

Molekulární ekologie

Miloslav Kitner
Katedra botaniky PŘF UP

Vědní obor využívající metody
molekulární biologie a genetiky při
řešení ekologických otázek



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

KBB/MOLEK

- Zimní semestr 2014/2015
- Přednáška 2 hod týdně
- Kredity: 3
- Forma zakončení: kolokvium
- Forma zkoušky: ústní
- Garanti: RNDr. Petr Nádvorník, Ph.D.,
- Přednášející:
 - RNDr. Miloslav Kitner, Ph.D., KB PŘF UP
 - RNDr. Petr Nádvorník, Ph.D., KBB PŘF UP
 - RNDr. Petr Dvořák, Ph.D., KB PŘF UP
 - RNDr. Luboš Majeský, Ph.D., KB PŘF UP
 - Mgr. Aleš Drobek, IMG AV Praha
 - Dr. Stergios A. Pirintsos

„Propojení výuky oborů Molekulární a buněčné biologie a Ochrany a tvorby životního prostředí“

Reg. č.: CZ.1.07/2.2.00/28.0032



evropský
sociální
fond v ČR



EVROPSKÁ UNIE



MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ,
MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY



OP Vzdělávání
pro konkurenceschopnost

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Molekulární ekologie

- Rozvoj během posledních 20ti let spojený s pokroky molekulární biologie.
- Vývoj nových technologií a analytických metod.
- Nové způsoby řešení klasických ekol. otázek.
- Testování nových hypotéz, na které dříve nebylo možné odpovědět.

Ecology is fuzzy. It does not fit into the literal pigeonholes of conventional science (Tyson, 2001)

Molekulární ekologie

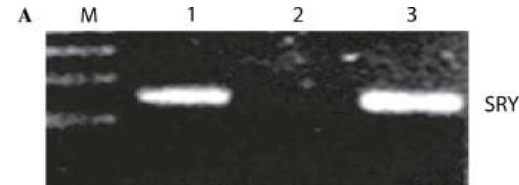
Příklady využití metod molekulární biologie při řešení:

- mezidruhové interakce
- genetika a evoluce ekologicky významných znaků (genů)
- vztahy mezi jedinci
 - rozšíření v areálu, lokalitě
 - migrace jedinců v krajině
 - vznik nových druhů
 - hybridizace mezi rozdílnými liniemi, populacemi, druhy
 - extinkce
 - sociální chování

Příklad: determinace pohlaví pro populačně-genetické studie, studie sociálního chování

Hyperoodon ampullatus (vorvaňovec anarnak)

- Určení pohlaví jedinců pro populačně-genetické studie, a studium sociálního chování tohoto druhu.
- Obtížně zjistitelné pohlaví i u dospělých.
- Odběr vzorků tkání biopsií (harpunováním)
- PCR amplifikace 147bp fragmentu genu *SRY*, vázaného na Y chromozom u savců



Příklad: studie sociálního chování ptáků

modropláštník nádherný (*Malurus cyaneus*)

- pěvec, běžný v JV Austrálii
- Námluvy - samec trhá žluté květy a přináší je samici
- Jak se brání hnízdnímu parazitismu – samice během inkubace zpívá určitou melodii, kterou vylíhlá mláďata reprodukuje. Pokud mládě melodii neovládá – pár hnízdo opustí a založí si nové
- Uváděn jako klasický příklad sociálního chování a altruismu
 - mladí samečci často zůstávají s rodiči na původním teritoriu a pomáhají s výchovou potomků dominantního páru
 - Altruismus, který je zaměřený ku pomoci jiným příbuzným (Kin selection, Hamilton 1963) – evoluční strategie, při níž jedinec nešíří svoje geny, ale svým chováním pomáhá šířit jejich kopie ve svých příbuzných na úkor vlastní reprodukce
- DNA analýzy paternity a demografické pozorování ukázala
 - Je monogamní, ale promiskuitní = mimopárová oplození (až 76%) – tj. Žijí v párech, ale každý partnerů se páruje s jedinci z jiných párů
 - Sameček v dominantním páru často svoji partnerku vymění a v důsledku pouze 53% synů-pomahačů pomáhají svojí skutečné matce
 - Možné vysvětlení – synové-pomahači svojí prací platí „poplatek za pronájem“ teritoria dominantního páru a zároveň zvyšují pravděpodobnost, že teritorium získají po smrti rodičů (Dunn et al. 1995)



Molekulární ekologie - literatura

časopisy

Molecular Ecology

© John Wiley & Sons Ltd



Edited By: Loren Rieseberg

Impact Factor: 6.275

ISI Journal Citation Reports © Ranking: 2012: 6/47 (Evolutionary Biology);
10/136 (Ecology); 38/290 (Biochemistry & Molecular Biology)

Online ISSN: 1365-294X

Associated Title(s): [Molecular Ecology Resources](#)

Molecular Ecology Resources

© John Wiley & Sons Ltd



Edited By: Kevin Livingstone

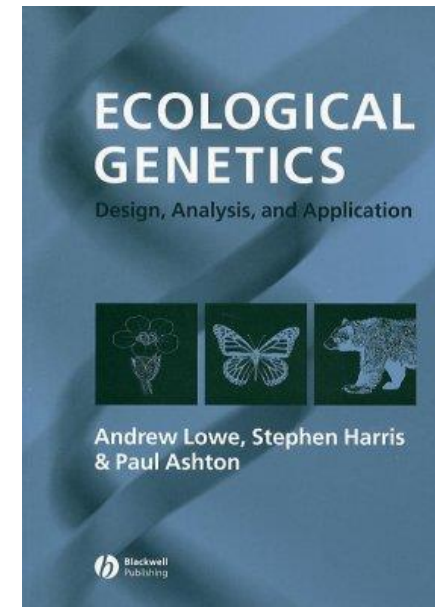
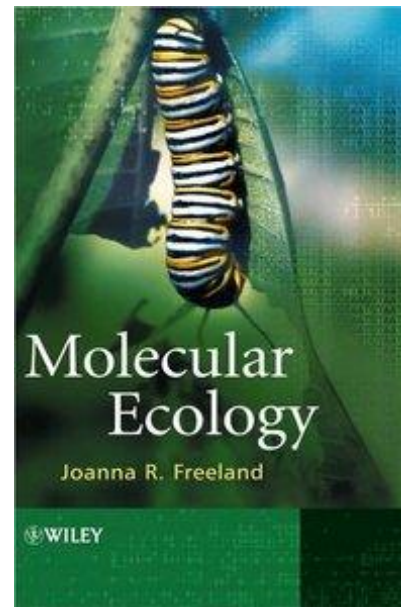
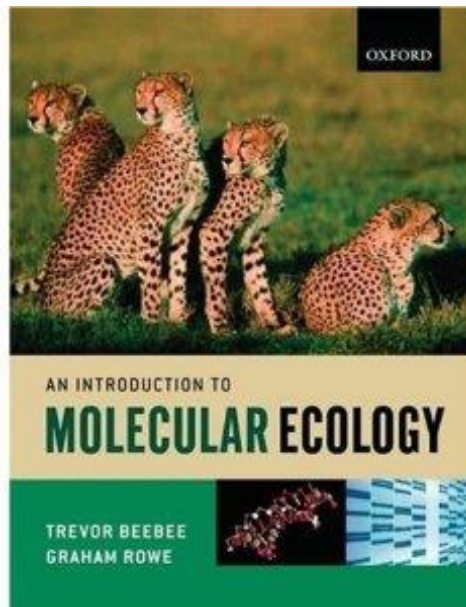
Impact Factor: 7.432

ISI Journal Citation Reports © Ranking: 2012: 5/47 (Evolutionary Biology);
7/136 (Ecology); 30/290 (Biochemistry & Molecular Biology)

Online ISSN: 1755-0998

Associated Title(s): [Molecular Ecology](#)

učebnice



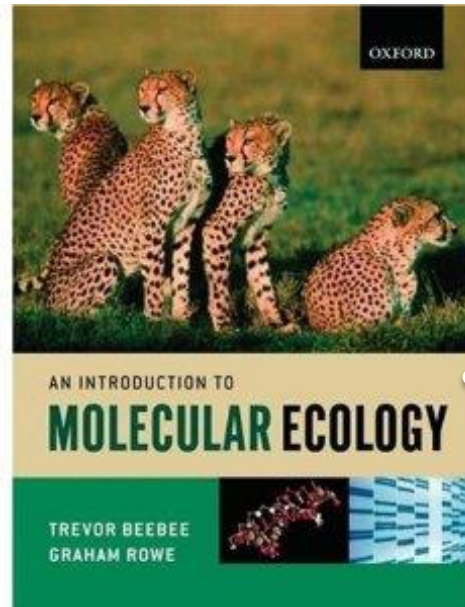
Klasická koncepce

Molekulární markery

Konzervační genetika

Populační genetika

Behaviorální ekologie



ostatní

Fylogeografie

Klasická koncepce

Molekulární markery

M. Kitner

Konzervační genetiky

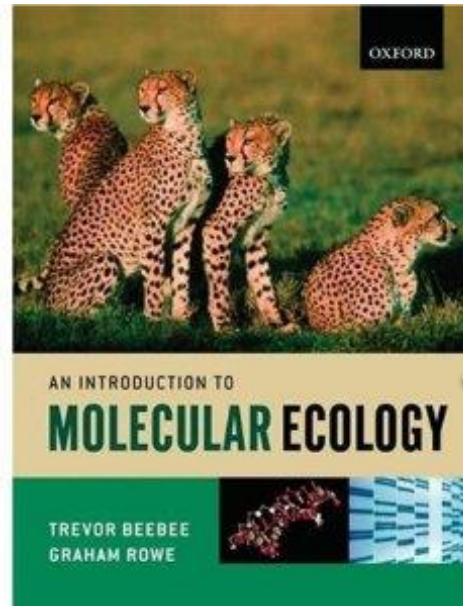
M. Kitner, P. Nádvorník

Populační genetiky

P. Nádvorník

Behaviorální ekologie

P. Nádvorník



ostatní

P. Dvořák (metagenomika, NGS assembly)
A. Drobek (evoluce imunitního systému)

Fylogeografie

L. Majeský + flow-cyt

Plán přednášek

24.9. - Úvodní přednáška – P. Nádvorník/M. Kitner

1.10. - Odběr a uchovávání vzorků, extrakce DNA – M. Kitner

8.10. - Molekulární markery I. – M. Kitner

15.10. - Molekulární markery II. – M. Kitner

Metagenomika a základy zpracování NGS dat – P. Dvořák

22.10. - Fylogeografie - využití cpDNA a průtokové cytometrie – L'. Majeský

29.10. - Mikrosatelity podrobně – P. Nádvorník

5.11. - Populační genetika – P. Nádvorník

12.11. - Fylogeneze člověka – P. Nádvorník

19.11. - Molekulární determinace pohlaví - P. Nádvorník

Listopad:

Dr. Stergios A. Pirintsos - Biodiversity and Plant Evolutionary Ecology

Dr. Aleš. Drobek: Evoluce MHC a imunitního systému

(Lab. Molekulární imunologie AV Praha – prof. Hořejší)

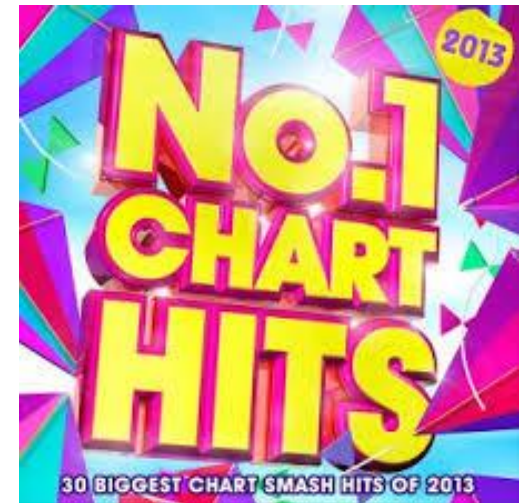
Co je in.....

INVITED REVIEWS AND META-ANALYSES

A road map for molecular ecology

ROSE L. ANDREW,¹ LOUIS BERNATCHEZ,² AURÉLIE BONIN,³ C. ALEX. BUERKLE,⁴ BRYAN C. CARSTENS,⁵ BRENT C. EMERSON,⁶ DANY GARANT,⁷ TATIANA GIRAUD,⁸ NOLAN C. KANE,¹ SEAN M. ROGERS,⁹ JON SLATE,¹⁰ HARRY SMITH,¹¹ VICTORIA L. SORK,¹² GRAHAM N. STONE,¹³ TIMOTHY H. VINES,¹⁴ LISETTE WAITS,¹⁵ ALEX WIDMER¹⁶ and LOREN H. RIESEBERG^{1,17}

- Studie potravních řetězců
- Metagenomika
- Fylogeografie
- Fylogeografie společenstev
- Genomika krajiny
- Ekologická a evoluční genomika
- Speciace a hybridizace
- Příbuznost, rodičovství a chování

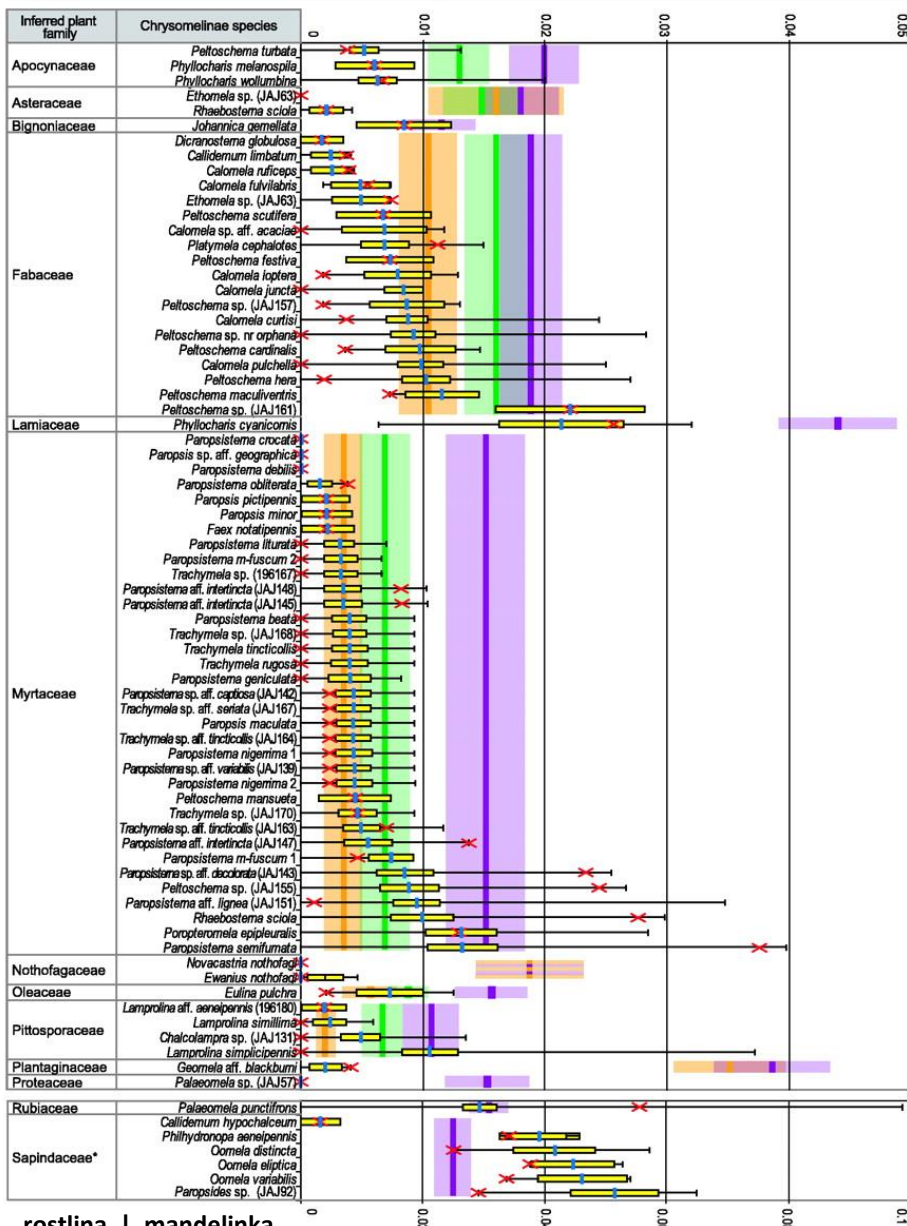
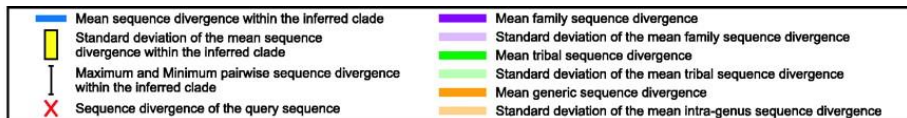


Studium potravních řetězců

DNA sequence-based trophic ecology

- Široká škála možností
 - Od studia ohrožených druhů.....
 - Např. zdroje potravy ohroženého brouka
 -po detailní analýzu potravních řetězců
 - Limitováno našimi schopnostmi zachytit interakci „konzument“ vs. „konzumovaný“
 - Klasicky...analýza exkrementů, vnitřností, lab. pokusy, izotopové značení..
 - Identifikace původu potravy použitím druhově specifických primerů
 - Př. analýza zbytků z výměšků brouků – analýza cpDNA – identifikace rostlin, kterými se živí
 - Problém degradace DNA v trávícím traktu a kontaminace vzorku DNA herbivora – výhoda použití cpDNA markerů-
 - Podobně řešení vztahů „predátor – kořist“: nutná znalost fylogenetického postavení a využití specifických primerů.
 - tj. analyzujeme DNA z obsahu trávícího traktu, exkrementů a pomocí PCR reakce identifikujeme kořist (popř. spásanou rostlinu)





rozlina | mandelinka
(čed') | (druh)

DNA barcoding insect–host plant associations

José A. Jurado-Rivera¹, Alfred P. Vogler^{2,3}, Chris A. M. Reid⁴,
Eduard Petitpierre^{1,5} and Jesús Gómez-Zurita^{6,*}

Příklad:

Studium spektra rostlin, kterými se živí určité skupiny brouků:

- extrakce genomické DNA brouků
- analýza cpDNA (chloroplastové markery)
- sekvenace
- srovnání výsledků s databázemi



Podčed' *Chrysomelinae* mandelinky

www.biolib.cz

Identification of host plants against GenBank entries. trnL intron sequences obtained from beetle tissue were subjected to phylogenetic analysis together with their respective GenBank top hits.

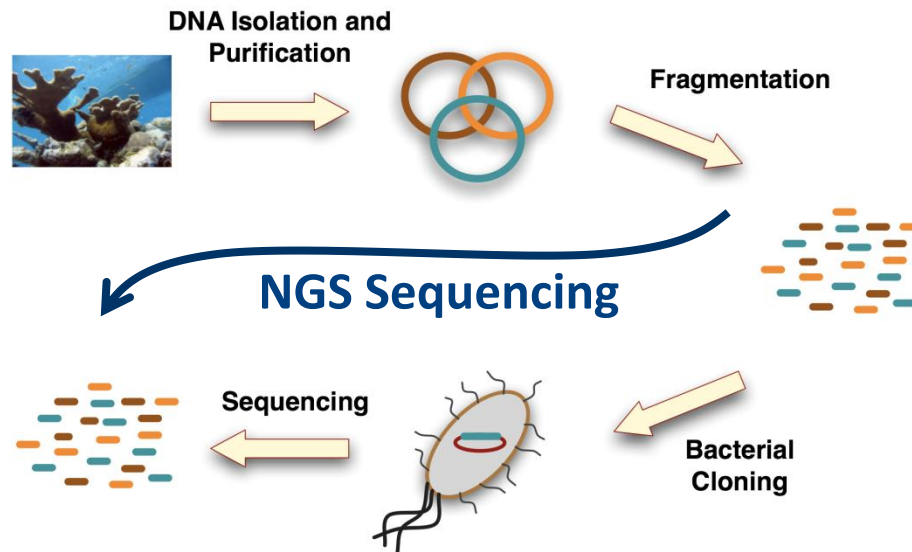
Metagenomika

- **Metagenom:**

Soubor veškeré genetické informace společenstva (mikro)organismů.

“Studium DNA nekultivovatelných druhů”

.....99% druhů nelze laboratorně kultivovat



- Jaké organismy ve společenstvu žijí a jaké je jejich relativní zastoupení?
- Jakou mají funkci ve společenstvu? (tj. Jaké mají geny a metabolické dráhy?)
- Jaké jsou rozdíly společenstev pocházejících z podobných stanovišť?

Metagenomika

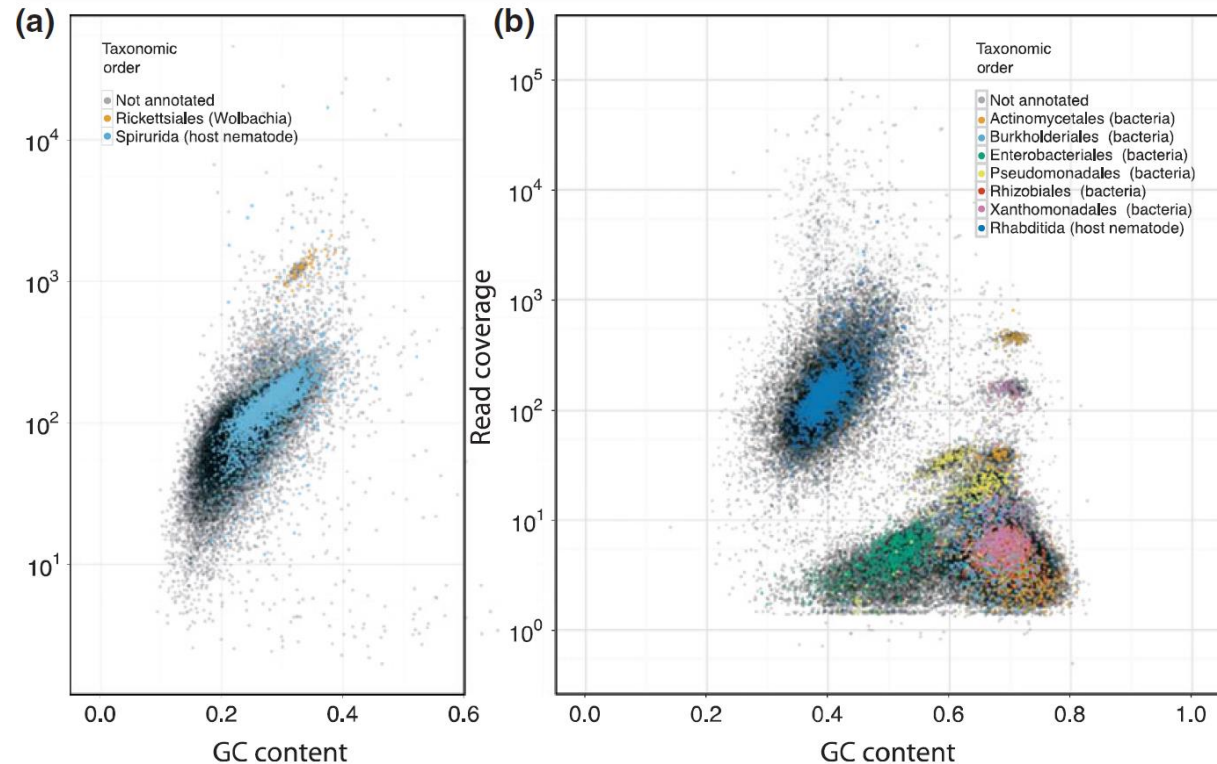
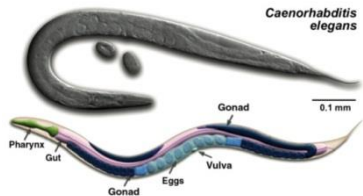
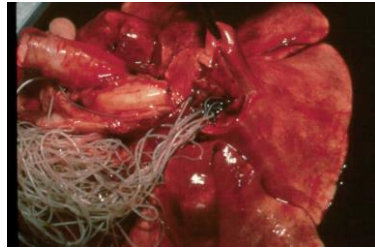
Př. Mikrobiální diverzita společenstev (bakterie, houby, prvoci) kolonizující mnohobuněčné organismy

Microbial diversity within multicellular organisms

- **Příklady:**

- Jaká je variabilita mikroflóry mezi a uvnitř hostitelských druhů (včetně mikroflóry člověka).
- Příspěvek kontaminující mikroflóry v genomicky a transkriptomicky zaměřených studiích (odfiltrování kontaminujících sekvencí nebo naopak studium symbiontů).
- Odlišení symbiontní mikroflóry od parazitujících nebo patogenních druhů.

Příkladová studie

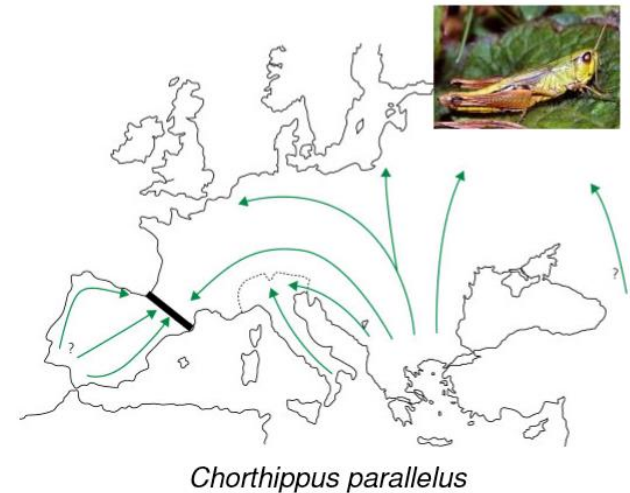


- Dva příklady vizualizace systému hostitel – kolonizující mikrobiální společenstvo
- Dirofilaria immitis* (vlasovec psi) a jeho symbiont *Wolbachia*
 - Caenorhabditis* sp. (háďátka obecné) a společenstvo kolonizujících mikrobů (mikrobiom), jejichž úloha a původ v hostiteli je předmětem dalšího studia.

Body představují kontigy sestavené po celogenomovém sekvenování hostitelů a po anotaci 10000 náhodně vybraných kontigů v databázi NCBI

Fylogeografie - vědní obor analyzující směry a cesty šíření organismů v dané oblasti a čase.

- Studuje faktory, které mají vliv na geografickou distribuci genetické variability.
- **Studium:**
 - vnitrodruhové fylogeneze
 - kryptické diverzity, kryptických druhů
 - odhad divergence vývojových linií
- **Metody:**
 - Původně: mtDNA, cpDNA
 - Dnes běžně: jaderné geny, mikrosatelity, NGS sekvenování
 - Modelování různých situací (evolutionary scenarios) a stanovení s jakou pravděpodobností mohly mít vliv na pozorovanou skutečnost.
 - Předchází se chybovosti ve výpočtech a interpretaci dat



Fylogeografie.....

Sarracenia allata

(Zellmer et al. 2012, Syst. Biol. 61:763–777)

Sampling: 86 ind. z 10ti populací z celého areálu výskytu

Method: Roche 454 pyrosequencing

Results: ~29 kb of sequence data

76 high-quality and high-coverage loci (with over 500 SNPs)

- Bayesian clustering analysis **indicate that populations are highly structured** pattern of diversification:

- **přírodní bariéry kolem Mississippi a mokřadu Atchafalaya** jsou primárním důvodem izolovanosti a diverzifikace populací, které musely být izolované po desítky tisíc generací.

- Současná fragmentace krajiny činností člověka redukovala početnost populací a způsobila vznik genetické strukturovanosti na lokální škále.

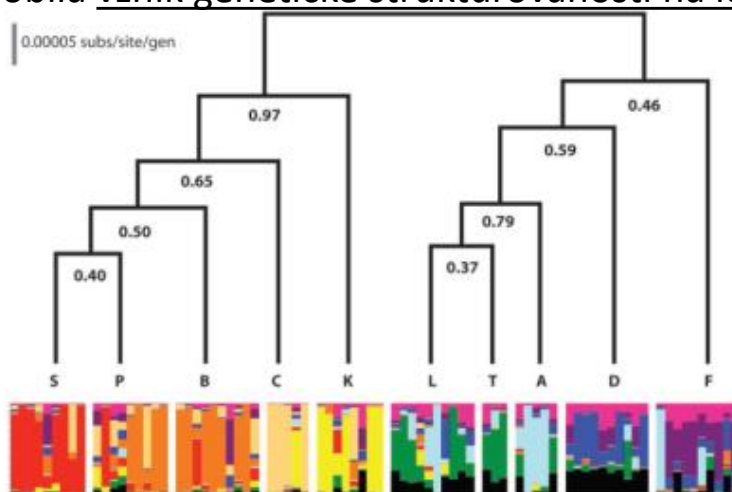


FIGURE 3. Maximum Clade Credibility tree for the 10 sampled populations generated using *BEAST (Drummond and Rambaut 2007; Heled and Drummond 2010). The population phylogeny is shown at top, with posterior probabilities of each node shown. Scale bar to left of phylogeny corresponds to 5.0×10^{-5} substitutions / site / generation. The bottom of the figure shows histograms generated by Structure (Pritchard et al. 2000) for the sampling localities (i.e., $k = 10$).

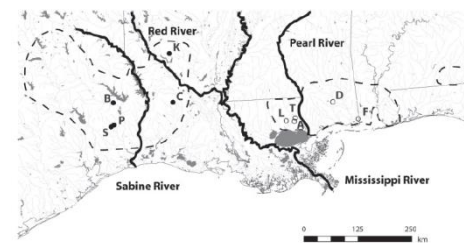
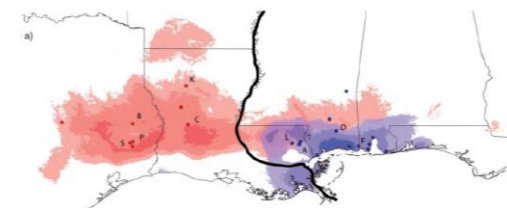


FIGURE 1. Distribution map of *Sarracenia allata* in the southern US. Dashed lines show the approximate range of the species. Western sampling localities from this study are marked with filled circles and include the following populations: Sundew (S), Pitcher Trail (P), Routon Lake (B), Croter's Bog (C), and Kisatchie (K). Eastern populations are marked with open circles and include the following populations: Abita Springs (A), Talibook (T), Lake Ramsey (L), Franklin Creek (F), and DeSoto (D). Minor rivers (light grey) and major rivers and water bodies (dark grey and thick black lines) are shown.



Environmental niche models and environmental variation for eastern (blue) and western (red) populations of *S. allata*. a) Divergence in niches across the Mississippi River. Predictions were calculated using MAXENT v 3.3.3e (Phillips et al. 2006), with darker colors showing greater prediction scores. The thick black line denotes the Mississippi River.

Fylogeografie.....

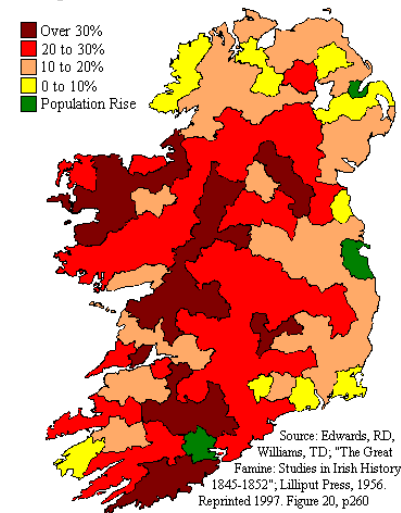
Příklad: *Vysvětlení původu plísně bramborové v Evropě*

Velký hladomor v Irsku (The Irish Potato Famine)

- Katastrofální hladomor v Irsku v letech 1845-1849
- Totální neúroda brambor, na kterých byli Irové potravně závislí
 - Příčiny: vlhké počasí podporující šíření plísně bramborové (*Phytophthora infestans*)
- Výsledek:
 - 0,5-1,5 mil. mrtvých z 8mi miliónové populace Irů
 - Další 2 mil emigrovaly (USA, GB, Kanada, Austrálie)
 - Politická rovina – zhoršení vztahů s GB, kvůli jejich neochotě pomoci, popř. kvůli směřování pomoci do oblastí s početnější populací Britů

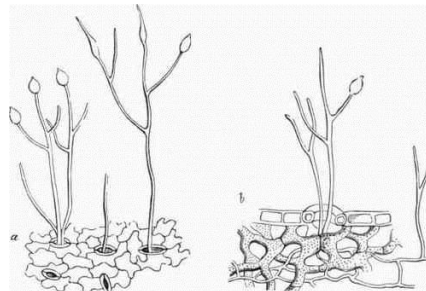


Population Fall in Ireland 1841-1851



Source: Edwards, R.D., Williams, T.D.; "The Great Famine: Studies in Irish History 1845-1852"; Lilliput Press, 1956. Reprinted 1997. Figure 20, p260
Produced for www.irelandtheisland.com

Unlike the rest of this site, this map is declared to be in the public domain.



- » říše [Chromalveolata](#)
- » kmen [Peronosporomycota](#) - řasovky
- » třída [Peronosporomycetes](#) - oomycety
- » řád [Peronosporales](#) - vřetenatkovité
- » čeleď [Phytophthoraceae](#)

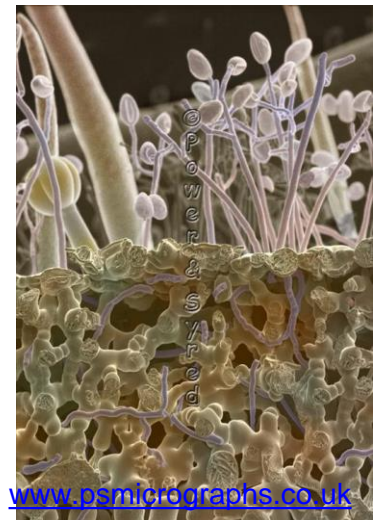
Cesta *Phytophthora infestans* do Evropy

Investigation of genomes from historic (1845-1896) herbarium specimens

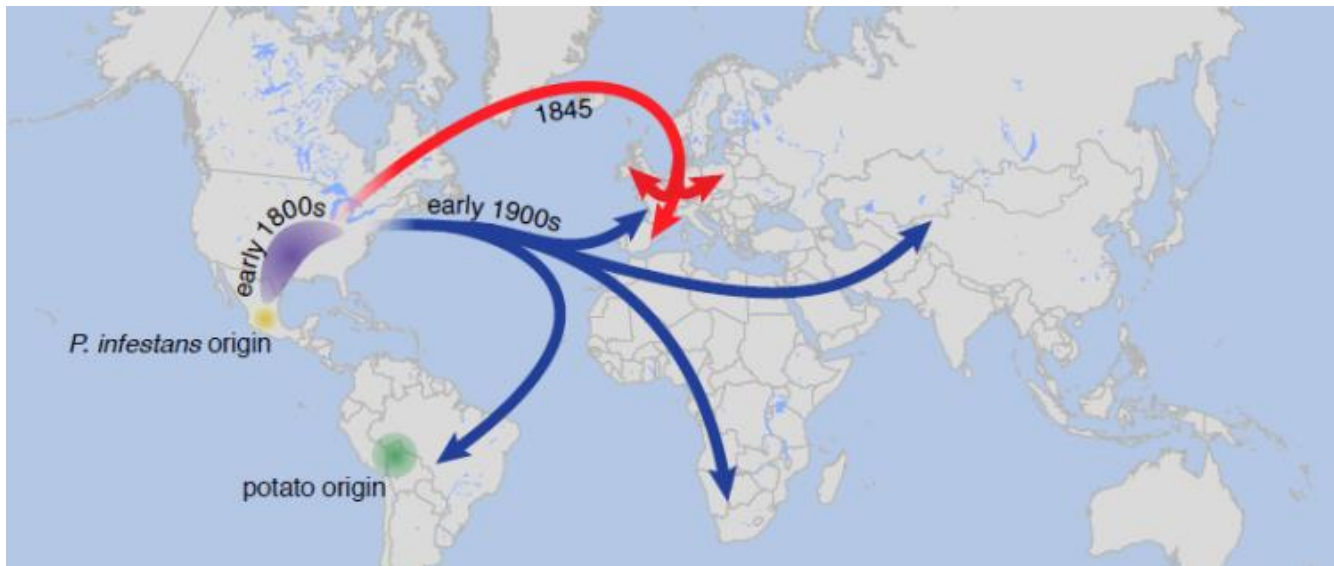
Based on complete mtDNA genomes, and millions of SNPs

První výskyt choroby:

- Začátkem roku 1843 v USA – Philadelphia a New York City
- Šíření spor vzduchem a v roce 1845 nalezena od Virginie po Ontario
- Do Evropy se dostala v roce 1845 se sadbou brambor mířící do Belgie
- Všechny plochy Evropy byly zasaženy infekcí, ale nejvíce škod napáchala v Irsku – monokultury brambor osázené varietou „Irish Lumper“
 - varieta adaptovaná pro pěstování v západním Irsku, málo odolná k napadení plísní bramborovou



www.psmicrographs.co.uk



Cesta *Phytophthora infestans* do Evropy

Investigation of genomes from historic (1845-1896) herbarium specimens

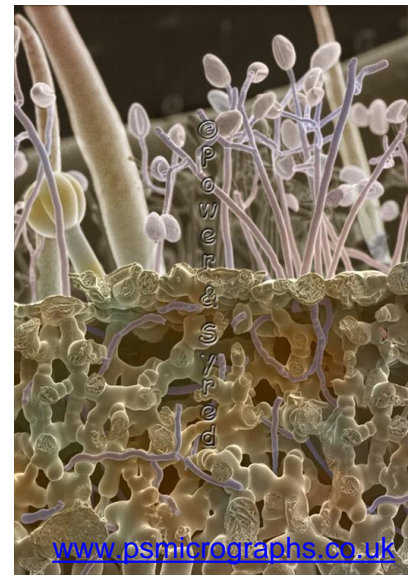
Based on complete mtDNA genomes, and millions of SNPs

Linie *P. infestans* HERB-1 způsobila hladomor v Irsku byla jiným genotypem než kmeny, které se dostaly do Evropy později.

Získ rezistence k tomuto kmeni introgresí genů rezistence ze *Solanum demissum*

Na základě datování genomů *P. infestans* z herbářových položek se odhaduje diverzifikace kmenů PI v post-Kolumbovské éře a vznik samotného druhu v době kratší než 2000 let

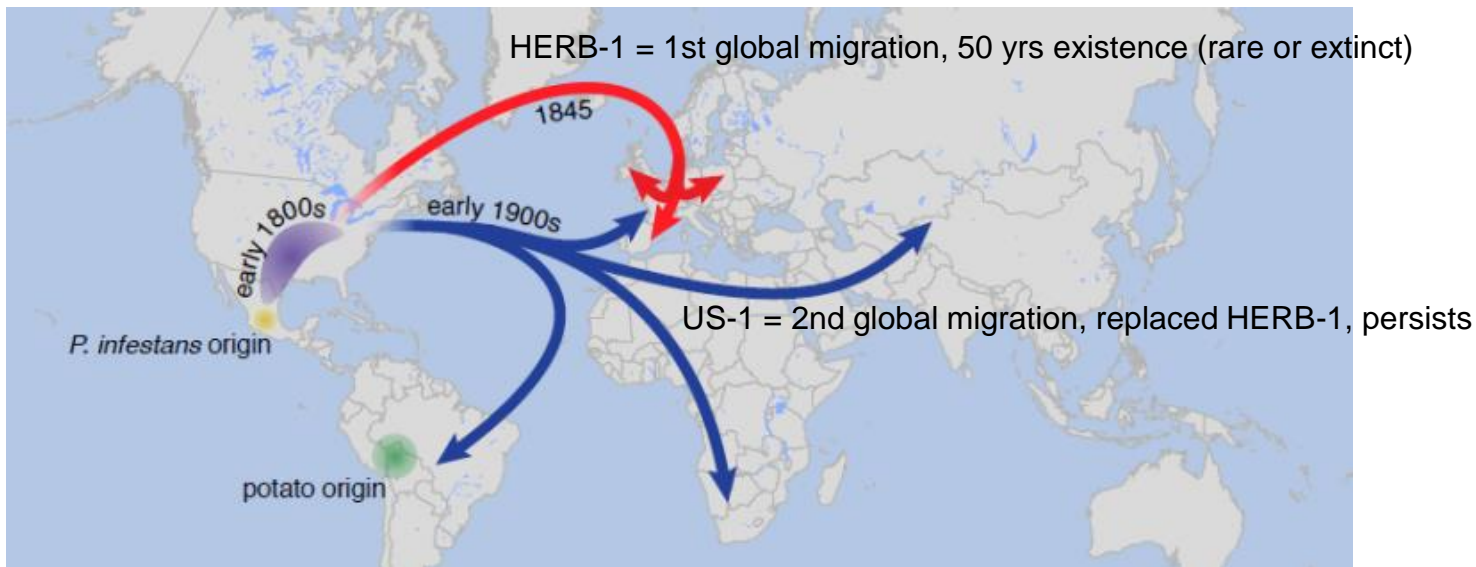
→ velice rychlá radiace a speciace *P. infestans*



www.psmicrographs.co.uk



www.inaturalist.org



Kentaro *et al.*, 2013, eLife

speciace – štěpení linií, výsledkem je vznik několika nových druhů z původního
Adaptivní radiace je diverzifikace druhů, která umožňuje vyplnění celé řady ekologických nik

Fylogeografie společenstev

- **Fylogeografie aplikovaná na více druhů současně**
 - Srovnání pravděpodobnosti platnosti různých modelů historického vývoje populací se stavem, který jsme reálně pozorovali v současnosti ...
 - Druhy stejného/podobného taxonomického zařazení
 - **Druhy na sebe vázané – vývojově, troficky.....**
 - Symbiont/hostitel
 - Patogen/hostitel
 - Herbivor/spásaný druh
 - Rekonstrukce koevoluce druhů

Koevoluce / Coevolution

Co je koevoluce? Ke koevoluci dochází, pokud:

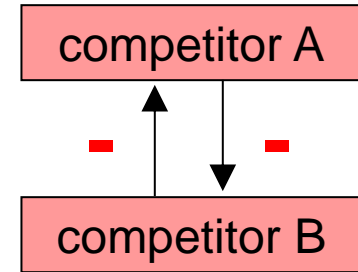
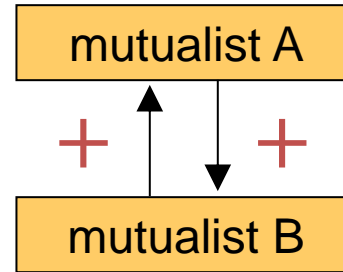
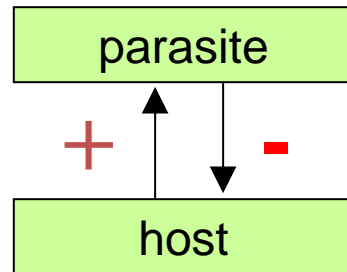
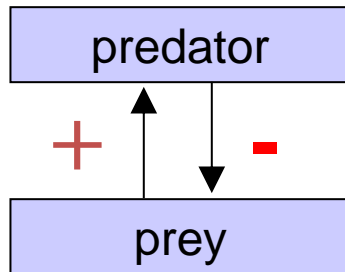
Dva (nebo více) druhy: 1) navzájem na sebe vyvíjejí selekční tlak, a
2) vyvíjejí se v důsledku vzájemného přizpůsobování

Kdy ke koevoluci dochází?

Selekční tlak je tím silnější, čím těsnější je ekologická vazba mezi druhy
“těsná” ekologická vazba = spíše probíhá u **specificky zaměřených druhů**
než u druhů s **širší ekologickou valencí** (nároky na určitý faktor)

Důležité ekologické vztahy vedoucí ke koevoluci:

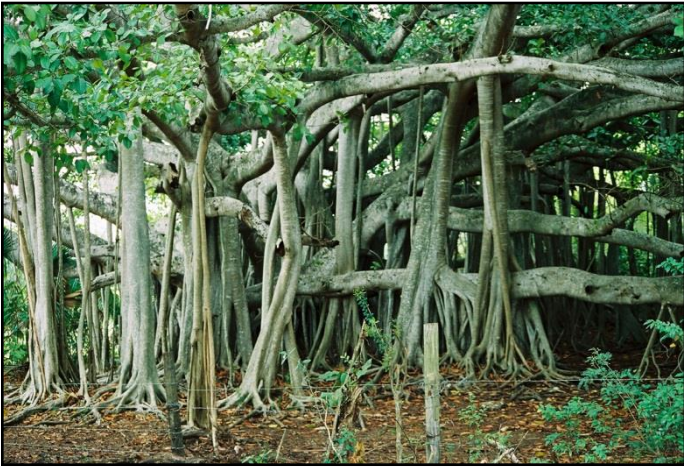
1) predátor & kořist 2) parazit & hostitel 3) mutualismus 4) kompetitoři



Mutualismus: fíkovníky – „fíkové“ vosičky

Fikus/fíkovník (*Ficus*)

- ~750 tropických druhů, které jsou závislé na opylování vosičkami z čeledi fíkovnicovití (*Agaonidae*)
- Každý druh fíkovníku je opylován jedním druhem vosičky
- Tyto komplexní a velmi specializované vztahy mezi fíkovníky a fíkovými vosičkami se vyvinuly před více než 34 miliony let



Fíky nejsou plody, ale specializovaný typ květenství se stovkami jednopohlavných květů (samčí, samičí, sterilní) nazývané *syconium* nebo fík



Mutualismus: fíkovníky – „fíkové“ vosičky

Fíkové vosičky, fíkovnice (Agaonidae)

Samečci: slepí, bezkřídlí, mají na „starost“ pouze páření a prokousání otvorů ve fíku, kterým samičky fík opustí

Samičky: ztrácí křídla při snaze dostat se dovnitř fíku, kladou vajíčka do sterilních nebo krátkočnělečných květů a přitom je opylují (pyl „donesou“ z květenství, ve kterém se narodily)

Velikost: 1,5 mm



samec



samička

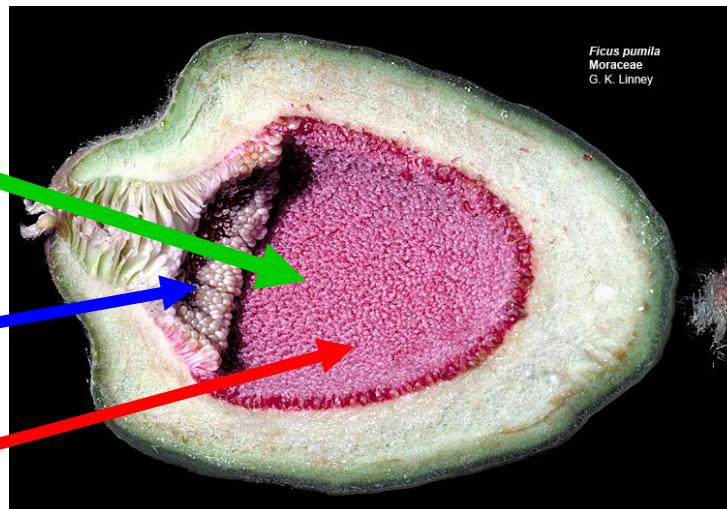
Koadaptace ... nemusí nutně znamenat koevoluci/kospeciaci – mezi hodnocenými druhy musí být prokázána těsná fylogenetická souvislost

- Fíky produkují specifické atraktanty pro dané opylovače
- Tvar apikálního póru odpovídá tvaru hlavy daného druhu vosiček
- Morfologie jednotlivých květů je přizpůsobena danému druhu vosiček

Vosička se dostává do fíku **apikálním pórem (ostiolem)** a klade vajíčka do samičích květů

samčí květy

samičí květy

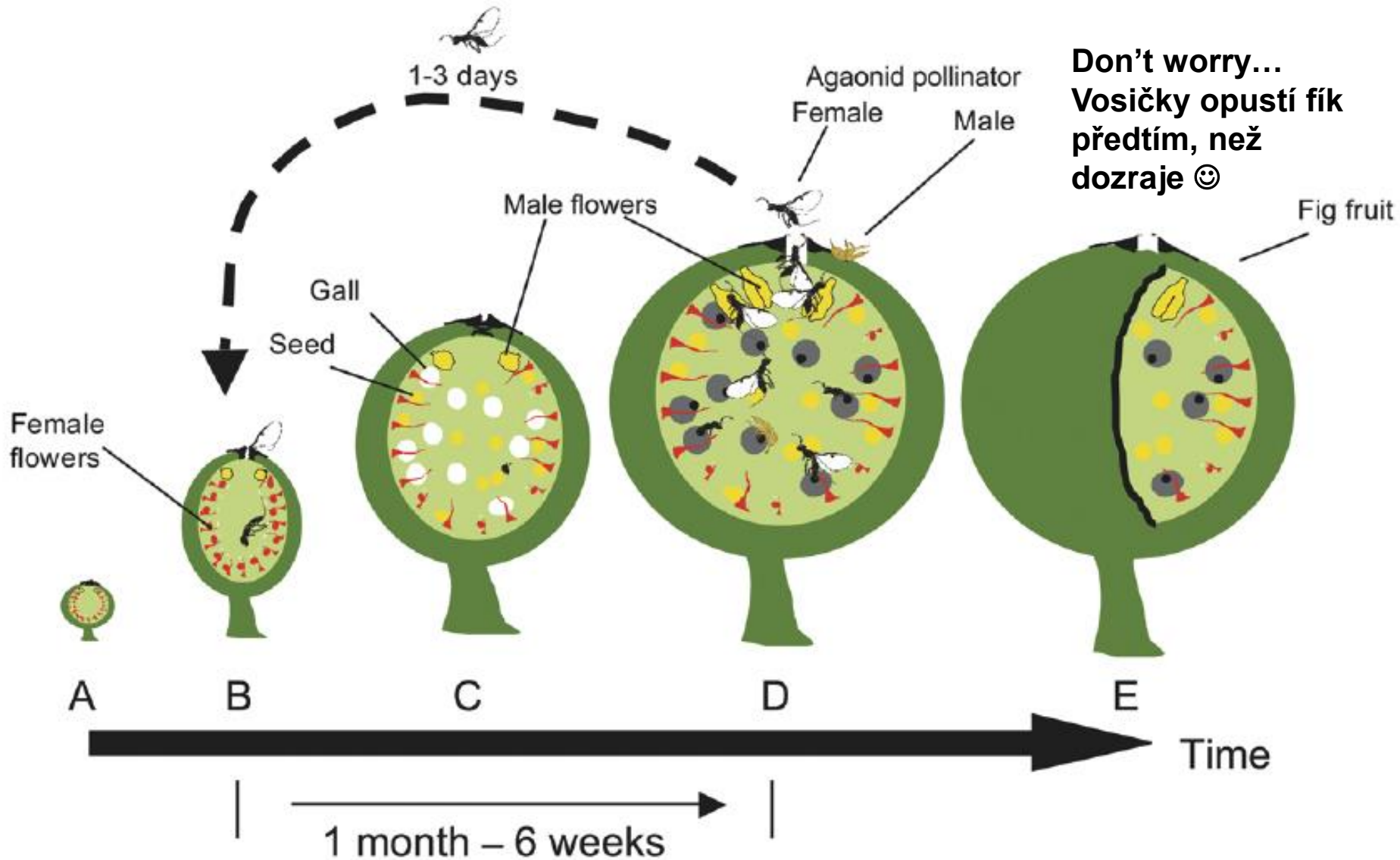


Čnělky květů mají různou délku – Vosičky kladou vajíčka pouze do květů sterilních nebo s krátkou čnělkou

Pollen



Mutualismus: fíkovníky – „fíkové“ vosičky



Parazitismus: fíkovníky – parazitické vosičky

Další aspekt...parasitismus

Kromě fíkovnic (opylující vosičky) se ve fících vyvíjejí larvy **parazitických vosiček**

Parazitické vosičky neopylují květy, vosy se nedostávají dovnitř fíku apikálním pórem.

Kladou vajíčka pomocí dlouhého kladélka, kterým probodnou stěnu fíku

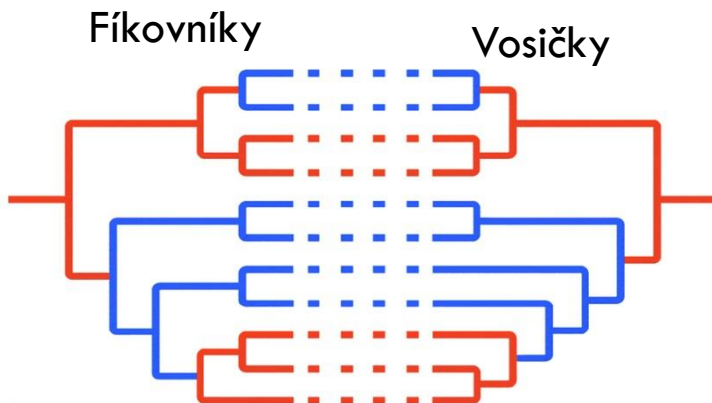
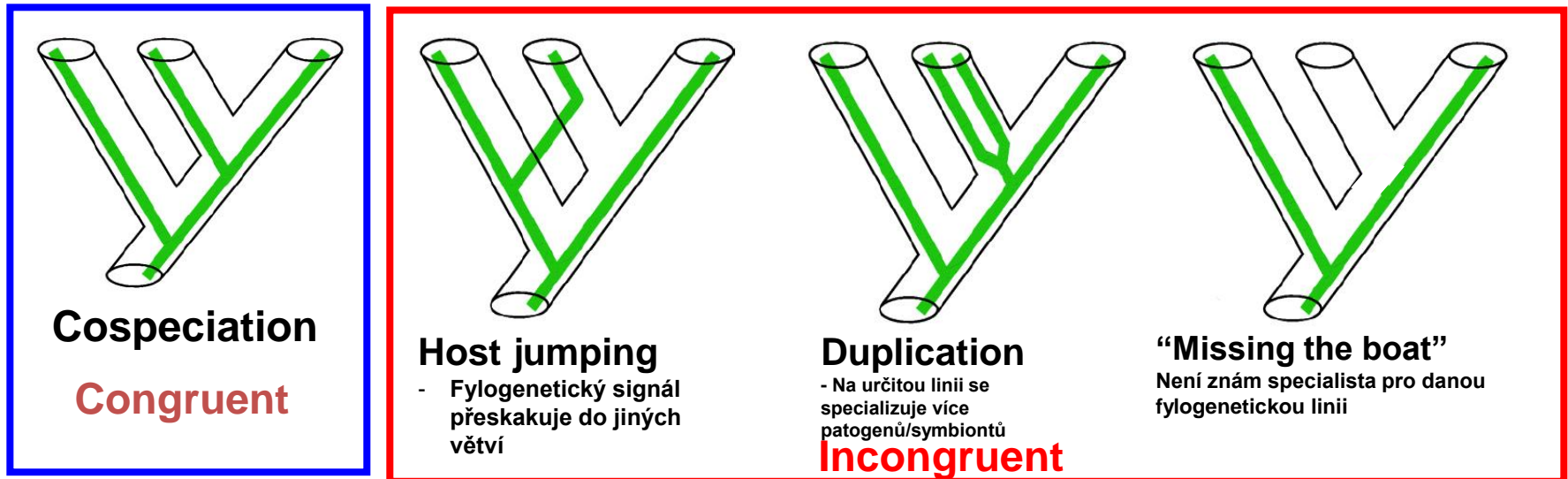


Parazitické vosičky redukuje fitness fíkovníků a opylujících vosiček

- Kladou vajíčka do květů, kam by mohly naklást vajíčka opylovači
- Kladou vajíčka do květů, které by jinak byly opylovány - míň semínek
- Některé druhy přímo zabijí opylovače

Mutualismus: fíkovníky – „fíkové“ vosičky

Abychom prokázali koevoluci dvou druhů, musíme dokázat, že srovnávané skupiny vykazují stejný fylogenetický záznam (proběhla kospeciace).

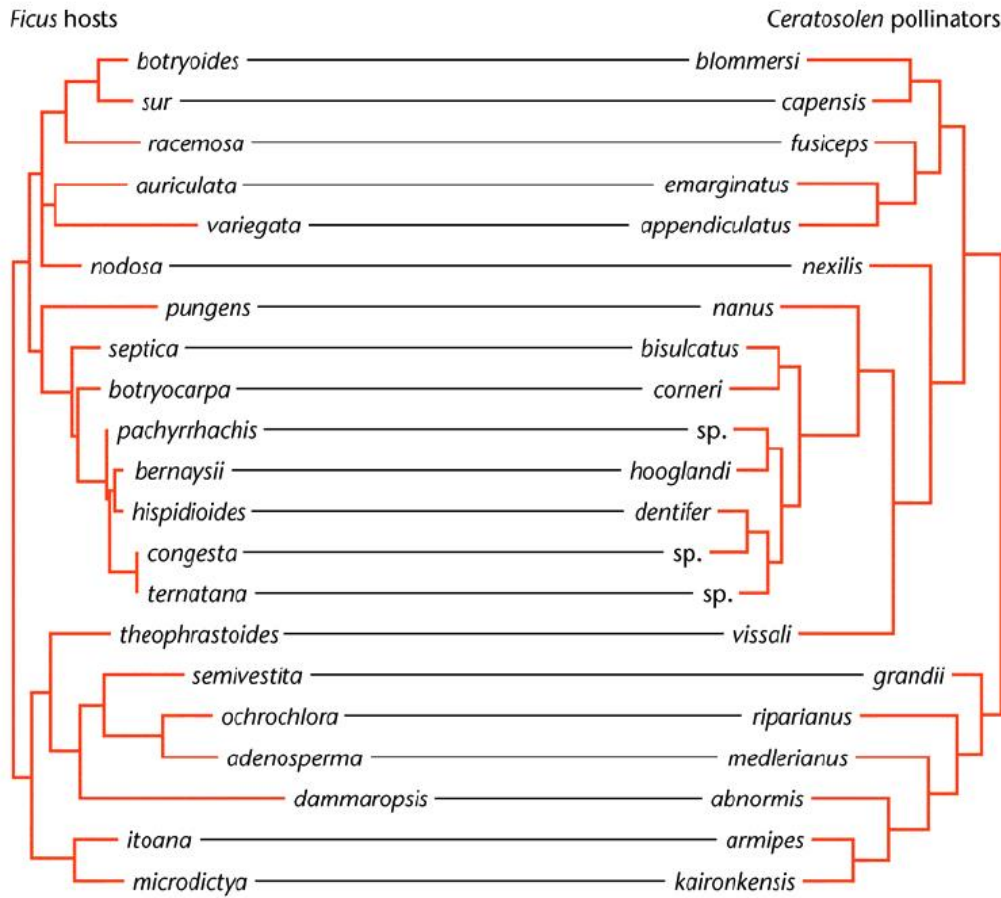


Srovnání topologie fylogenetických stromů pomocí statistické metody známé jako „phylogenetic reconciliation analysis“.
Testuje hypotézu, že dvě fylogenetické linie jsou rozdílné víc, než by to odpovídalo náhodě.

Mutualismus: fíkovníky – opylující vosičky

Kospeciace

Fíkovníky a vosičky vykazují vysokou úroveň kospeciace



Důkaz velmi těsných ekologických vztahů

Molecular Ecology (2002) 11, 1573–1578

SHORT COMMUNICATION
Speciation in fig pollinators and parasites

GEORGE D. WEIBLEN*† and GUY L. BUSH†

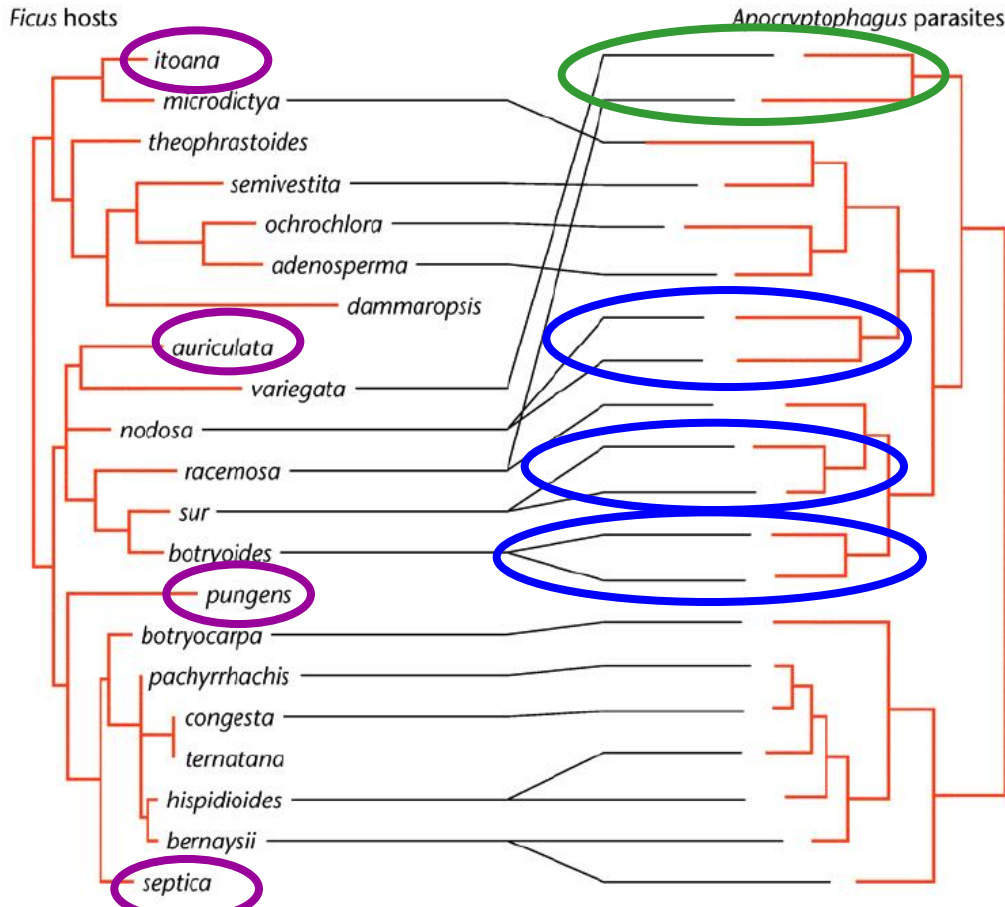
Weiblen & Bush (2002) *Mol. Ecol.* 11:1573-1578

Ficus - sekvenace ITS | *Ceratosolen* – sekvenace COI (cytochrom oxidase I)

říkovníky – parazitické vosičky

Kospeciace

Kospeciace říkovníků a jejich parazitických vosiček nebyla prokázána



Molecular Ecology (2002) 11, 1573–1578

SHORT COMMUNICATION
Speciation in fig pollinators and parasites

GEORGE D. WEIBLEN*† and GUY L. BUSH†

Weiblen & Bush (2002) *Mol. Ecol.* 11:1573-1578

Ficus - sekvenace ITS | *Anocryptophagus* – sekvenace COI (cytochrom oxidase I)

„Genomika krajiny“ - Landscape genomics



Review

TRENDS in Ecology and Evolution Vol.18 No.4 April 2003

189

Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics

Stéphanie Manel¹, Michael K. Schwartz², Gordon Luikart¹ and Pierre Taberlet¹

FREE-1709; No. of Pages 8

ARTICLE IN PRESS

Review

Available online 13 June 2013

Trends in Ecology & Evolution



Ten years of landscape genetics

Stéphanie Manel^{1,2} and Rolf Holderegger^{3,4}

¹Laboratoire LPED "Population Environnement, Développement" - UMR151 - Aix Marseille University - IRD Marseille, France

²UMR Botanique et Bioinformatique de l'Architecture des Plantes, CIRAD, TA 451-PS2 34398 Montpellier Cedex 5, France

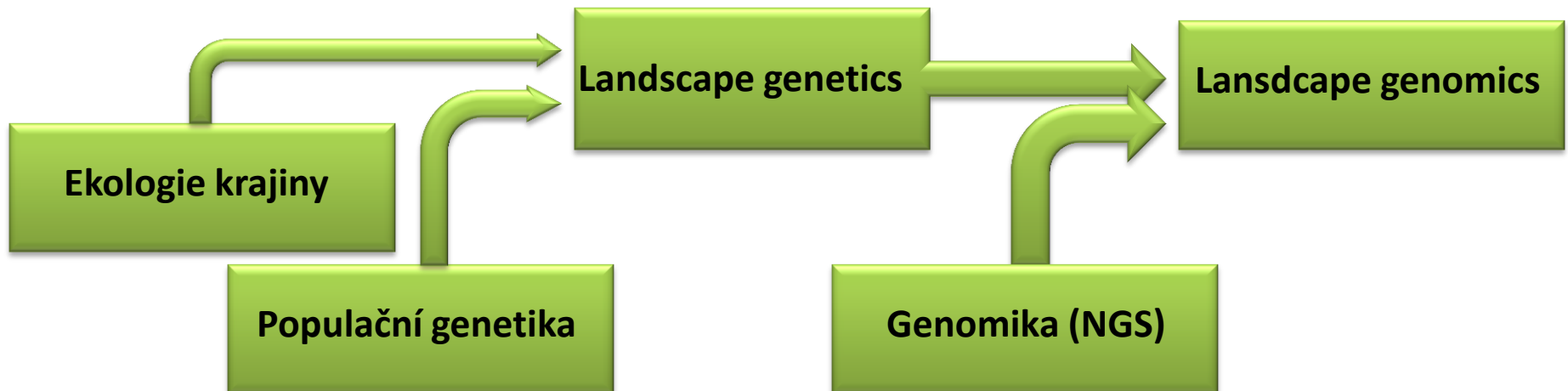
³WSL Swiss Federal Research Institute, Zürcherstrasse 111, CH-8903 Birmensdorf, Switzerland

⁴Institute of Integrative Biology, ETH Zürich, Universitätsstrasse 16, CH-8092 Zürich, Switzerland

Landscape genetics is now ten years old. It has stimulated research into the effect of landscapes on evolutionary processes. This review describes the main topics that

discipline with a particular focus on potential applications in terms of adaptation to global change and the conservation of natural resources.

- Studuje jaký má vliv charakter krajiny (zejména přírodní bariéry a koridory) na šíření rostlin a živočichů.
- Studuje vliv environmentálních faktorů na pozorovanou genetickou strukturu populace.
- Modelování šíření druhů v krajině.
- Predikce výskytu určitého druhu v minulosti/budoucnosti



Genomika krajiny

- Modelování šíření druhů v krajině
- Predikce výskytu určitého druhu v minulosti/budoucnosti

Reg Environ Change
DOI 10.1007/s10113-013-0544-1

ORIGINAL ARTICLE

Fine-scale spatial patterns of the Tertiary relict *Zelkova abelicea* (Ulmaceae) indicate possible processes contributing to its persistence to climate changes

Marta Bosque · Maria-Irene Adamogianni · Michael Bariotakis · Laurence Fazan · Markus Stoffel · Giuseppe Garfi · Joachim Gratzfeld · Gregor Kozłowski · Stergios Pirintzos

Received: 7 June 2013 / Accepted: 30 September 2013
© Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2013

Abstract In this paper, the fine-scale spatial patterns of the Tertiary relict *Zelkova abelicea* (Lam.) Boiss. were studied (1) to reveal processes that contributed to its persistence to climate changes and (2) to assist future conservation planning, with the purpose of shifting the attention of conservation practitioners from patterns to processes. Results of the fine-scale spatial patterns of *Z. abelicea* indicate that the species tolerates disturbance and/or tracks changes resulting from disturbance in the

range of its distribution through morphological and reproductive plasticity. In addition, our study indicates that *Z. abelicea* populations are conserved in the absence of metapopulation structure and that the species participates in plant-plant interactions through facilitation processes. Hence, the persistence of the species to climate changes seems to be more complicated and multifactorial than a linear and plain view of species survival in climate refugial areas, and therefore calls for a consideration of the processes revealed in this paper in future conservation planning.

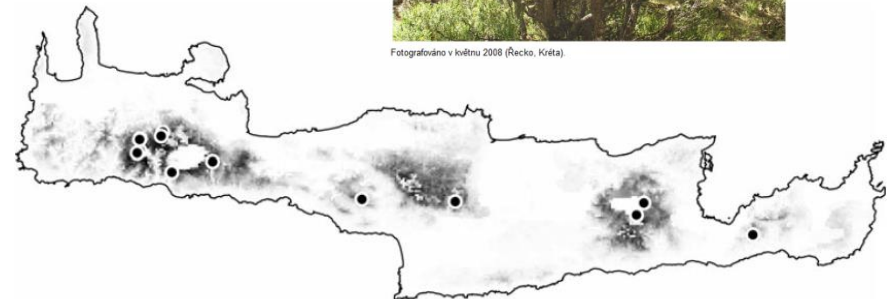
Electronic supplementary material The online version of this

Čeled': *Ulmaceae* Mirbel – jilmovité
- endemit řeckého ostrova Kréta, třetihorní relikv,



Fotografováno v květnu 2008 (Recko, Kréta)

Fig. 2 Predictive output of MaxEnt for the model. *Darker areas* represent areas of higher probability of occurrence of *Z. abelicea*. Current occurrence points are indicated with *black dots with white outlines*



Genomika krajiny

- Modelování šíření druhů v krajině
- Predikce výskytu určitého druhu v minulosti/budoucnosti

Better forecasts of range dynamics using genetic data

Trends in Ecology & Evolution

Damien A. Fordham¹, Barry W. Brook¹, Craig Moritz², and David Nogués-Bravo³

Opinion

Trends in Ecology & Evolution August 2014, Vol. 29, No. 8

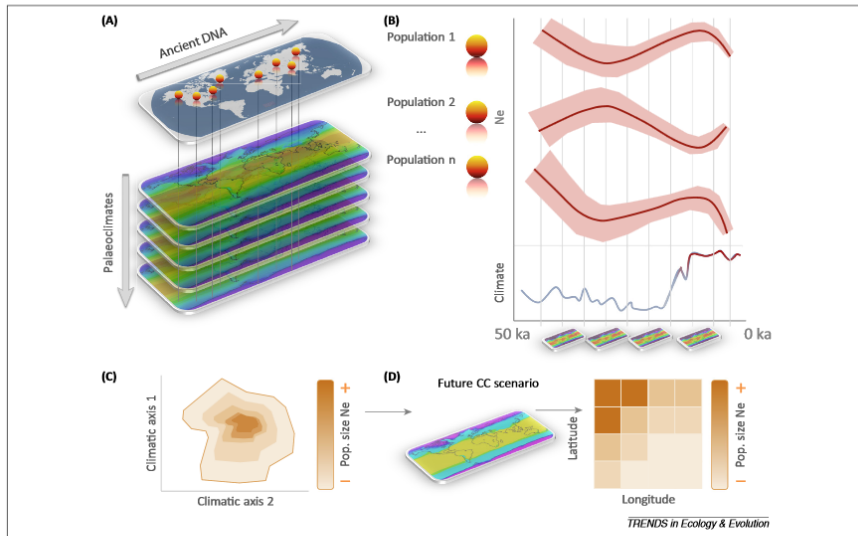


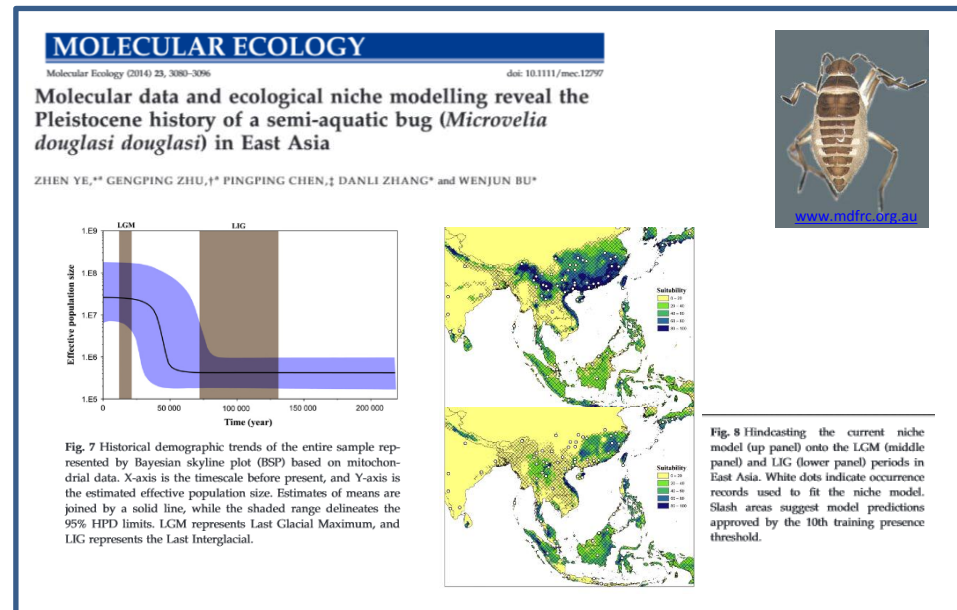
Figure 2. Illustration of the integration of ancient DNA (aDNA), palaeoclimatic simulations, and estimated genetically effective population sizes (N_e) through time in an environmental niche model framework, which can be used to forecast population responses to future climate change. (A) Localities with aDNA data (red spheres) and palaeoclimatic simulations from general circulation models can be organised in an explicitly spatial framework using a geographical information system. (B) aDNA can be used to infer N_e through time, matched to palaeoclimatic conditions for multiple populations. (C) By pooling climatic conditions and N_e across time and space, a climatic niche based on the variation of N_e across spatiotemporal climatic gradients can be inferred. This climatic niche can be statistically quantified using several mathematical algorithms (e.g., regression-based functions). Orange colours show different N_e values across climatic space. (D) Finally, the model-based characterisation of the environmental climatic niche can be transferred back into a geographical space for future climate change scenarios. Orange colours show the variability of projected abundances across geographical space.

Sediment (ancient) DNA (sedaDNA): ancient plant and animal DNA extracted directly from sediments.

Ancient DNA (aDNA): preserved genetic records recovered from ancient materials including human and animal bones and teeth, plant remains, and sediments.

Coalescence modelling: a retrospective approach to modelling DNA variation in a population, whereby alleles of a gene shared by all members of a population are traced back to a common ancestry in the context of population demography.

- Integrací výstupů:
 - paleoklimatologických dat
 - analýzy aDNA/sedaDNA
 - odhad efektivní velikosti populací v daném období a modelování výskytu vhodných stanovišť...
 - **PREDIKCE** odezvy populací na změnu klimatu v budoucnosti



MOLECULAR ECOLOGY

Molecular Ecology (2014) 23, 3080–3096

doi: 10.1111/mec.12797

Molecular data and ecological niche modelling reveal the Pleistocene history of a semi-aquatic bug (*Microvelia douglasi douglasi*) in East Asia

ZHEN YE,** GENGPING ZHU,^{1*} PINGPING CHEN,¹ DANLI ZHANG* and WENJUN BU*



www.mdfrc.org.au

Fig. 7 Historical demographic trends of the entire sample represented by Bayesian skyline plot (BSP) based on mitochondrial data. X-axis is the timescale before present, and Y-axis is the estimated effective population size. Estimates of means are joined by a solid line, while the shaded range delineates the 95% HPD limits. LGM represents Last Glacial Maximum, and LIG represents the Last Interglacial.

Fig. 8 Hindcasting the current niche model (top panel) onto the LGM (middle panel) and LIG (lower panel) periods in East Asia. White dots indicate occurrence records used to fit the niche model. Slash areas suggest model predictions approved by the 10th training presence threshold.

Forecasting changes in population genetic structure of alpine plants in response to global warming



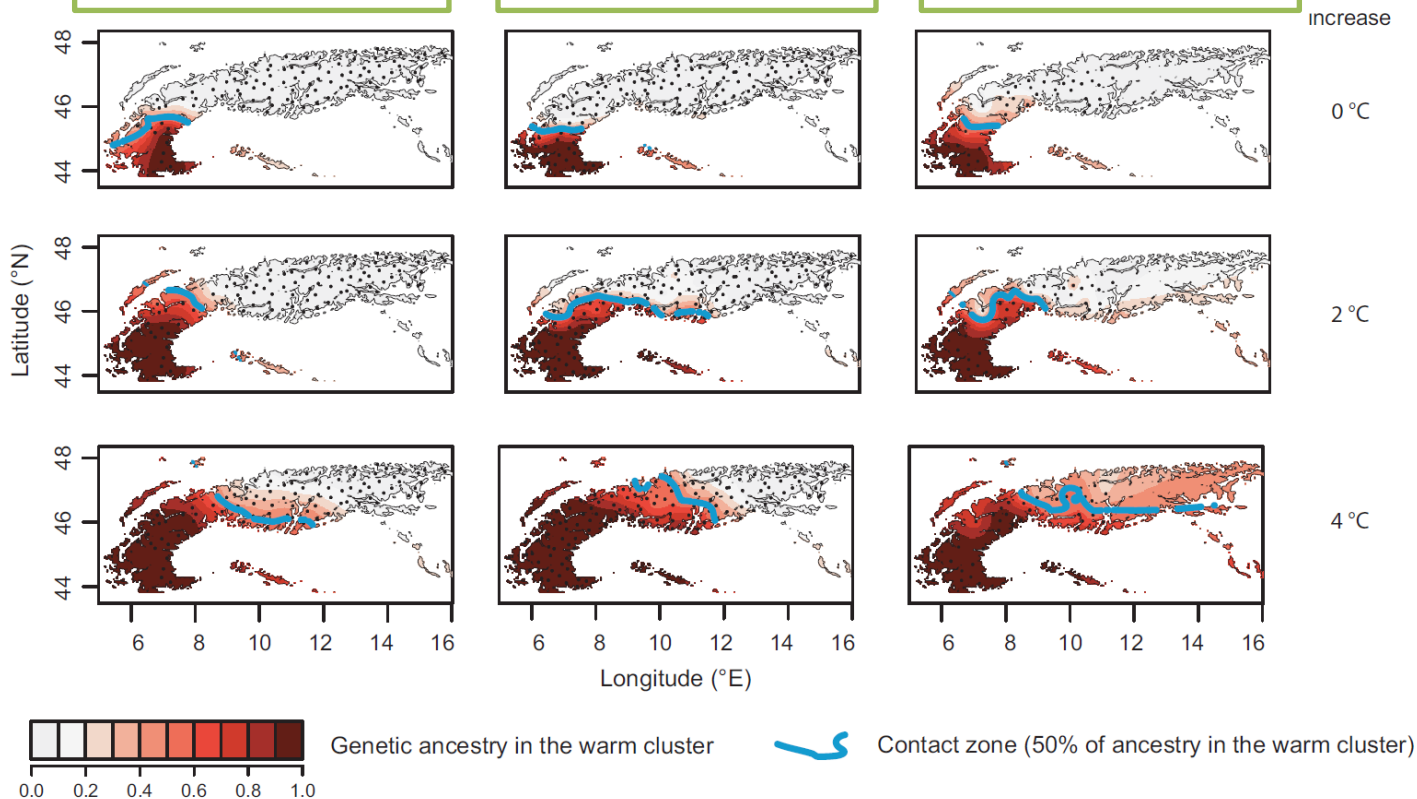
Koprníček jednoduchý
(*Ligusticum mutellinoides*)



Kuklík horský
(*Geum montanum*)



Jetel alpský
(*Trifolium alpinum*)



Modelování změn genetické struktury populací tří alpínských rostlin pod třemi různými teplotními modely změny klimatu (0-2-4°C). Jay *et al.* 2012

Posun kontaktních zón populací adaptovaných na různé teplotní podmínky (cold-warm environments)

- Populace adaptované na nižší teploty v severním okraji Alp může být nahrazena populacemi adaptovanými na vyšší teplotu – imigrace jedinců z jihozápadní části Alp.
- zvýšením teploty o 2°C se posunuje se kontaktní zóna mezi „cold“-“warm“ genotypy o 92 km v průměru (min 5, max 212km)
- Využití při odhadu migrace pre-adaptovaných genotypů při probíhajících klimatických změnách

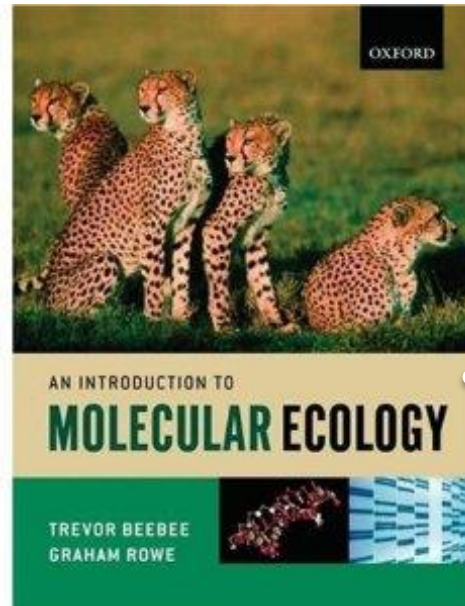
Klasická koncepce

Molekulární markery

Konzervační genetika

Populační genetika

Behaviorální ekologie



ostatní

Fylogeografie

That's all folks!