentním postglaciálu kolonizovala střed a západ Evropy.
- Znamená to, že populace parmy obecné v naší oblasti jsou velmi mladé a geneticky nediferencované mezi povodími.

Kapr obecný (*Cyprinus carpio*)

- V průběhu období různé názory na existenci 2-4 poddruhů.
- Šířil se pravděpodobně z oblasti Černého a Kaspického moře na východ a na západ a vytvořil větev Evropsko-středoasijskou (*Cyprinus carpio carpio*) a Jiho-východo asijskou (*Cyprinus carpio haematopterus*)

Vývoj genetické variability





Co ovlivňuje genetickou variabilitu dnes ?

- člověk jako predátor (lovec)
 - ✓ nadměrný odlov ryb
- člověk jako devastátor
 - ✓ znečištění vod
 - ✓ stavba migračních překážek
 - ✓ destrukce toků

Vývoj genetické variability





Co ovlivňuje genetickou variabilitu dnes ?

- člověk jako „hospodář“
 - ✓ První spolky sportovních rybářů začínaly v Čechách vznikat koncem 19. století
 - ✓ Snaha o hospodaření na tocích lokálního významu
 - ✓ Započaly umělé výtěry a vysazování ryb - využívání malé rodičovské základny pro reprodukci (N_e)
 - ✓ S rozvojem dopravy započalo:
 - převážení populací mezi izolovanými toky v rámci jednoho povodí
 - převážení populací mezi jednotlivými povodími
 - centralizace výtěrů na malém počtu velkých líhní



Jak ochránit genetickou variabilitu?

1. **Monitoring genetické struktury** – bez znalosti gen. struktury zachovávat princip předběžné opatrnosti:
 - Na každou populaci / plemeno / chovné hejno je třeba pohlížet jako na potenciálně unikátní.
 - Každou populaci / plemeno / chovné hejno je nutno reprodukovat samostatně
 - Generační ryby vždy brát z daného prostředí a po umělé reprodukci je do něho vracet.
 - Pokud možno zamezit adaptaci potomstva na nepůvodní prostředí
 - Populace / plemena / chovná hejna nekřížit, nepřevážet ani nevysazovat na jiné lokality.



Jak ochránit genetickou variabilitu?

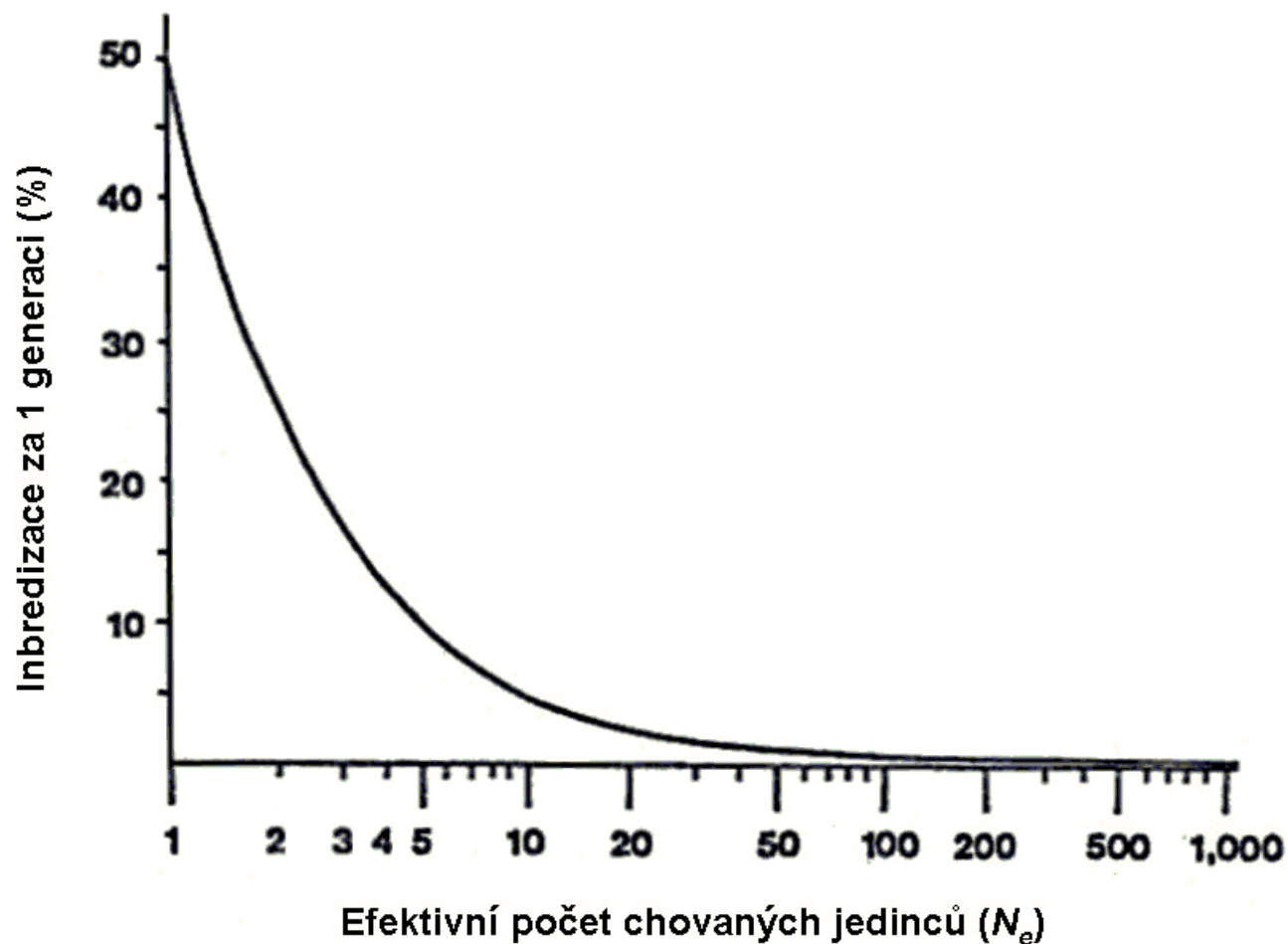
2. Populace musí být dostatečně velká.

Počet	Počet samců																						
samic	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	20	25	50	75	100	125	150	175	200	225	250	∞	
1	25.00	18.75	16.67	15.62	15.00	14.58	14.29	14.06	13.89	13.75	13.12	13.00	12.75	12.67	12.62	12.60	12.58	12.57	12.56	12.56	12.55	12.50	
2	18.75	12.50	10.42	9.38	8.75	8.33	8.04	7.81	7.64	7.50	6.88	6.75	6.50	6.42	6.38	6.35	6.33	6.32	6.31	6.31	6.30	6.25	
3	16.67	10.42	8.33	7.29	6.67	6.25	5.95	5.73	5.56	5.42	4.79	4.67	4.42	4.33	4.29	4.27	4.25	4.24	4.23	4.22	4.22	4.17	
4	15.62	9.38	7.29	6.25	5.62	5.21	4.91	4.69	4.51	4.38	3.75	3.62	3.38	3.29	3.25	3.22	3.21	3.20	3.19	3.18	3.18	3.12	
5	15.00	8.75	6.67	5.62	5.00	4.58	4.29	4.06	3.89	3.75	3.12	3.00	2.75	2.67	2.62	2.60	2.58	2.57	2.56	2.56	2.55	2.50	
6	14.58	8.33	6.25	5.21	4.58	4.17	3.87	3.65	3.47	3.33	2.71	2.58	2.33	2.25	2.21	2.18	2.17	2.15	2.15	2.14	2.13	2.08	
7	14.29	8.04	5.95	4.91	4.29	3.87	3.57	3.35	3.17	3.04	2.41	2.29	2.04	1.95	1.91	1.89	1.87	1.86	1.85	1.84	1.84	1.79	
8	14.06	7.81	5.73	4.69	4.06	3.65	3.35	3.12	2.95	2.81	2.19	2.06	1.81	1.73	1.69	1.66	1.65	1.63	1.62	1.62	1.61	1.56	
9	13.89	7.64	5.56	4.51	3.89	3.47	3.17	2.95	2.78	2.64	2.01	1.89	1.64	1.56	1.51	1.49	1.47	1.46	1.45	1.44	1.44	1.39	
10	13.75	7.50	5.42	4.38	3.75	3.33	3.04	2.81	2.64	2.50	1.88	1.75	1.50	1.42	1.38	1.35	1.33	1.32	1.31	1.31	1.30	1.25	
20	13.12	6.88	4.79	3.75	3.12	2.71	2.41	2.19	2.01	1.88	1.25	1.12	0.88	0.79	0.75	0.72	0.71	0.70	0.69	0.68	0.68	0.62	
25	13.00	6.75	4.67	3.62	3.00	2.58	2.29	2.06	1.89	1.75	1.12	1.00	0.75	0.67	0.62	0.60	0.58	0.57	0.56	0.56	0.55	0.50	
50	12.75	6.50	4.42	3.38	2.75	2.33	2.04	1.81	1.64	1.50	0.88	0.75	0.50	0.42	0.38	0.35	0.33	0.32	0.31	0.31	0.30	0.25	
75	12.67	6.42	4.33	3.29	2.67	2.25	1.95	1.73	1.56	1.42	0.79	0.67	0.42	0.33	0.29	0.27	0.25	0.24	0.23	0.22	0.22	0.17	
100	12.62	6.38	4.29	3.25	2.62	2.21	1.91	1.69	1.51	1.38	0.75	0.62	0.38	0.29	0.25	0.22	0.21	0.20	0.19	0.18	0.18	0.12	
125	12.60	6.35	4.27	3.22	2.60	2.18	1.89	1.66	1.49	1.35	0.72	0.60	0.35	0.27	0.22	0.20	0.18	0.17	0.16	0.16	0.15	0.10	
150	12.58	6.33	4.25	3.21	2.58	2.17	1.87	1.65	1.47	1.33	0.71	0.58	0.33	0.25	0.21	0.18	0.17	0.15	0.15	0.14	0.13	0.08	
175	12.57	6.32	4.24	3.20	2.57	2.15	1.86	1.63	1.46	1.32	0.70	0.57	0.32	0.24	0.20	0.17	0.15	0.14	0.13	0.13	0.12	0.07	
200	12.56	6.31	4.23	3.19	2.56	2.15	1.85	1.62	1.45	1.31	0.69	0.56	0.31	0.23	0.19	0.16	0.15	0.13	0.12	0.12	0.11	0.06	
225	12.56	6.31	4.22	3.18	2.56	2.14	1.84	1.62	1.44	1.31	0.68	0.56	0.31	0.22	0.18	0.16	0.14	0.13	0.12	0.11	0.11	0.06	
250	12.55	6.30	4.22	3.18	2.55	2.13	1.84	1.61	1.44	1.30	0.68	0.55	0.30	0.22	0.18	0.15	0.13	0.12	0.11	0.11	0.10	0.05	
∞	12.50	6.25	4.17	3.12	2.50	2.08	1.79	1.56	1.39	1.25	0.62	0.50	0.25	0.17	0.12	0.10	0.08	0.07	0.06	0.06	0.05	0.00	



Jak ochránit genetickou variabilitu?

2. Populace musí být dostatečně velká.





Jak ochránit genetickou variabilitu?

3. **Populace se musí rozmnožovat jako celek.** Cílem je zahrnout do reprodukce co nejvíce rodičovských genotypů a pokud možno provádět tzv. individuální oplození (osemeňování) jiker.
4. **Neaplikovat žádné šlechtitelské metody** (pozitivní selekce, genomové manipulace atd.)
5. **Populaci / plemeno chovat na více lokalitách (2 – 3)**
– minimalizace ztrát nakažlivými nemocemi, otravami, povodněmi aj.



Metody genetické ochrany populací / plemen ryb

1. **Ochrana in situ.** Všechny způsoby zachování genetické diverzity živých populací a plemen v prostředí, kde se populace vyvinuly nebo se normálně nacházejí (volné vody, chovy) – in vivo.
2. **Ochrana ex situ:**
 - Zachování genetické diverzity populací a plemen in vitro, například kryokonzervací spermatu, embryí, buněk nebo tkání.
 - Zachovávání genetického materiálu in vivo, ale mimo typické prostředí, ve kterém se vyvinul (např. v trvalých agroturistických expozicích, zoologických zahradách, apod.).
3. **Kombinace obou přístupů** - Kryokonzervace gamet a jejich využívání v reprodukci