



Πανεπιστήμιο  
Αιγαίου

Ανοικτά  
Ακαδημαϊκά  
Μαθήματα



# Κατακερματισμένοι πληθυσμοί και Μετανάστευση

Κώστας Θεοδώρου, Επίκουρος Καθηγητής  
Τμήμα Περιβάλλοντος, Πανεπιστήμιο Αιγαίου

# Άδειες Χρήσης

Το παρόν υλικό διατίθεται με τους όρους της άδειας χρήσης Creative Commons Αναφορά, Μη Εμπορική Χρήση Παρόμοια Διανομή 4.0 [1] ή μεταγενέστερη, Διεθνής Έκδοση. Για εκπαιδευτικό υλικό, όπως εικόνες, διαγράμματα, κείμενα, που υπόκειται σε άλλου τύπου άδειας χρήσης, η άδεια χρήσης αναφέρεται ρητώς.



# Χρηματοδότηση

Το παρόν εκπαιδευτικό υλικό έχει αναπτυχθεί στο πλαίσιο του εκπαιδευτικού έργου του διδάσκοντα. Το έργο «**Ανοικτά Ακαδημαϊκά Μαθήματα στο Πανεπιστήμιο Αιγαίου**» έχει χρηματοδοτήσει μόνο τη αναδιαμόρφωση του εκπαιδευτικού υλικού.



Το έργο υλοποιείται στο πλαίσιο του Επιχειρησιακού Προγράμματος «Εκπαίδευση και Δια Βίου Μάθηση» και συγχρηματοδοτείται από την Ευρωπαϊκή Ένωση (Ευρωπαϊκό Κοινωνικό Ταμείο) και από εθνικούς πόρους.



# Μετανάστευση

---

## Μετανάστευση

είναι η μεταφορά γονιδίων από ένα πληθυσμό σε έναν άλλο πληθυσμό  
(Συνώνυμο: **Γονιδιακή Ροή**)

Η μετανάστευση αλλάζει τις αλληλικές συχνότητες των πληθυσμών



Η μετανάστευση είναι μια εξελικτική πίεση

Ρυθμός μετανάστευσης προς τον πληθυσμό  $i$  (από τον πληθυσμό  $j$ ),  $m_{ij}$  :

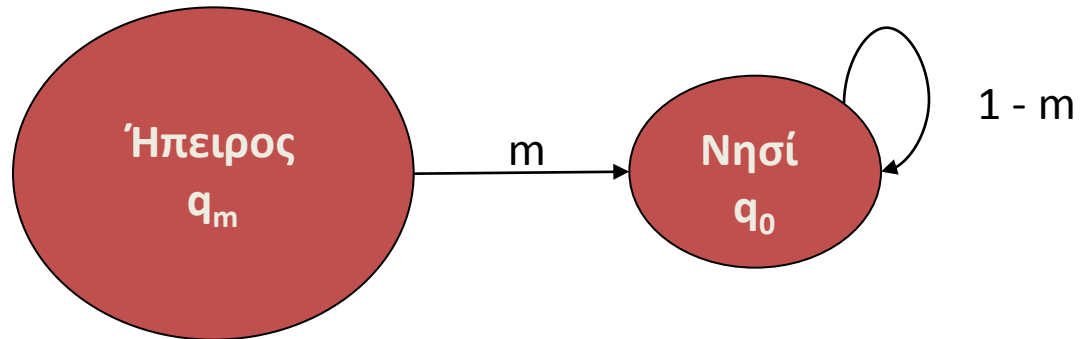
Το ποσοστό των ατόμων του πληθυσμού  $j$  που θα αναπαραχθεί στον πληθυσμό  $i$

Αριθμός μεταναστών από τον πληθυσμό  $j$  προς τον πληθυσμό  $i$  :

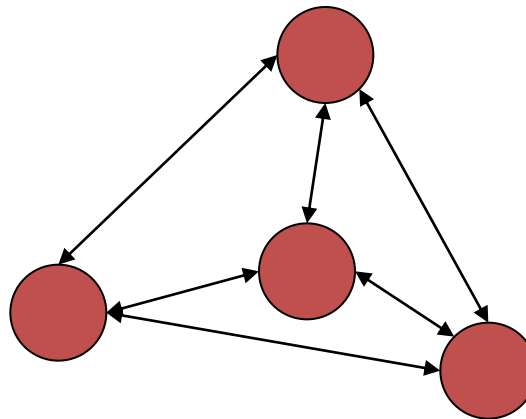
$N_j m_{ij}$  ( $N_j$ : το μέγεθος του πληθυσμού  $j$ )

# Πρότυπα μετανάστευσης

Ήπειρος – Νησί:



Νησιά:

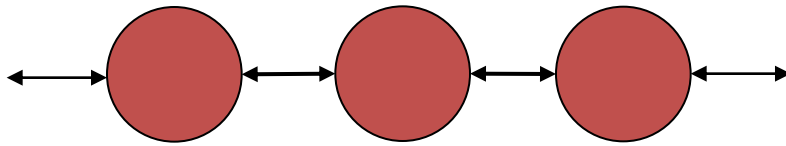


Η γονιδιακή ροή ανάμεσα στα νησιά γίνεται με τυχαίο τρόπο

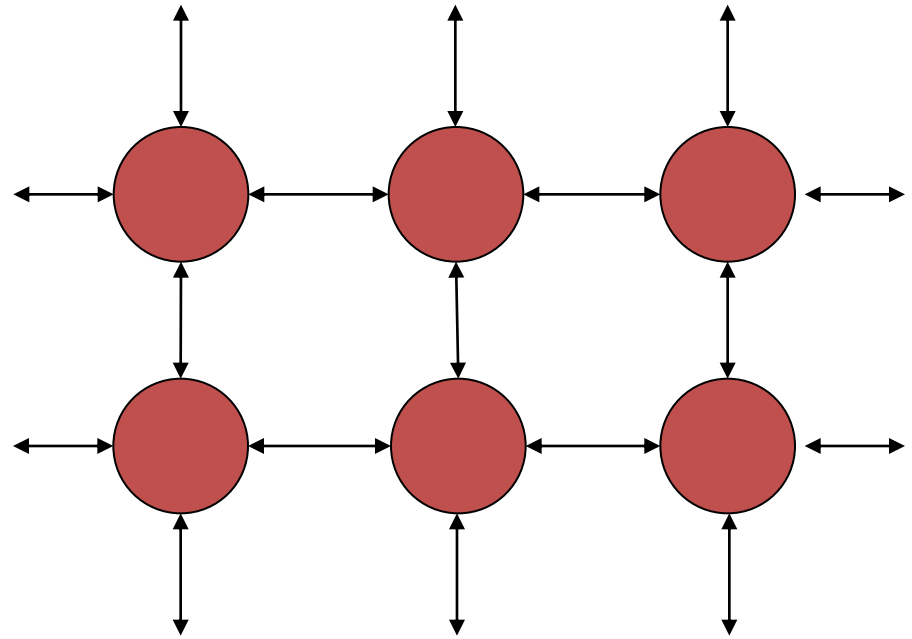
# Πρότυπα μετανάστευσης

Μετανάστευση βηματισμού:

Μίας διάστασης



Δύο διαστάσεων

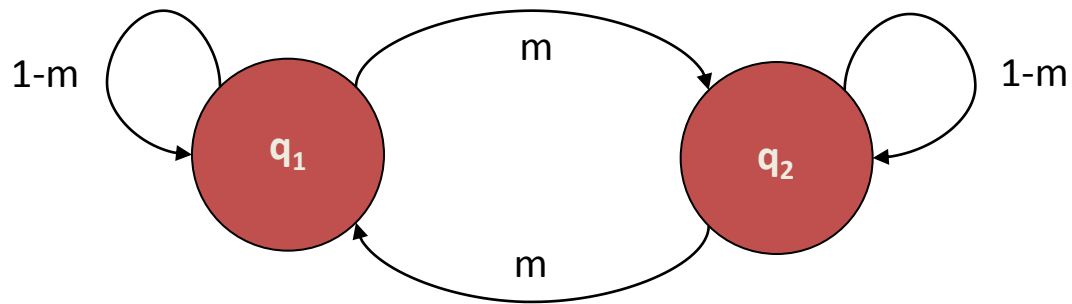


Απομόνωση λόγω απόστασης:

Ο πληθυσμός είναι συνεχής.

Όσο πιο απομακρυσμένα τα άτομα τόσο λιγότερες οι ανταλλαγές γονιδίων

## Μετανάστευση και γενετική διαφοροποίηση



Στην επόμενη γενιά:

$$q_1' = (1-m)q_1 + mq_2$$

Η αλλαγή στη συχνότητα:

$$\Delta q_1 = m(q_2 - q_1)$$

Στην ισορροπία:

$$q_2 = q_1$$



Οι πληθυσμοί τείνουν προς την ίδια αλληλική συχνότητα



Η μετανάστευση ομογενοποιεί τους διαφορετικούς πληθυσμούς

## Μετανάστευση και ομοξία

Χωρίς μετανάστευση:  $f_g = (1 / 2N) + (1 - 1 / 2N) f_{g-1}$

Με μετανάστευση:  $f_g = (1 / 2N) + (1 - 1 / 2N) (1-m)^2 f_{g-1}$

Υπόθεση: οι μετανάστες δεν είναι ούτε ομομικτικά άτομα, ούτε συγγενικά με τα άτομα του πληθυσμού υποδοχής

Στην ισορροπία ( $f_e = f_g = f_{g-1}$ ):  $f_e \approx \frac{1}{1 + 4Nm}$

⇒ Συγκρατεί τη γενετική ποικιλότητα του πληθυσμού

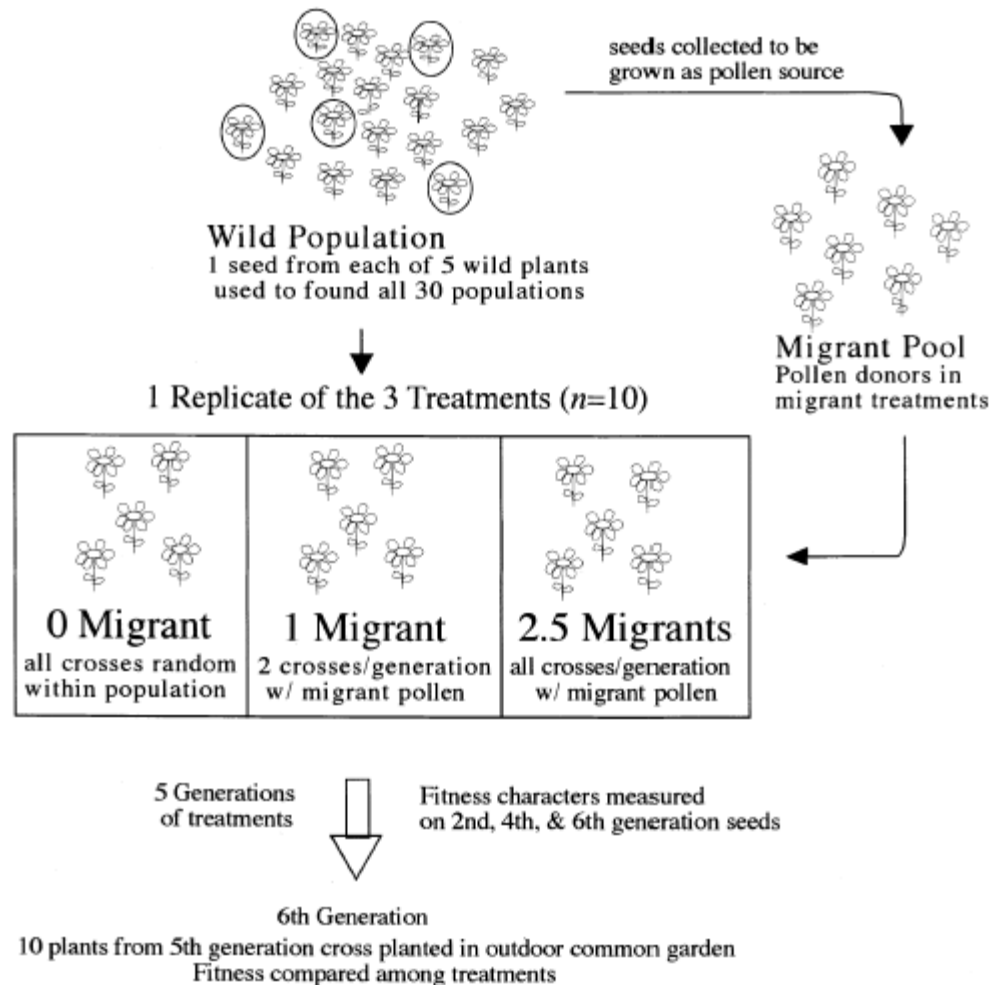
⇒ Ένας μετανάστης έχει το ίδιο αποτέλεσμα σε ένα πληθυσμό  $N = 1000$  και 10 ατόμων



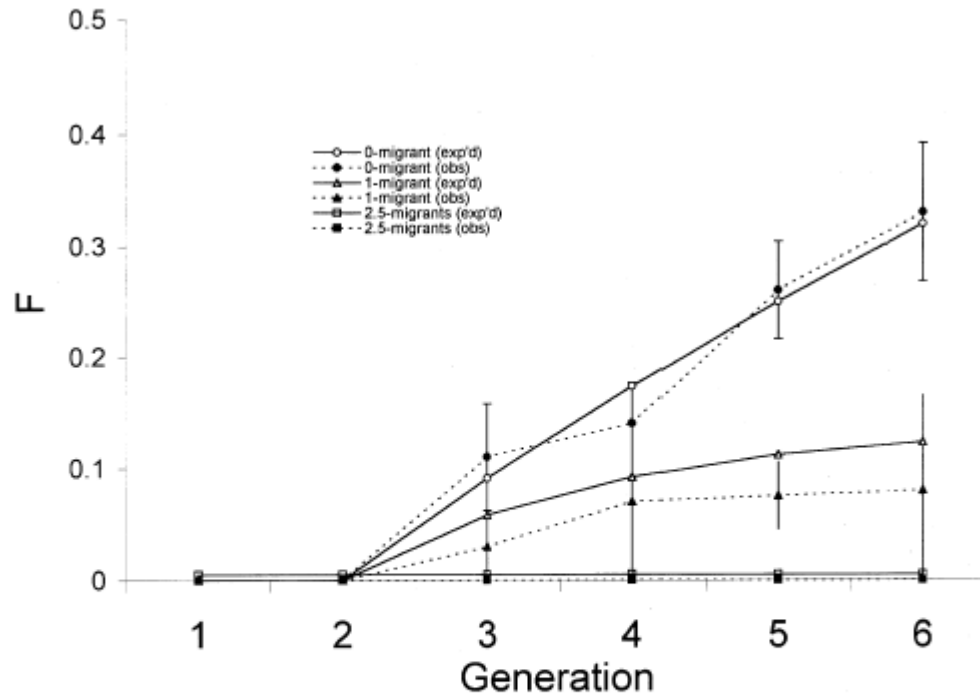
# Μετανάστευση και επιλογική τιμή

*Brassica campestris* (μουστάρδα):

## Experimental Design



## Συντελεστής Ομομιξίας

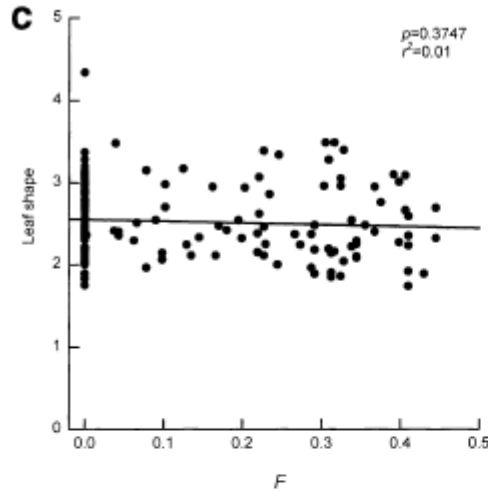


*Figure 2. Mean (SD) inbreeding coefficients for the 0-, 1-, and 2.5-migrant treatments calculated from known pedigrees for all Brassica campestris plants (obs) compared with expected values (exp'd).*

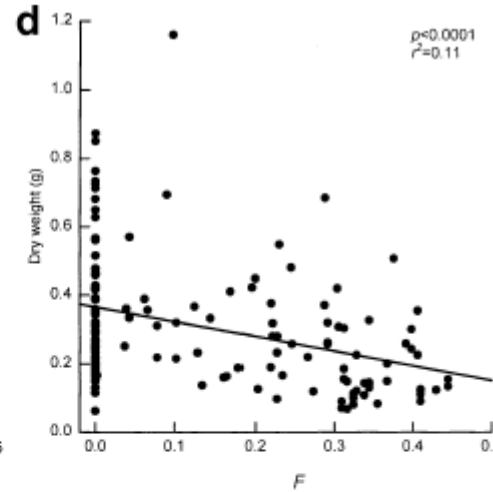
# Μετανάστευση και επιλογική τιμή

## Συνιστώσες της επιλογικής τιμής

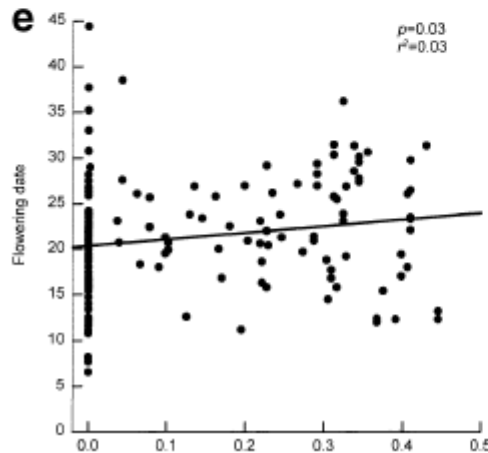
Σχήμα φύλλου  
(δεν επηρεάζει την  
επιλογική τιμή)



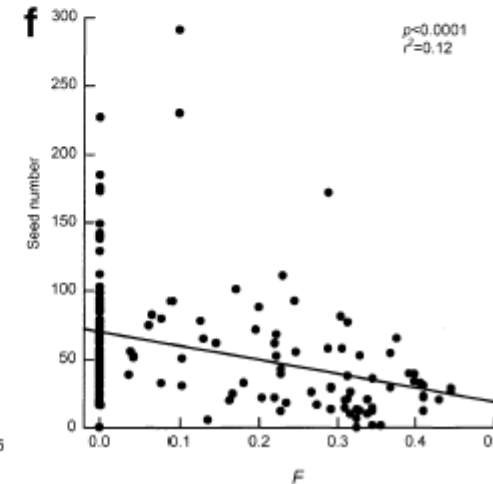
Ξηρό βάρος



Ημερομηνία  
άνθησης



Αριθμός σπόρων



Συντελεστής Ομομιξίας

## Μετανάστευση και επιλογική τιμή

Σύγκριση ανάμεσα στους πληθυσμούς με 0, 1, 2.5 μετανάστες ανά γενιά

Table 2. Mean values (SE) for six fitness characters and the nonfitness component of leaf shape measured for sixth-generation *Brassica campestris* plants from populations receiving 0, 1, or 2.5 migrants per generation.\*

<i>Character</i>	<i>Migration level per generation</i>			<i>Effects (p)</i>	
	<i>0</i>	<i>1</i>	<i>2.5</i>	<i>treatment</i>	<i>block</i>
Leaf shape	2.52 (0.11)	2.50 (0.10)	2.54 (0.11)		
Dry weight (g)	0.21 (0.03)	0.36 (0.06)	0.35 (0.04)	<0.005	<0.0005
Flowering date (days)	23.1 (1.8)	21.0 (1.3)	19.9 (1.5)		
Seed number	34.4 (7.0)	65.5 (12.9)	68.8 (10.2)	<0.005	<0.005

\*For all characters with significant treatment effects, the 1- and 2.5-migrant treatments are significantly different from the 0-migrant treatment but not from each other, as determined by least-squares differences tests. Bonferroni-corrected levels of significance are shown.

# Η Διατήρηση ενός απομονωμένου πληθυσμού οχιάς (*Vipera berus*)

## Σmygehuk:

- Μικρό ενδιαίτημα (50-200m πλάτος – 1km μήκος),
- Απομονωμένο από τα υπόλοιπα  
(περιβάλλεται από γεωργικές εκτάσεις και  
το κοντινότερο σε 20 km απόσταση)

## Κατάλληλο ενδιαίτημα



## Περιβάλλον χώρος



Genarp, Lovon, Påråd: Ενδιαιτήματα σε περιοχές μεγάλης αφθονίας της οχιάς

# Η Διατήρηση ενός απομονωμένου πληθυσμού οχιάς (*Vipera berus*)



## Δραστικό μέγεθος του πληθυσμού στο Smygehuk:

**Table 1. Effective population sizes of reproducing adults in an isolated population of adders, *Vipera berus*, at Smygehuk in southern Sweden**

Year	No. of adult females	No. of reproductive females	No. of adult males	No. of males that mated	Total no. of adults	No. of reproductive adults	Effective population size <sup>a</sup>
1984	13	9	25	13	38	22	21.27
1985	17	1	23	2	40	3	2.67
1986	11	5	23	13	34	18	14.44
1987	22	14	20	16	42	30	29.87
1988	17	6	20	12	37	18	16.00
1989	22	15	19	18	41	33	32.73
1990	17	4	17	10	34	14	11.43
Mean values	17.0	7.71	21.0	12.0	38.0	19.71	Arithmetic = 18.34 Harmonic = 9.9

<sup>a</sup>Effective population size is calculated from Wright's (1940) equation to compensate for skewed sex ratios:  $4N_mN_f/(N_m + N_f)$  where  $N_m$  = number of males,  $N_f$  = number of females.

# Η Διατήρηση ενός απομονωμένου πληθυσμού οχιάς (*Vipera berus*)



Αλληλικές συχνότητες και ετεροζυγωτία στους  
3 συνδεδεμένους πληθυσμούς και στον απομονωμένο (Smygehuk) :

Table 3. Allele frequencies (fast (F) and slow (S) alleles), observed ( $H_{obs}$ ), expected ( $H_{exp}$ ) and mean heterozygosity for two polymorphic loci (LDH and Prot-2) in three non-isolated (Lovön, Påråd and Genarp) and one isolated (Smygehuk) adder populations in southern Sweden

Population	LDH					Prot-2					Mean	
	F	S	$H_{obs}$	$H_{exp}$	$n$	F	S	$H_{obs}$	$H_{exp}$	$n$	$H_{obs}$	$H_{exp}$
Lovön	0.143	0.857	0.238	0.248	42	0.562	0.438	0.425	0.499	40	0.329	0.370
Påråd	0.222	0.778	0.333	0.355	18	0.333	0.667	0.333	0.457	18	0.333	0.406
Genarp	0.112	0.888	0.197	0.200	76	0.362	0.638	0.355	0.465	76	0.276	0.333
Smygehuk	0.000	1.000	0.000	0.000	41	0.900	0.100	0.150	0.182	40	0.074	0.090

## Η Διατήρηση ενός απομονωμένου πληθυσμού οχιάς (*Vipera berus*)



**Αναπαραγωγή στους πληθυσμούς του Smygehuk και Genarp:**

- Αριθμός απογόνων ανά γέννα χαμηλότερος στο Smygehuk.
- Ποσοστό θνησιγενών απογόνων:

**Smygehuk: 31.6 %**

**Genarp: 9 %**



## Η Διατήρηση ενός απομονωμένου πληθυσμού οχιάς (*Vipera berus*)



### Συμπεράσματα:

#### Ο πληθυσμός του Smygehuk

- έχει χαμηλό δραστικό μέγεθος
- παρουσιάζει χαμηλότερη γενετική ποικιλότητα από τους συνδεδεμένους πληθυσμούς
- παρουσιάζει έντονο ομομικτικό υποβιβασμό

## Η Διατήρηση ενός απομονωμένου πληθυσμού οχιάς (*Vipera berus*)



**Προσπάθεια Διατήρησης του πληθυσμού του Smygehuk:**

**1992: Εισαγωγή 20 αρσενικών από τους 3 συνδεδεμένους πληθυσμούς**

**1995: Επιστροφή των ατόμων στους αρχικούς πληθυσμούς**

# Η Διατήρηση ενός απομονωμένου πληθυσμού οχιάς (*Vipera berus*)

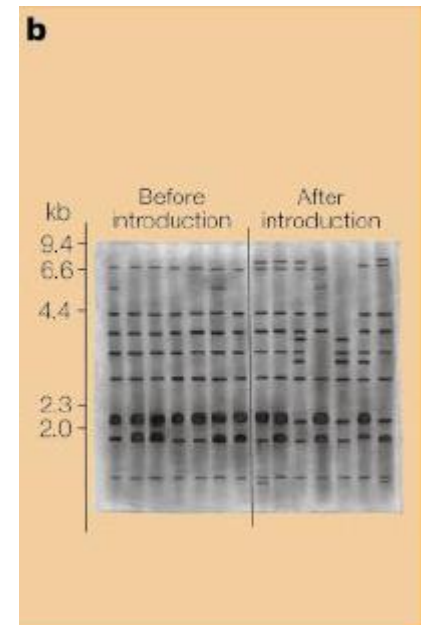
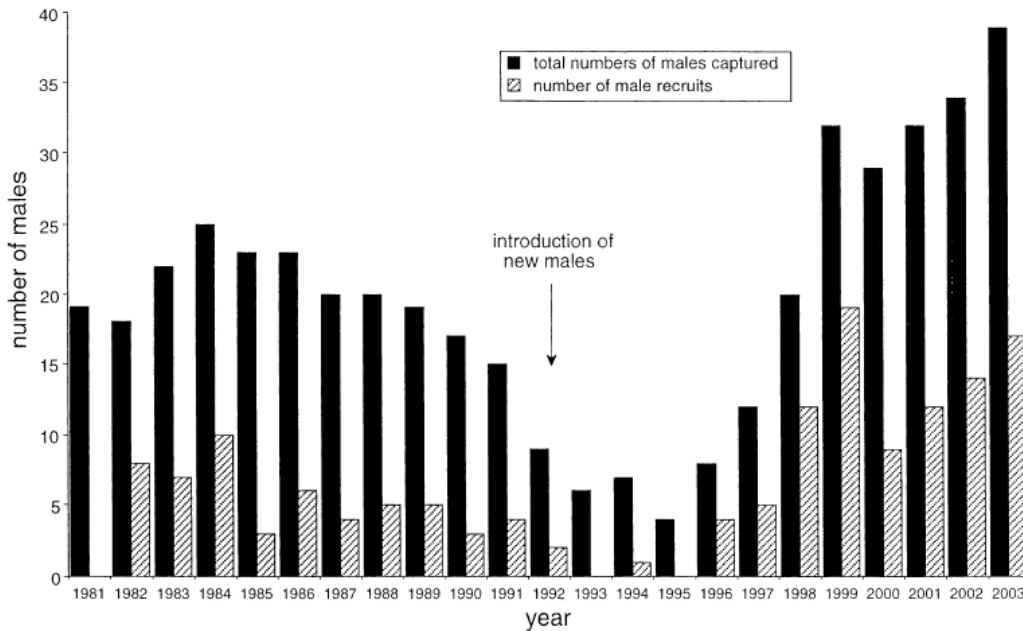
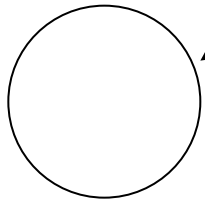


Fig. 1. Total number and number of recruiting males captured in Smygehuk from 1981 to 2003. The introduced males are not included in the figure.

Αριθμός ενήλικων αρσενικών (μαύρες ράβδοι)  
Αριθμός νεαρών ενήλικων αρσενικών (γκρι ράβδοι)

Γενετική ποικιλότητα 7 αρσενικών πριν την εισαγωγή (αριστερά)  
Γενετική ποικιλότητα νεαρών αρσενικών το 1999 (δεξιά)

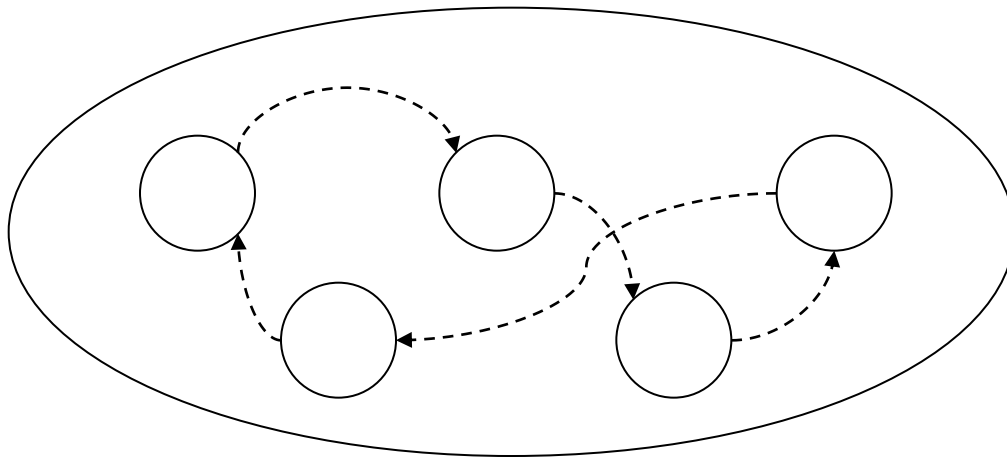
# Μετανάστευση και γενετική ποικιλότητα



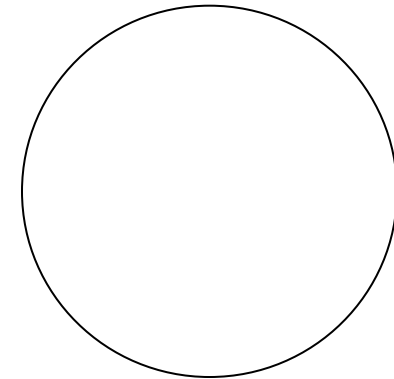
m

Η μετανάστευση αυξάνει τη γενετική ποικιλότητα του πληθυσμού

Πολλοί μικροί πληθυσμοί ασθενώς συνδεδεμένοι

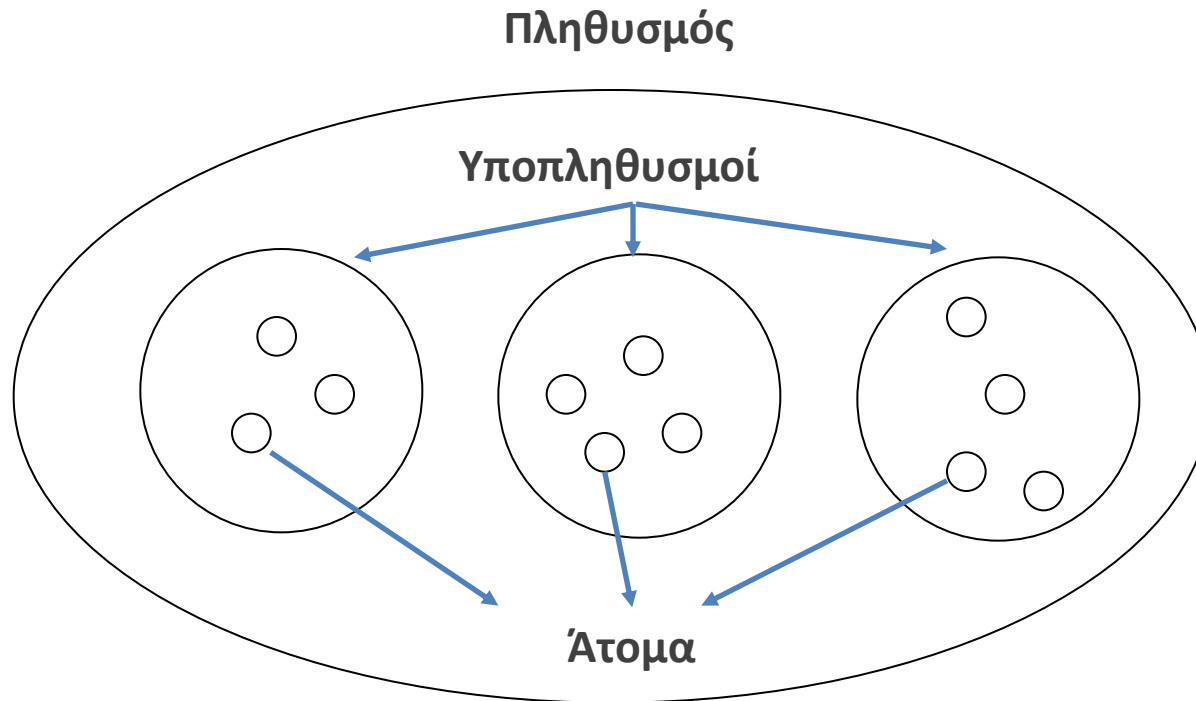


Ένας μεγάλος πληθυσμός



- Κάθε υποπληθυσμός έχει μικρή γενετική ποικιλότητα
- Ως σύνολο, ο κατατμημένος πληθυσμός έχει μεγαλύτερη ποικιλότητα από τον ένα μεγάλο πληθυσμό

## Γενετική δομή πληθυσμών – Συντελεστές F



$F_{ST}$  : μέτρηση της γενετικής διαφοροποίησης μεταξύ των υποπληθυσμών

$F_{IS}$  : μέτρηση της ομομιξίας στους υποπληθυσμούς που οφείλεται στο σύστημα αναπαραγωγής

$F_{IT}$  : μέτρηση της ομομιξίας του συνολικού πληθυσμού λόγω κατακερματισμού + συστήματος αναπαραγωγής

## Γενετική δομή πληθυσμών – Συντελεστές F

---

$F_{IS}$  (απόκλιση από H – W στους υποπληθυσμούς):

$$H_i = 2p_i q_i (1 - F_{IS})$$

$F_{ST}$  (διαφοροποίηση ανάμεσα στους υποπληθυσμούς):

$$F_{ST} = \frac{Var(p)}{\bar{p}\bar{q}}$$

$F_{IT}$  (απόκλιση από H – W στο συνολικό πληθυσμό):

$$H = 2\bar{p}\bar{q}(1 - F_{IT})$$

## Γενετική δομή πληθυσμών – Συντελεστές F

---

Η σχέση αυτή διακρίνει τι από τη συνολική γενοτυπική δομή του πληθυσμού οφείλεται

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

στους μηχανισμούς στο εσωτερικό των υποπληθυσμών (σύστημα αναπαραγωγής)

στη διαφοροποίηση των πληθυσμών λόγω απομόνωσης

## Γενετική δομή πληθυσμών – Συντελεστές F

$F_{ST}$  : δείκτης της μετανάστευσης μεταξύ των υποπληθυσμών

(Όσο πιο συνδεδεμένοι οι υποπληθυσμοί τόσο μικρότερος ο  $F_{ST}$ )

Μοντέλο Νήσων: 
$$F_{ST} \approx \frac{1}{1 + 4Nm}$$

$F_{IS}$ : συνδεδεμένος με το σύστημα αναπαραγωγής (π.χ. μερική αυτογονιμοποίηση)

Επίσης,  $F_{IS}$  συνδεδεμένο και με τη θεώρηση μας για το τι είναι πληθυσμός:  
ψάχνουμε να βρούμε το μέγιστο μέγεθος μέχρι το οποίο έχουμε τυχαίες διασταυρώσεις  
(γειτονία)



## Εστ διαφόρων ειδών

---

### Σπονδυλωτά:

57 Θηλαστικά:  $0.242 \pm 0.030$

16 Πουλιά:  $0.076 \pm 0.020$

22 Ερπετά:  $0.258 \pm 0.050$

33 Αμφίβια:  $0.315 \pm 0.040$

79 Ψάρια:  $0.135 \pm 0.040$

202 Είδη:  $0.202 \pm 0.015$

### Φυτά:

407 Είδη:  $0.224 (0.099 - 0.510)$

### Ασπόνδυλα:

46 Έντομα:  $0.097 \pm 0.015$

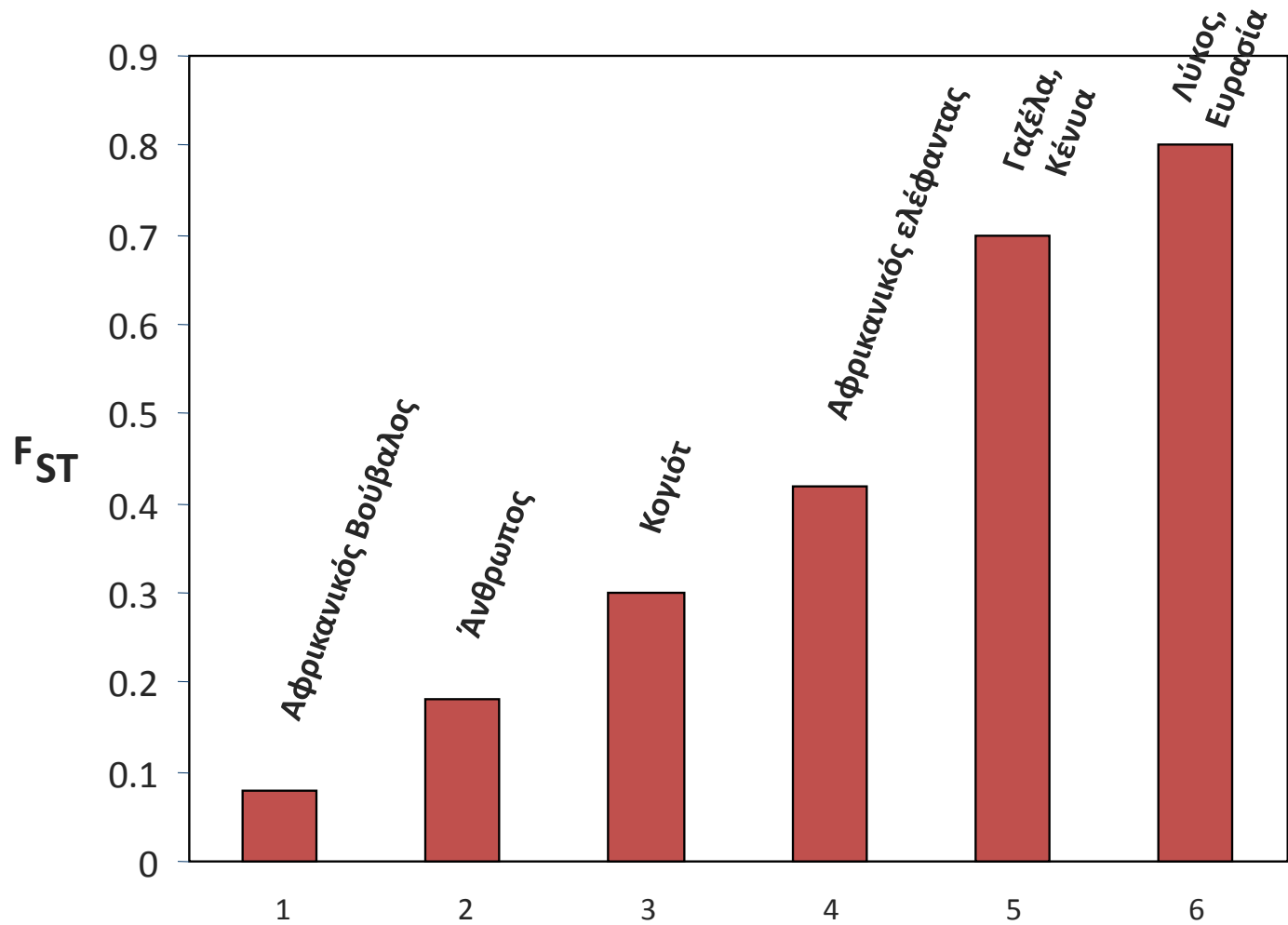
19 Μαλακόστρακα:  $0.169 \pm 0.061$

44 Μαλάκια:  $0.258 \pm 0.050$

5 Διάφορα:  $0.060 \pm 0.021$

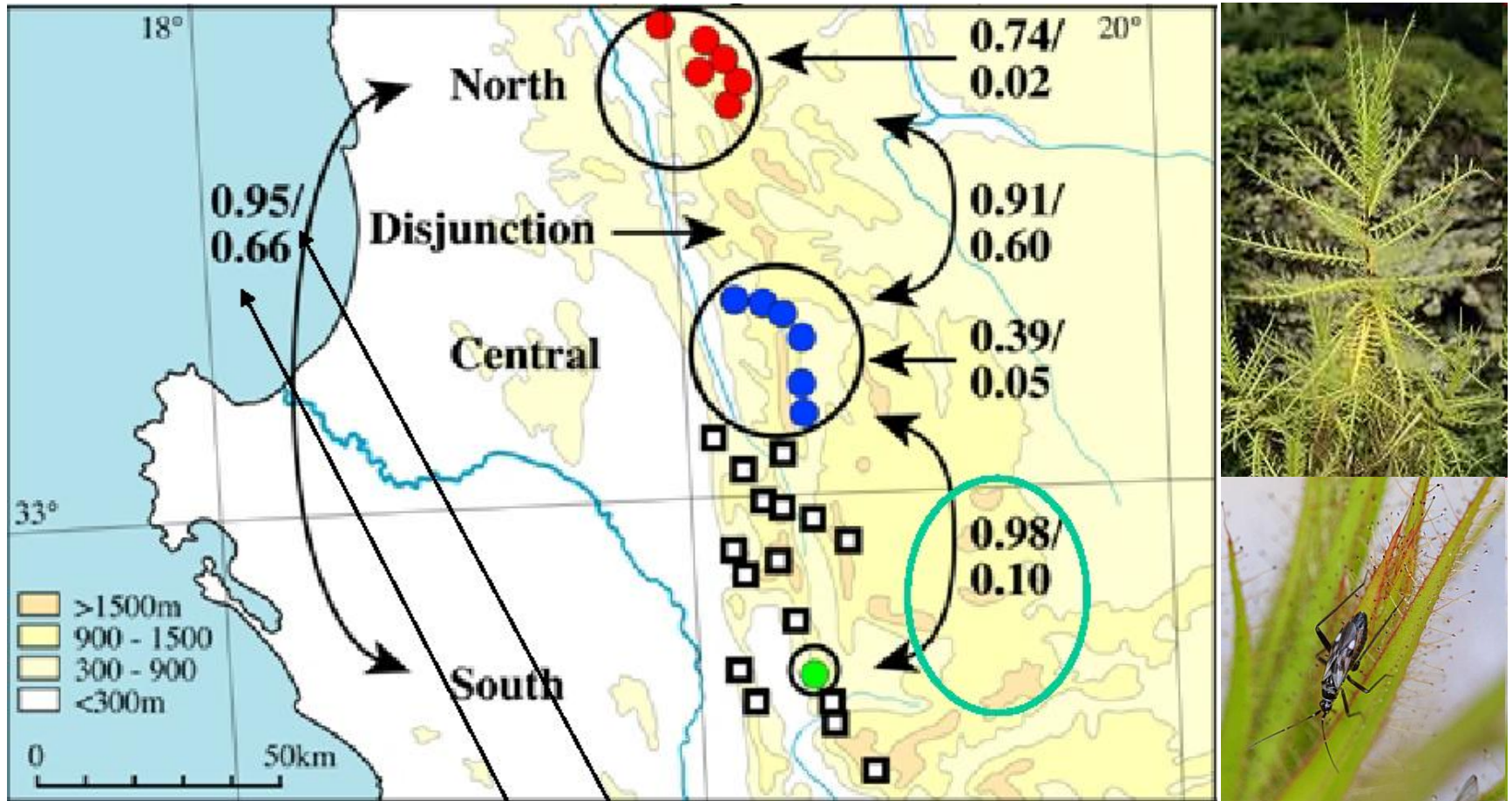
114 Είδη:  $0.171 \pm 0.020$

# F<sub>ST</sub> διαφόρων ειδών



## Έστ δύο ειδών σε συμβίωση

Το σαρκοφάγο φυτό *Roridula dentata* και το συμβιωτικό του έντομο *Pameridea marlothi* στη Νότια Αφρική



$F_{ST}$  εντόμου /  $F_{ST}$  φυτού

## F<sub>ST</sub> στον άνθρωπο

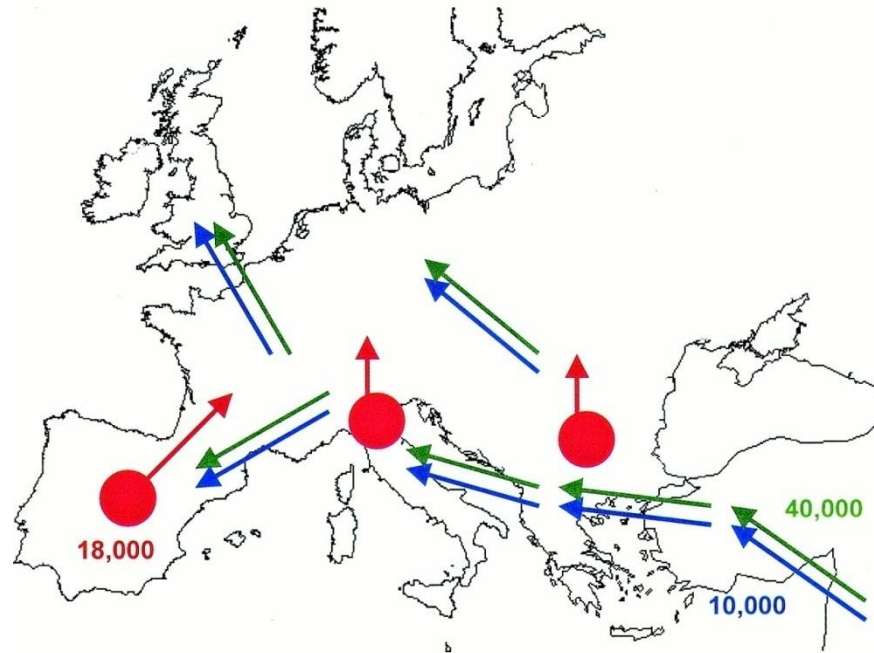
---

Η γενετική διαφοροποίηση των Νορβηγών σε σχέση με άλλους Ευρωπαϊκούς πληθυσμούς

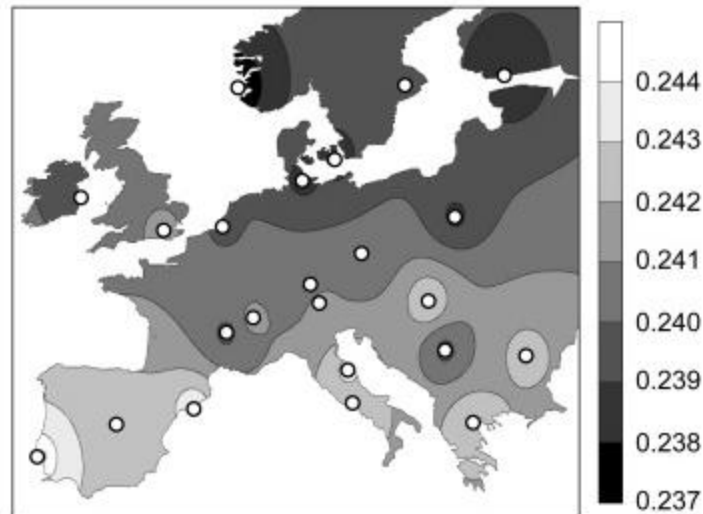
Ανδαλουσιανοί	0.2030
Βάσκοι	0.3519
Καταλανοί	0.2583
Γάλλοι	0.1041
Δανοί	0.1511
Γερμανοί	0.0254
Τσέχοι	0.0376
Βόρειο-Ιταλοί	0.1733
Κροάτες	0.0189
Αλβανοί	0.0956
Έλληνες	0.1178
Πολωνοί	0.0917
Ούγγροι	0.1472
Γεωργιανοί	0.2144
Τούρκοι	0.2012

**Στον άνθρωπο: 85% της γενετικής διαφοροποίησης οφείλεται στις διαφορές ανάμεσα στα άτομα στο εσωτερικό των εθνοτήτων (και όχι σε διαφορές ανάμεσα στις εθνότητες)**

# Γενετική ποικιλότητα του ευρωπαϊκού πληθυσμού



Ετεροζυγωτία



# Οικολογικοί παράγοντες που επηρεάζουν τη γενετική δομή των πληθυσμών

## Αναμενόμενα αποτελέσματα

Οικολογικός παράγοντας	Γενετική ποικιλότητα στο εσωτερικό των πληθυσμών	Γενετική διαφοροποίηση ανάμεσα στους πληθυσμούς
<u>Σύστημα αναπαραγωγής</u> Ομομικτικό σύστ. αναπαρ. Παμμικτικό σύστ. αναπαρ.	Χαμηλή Υψηλότερη	Υψηλή Χαμηλότερη
<u>Μηχανισμός Επικοινωνίας</u> Μέσω των εντόμων Μέσω του ανέμου	Χαμηλή (περιορισμένη διασπορά της γύρης) Υψηλή	Υψηλή Χαμηλή
<u>Κύκλος ζωής</u> Βραχύβια Μακρόβια	Μειωμένη Αυξημένη (μειώνει τη γενετική παρέκκλιση και αυξάνει τη πιθανότητα μετανάστευσης)	Αυξημένη Μειωμένη
<u>Μέγεθος πληθυσμού</u> Μεγάλο και σταθερό Μικρό και σταθερό Κυμαινόμενο μέγεθος	Υψηλή Χαμηλή (γενετική παρέκκλιση) Χαμηλή (γενετική παρέκκλιση)	Αλληλεπίδραση μεταξύ γενετικής παρέκκλισης και μετανάστευσης