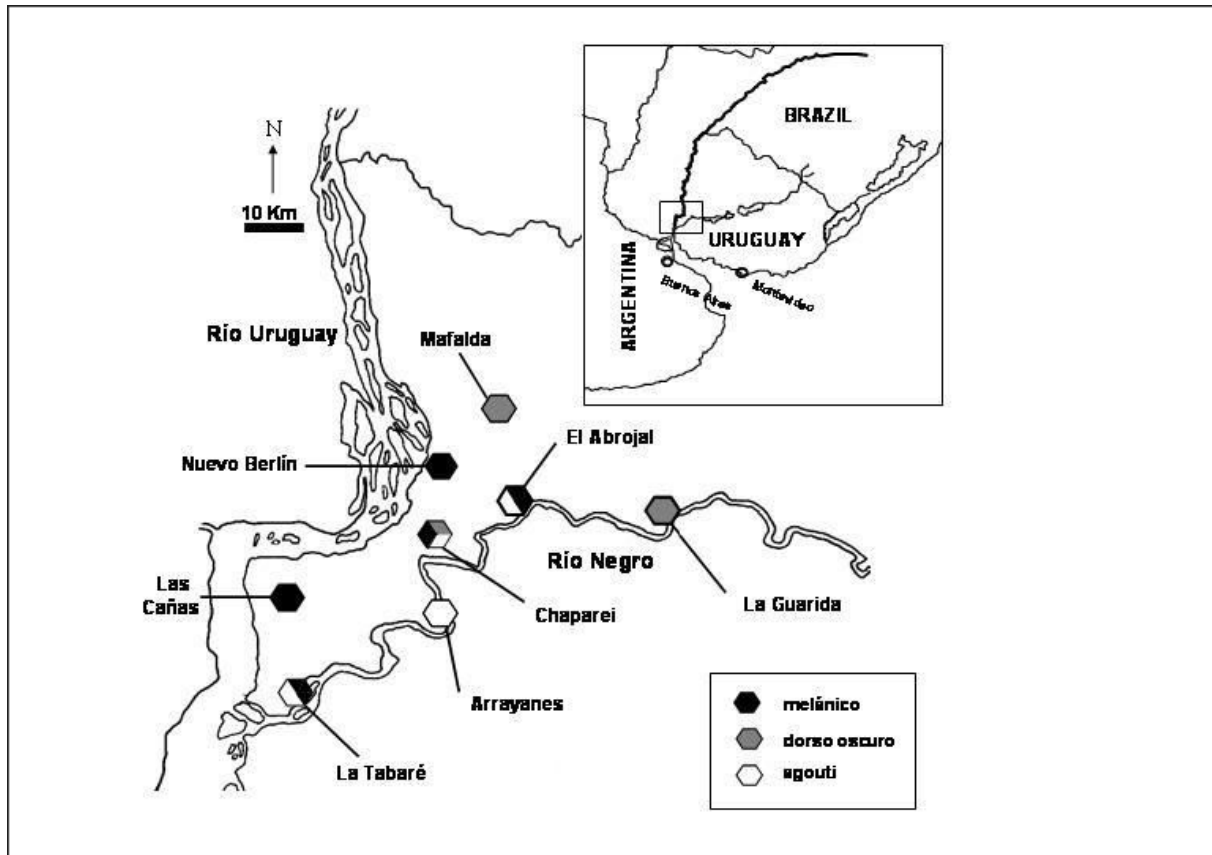


## Práctico 5

### Estructura poblacional y flujo génico

#### Introducción

*Ctenomys rionegrensis* es una de las tres especies de este género de roedores subterráneos reconocidas en Uruguay. Su distribución geográfica para nuestro país está restringida a un área de aproximadamente 60 x 50 km al suroeste del departamento de Río Negro (fig. 1).



**Figura 1.** Distribución geográfica de *Ctenomys rionegrensis* en Uruguay. Los sitios que se detallan corresponden a las localidades de muestreo.

Pese a su pequeña distribución, existen tres coloraciones de pelaje marcadamente diferentes: melánico, agouti y dorso oscuro. Mientras que algunas de las poblaciones están enteramente constituidas por individuos que presentan la misma coloración, otras son polimórficas, presentándose distintas combinaciones de pelajes.

Esta marcada diferenciación cromática de *C. rionegrensis* es llamativa por varias razones. En primer lugar, por ocurrir en un área geográfica tan reducida. Segundo, no se cumple con la regla general (que incluye a roedores subterráneos) de correspondencia entre color de pelaje y color del sustrato en el que se habita (debida probablemente a presiones selectivas impuestas por la depredación). Todas las poblaciones de esta especie se limitan a la ocupación de suelos arenosos claros, sin diferencias obvias en la vegetación, y de esta forma los individuos melánicos contrastan marcadamente con el sustrato donde viven. A diferencia del comportamiento de otros roedores subterráneos, los tucos emplean más tiempo en la superficie, dedicándose a tareas asociadas al forrajeo y dispersión, incrementando así el riesgo de depredación.

La estructura genética de las poblaciones de roedores subterráneos, como *Ctenomys rionegrensis*, estaría principalmente determinada por:

- a) su baja vagilidad, y por lo tanto bajos niveles de flujo génico, y
- b) el pequeño tamaño de sus poblaciones, que las hace más susceptibles a los efectos de la deriva genética (operando en mayor grado, fijando o eliminando alelos al azar).

Bajo estas premisas, y dado que hasta el momento no se ha encontrado ninguna posible explicación seleccionista que explique la fijación del pelaje melánico en algunas poblaciones, se ha planteado la hipótesis de una posible fijación del melanismo por deriva genética.

Esta hipótesis prevé:

- 1) Una reducción de la variación genética en las poblaciones melánicas.
- 2) Bajos niveles de flujo génico entre las poblaciones, posibilitando que la deriva se sobreponga a los efectos homogeneizadores del primero.

### Métodos y Resultados

Para poner a prueba esta hipótesis, se analizaron 11 loci de microsatélites en 150 individuos de *C. rionegrensis* pertenecientes a 8 poblaciones donde se encuentran representados los tres tipos de pelaje, tanto en alopatria como en simpatria (ver mapa).

- 1) Se calculó la heterocigosis promedio observada  $H_o$  y la esperada  $H_e$  para cada población y los estadísticos  $F$  de Wright.

| Valores promedio | Chaparei | Abrojal | Guarida | Tabaré | Las Cañas | Arrayanes | Mafalda | Nuevo Berlín |
|------------------|----------|---------|---------|--------|-----------|-----------|---------|--------------|
| # alelos         | 4        | 3.18    | 2.09    | 3.36   | 2.27      | 4.73      | 3.91    | 1            |
| $H_o$            | 0.54     | 0.42    | 0.19    | 0.43   | 0.39      | 0.65      | 0.54    | 0            |
| $H_e$            | 0.63     | 0.46    | 0.25    | 0.48   | 0.39      | 0.64      | 0.54    | 0            |
| $F_{IS}$         |          |         |         |        |           |           |         |              |

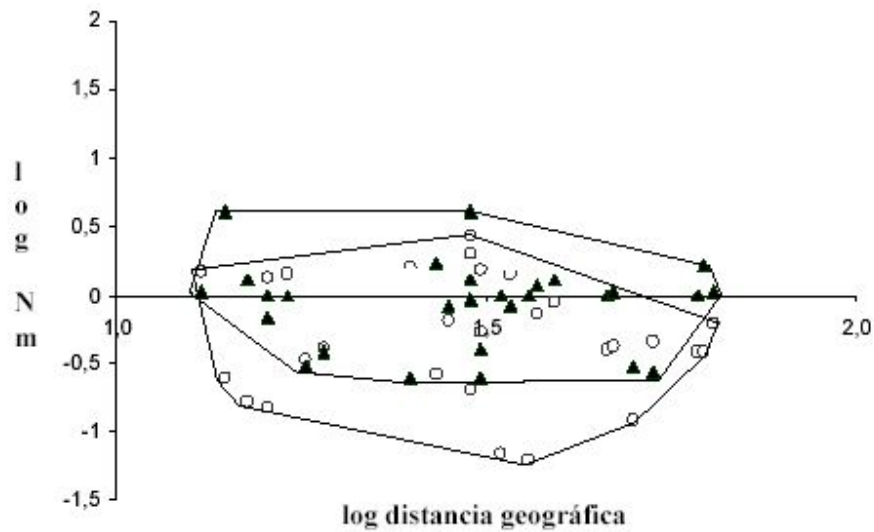
**Actividad 1)** Calcular los  $F_{IS}$  para cada población.

Los niveles de flujo génico, globales y entre pares de poblaciones fueron estimados de dos formas:

a) *Niveles globales:* a partir del estadístico  $F_{ST}$ , mediante la fórmula  $Nm = \frac{(1/F_{ST} - 1)}{4}$ , obteniéndose un  $Nm = 0.45$ .

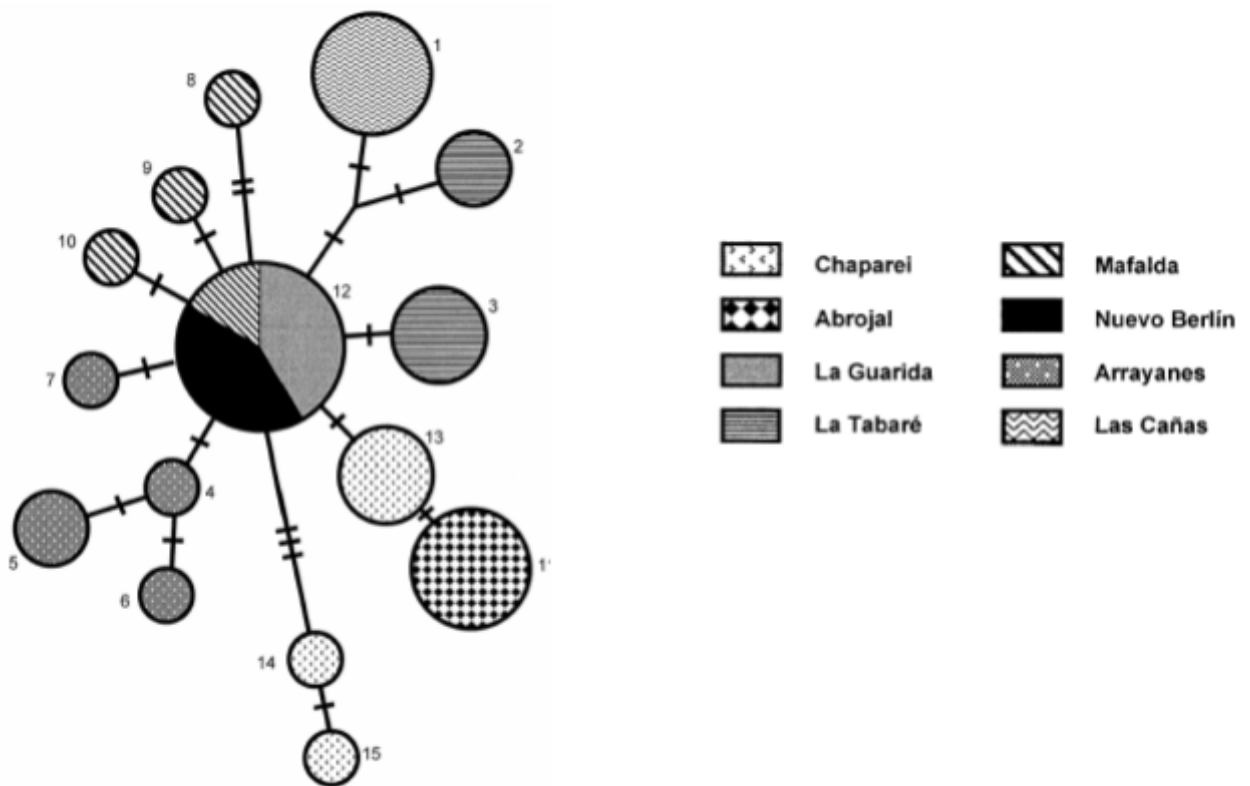
b) *Estimaciones pareadas:* a partir de  $F_{ST}$  calculados para cada par de poblaciones.

Para evidenciar si existe un patrón de “aislamiento por distancia”, se construyó el siguiente gráfico con los valores de flujo génico entre pares de poblaciones (obtenidos a partir de las estimaciones pareadas de  $F_{ST}$ ) en función de la distancia geográfica que las separa (fig. 2). Los valores de  $F_{ST}$  fueron estimados para dos marcadores genéticos: microsatélites y el gen del citocromo b del ADN mitocondrial.



**Figura 2.** Gráfica del logaritmo del número de migrantes, expresado como Nm, vs. el logaritmo de las distancias geográficas. Los círculos y los triángulos denotan estimaciones basadas en microsatélites y citocromo b, respectivamente.

Además, para el gen del citocromo b se obtuvieron las distintas variantes de las secuencias (haplotipos) y se estudió su frecuencia, su relación con la procedencia de la muestra y la relación entre ellas (fig 3).



**Figura 3.** Red de distancias mínimas para los 15 haplotipos de citocromo b encontrados. Cada haplotipo se representa con un círculo, cuya área es proporcional a la frecuencia. Sobre las líneas que conectan haplotipos, los cambios están marcados como rayas transversales. Cada trama representa una población (ver referencia).

**Actividad 2)** ¿Qué sugiere el gráfico de la Fig. 2 de flujo génico en función de distancias geográficas para pares de poblaciones? (vea también la Fig. 3)

**Actividad 3)** ¿Las estimaciones de flujo génico obtenidas, corresponden a métodos directos o indirectos? ¿Tiene esto alguna implicancia para nuestros resultados?

Un estudio anterior que considera algunas de las mismas poblaciones y que emplea marcadores alozímicos, propone una estimación de  $Nm \approx 6$  a 10 y los siguientes valores de  $F_{IS}$ :

|          | Localidad |         |         |           |              |
|----------|-----------|---------|---------|-----------|--------------|
|          | Abrojal   | Guarida | Mafalda | Las Cañas | Nuevo Berlín |
| $F_{IS}$ | 0,365     | 0,577   | 0,312   | 0,349     | 0,242        |

**Actividad 4)** Discutir a que pueden atribuirse las discrepancias entre ambas aproximaciones al mismo problema.

**Actividad 5)** Evaluando la totalidad de los resultados presentados, ¿acepta o rechaza la hipótesis de que el melanismo se fijó por deriva en algunas poblaciones? ¿Qué interpretación plantearías para explicar el patrón de estructura poblacional encontrado?

## Bibliografía

Wlasiuk, G., Garza, J. C. y Lessa, E. P. 2003. Genetic and geographic differentiation in the Río Negro Tuco-tuco (*Ctenomys rionegrensis*): inferring the roles of migration and drift from multiple genetic markers. *Evolution*, 57 (4), pp. 913-926.