

GENETSKA DEMOGRAFIJA LJEKOVITE KADULJE (*Salvia officinalis* L.): PUTOVANJE U PROŠLOST

Martina Grdiša

Sveučilište u Zagrebu, Agronomski fakultet

E-mail: mgrdisa@agr.hr

PLAN

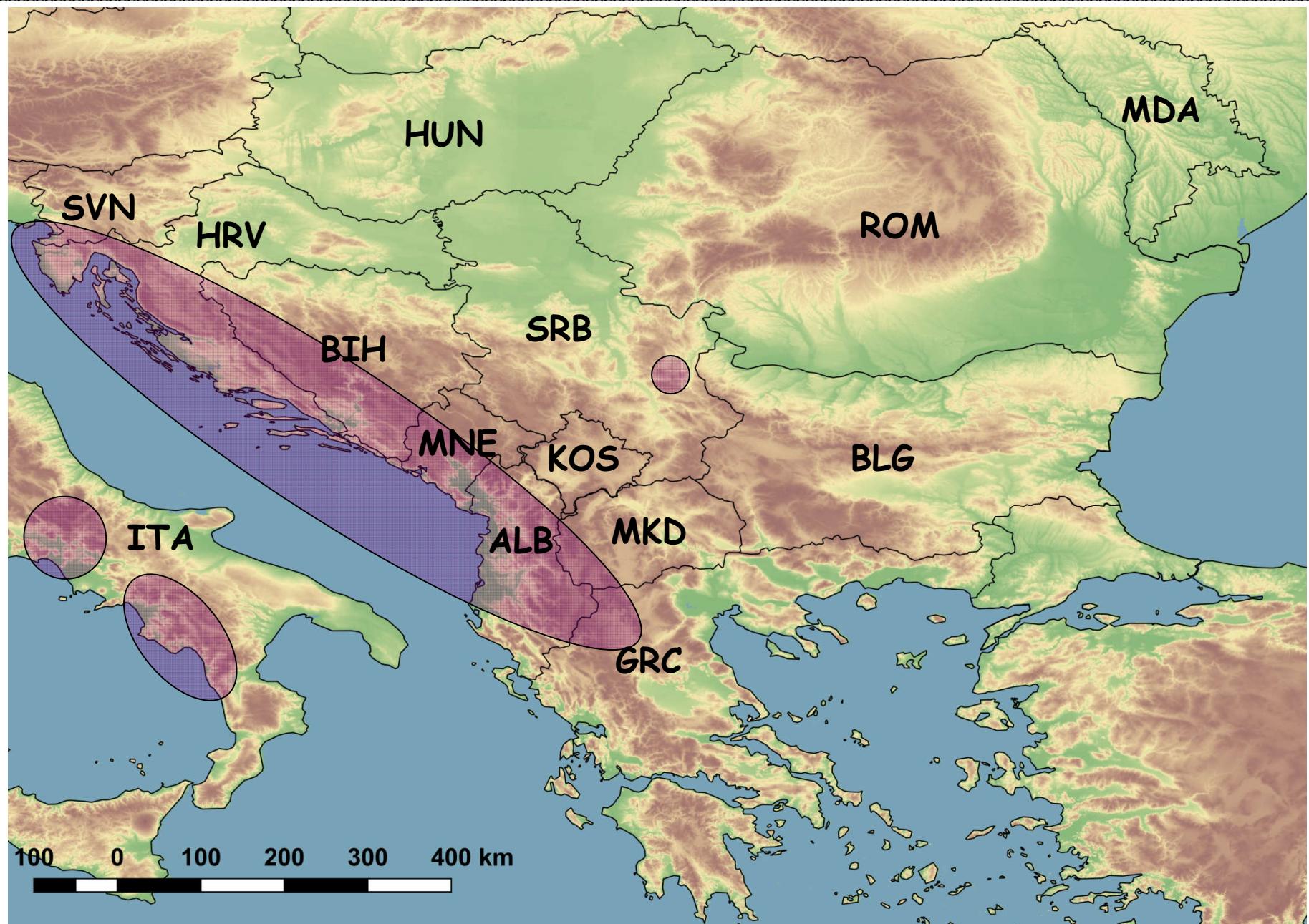
- (1) Ljekovita kadulja (*Salvia officinalis* L.)
- (2) Genetska raznolikost i srodnost
- (3) Genetska struktura
- (4) Modeliranja ekoloških niša
- (5) Evolucijska povijest

LJEKOVITA KADULJA

- *Salvia officinalis* L.
- stranooplodna, entomofilna
- višegodišnji polugrm
- od antičkih vremena korištena u ljekovite, prehrambene i ukrasne svrhe
- prirodna rasprostranjenost:
obalno područje zapadnog Balkana, središnji i južni dio Apeninskog poluotoka
- uzgoj:
mediteransko područje, Australija, Njemačka, SAD
- naturalizirane populacije:
biljke pobjegle iz uzgoja



RASPROSTRANJENOST PRIRODNIH POPULACIJA



GENETSKA RAZNOLIKOST

(1) Prikupljanje

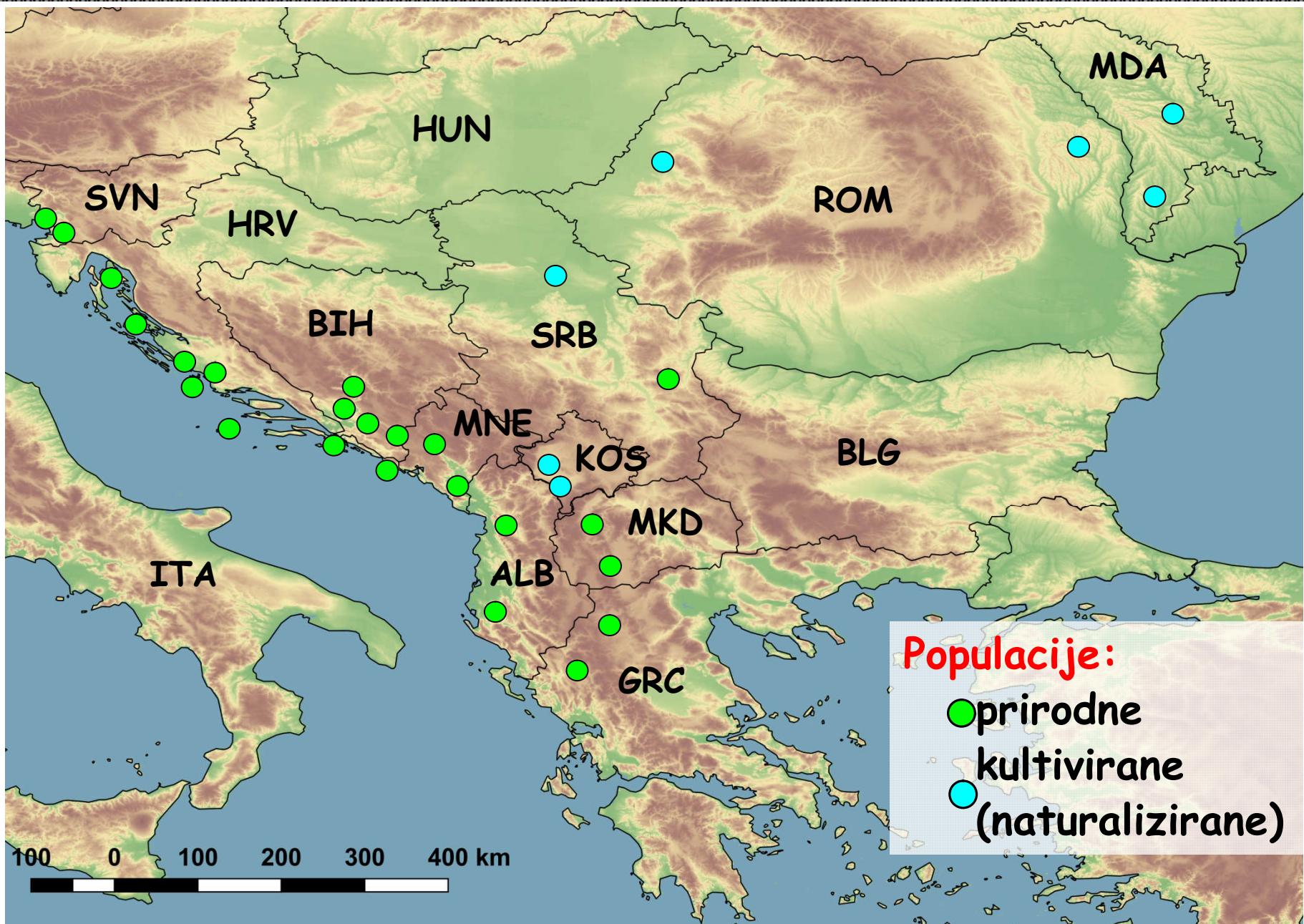
- tkivo listova za izolaciju DNA
- 30 populacija / 709 uzoraka (20 do 25 po populaciji)
- porijeklo:
 - 11 Balkanskih zemalja
- status:
 - 23 prirodne populacije
 - 7 kultiviranih/naturaliziranih populacija

(2) Ekstrakcija DNA

(3) Analiza molekularnim biljezima

- 8 mikrosatelitnih biljega (SSR) razvijenih za ljekovitu kadulju (Simple Sequence Repeats; SSRs)
- 165 alela

PRIKUPLJANJE



Populacije:

- prirodne
- kultivirane
(naturalizirane)



Cavtat



GENETSKA RAZNOLIKOST

(1) Prosječni broj alela po populaciji (N_{av})

(2) Alelno bogatstvo (N_{ar})

- prosječan broj alela po populaciji neovisno o veličini uzorka

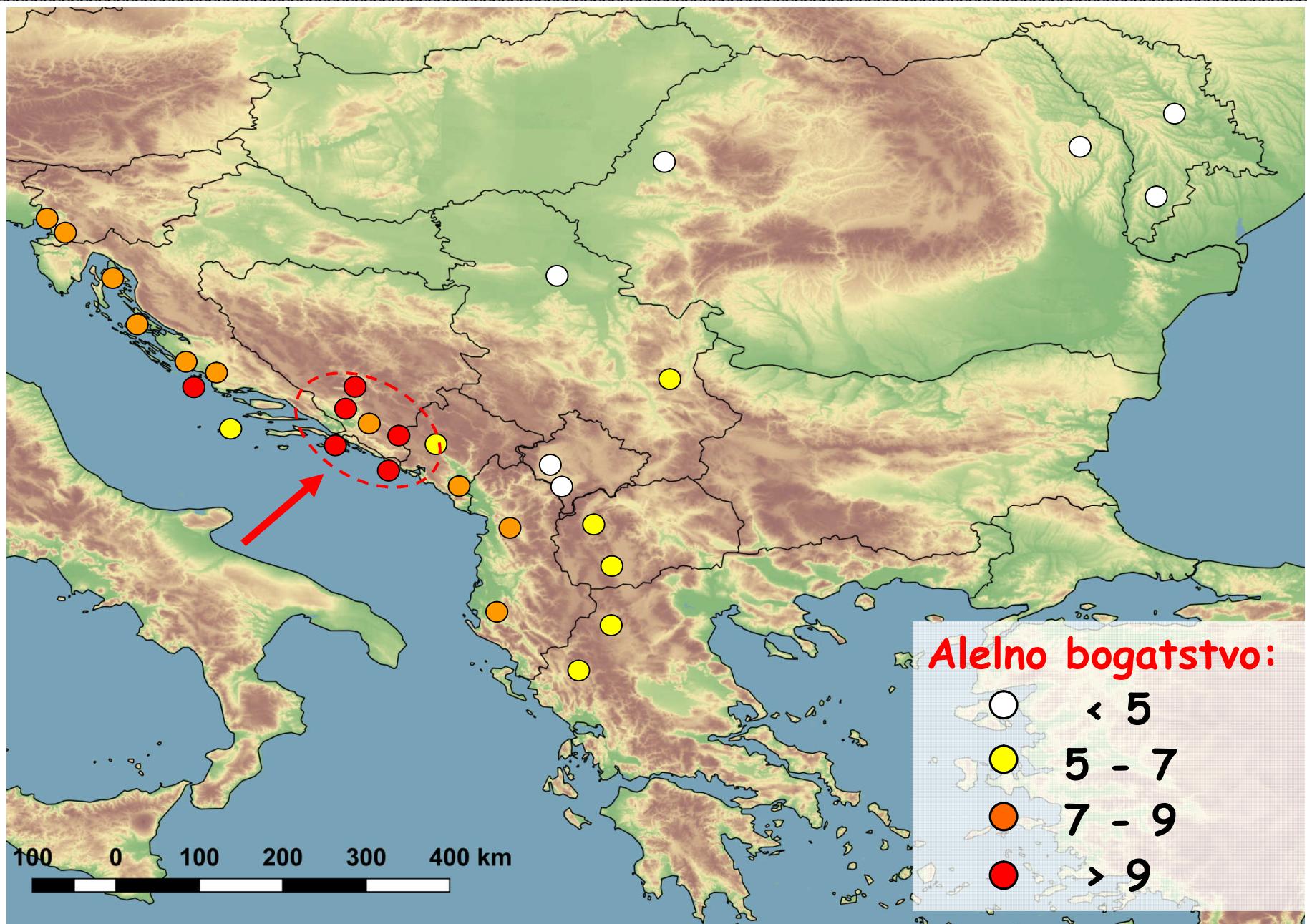
(3) Broj privatnih alela (N_{pr})

- broj utvrđenih alela u populaciji

(ili u grupi populacija:
prirodne vs. kultivirane)

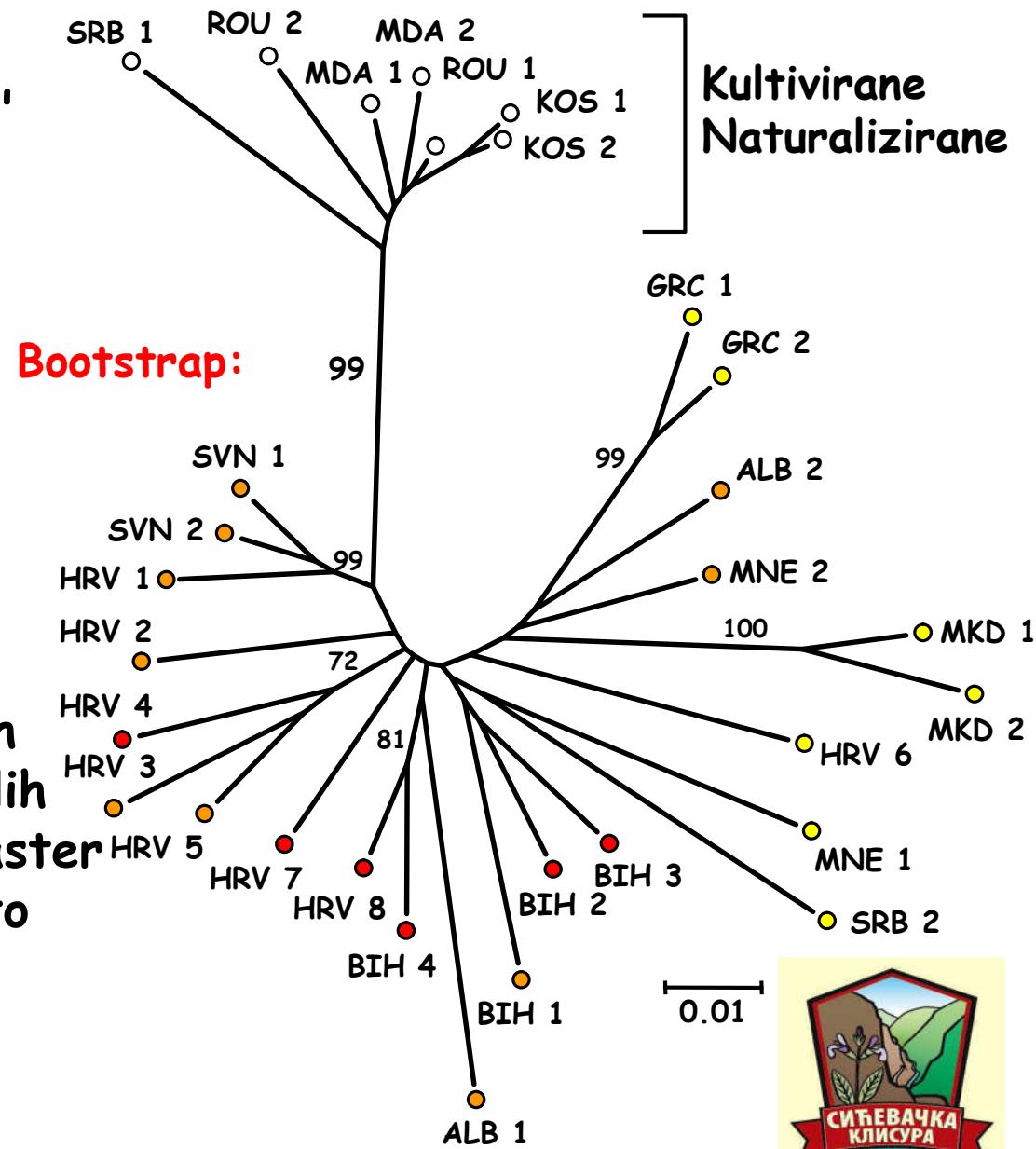
	Prirodne	Kultivirane
No.	23	7
N_{av}	8.696	3.821
N_{ar}	7.920	3.672
Raspon	5.13-10.30	2.71-4.19
$P(N_{ar})$	$P < 0.001$	
N_{pr} (ukupno po populaciji)	20	0
N_{pr} (prirodne vs. kultivirane)	115	0

AELNO BOGATSTVO



GENETSKA SRODOST

- Matrica udaljenosti:
Cavalli-Sforza and Edwards'
tetivna udaljenost
- metoda sparivanja susjeda
(Neighbour-joining)
- nezakorijenjeno stablo



GENETSKA STRUKTURA

- Bayesovska analiza populacijske strukture

Pretpostavka:

- postoji K broj izvornih populacija, a svaka je karakterizirana setom frekvencije alela na svakom lokusu

Cilj:

- Pridružiti jedinke izvornim populacijama na način da se minimalizira:
 - (1) Hardy-Weinberg ravnoteža (HWE) i
 - (2) ravnoteža vezanosti gena (LE)

POSTUPAK

(1) Pretpostavljanje broja izvornih populacija (K)

(1.1) Izabratи različite vrijednosti K

(1.2) Izračunati posteriorne vjerojatnosti za svaki K

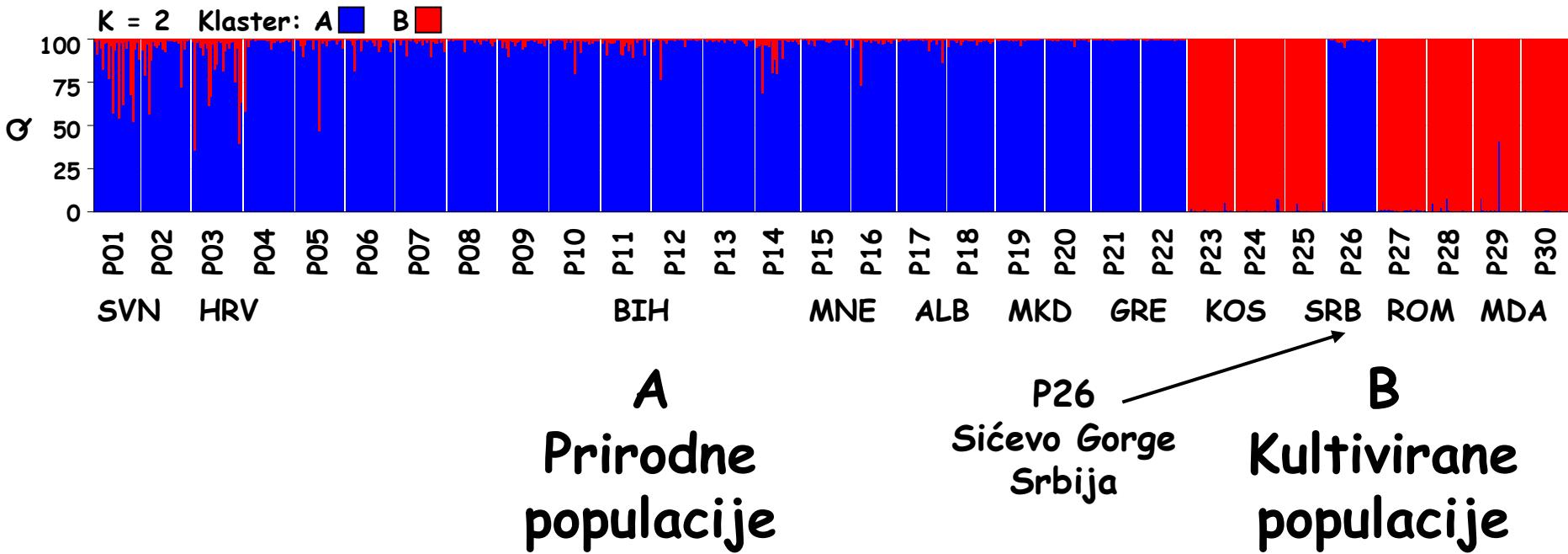
(1.3) Utvrditi najvjerojatniji broj populacija (K)

(2) Pripadnost jedinki izvornim populacijama

(2.1) Pridruživanje jedinki populacijama (K)

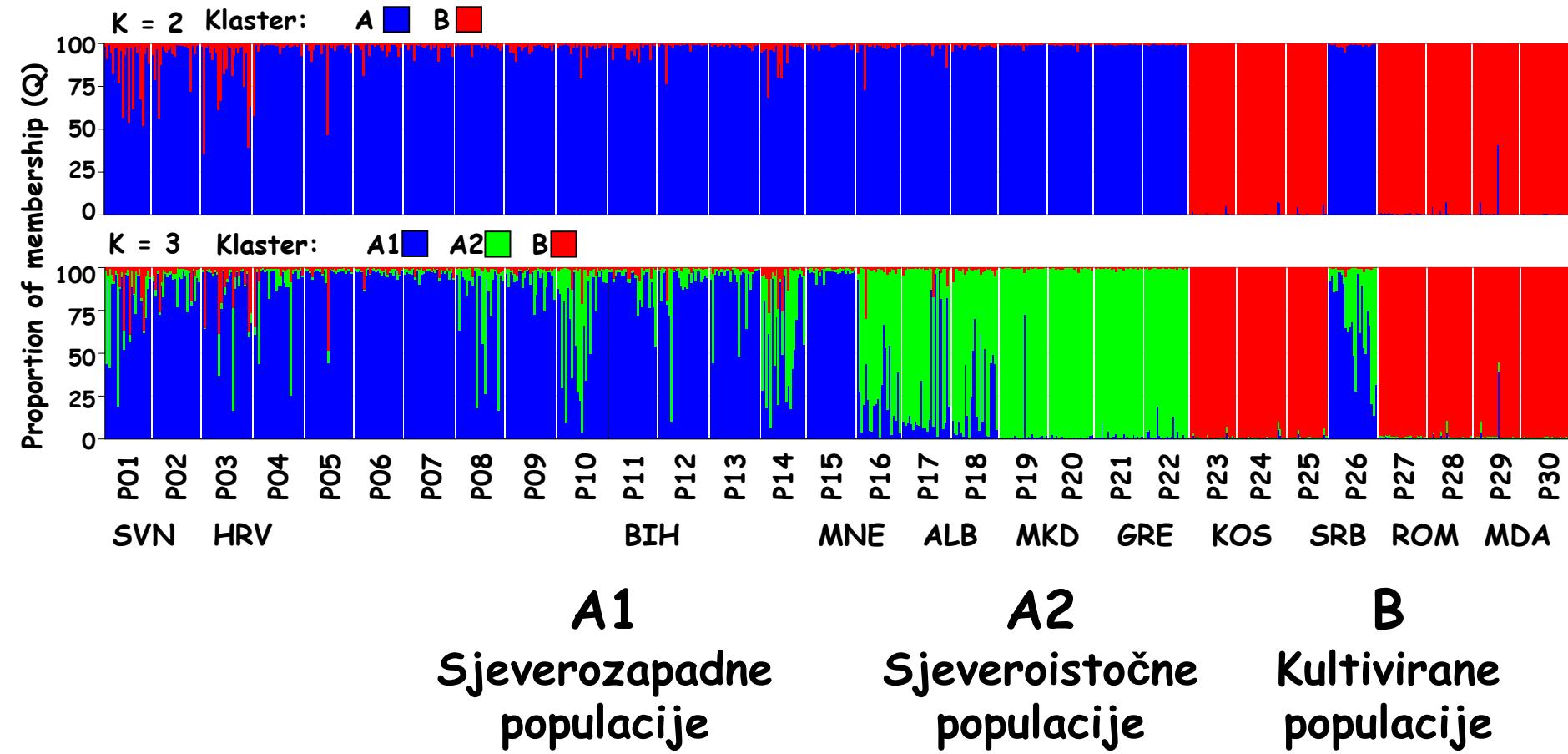
(2.2) Za svaku jedinku izračunati udio genoma koji potječe iz određene izvorne populacije

GENETSKA STRUKTURA KOD K = 2



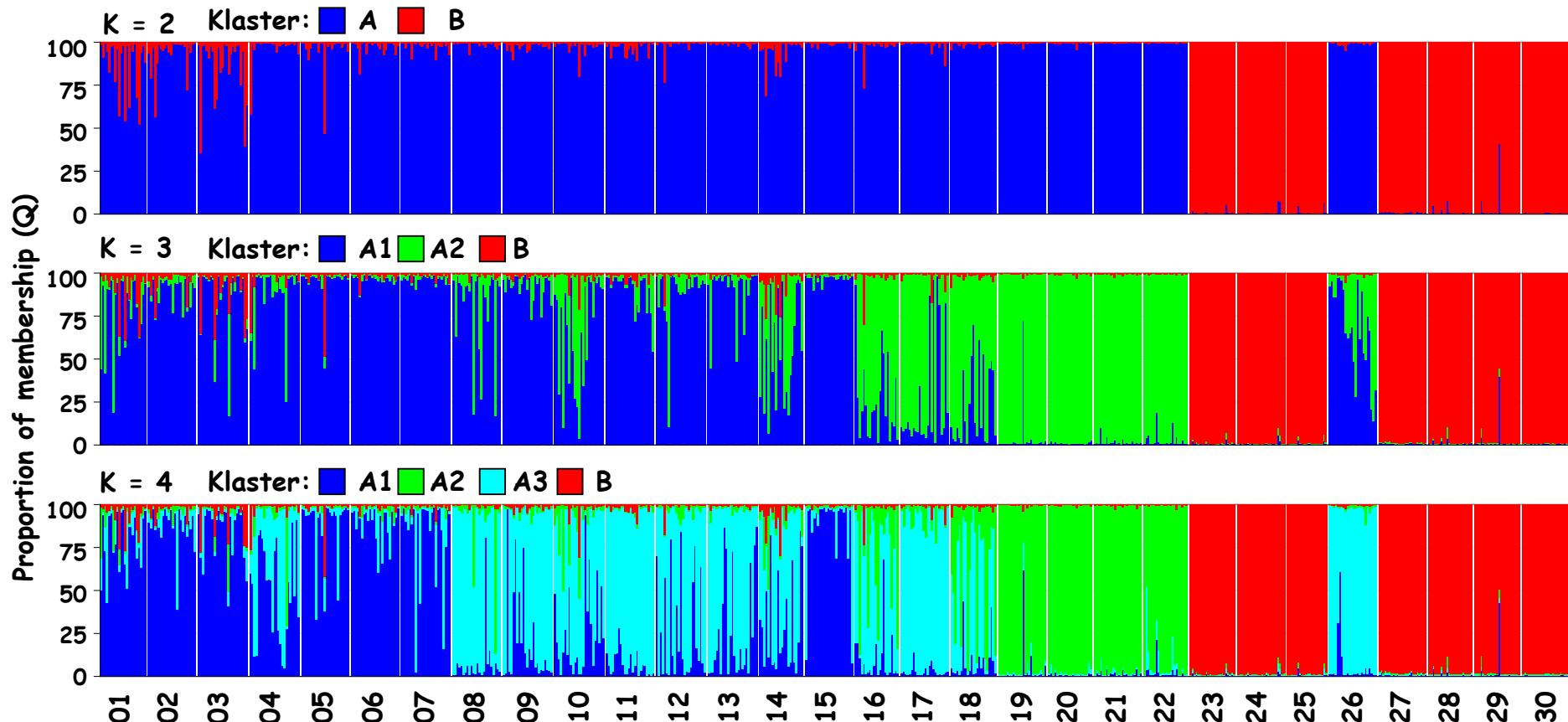
- udio genoma (Q) svake pojedinačne jedinice koji potječe iz određenog klastera (izvorne populacije):
 - svaka je jedinka predstavljena stupcem, a boja odgovara postotku genoma koji potječe iz određene izvorne populacije

GENETSKA STRUKTURA KOD $K = 3$



- klaster A (prirodne populacije) je kod $K = 3$ podijeljen u dva klastera na temelju zemljopisnog podrijetla
 - A1 Sjevero-zapad: jadranske populacije
 - A2 Jug - istok: Crna Gora-Albanija-Makedonija-Grčka

GENETSKA STRUKTURA KOD $K = 4$



A1

Sjeverni
Jadran

A2

Južni
Jadran

A3

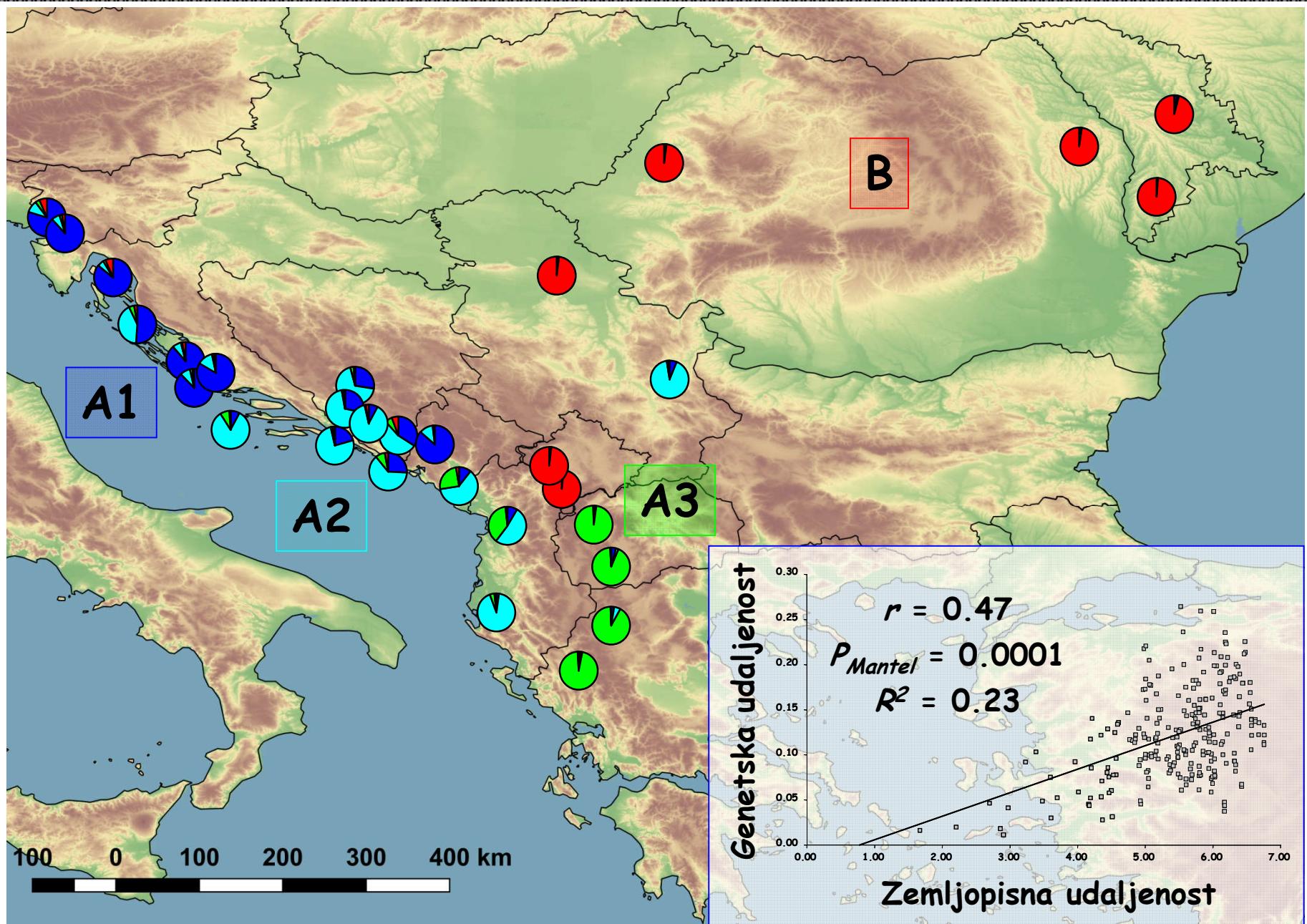
Makedonija
Grčka

B

Kultivirane
populacije

- prirodne populacije se nadalje dijele u tri klastera

GENETSKA STRUKTURA KOD $K = 4$



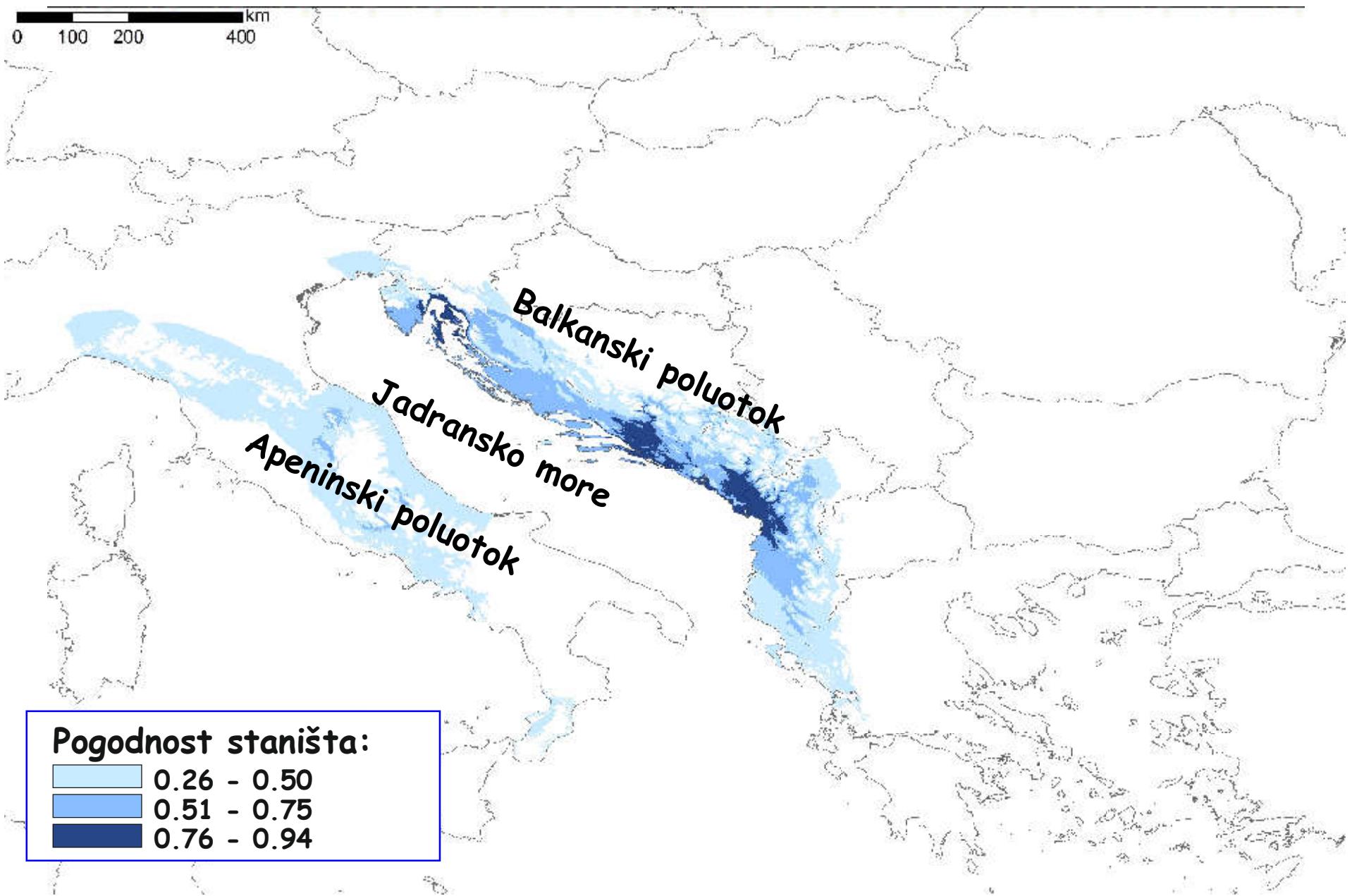
PLAN

- (1) Ljekovita kadulja (*Salvia officinalis* L.)
- (2) Genetska raznolikost i srodnost
- (3) Genetska struktura
- (4) Modeliranja ekoloških niša
- (5) Evolucijska povijest

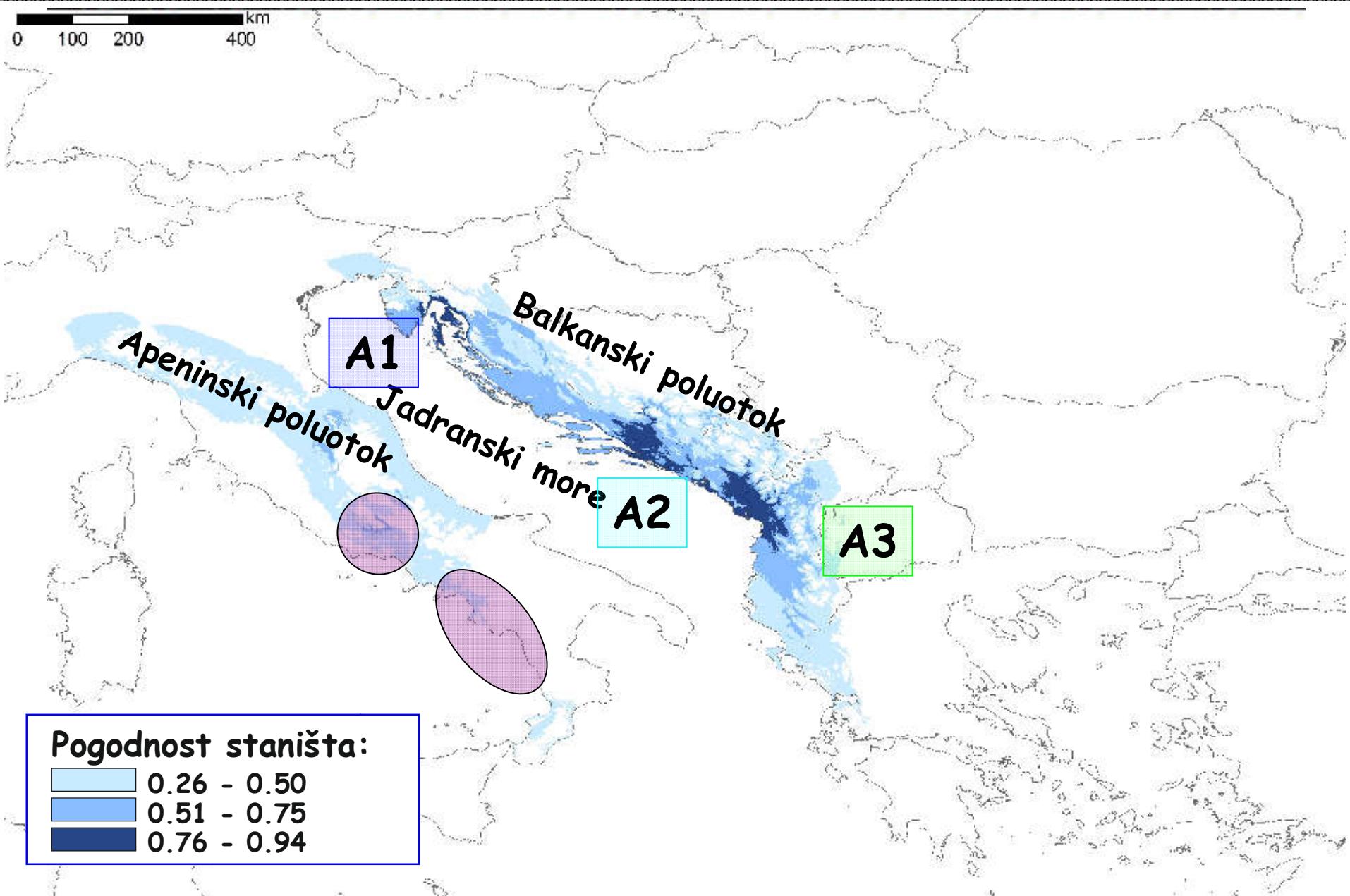
MODELIRANJE EKOLOŠKIH NIŠA

- Modeliranje rasprostranjenosti vrste (SDMs)
 - procijeniti odnos između zapisa o rasprostranjenosti vrste na određenim staništima i okolišnih uvjeta tih staništa
 - procijeniti pogodnost staništa za naseljavanje i preživljavanje vrste
 - proizvesti modeliranu distribuciju vrste (= utvrditi povoljno stanište za vrstu)
- ulazni podaci:
 - (1) zemljopisna rasprostranjenost
68 podataka o rasprostranjenosti (ravnomjerno raspoređenih)
 - (2) okolišni uvjeti staništa (lokacija)
19 bioklimatskih parametara (WorldClim database)
 - 11 temperturnih- i 8 oborinskih parametara
 - predstavljaju godišnja kretanja, sezonske promjene i temperturne i oborinske ekstreme

ENM: SADAŠNJI KLIMATSKI UVJETI



ENM: SADAŠNJI KLIMATSKI UVJETI



POVIJESNA RASPROSTRANJENOST

- modeliranje moguće rasprostranjenosti vrste u vrijeme posljednjeg glacijalnog maksimuma (LGM; ~21,000 godine pr.n.e.)
- otkrivanje mogućih glacijalnih refugija vrste

Ulagni podaci:

- (1) model sadašnjeg stanja
- (2) klimatski uvjeti u prošlosti

19 bioklimatskih varijabli

bioklimatski podaci za LGM koje su razvili

Paleoclimate Modelling Intercomparison Project Phase II

- dva modela:

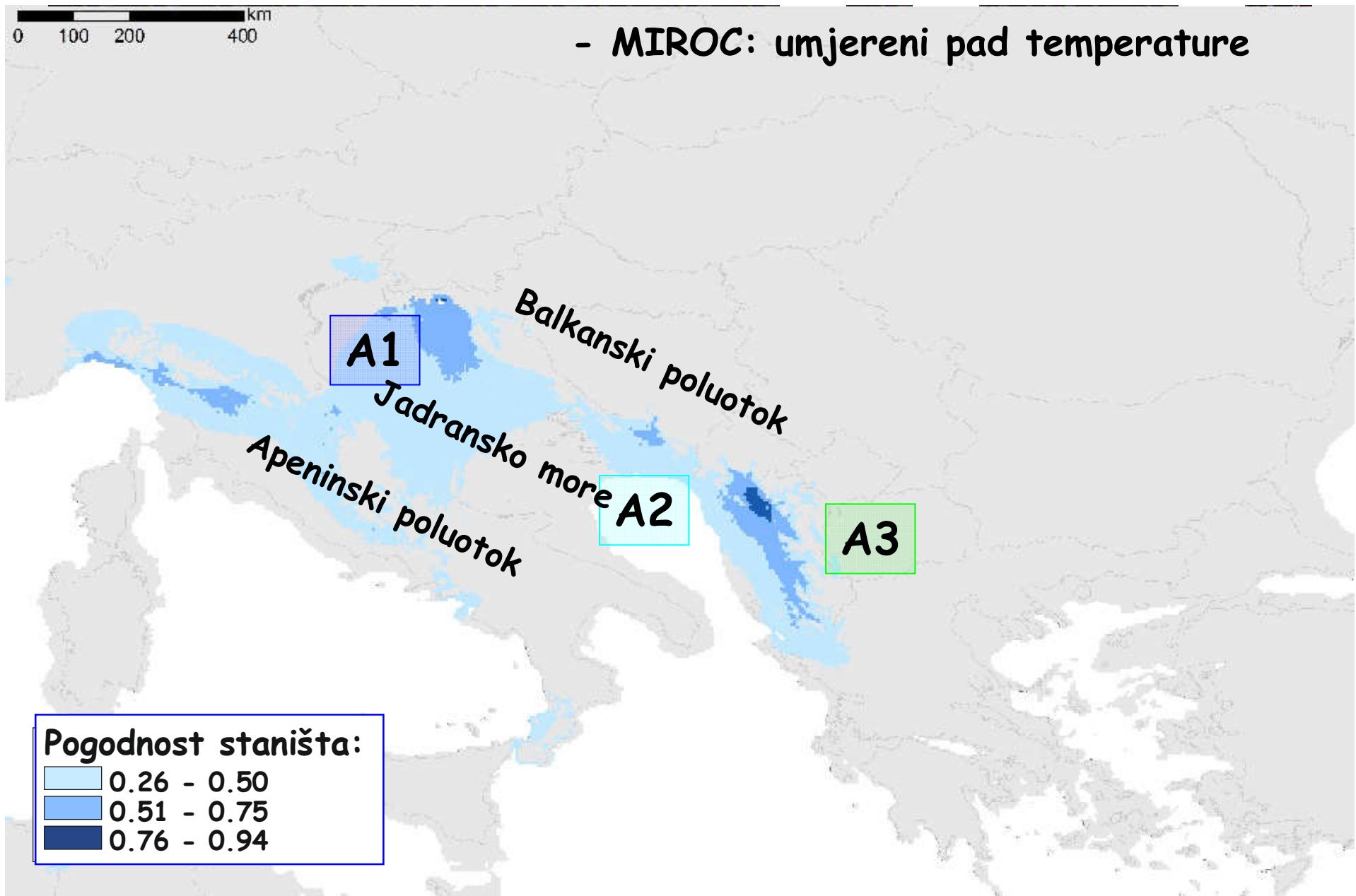
CCSM (Community Climate System Model; USA)

MIROC (Model for Interdisciplinary Research on Climate; Japan)

ENM: POSLJEDNJI GLACIJALNI MAKSIMUM CCSM UVJETI



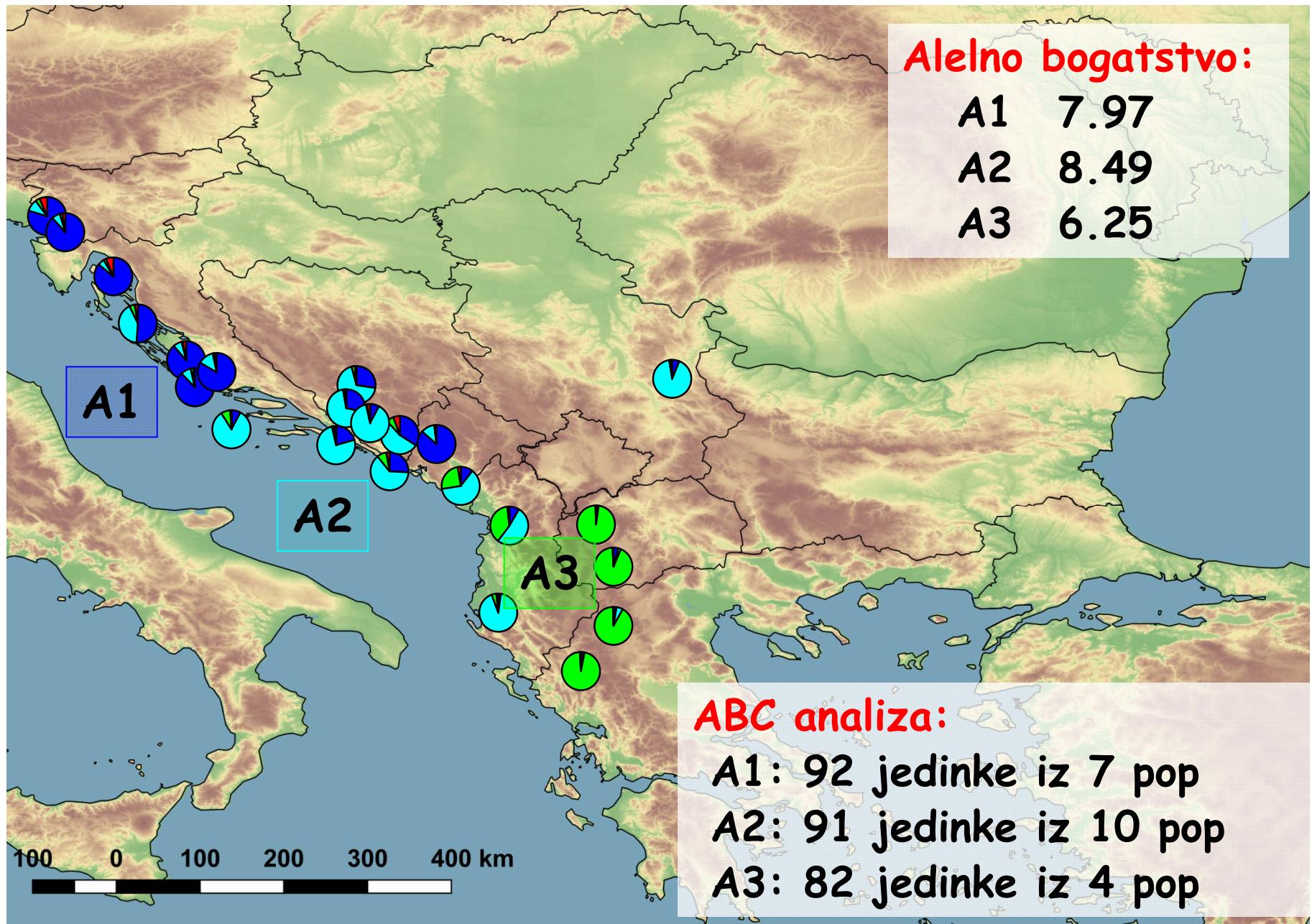
ENM: POSLJEDNJI GLACIJALNI MAKSIMUM CCSM UVJETI



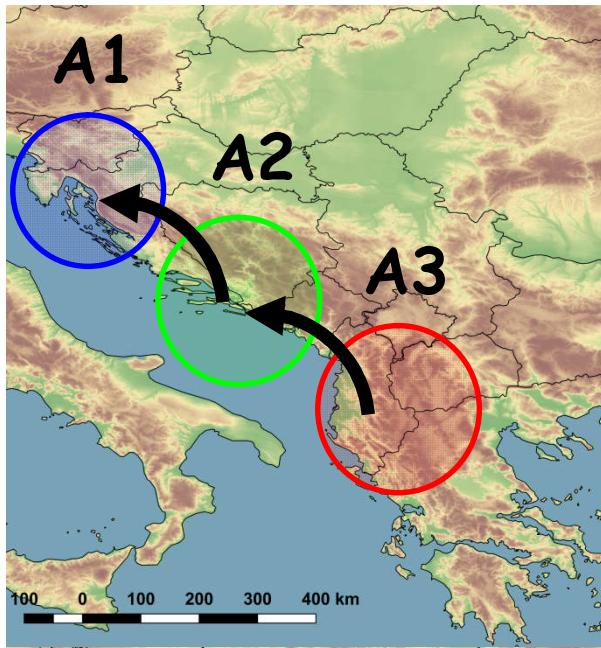
EVOLUCIJSKA POVIJEST

- otkrivanje evolucijske povijesti pomoću Aproksimativne Bayesovske analize (*Approximate Bayesian Computation; ABC*)
- **ulazni podaci:**
 - molekularni podaci
 - scenariji koji opisuju evolucijsku povijest
- **postupak:**
 - simulirati (veliki broj) setova podataka za svaki scenarij
 - usporediti simulirane i utvrđene setove podataka
 - najsličniji simulirani set podataka je najvjerojatniji
- **cilj:**
 - usporediti alternativne scenarije
 - posteriorna vjerojatnost svakog scenarija
 - procijeniti parametre za jedan ili više scenarija
 - efektivna veličina populacije; vrijeme razdvajanja

POPULACIJE

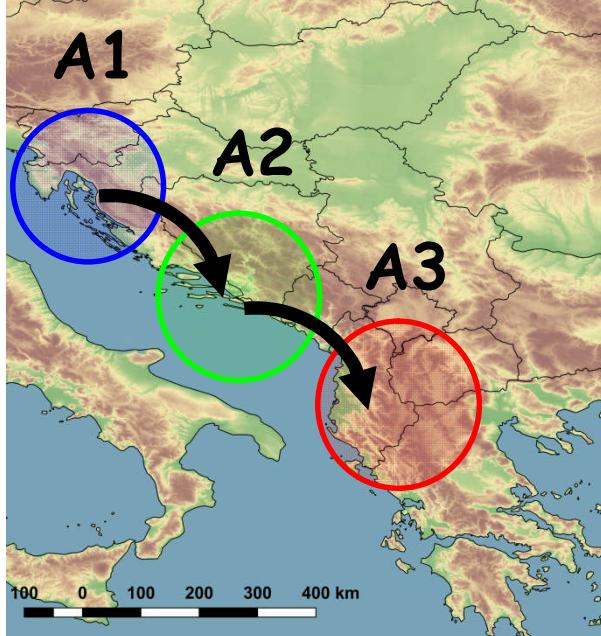
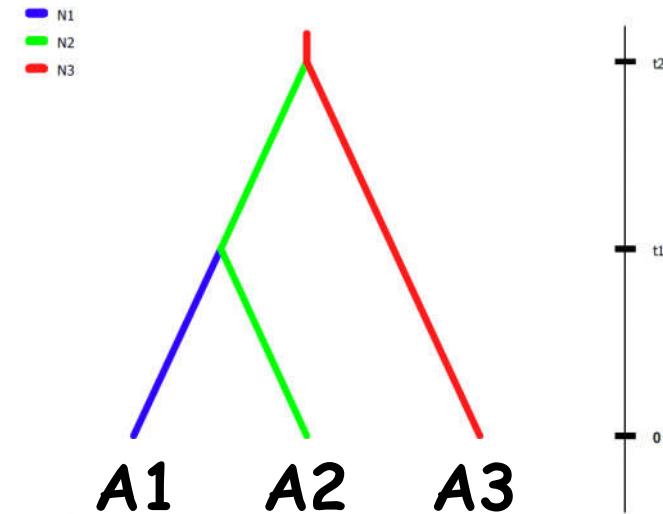


PET JEDNOSTAVNIH POVJESNIH SCENARIJA



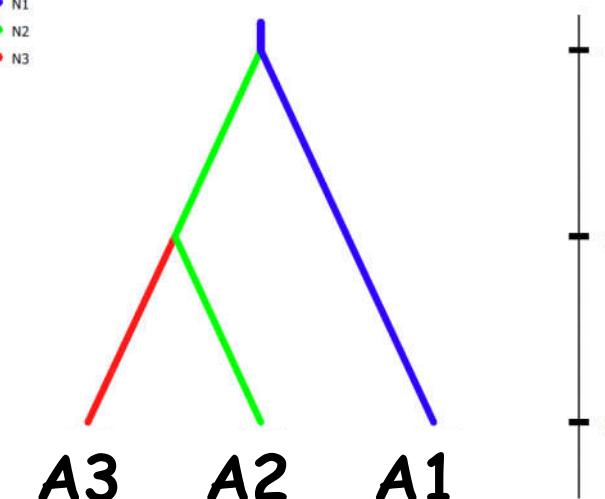
Scenarij 1

Populacija A1 je nastala iz populacije A2, koja je nastala iz populacije A3

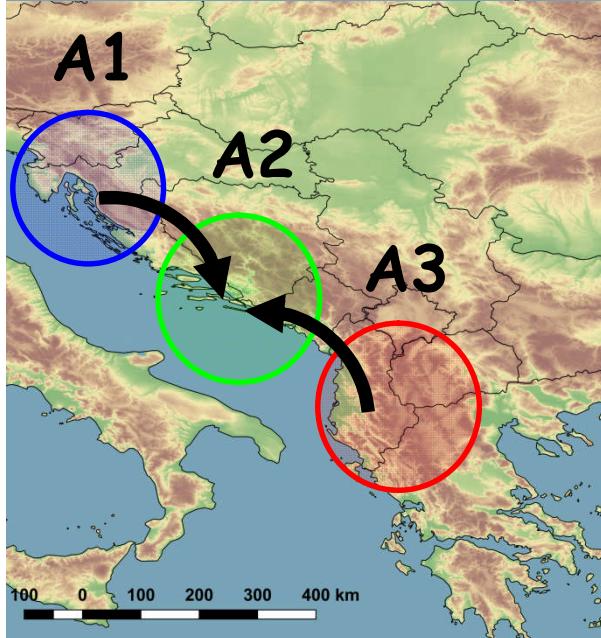
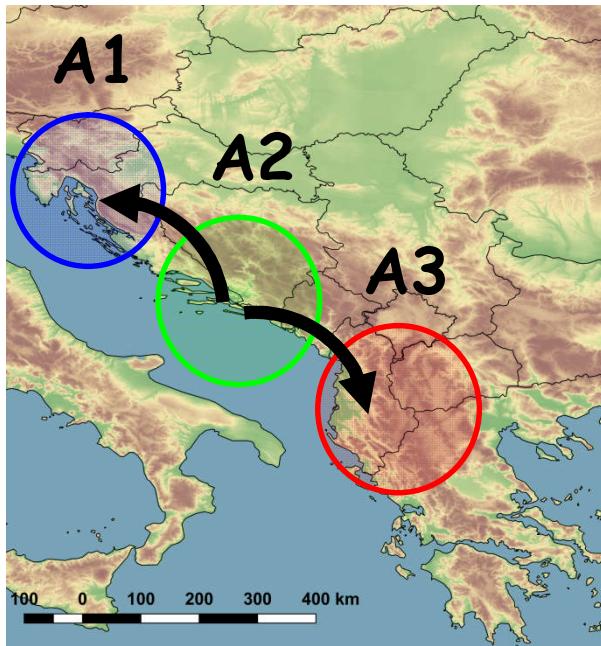


Scenarij 2

Populacija A3 je nastala iz populacije A2, koja je nastala iz populacije A1

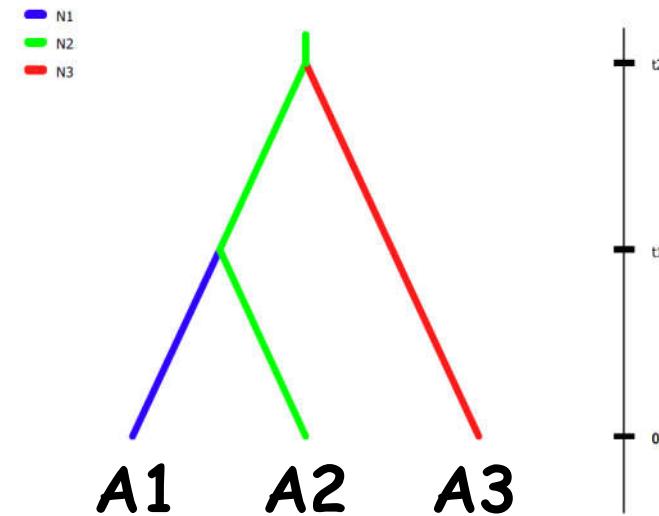


PET JEDNOSTAVNIH POVJESNIH SCENARIJA



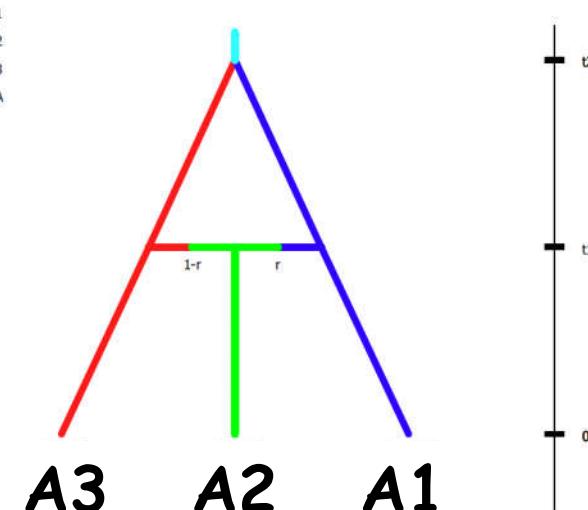
Scenarij 3

Populacije A1 i A3 odvojeno su nastale iz populacije A2

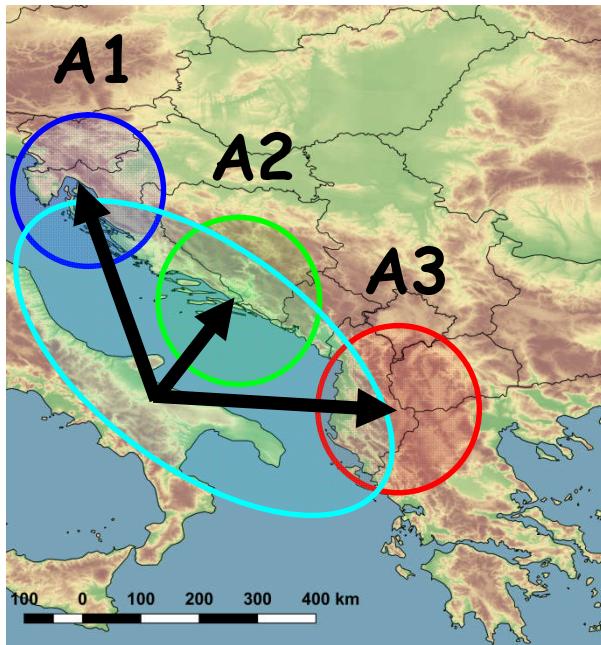


Scenarij 4

Populacija A2 je nastala hibridizacijom populacija A1 i A3

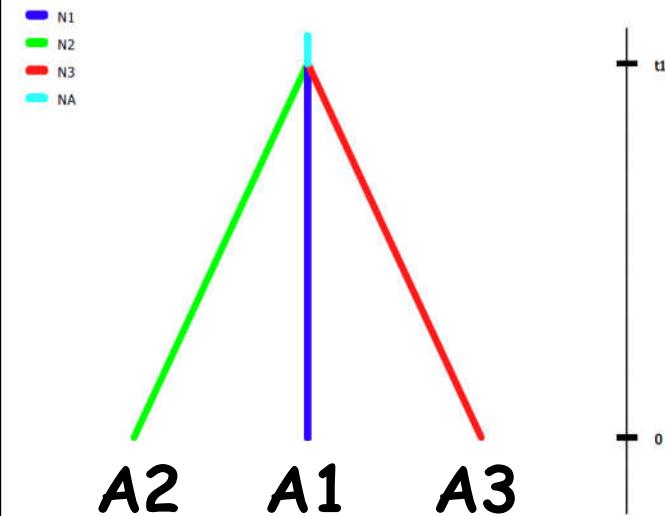


FIVE SIMPLE HISTORIC SCENARIOS



Scenarij 5

Sve tri populacije
su se razdvojile u
isto vrijeme



Posteriorna vjerojatnost

Scenarij

(PP)

REZULTATI:

1	0.166
2	0.193
3	0.075
4	0.126
5	0.440

POVIJESNA REKONSTRUKCIJA: DAVNA PROŠLOST



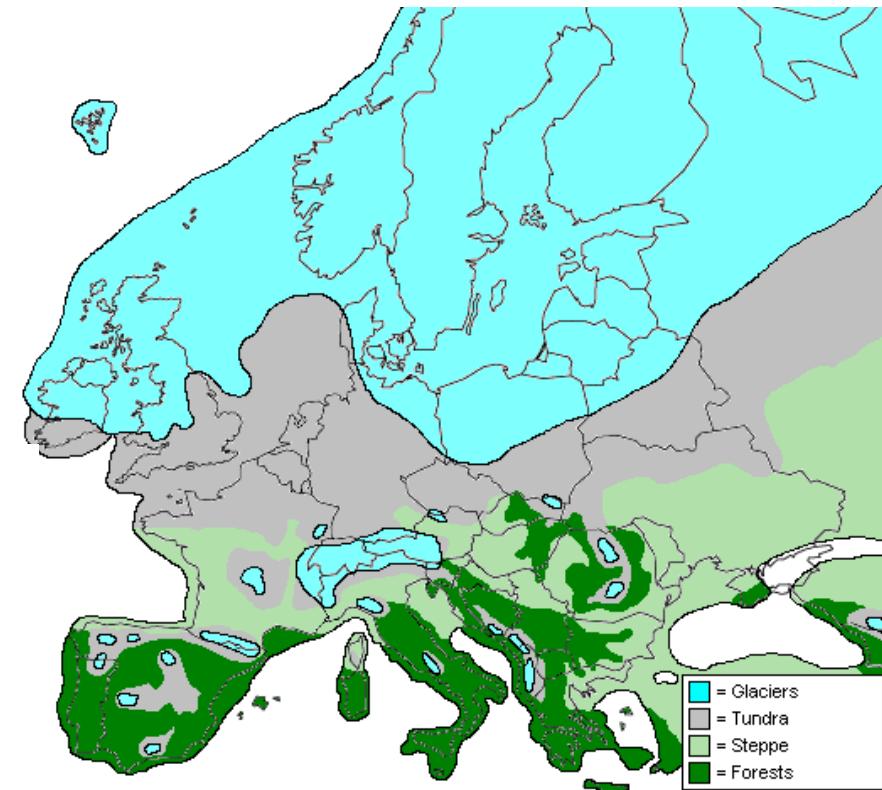
Rasprostranjenost ljekovite
kadulje prije zadnje glacijacije
?

ABC Efektivna veličina populacije:

Izvorna pop. 8,550 jedinki

A1	4,330 jedinki
A2	7,190 jedinki
A3	2,440 jedinki

Vegetacijska karta Europe u
zadnjem ledenom dobu



Glacijalne refugije:

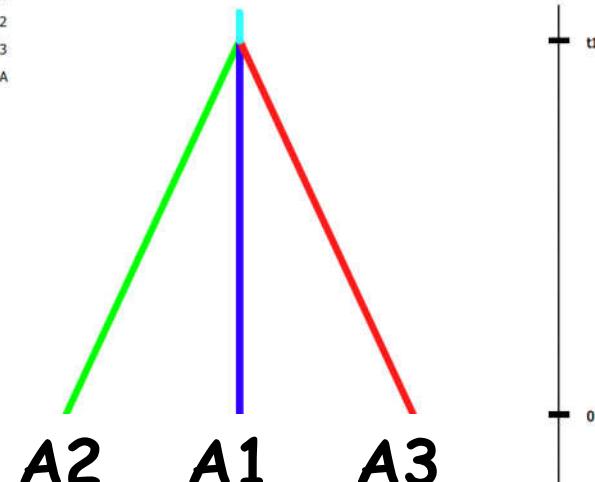
1. Iberijski poluotok
2. Apenninski poluotok
3. Balkanski poluotok

POVIJESNA REKONSTRUKCIJA: RAZDVAJANJE

Rasprostranjenost ljekovite kadulje u vrijeme zadnjeg glacijalnog maksimuma



N1
N2
N3
NA



ABC Vrijeme razdvajanja:
prije 572 generacija
(95% CI: 157-1,540)

Životni vijek generacije
do 300 godina

Karta 52 refugije na mediteranskom području (Médail i Diadema, 2009.)

