

COMO OCORRE A ESPECIAÇÃO?

- 1 - aparecimento de variantes genéticas
- 2 - reprodução preferencial entre os seus possuidores (devido a barreiras ou selecção)
- 3 - isolamento reprodutivo
- 4 - diferenciação a vários níveis

Tipicamente, especiação é dividida de acordo com o seu contexto geográfico

Review

Sympatric, parapatric or allopatric: the most important way to classify speciation?

Roger K. Butlin^{1,*}, Juan Galindo¹ and John W. Grahame²

¹*Department of Animal and Plant Sciences, University of Sheffield, Western Bank, Sheffield S10 2TN, UK*

²*Institute of Integrative and Comparative Biology, University of Leeds, Leeds LS2 9JT, UK*

Actualmente é preferível falar de divergência com ou sem fluxo génico

COMO OCORRE A ESPECIAÇÃO?

- em total isolamento geográfico?

Alopatria

- em populações contíguas?

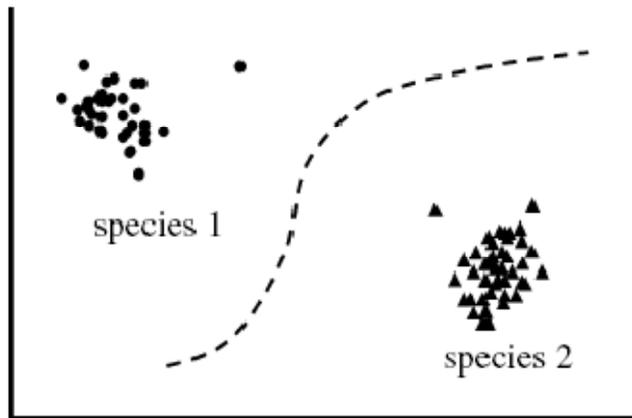
Parapatría

- numa mesma população inicial?

Simpatria

- Poliploidia (Alopoliploidia ou Autopoliploidia)

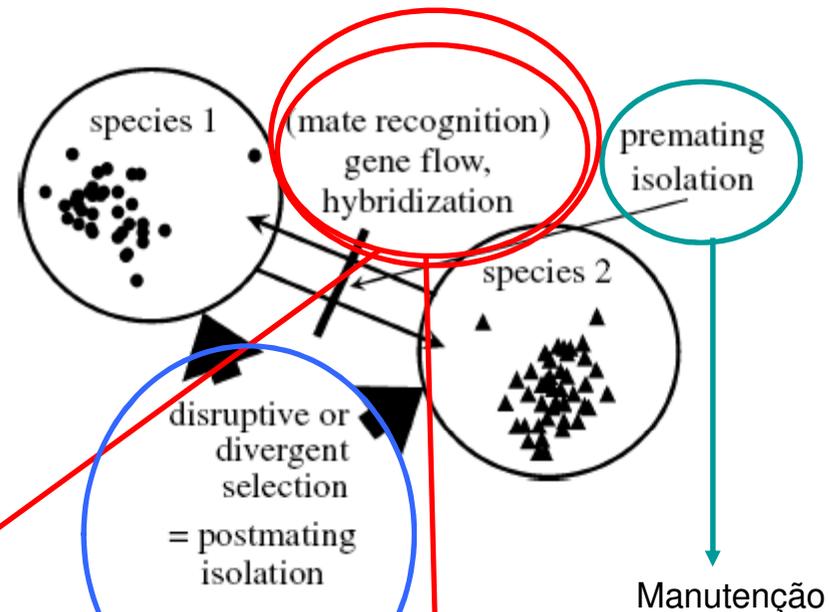
COMO OCORRE A ESPECIAÇÃO?



O agrupamento dos indivíduos (espécies 1 e 2) está associado com determinados processos que precederam a sua separação

Fusão dos dois agrupamentos devido à repetição do processo em múltiplas gerações

A fusão pode não ocorrer devido a acção da selecção natural (incompatibilidades genómicas, como, por exemplo, interacções de alguns genes polimórficos)

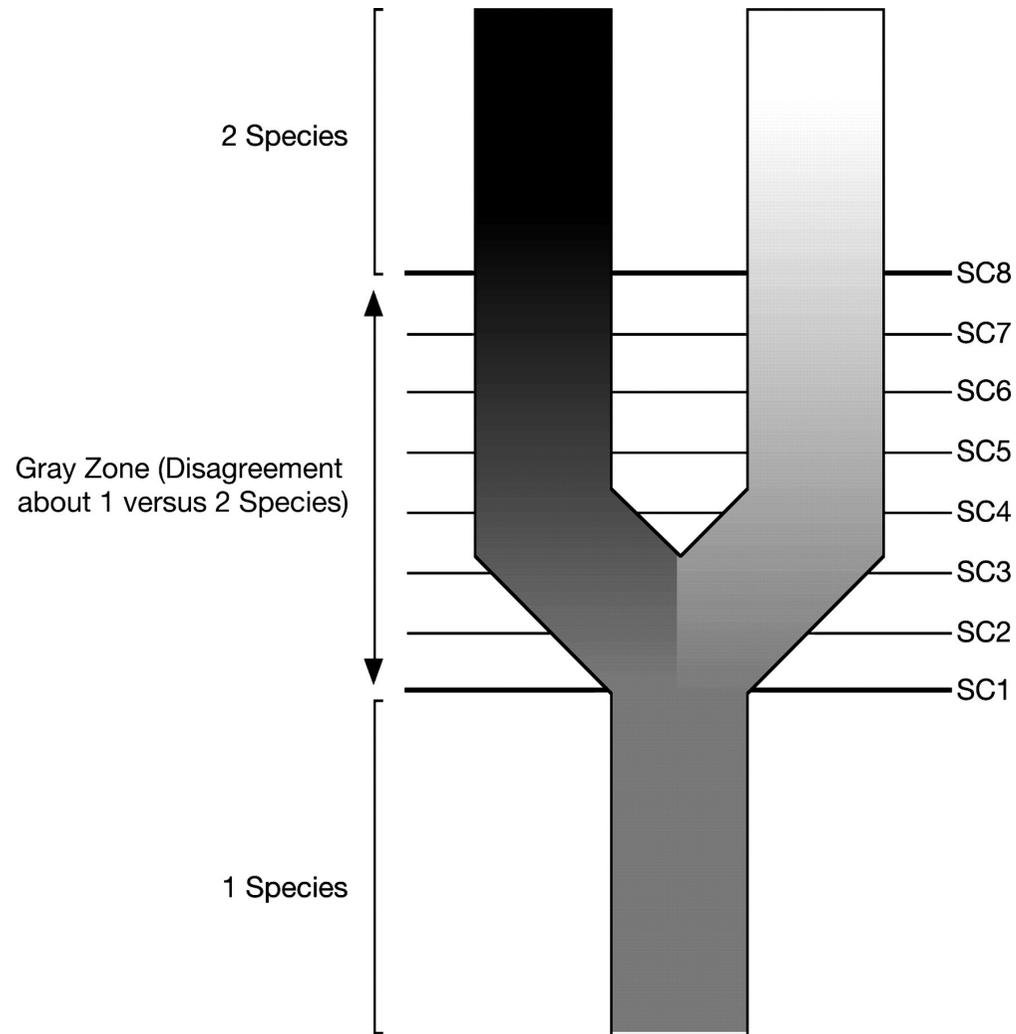


Manutenção da integridade:

i) Elevados níveis de hibridação contrabalançados por elevada selecção contra os híbridos; ii) baixa selecção contra os híbridos contrabalançada por baixos níveis de hibridação

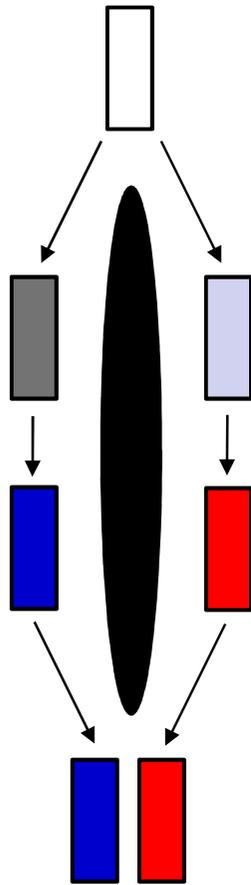
selecção contra os híbridos

Especiaçãoção é um processo contínuo

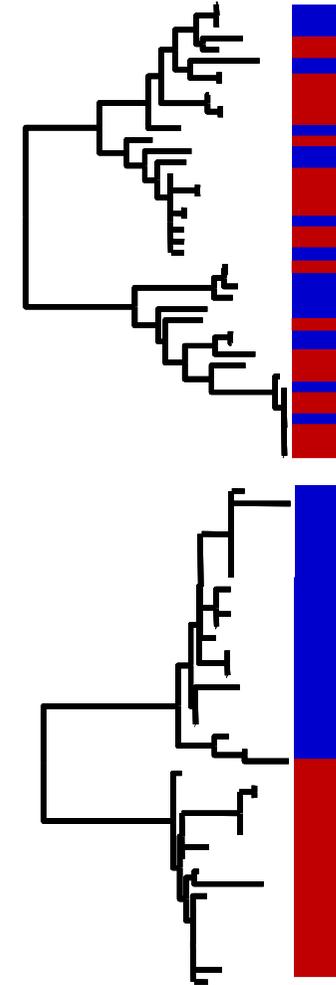
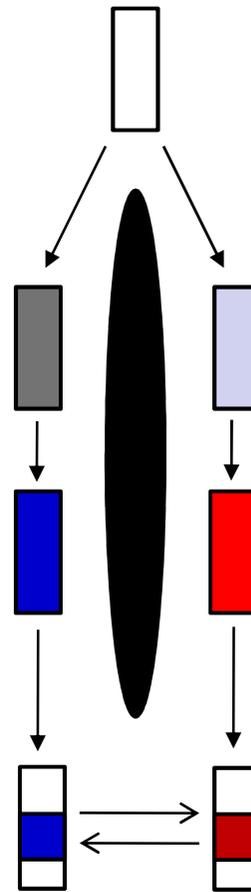


OS PROCESSOS DE ESPECIÇÃO

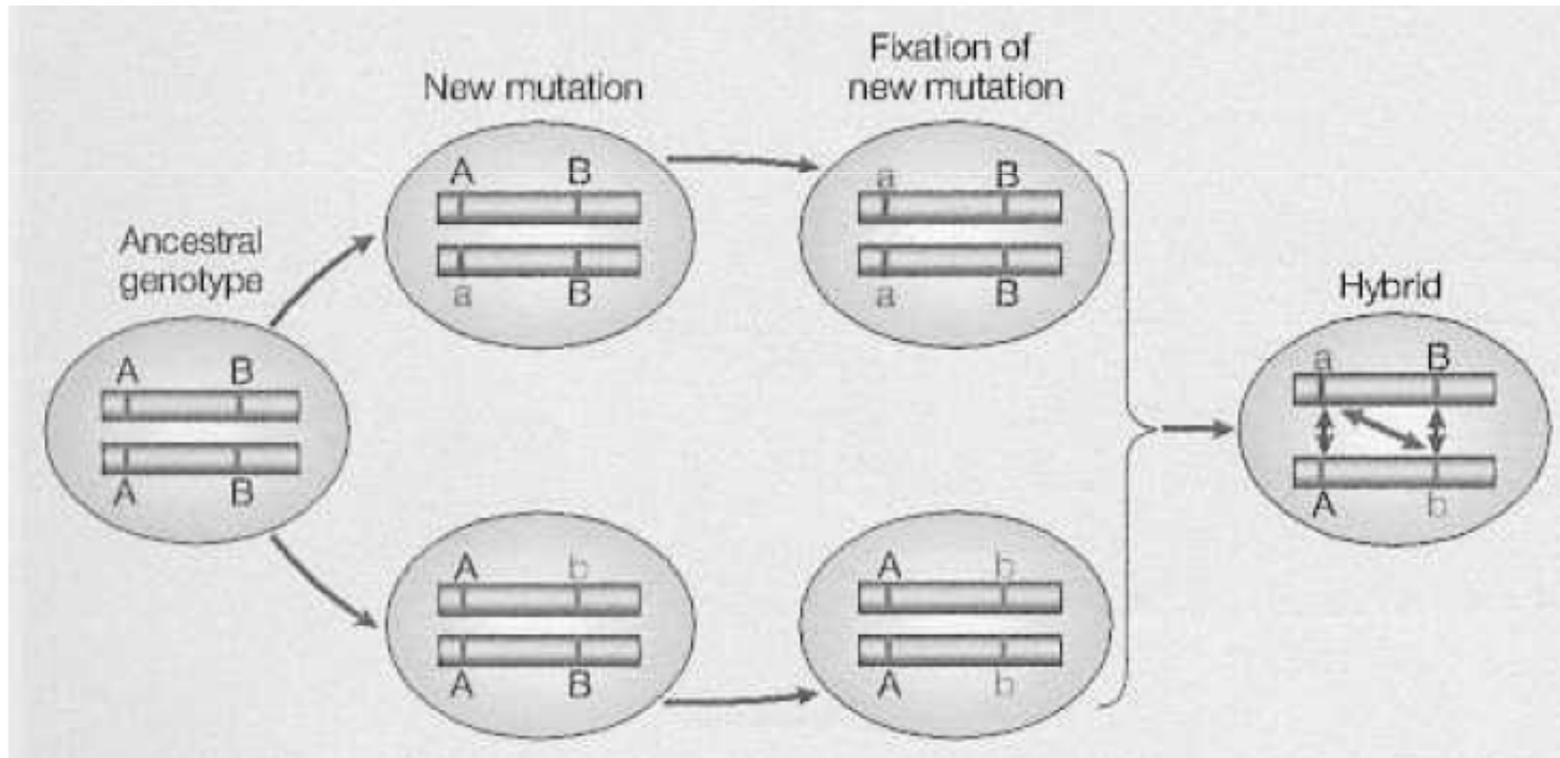
Isolamento completo do genoma



Isolamento incompleto – "Porous species boundaries"



❖ Barreiras ao fluxo génico muitas vezes derivam de incompatibilidades entre variantes alélicas em dois ou mais loci – Dobzhansky-Muller



O papel da selecção natural na especiação

Se duas formas divergirem sem fluxo génico, qualquer força evolutiva condizirá à divergência (fixação de novas mutações por deriva, adaptação a diferentes condições, etc.)

Se duas formas trocam genes e continuam a divergir, então a selecção natural tem de ser a principal força evolutiva que origina a especiação.



- ❖ Loci que contribuem para o isolamento reprodutivo não se distribuem ao acaso no genoma
- ❖ altamente representados no X-cromossoma



➤ **Sobrerrepresentação de genes relacionados com o sexo e reprodução**

➤ **Uma só cópia nos machos**

➤ **Duas cópias nas Fêmeas**

➤ **Ocorrência de recombinação**

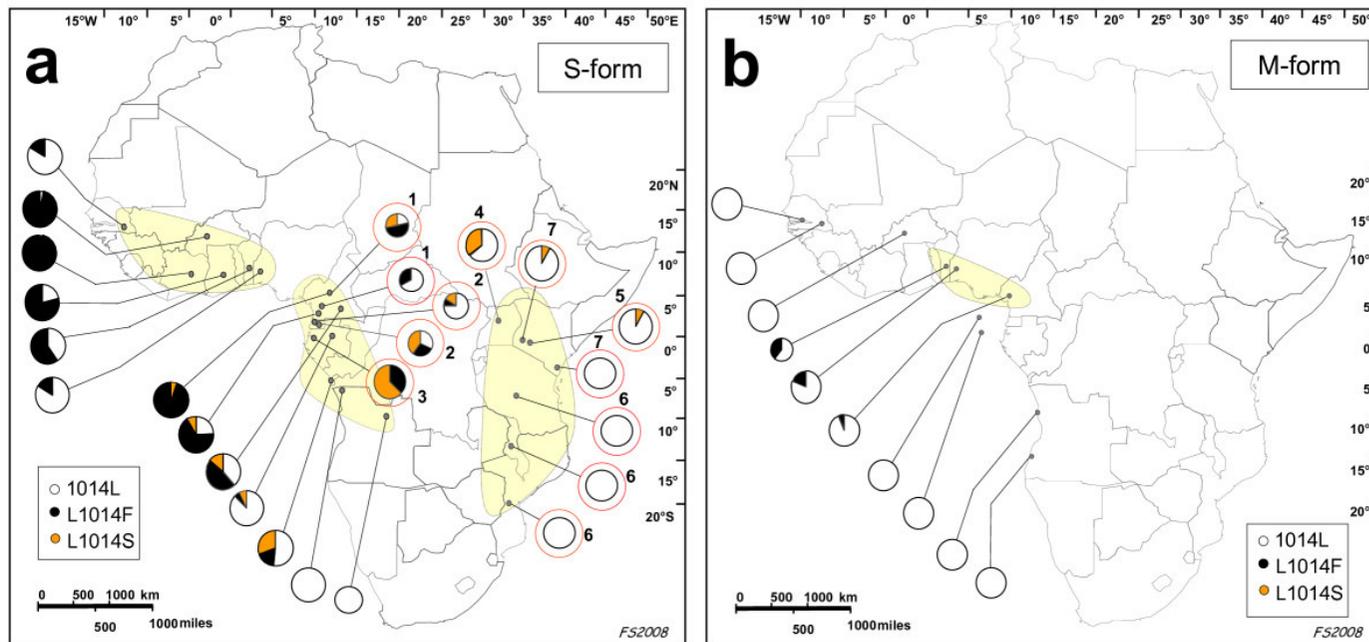
ESPECIAÇÃO

Tem sido demonstrado que regiões de reduzido crossing-over limitam o fluxo génico entre espécies, pois possuem uma desproporcionada partilha de incompatibilidades genómicas ligadas que não podem ser quebradas devido à supressão da recombinação

Regiões de baixa recombinação representam ilhas de diferenciação que facilitam ou mantêm a identidade da espécie em face do fluxo génico

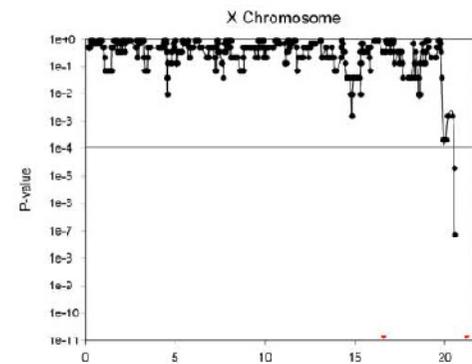
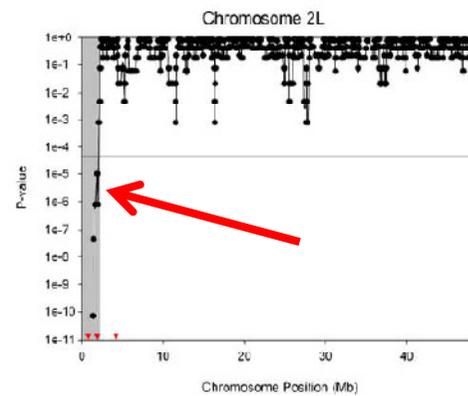
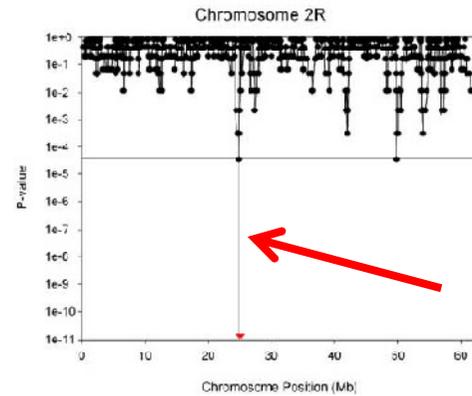
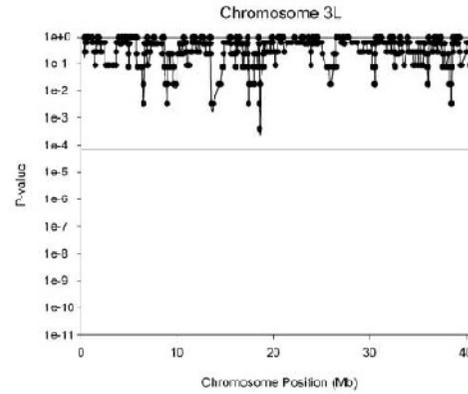
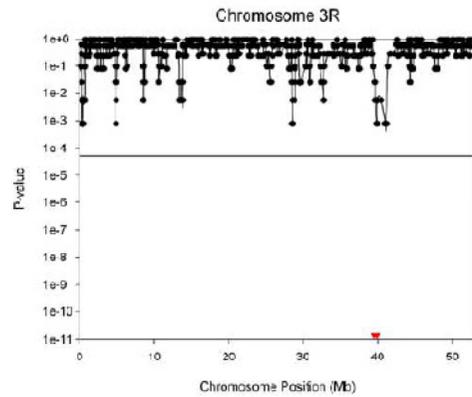
ESPECIAÇÃO

O mosquito Africano da malária (*Anopheles gambiae*)



Hibridação é reduzida na natureza, mesmo em áreas de simpatria. No entanto, cruzamentos em laboratório não revelaram redução de fitness intrínseco nos híbridos.

Análise do genoma total



3 regiões (< 2,8Mb: cerca de 67 genes)
onde as formas S e M são altamente
diferenciadas

OS PROCESSOS DE ESPECIÃO

Zonas Híbridas

Cruzamentos em Laboratório

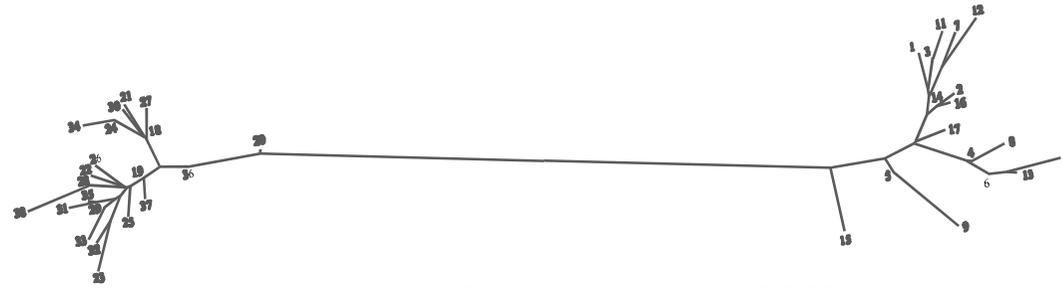


- ❖ composição genética & ambiente
- ❖ réplicas

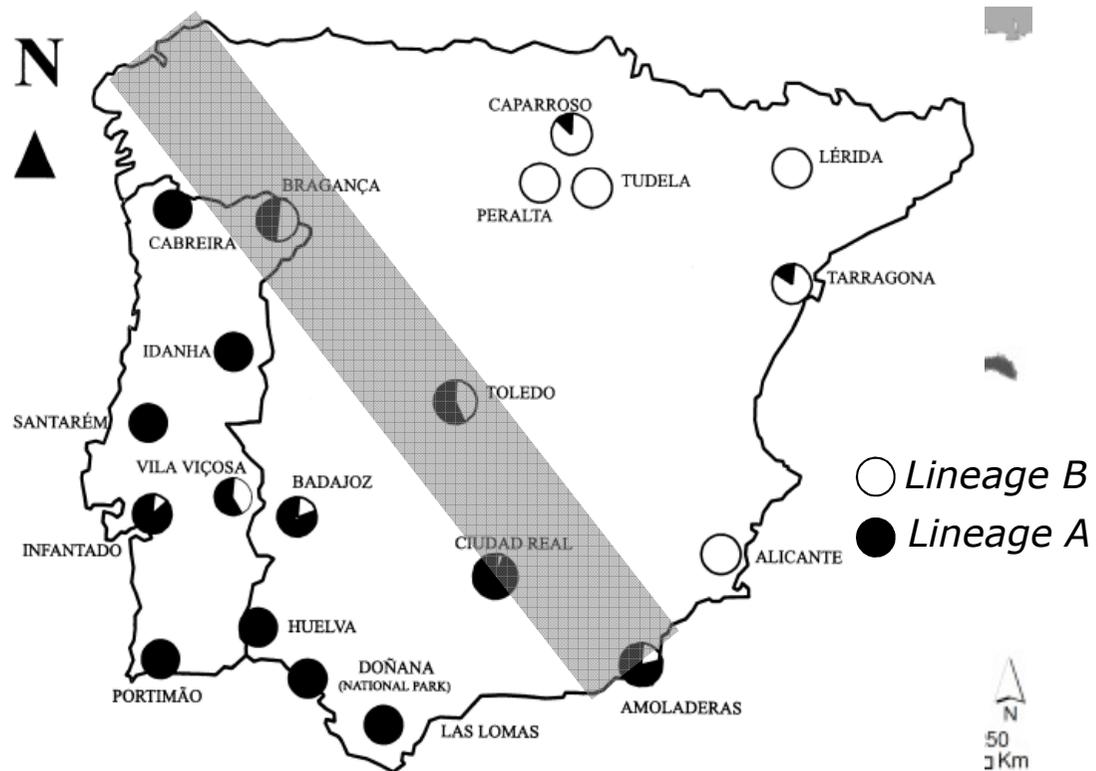


- ❖ estudo de espécies que não podem ser cruzadas em laboratório
- ❖ muitas gerações de recombinação
- ❖ padrões de fluxo génico são indicadores de isolamento reprodutivo mesmo desconhecendo o fenótipo
- ❖ fitness de genótipos em condições naturais

O Coelho-bravo (*Oryctolagus cuniculus*)



(Biju-Duval *et al.* 1991, Branco *et al.* 2002)



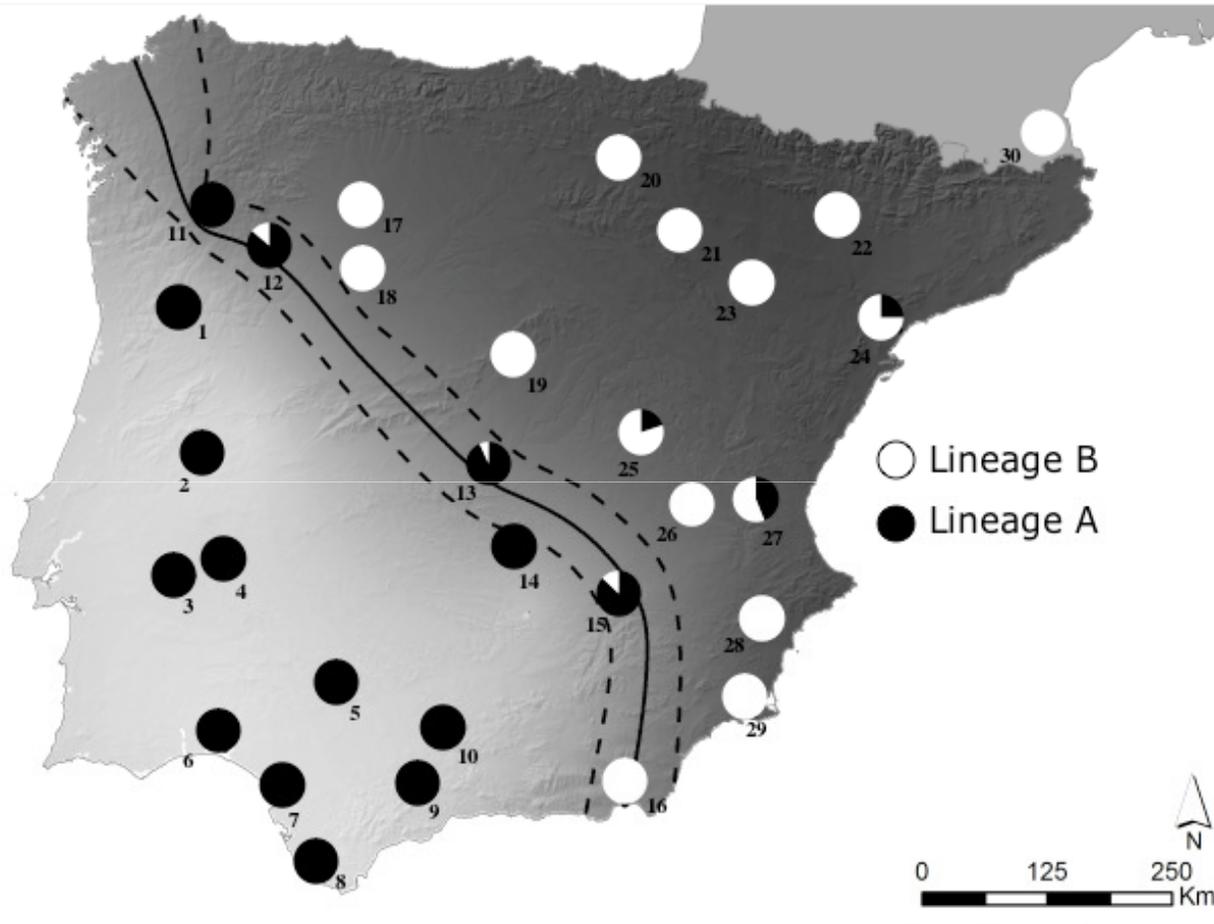
(Branco *et al.* 2000, 2002)

(Ferrand and Branco 2006)



© José Ardaiz

Cromossoma Y



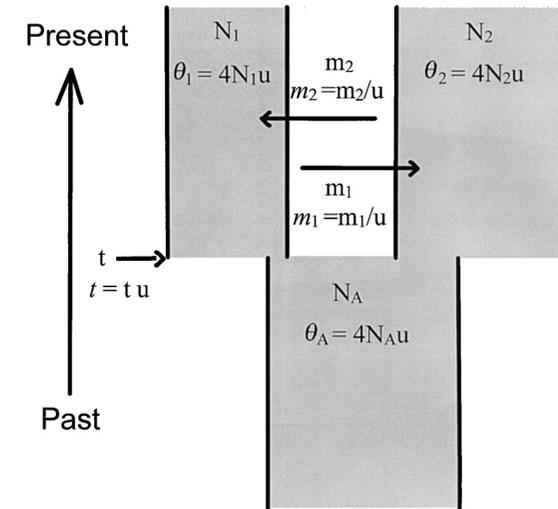
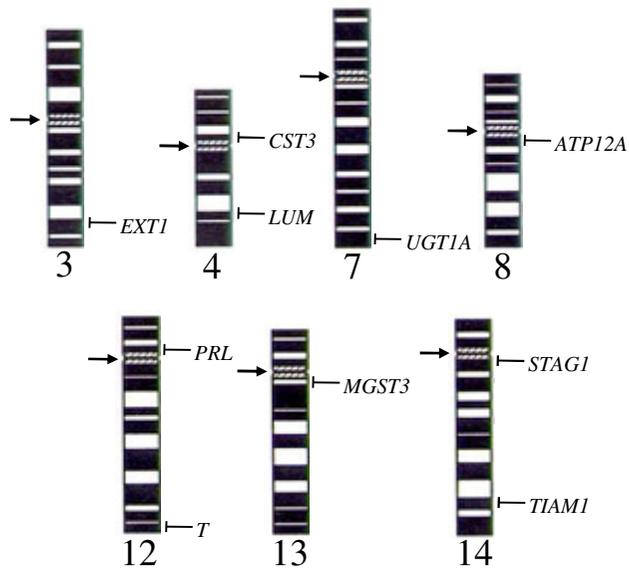
$F_{st} = 0.93$

Divergence with gene flow (IM)

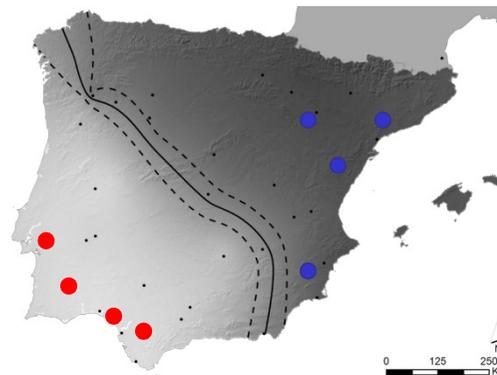
10 autosomal loci:

. 5 telomeric

. 5 centromeric

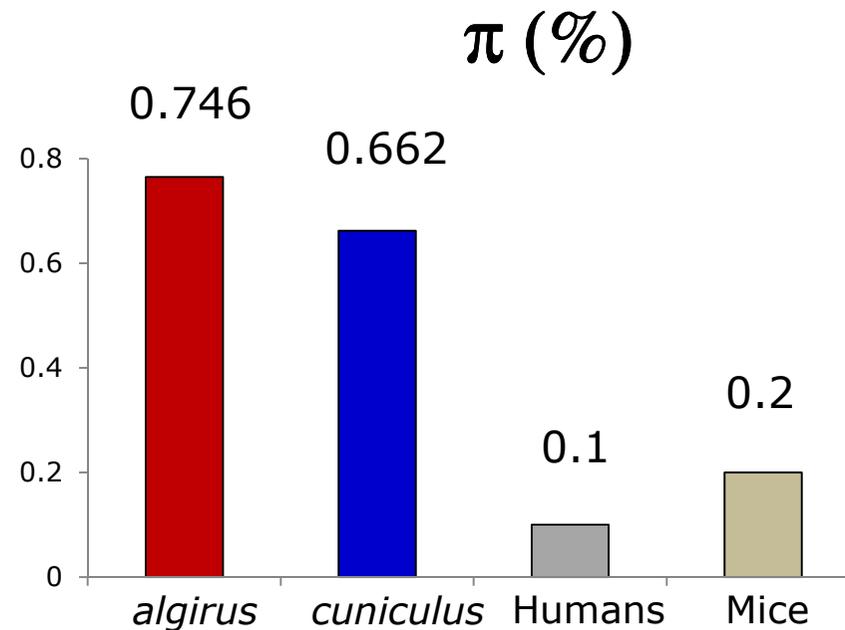


O. c. cuniculus



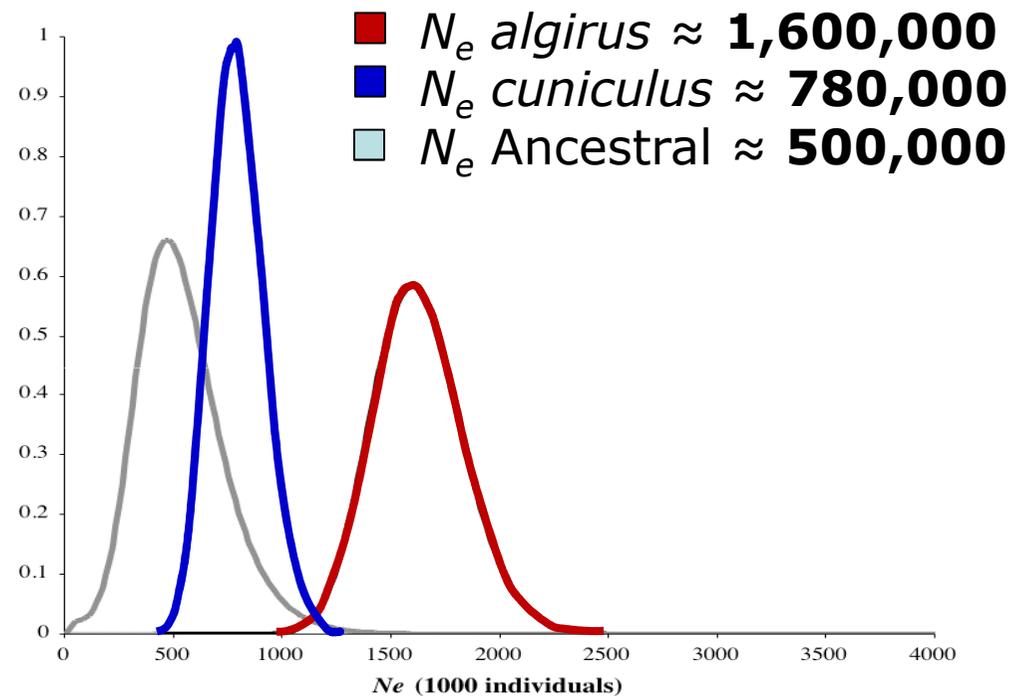
O. c. algirus

Elevados níveis de diversidade nucleotídica



Surpreendentes elevados níveis de diversidade nucleotídica em ambas as subspecies

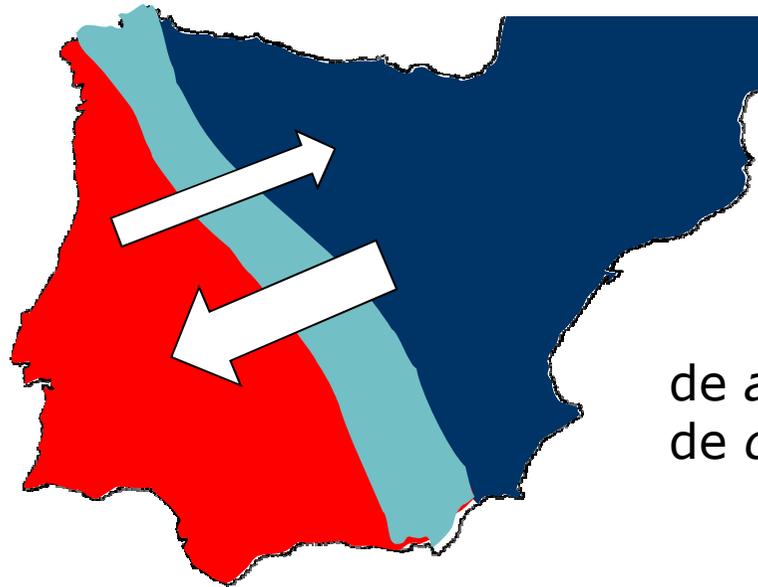
Elevado tamanho do efectivo populacional



Elevados níveis de diversidade genética parecem reflectir um elevado tamanho dos efectivos populacionais

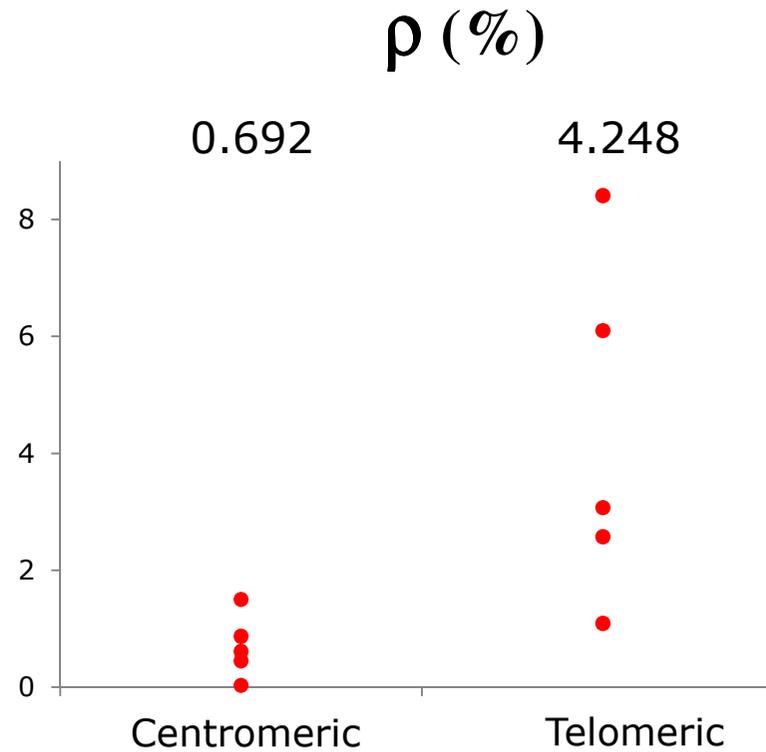
Divergência com fluxo gênico

Divergência \approx **1.8** Mya



de *algirus* para *cuniculus* \approx **0,762**
de *cuniculus* para *algirus* \approx **1,498**

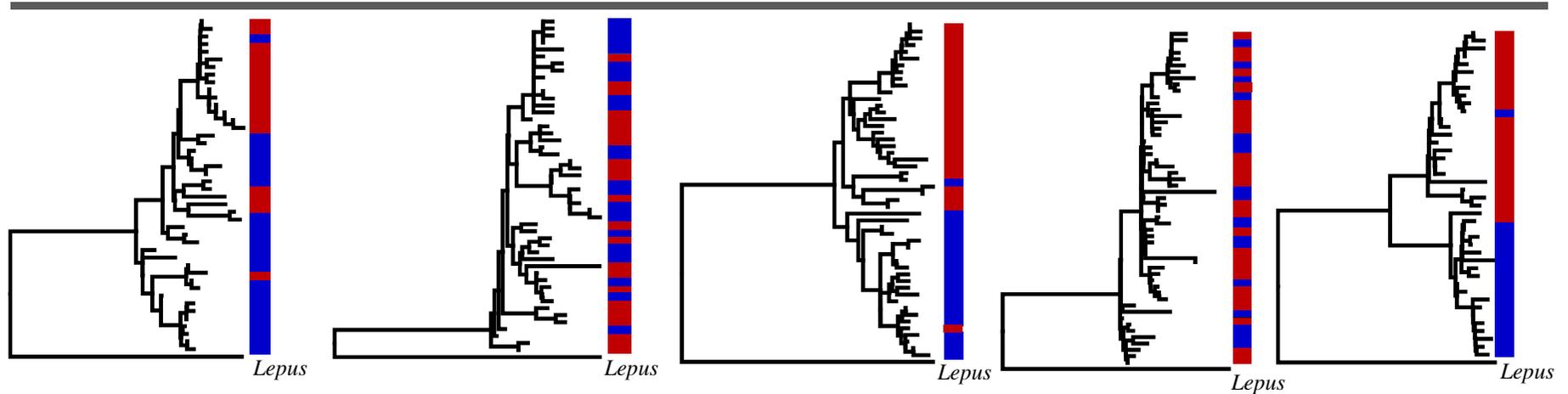
Baixa recombinação nos loci centroméricos



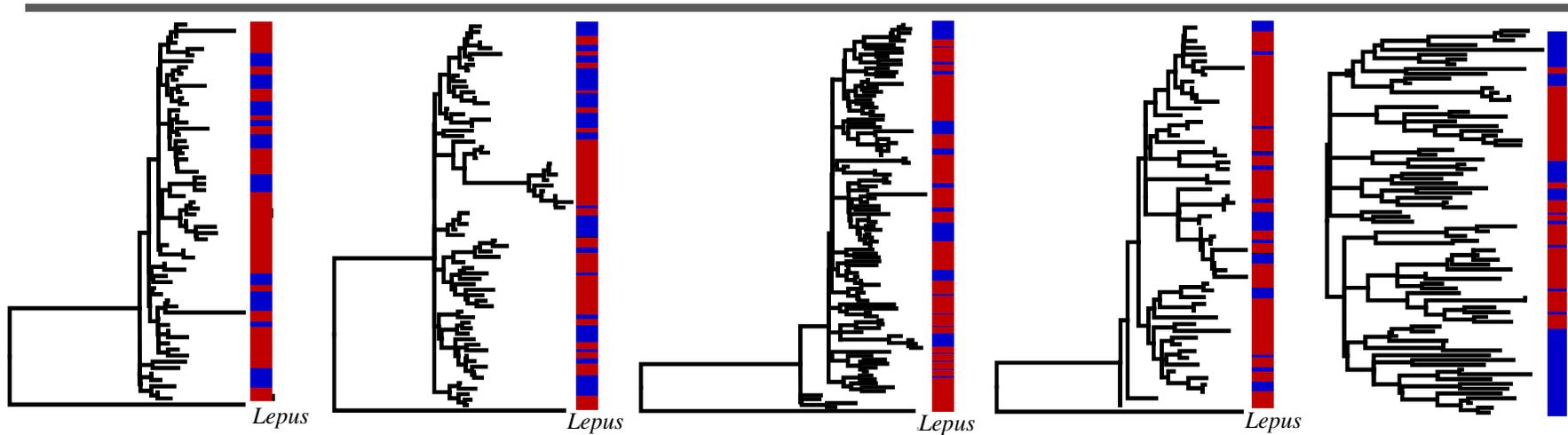
A supressão de recombinação nos loci centroméricos parece ser mais elevada em comparação com os teloméricos

Elevada diferenciação nos loci centroméricos

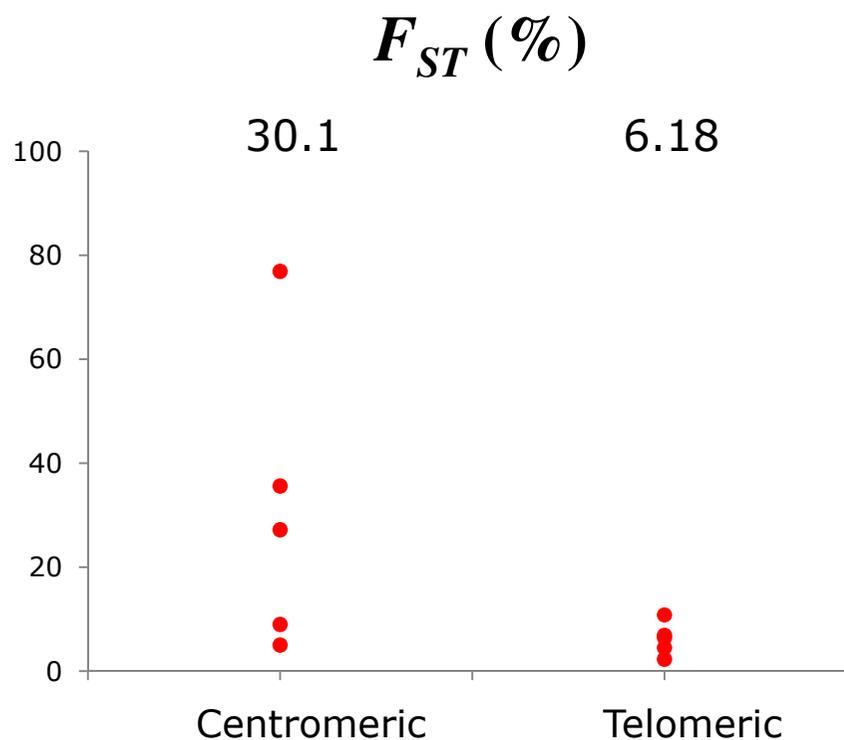
Centromeric



Telomeric

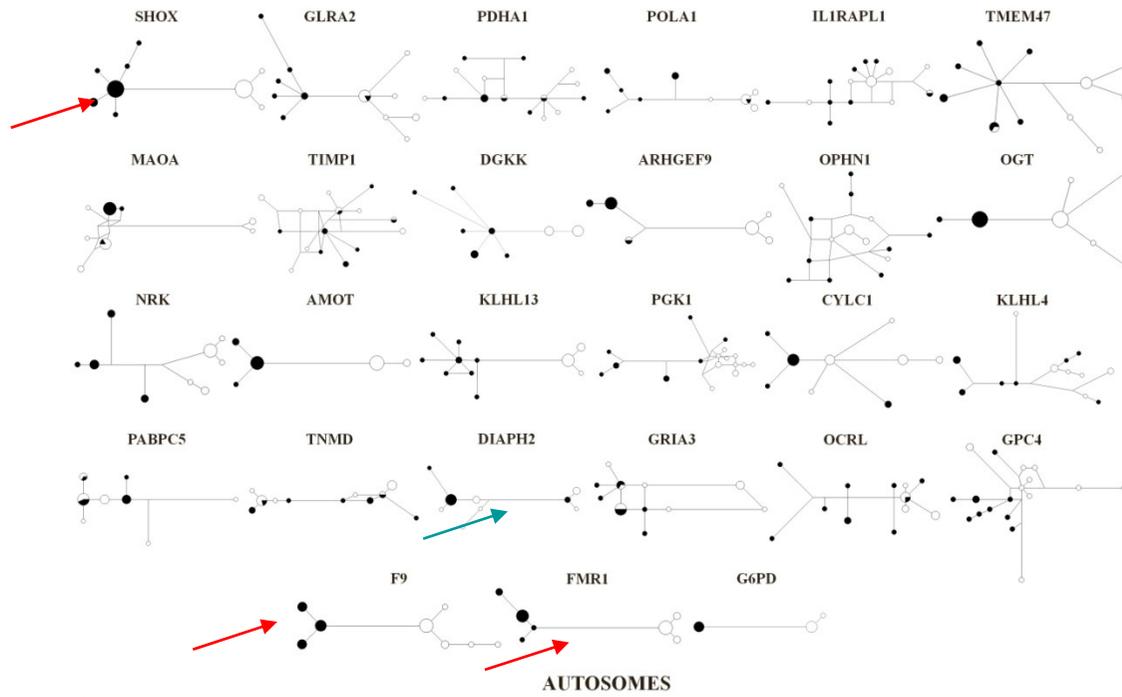


Elevada diferenciação nos loci centroméricos

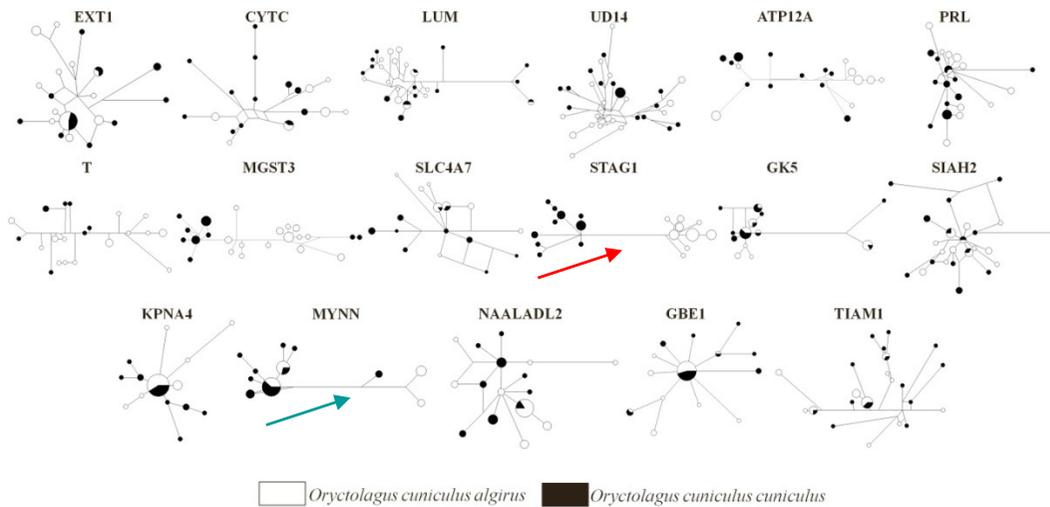


Os padrões de diferenciação são altamente variáveis entre os loci (variando entre 2.3 e 76.9). Os loci centroméricos são geralmente mais diferenciados

X-CHROMOSOME



AUTOSOMES

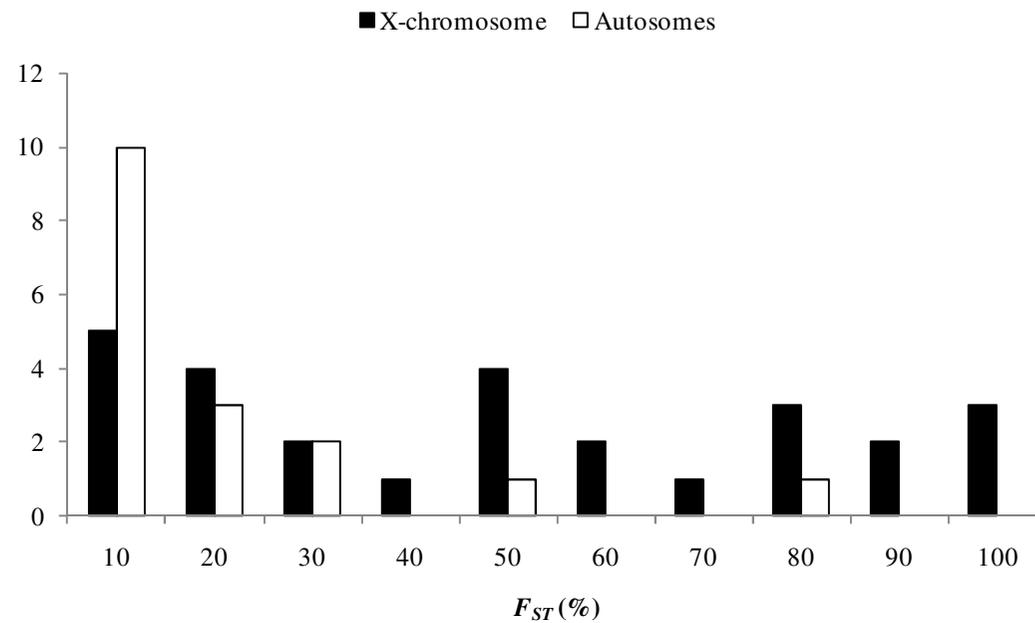


44 genealogias

- 27 X

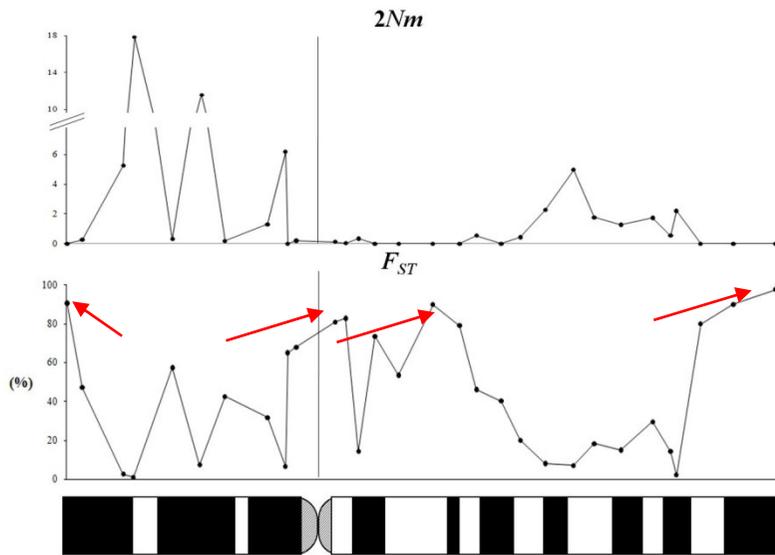
- 17 Autosomas

DIFERENCIAÇÃO E FLUXO GÊNICO

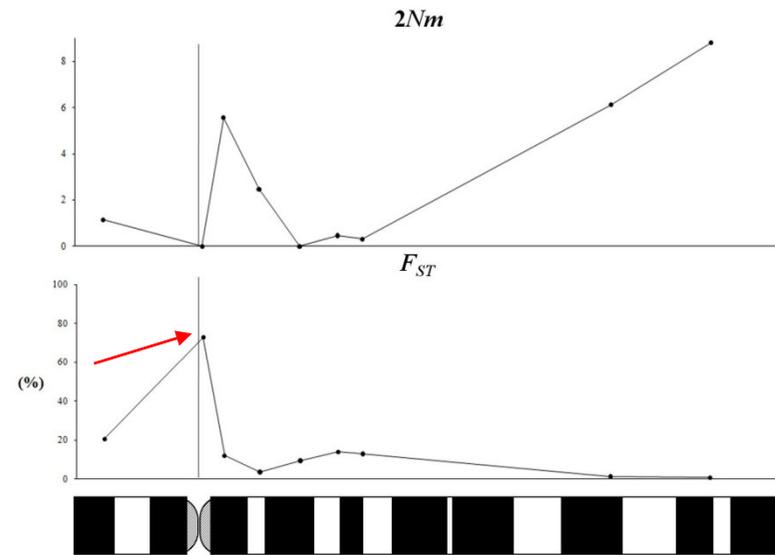


Cromossoma X > Autossomas - Diferenciação

Cromossoma X < Autossomas – Fluxo gênico



Cromossoma X



Cromossoma 14