

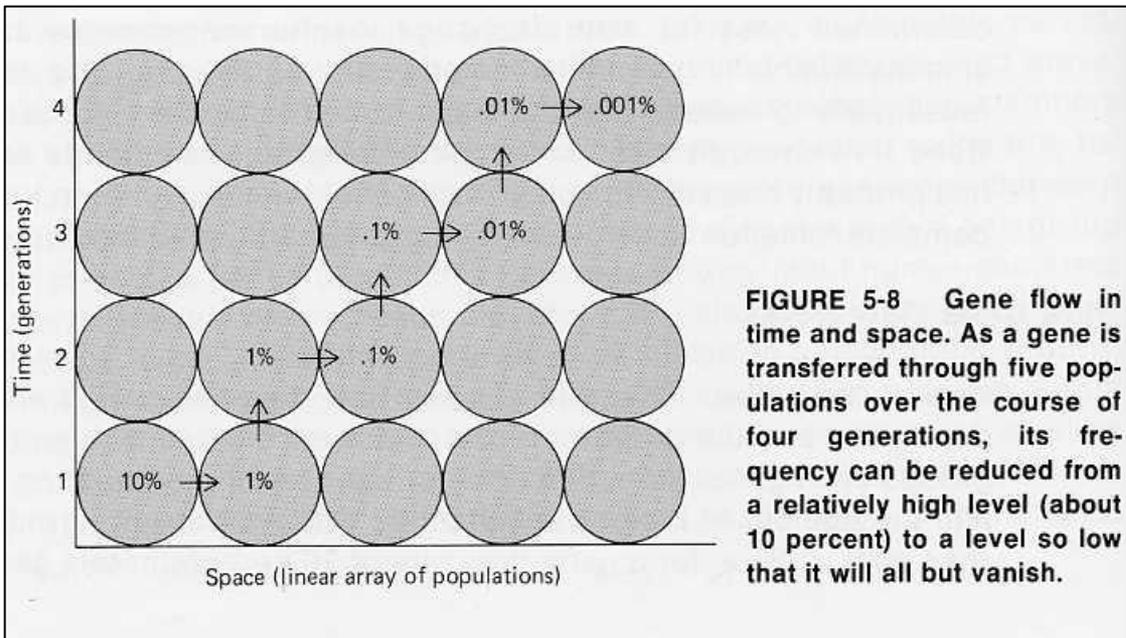
MIGRAZIONE E FLUSSO GENICO

migrazione / flusso genico

FLUSSO GENICO: - scambi genetici tra popolazioni

- movimento di ALLELI da un pool genico ad un altro per migrazione di individui

Il trasferimento di alleli tra due popolazioni è mediato dalla riproduzione: gli individui portatori di nuovi geni devono riprodursi per contribuire al pool genico delle generazioni successive



CONSEGUENZE DEL FLUSSO GENICO:

Aumento della variabilità genetica entro popolazione per introduzione di nuovi alleli.

Diminuzione della variabilità genetica tra popolazioni.

Migrazione / flusso genico – movimento di geni da una popolazione all'altra

1. **Aumenta la numerosità effettiva di una popolazione**
2. **Introduce e diffonde alleli unici nella nuova popolazione**
3. **Se le frequenze alleliche delle popolazioni migranti e residenti differiscono, il flusso genico cambia le frequenze alleliche della popolazione residente**
4. **Ostacola la fissazione degli alleli**

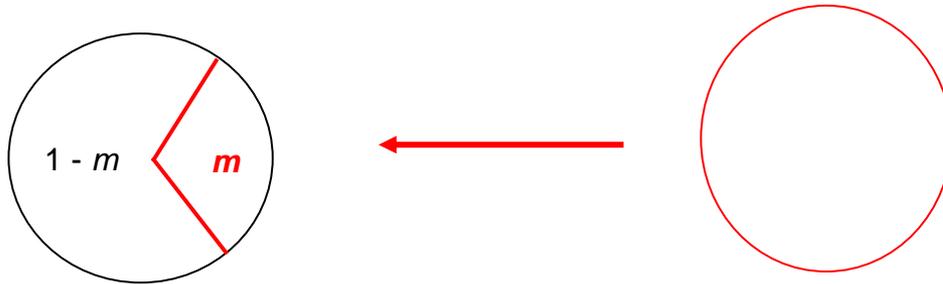
Tende ad omogeneizzare i pool genici delle popolazioni per

- migrazioni e riproduzione
- ibridazione: mescolamento tra grandi gruppi

Migrazione unidirezionale

- avviene quando la migrazione da una popolazione (A) ad un'altra (B), senza un'eguale migrazione nella direzione opposta.

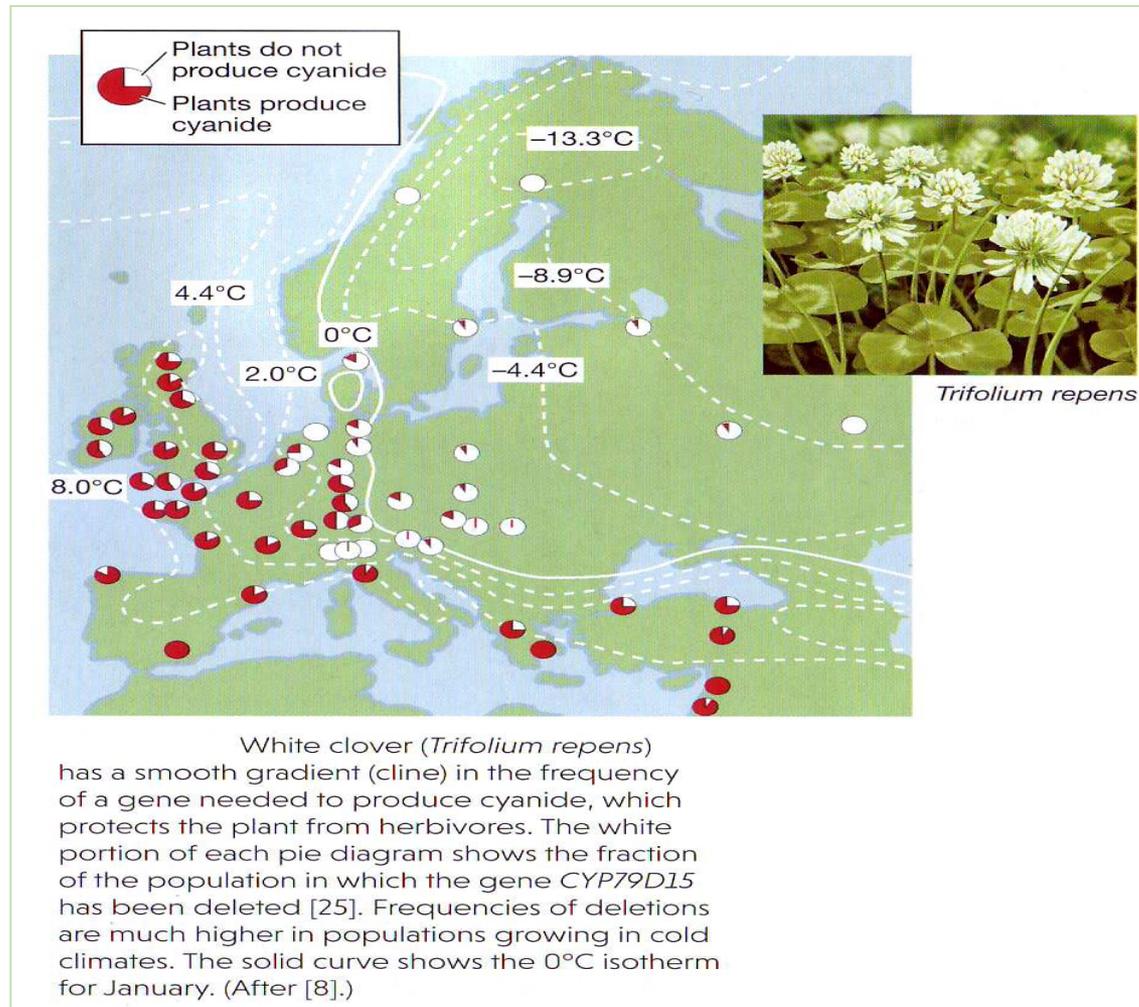
m è la **proporzione di individui che non discendono da genitori residenti**, ma da immigrati dell'ultima generazione.



Nella generazione successiva **$(1 - m)$ geni** discenderanno dai residenti, mentre **m geni** discenderanno dai migranti.

Un flusso genico basso, ma costante nel tempo e unidirezionale può produrre un **CLINE GENETICO**: cambiamento progressivo delle frequenze alleliche in una data area geografica .

Le piante che producono cianide sono meno appetibili per gli erbivori – soprattutto topi e lumache – tuttavia sono più esposte al rischio di essere avvelenate, perché il congelamento danneggia le membrane cellulari e libera il cianuro nei tessuti.



Se assumiamo che la frequenza di un certo allele sia p_0 e p_{in} sia la media fra tutte le **sub-popolazioni** (o *demi*) da cui provengono gli immigrati (**frequenza d'ingresso**), nella generazione successiva la frequenza di quell'allele sarà

$$p_1 = (1 - m)p_0 + mp_{in}$$

La nuova frequenza allelica quindi è data dal prodotto della frequenza allelica originale (p_0) per la parte di individui (in età riproduttiva) residenti ($1 - m$), al quale va aggiunto il prodotto degli individui immigrati (m) per la loro frequenza (p_{in}).

$$p_1 = p_0 - m(p_0 - p_{in})$$

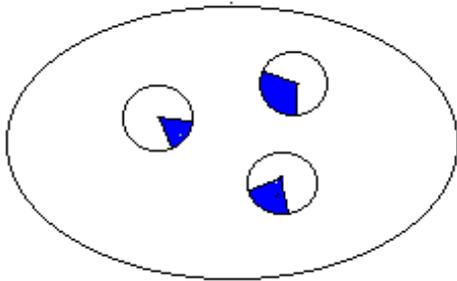
si dimostra che la **nuova frequenza allelica** si ottiene sottraendo dalla frequenza allelica originaria il prodotto degli individui migrati (m) per la differenza delle frequenze alleliche tra i residenti ed i migrati.

Consideriamo diverse popolazioni all'interno di una certa area geografica e sottoponiamole all'effetto di:

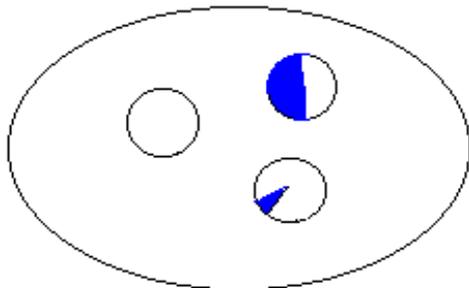
1. deriva genetica

ed osserviamone l'evoluzione dopo molte generazioni (ad es. $t = 40$)

Popolazioni iniziali:



a) sotto deriva genetica:

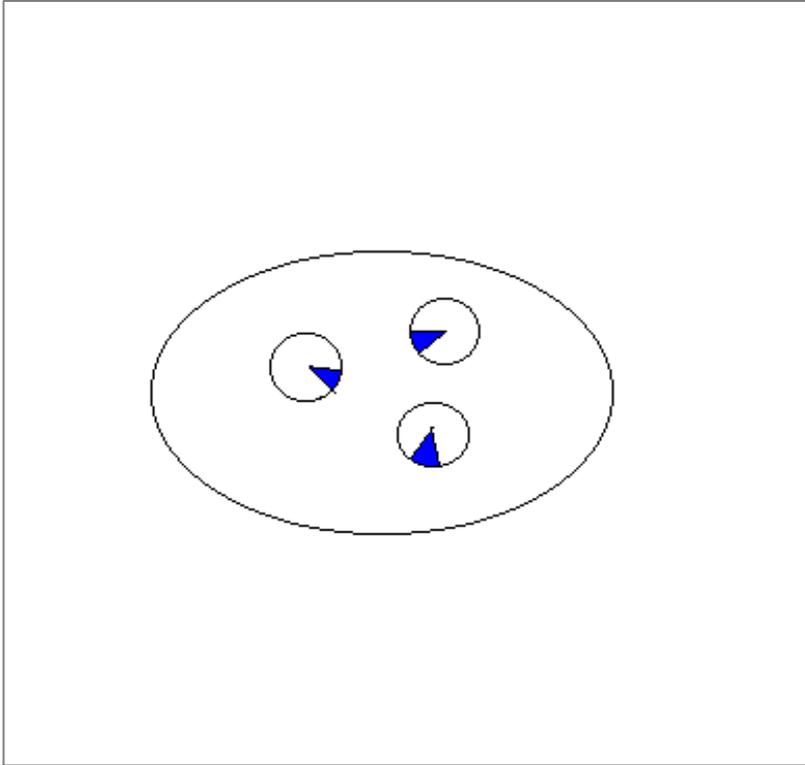


Dopo diverse generazioni di deriva genetica, gli alleli tendono a fissarsi in ciascuna località, con probabilità pari alla loro frequenza iniziale

Nel caso a) le frequenze alleliche più basse tenderanno a zero, quelle più alte invece tenderanno a crescere; si assiste quindi alla fissazione di un allele e alla perdita di altri.

La deriva genetica infatti riduce la variabilità entro popolazioni ed aumenta quella tra le popolazioni.

2. deriva genetica e flusso genico



Nel **caso b)**, invece, le popolazioni si scambiano geni in modo casuale e con il trascorrere del tempo (generazioni) la diversità fra popolazioni non tende ad aumentare.

Questo esempio dimostra chiaramente *che il flusso genico contrasta la deriva genetica*, in quanto il primo porta le frequenze verso un unico valore di equilibrio.

Modello ad isole di Wright

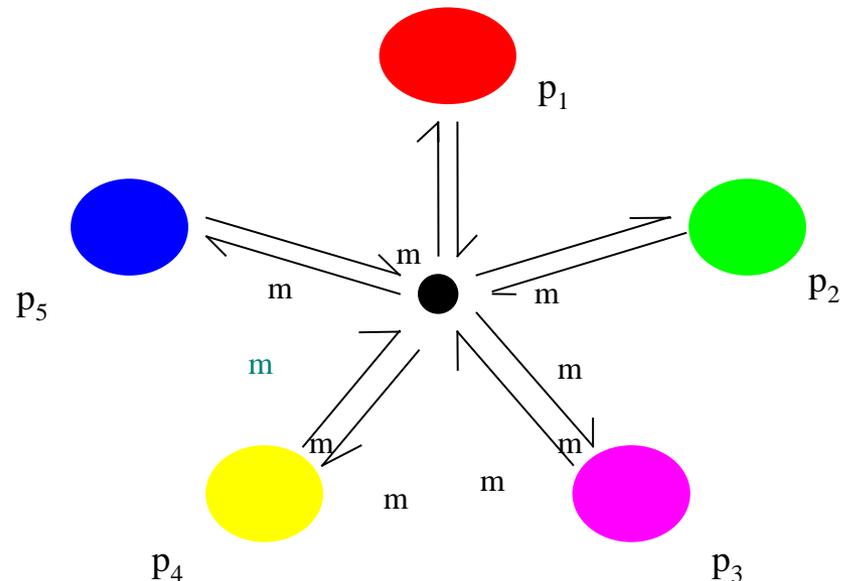
In questo modello ci si immagina una grande popolazione, divisa in molte sottopopolazioni disperse geograficamente come le isole di un arcipelago.

Si suppone che ciascuna sottopopolazione sia **sufficientemente grande** da rendere trascurabile la deriva genetica casuale.

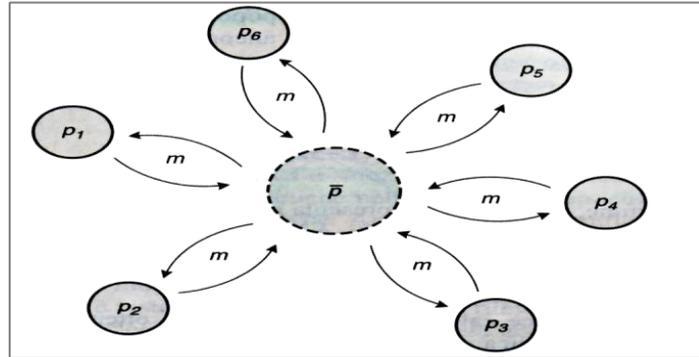
La migrazione avviene in maniera tale che gli individui migratori sono rappresentativi della popolazione per quanto riguarda le frequenze alleliche ($p_i = p_m$).

Il modello si basa su alcune assunzioni:

- *le dimensioni delle popolazioni sono uguali e costanti;*
- *la migrazione è simmetrica;*
- *la struttura geografica è irrilevante: le probabilità di scambio genetico tra le diverse popolazioni sono identiche (assenza di barriere al flusso genico).*



MODELLO A ISOLE



pool di migranti casuale

Flusso genico

spostamento di geni

Modello a isole: le medie delle frequenze alleliche delle sottopopolazioni, p e q , corrispondono alle frequenze nella Metapopolazione

Frequenze alleliche in una sottopopolazione dopo migrazione

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

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

$$\Delta p = 0$$

$$p = p_{t-1}$$



p_{t-1} = frequenze prima migrazione

$1-m$ = individui non migranti

$\bar{p}m$ = nuovi alleli introdotti

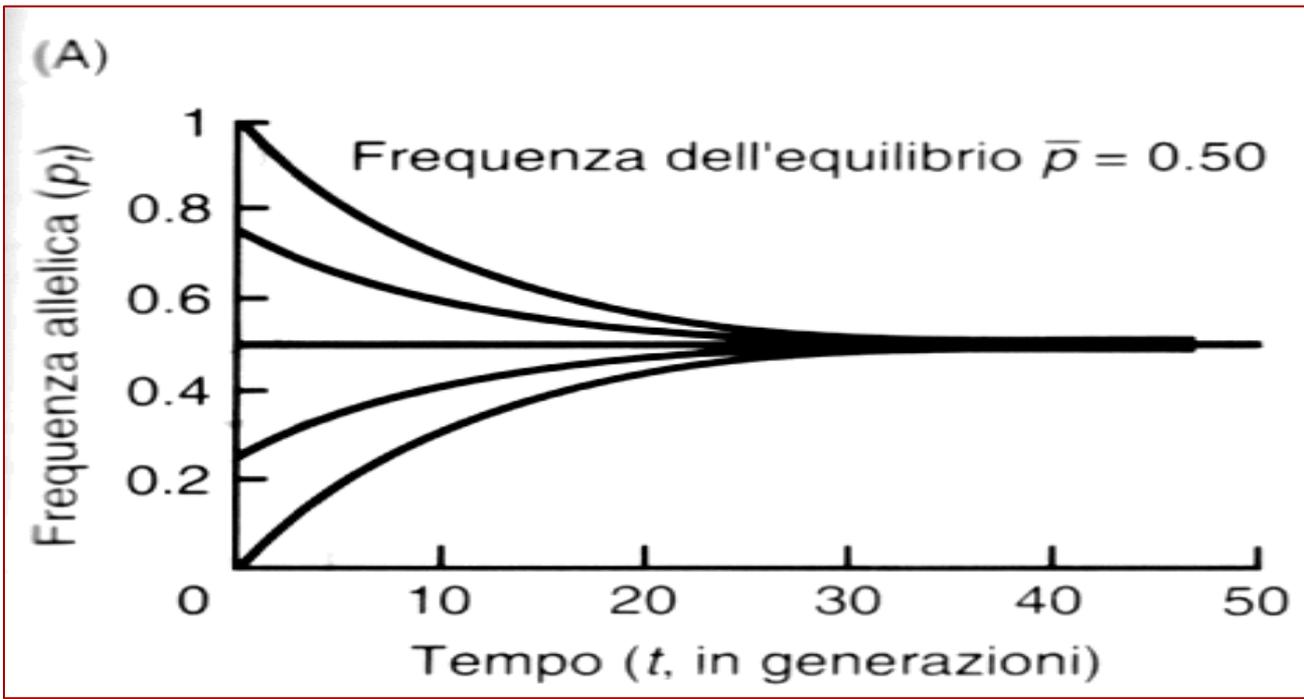
LA VARIAZIONE DELLA FREQUENZA ALLELICA DIPENDE DA m

LA MIGRAZIONE CAMBIA LE FREQUENZE ALLELICHE NELLE SINGOLE SOTTOPOPOLAZIONI
MA NON NELLA METAPOPOLAZIONE

La migrazione **RIDUCE** il livello di differenziazione

Tra le sottopopolazioni **AUMENTA** la variazione intrapopolazione

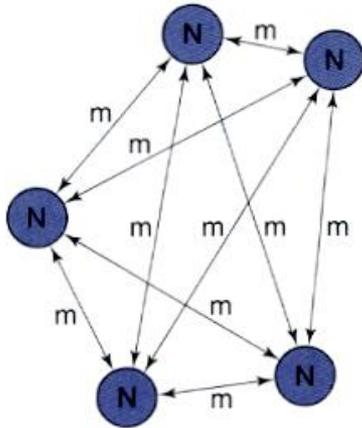
MODELLO A ISOLE : previsione frequenze alleliche in un determinata sottopopolazione, dopo n generazioni



Dopo 40 generazioni le sottopopolazioni con tasso di migrazione $m=0,1$, convergono alla stessa frequenza allelica (p medio)

MODELLI DI FLUSSO GENICO

Island model

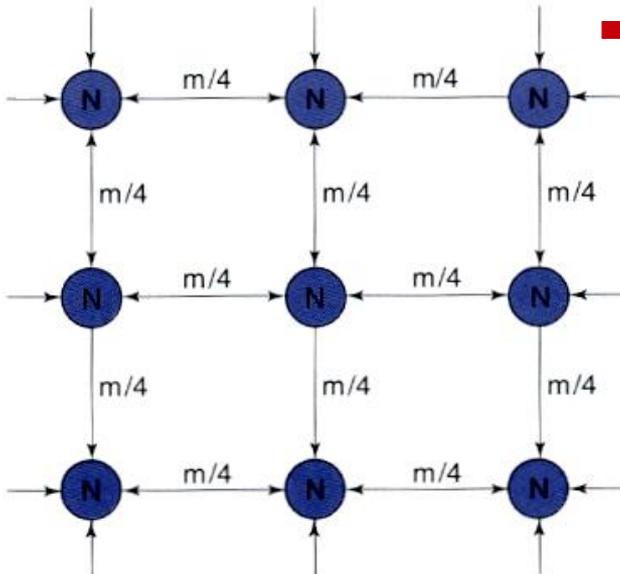


LIMITE modello A ISOLE:

Le relazioni geografiche tra demi vengono ignorate

STEPPING STONE

Stepping-stone model



Introduce la distanza geografica- scambio di geni tra popolazioni adiacenti

Ugual tasso di migrazione tra le subpopolazioni vicine

ISOLAMENTO PER DISTANZA (IBD)

Somiglianza genetica in funzione della distanza geografica

Limite esistente nel modello ad isole:

popolazioni lontane **NON** hanno la stessa probabilità di incrociarsi rispetto a popolazioni tra loro vicine

MODELLO DI ISOLAMENTO PER DISTANZA (IBD)

Il tasso di migrazione è definito proporzionale alle distanze geografiche fra popolazioni, e quindi possiamo scrivere la frequenza d'ingresso dei geni in funzione della distanza

Per misurare l'effetto congiunto di deriva e flusso genico Wright introdusse il parametro Nm (numero di migranti)

Se $Nm < 1$, predomina la deriva genetica e le frequenze geniche divergono;

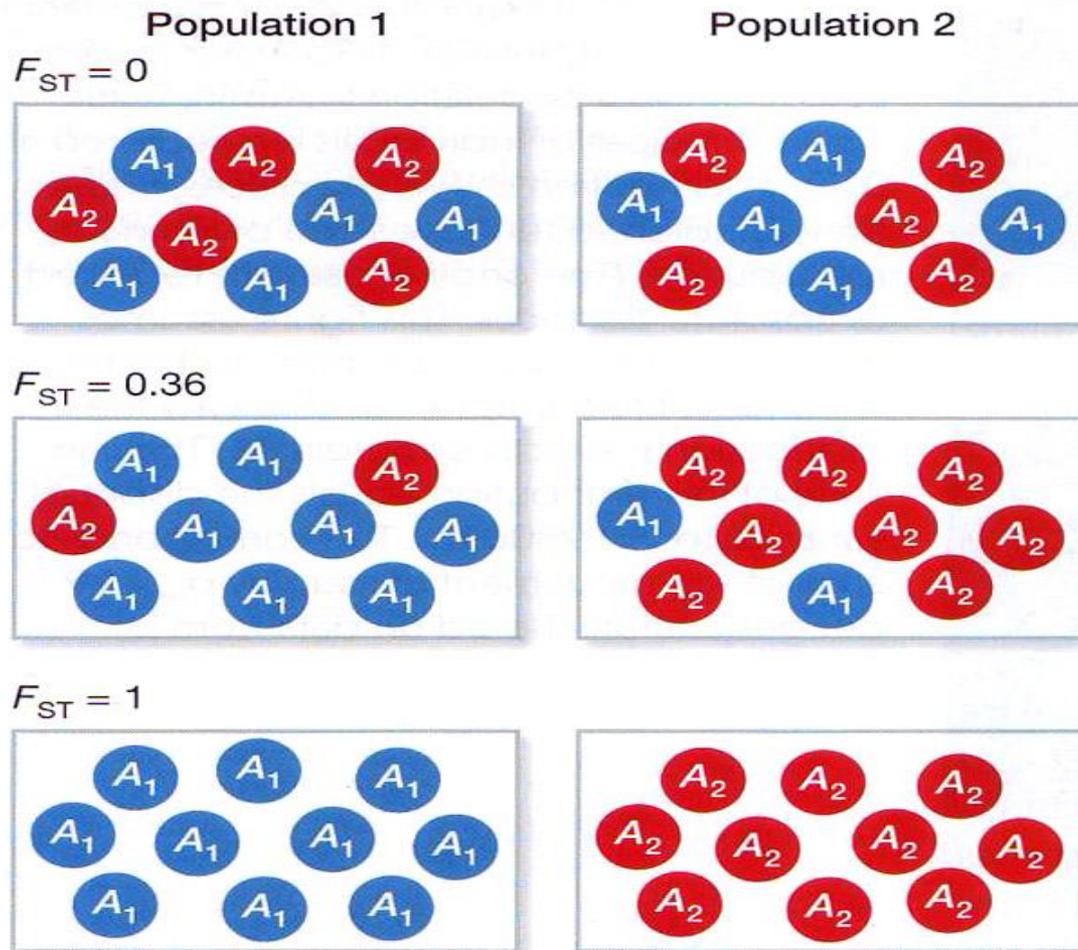
se $Nm > 1$, predomina il flusso genico e le frequenze geniche convergono.

Limiti del modello IBD:

- I modelli finora considerati si basano sulla panmissia, ovvero non tengono conto dell'esistenza di barriere, più o meno evidenti (come ad es. barriere geografiche, ecc.)
- il flusso genico può non essere simmetrico
- le stime di Nm si riferiscono in genere all'ultima generazione, cioè non hanno profondità temporale

FLUSSO GENICO: PUNTI CHIAVE

- Flusso genico = scambio genico tra popolazioni;
- Effetti: riduce le differenze genetiche tra popolazioni, ed aumenta il polimorfismo all'interno delle popolazioni → effetto contrario alla deriva;
- Modello ad isole: le relazioni geografiche tra demi vengono ignorate;
- Modello ad isolamento per distanza: importanza delle relazioni geografiche; m è proporzionale alla distanza geografica;
- Nm di Wright: misura l'effetto congiunto di deriva e flusso genico; se $Nm < 1$ prevale la deriva; se $Nm > 1$ prevale il flusso genico



F_{ST} is a statistic used to measure genetic differences between two or more populations. In this schematic, two alleles at a locus are represented by red and blue circles. Top: $F_{ST} = 0$ when allele frequencies are equal in the populations. Middle: $F_{ST} = 0.36$ when allele frequencies are 0.2 and 0.8 in the two populations. Bottom: $F_{ST} = 1$ when the populations are fixed for different alleles.

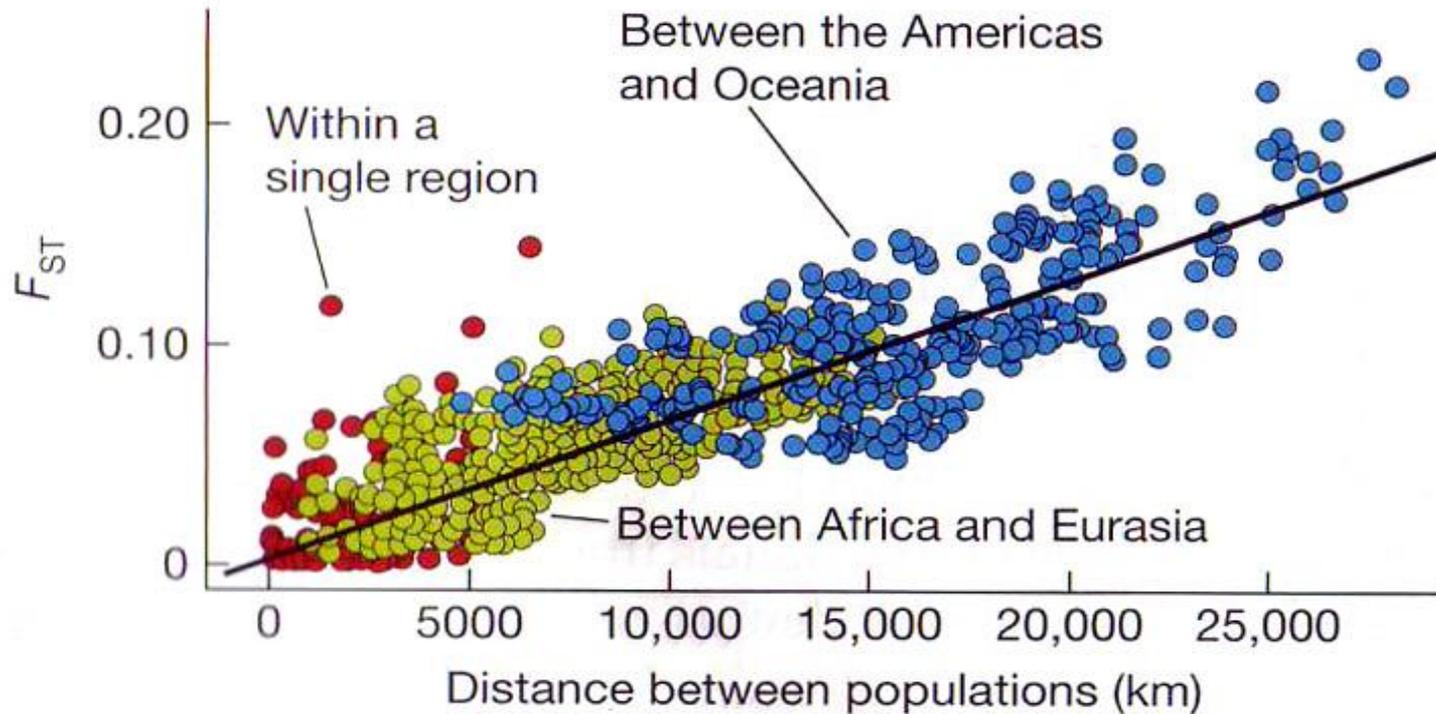
Flusso genico e deriva genetica

- F_{ST} = misura la variazione delle frequenze alleliche tra le popolazioni.
- Il tasso al quale raggiungono la fissazione è inversamente proporzionale all' N della popolazione.

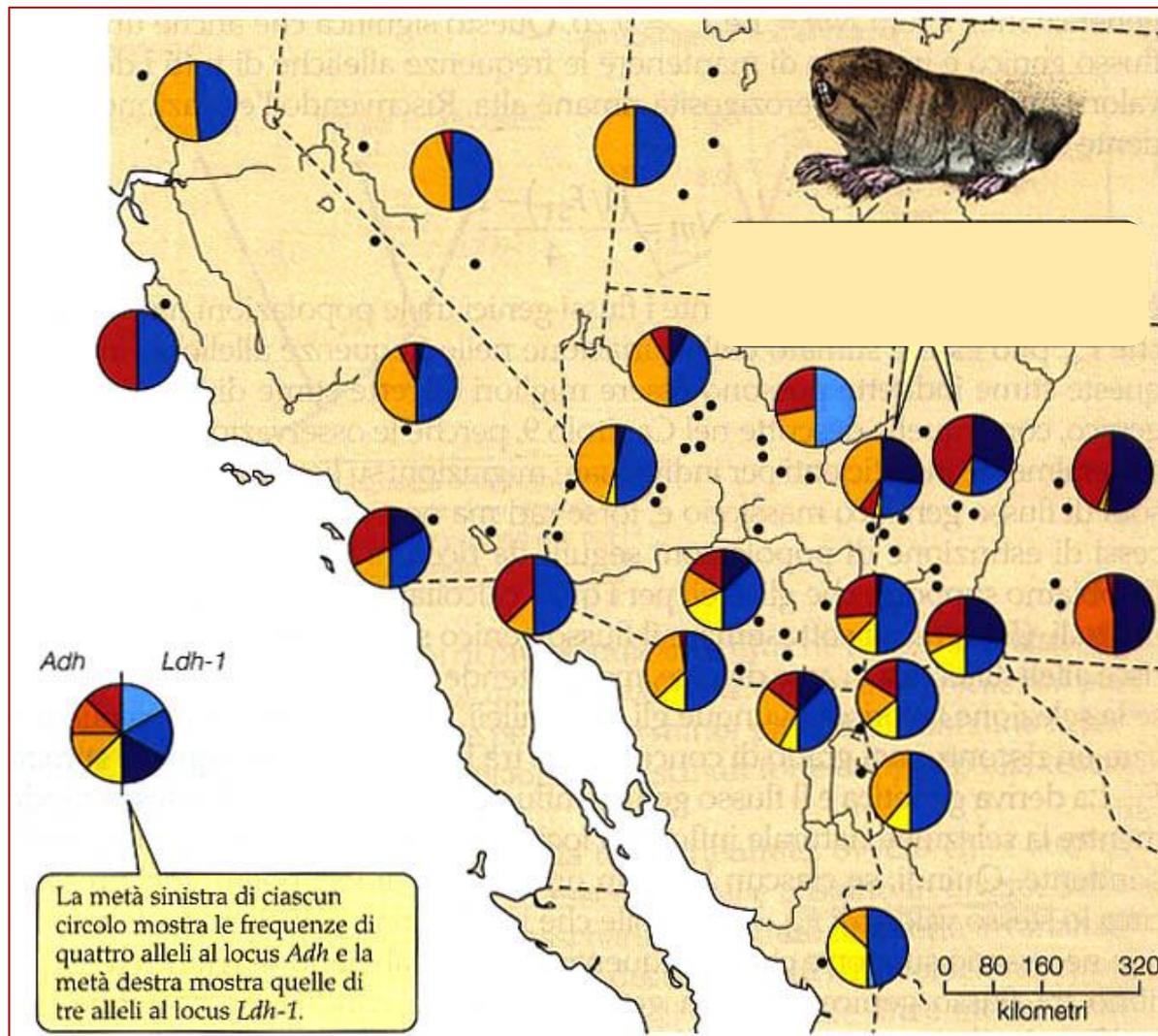
Il flusso genico si oppone alla deriva ad un tasso m .

$$F_{ST} = 1 / 4Nm + 1$$

- Nm = numero di migranti
- $Nm = 1$ $F_{ST} = 0,20$ (debole flusso genico, ma tale da mantenere le frequenze alleliche tra i demi con valori simili).



Isolation-by-distance in human populations. The horizontal axis has been corrected for large bodies of water that could not be crossed when humans first spread across Earth. The vertical axis gives F_{ST} estimated from 783 loci. Each dot represents a comparison between a pair of populations from the indicated region(s). (After [28].)



Variazione geografica nelle frequenze alleliche di due loci elettroforetici del gopher di Botta (*Thomomys bottae*).

50 popolazioni $F_{ST} = 0,412$ $Nm = 0,36$

Tra popolazioni Arizona $F_{ST} = 0,198$ $Nm = 1,01$