Libro de resúmenes

III Reunión Argentina de

Biología Evolutiva

Facultad de Ciencias
Exactas y Naturales (UBA)
CABA-2019

III Reunión Argentina de Biología Evolutiva

<u>Sede</u>

Ciudad Universitaria, Pabellón 2
Ciudad Autónoma de Buenos Aires

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
-UBA-
5 al 7 de agosto del 2019

Divergencia simpátrica versus alopátrica: barreras al flujo génico intraespecifico e interespecífico en tres especies del género *Nothofagus* (*N. pumilio, N. antarctica Y N. dombeyi*)

Juri[1], G.; Fasanella[2], M.; Premoli[2], AC.
[1] Instituto de Investigaciones en Recursos Naturales, Agroecología y Desarrollo Rural (IRNAD-CONICET), Universidad Nacional de Río Negro, Río Negro.
[2] Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medio Ambiente (INIBIOMA-CONICET), Universidad Nacional del Comahue, Río Negro. gabrielajuri@gmail.com

La diferenciación simpátrica, bajo flujo génico, requiere el surgimiento de algún tipo de barrera reproductiva. En ambientes heterogéneos, la especialización ecológica es un mecanismo que puede permitir la diferenciación simpátrica. La diferenciación alopátrica, por el contrario, permite la acumulación de diferencias neutrales: incluso cuando se sostiene durante periodos prolongados, el aislamiento alopátrico puede finalizar sin generar barreras de aislamiento intrínsecas. El complejo de especies simpátricas y/o parapátricas *Nothofagus pumilio*, *N. antarctica* y *N. dombeyi* es un buen modelo para contrastar estos dos escenarios de divergencia. Estas especies leñosas de Patagonia comparten un quiebre filogeográfico profundo y antiguo que separa dos clados (filogrupos) ubicados al Norte y Sur de la zona comprendida entre los lagos Puelo y Rivadavia, provincia de Chubut. Su datación filogenética calibrada mediante fósiles permitió asociarlo a ingresiones marinas duraderas y contemporáneas a la divergencia del subgénero. En la actualidad, las especies y los filogrupos coexisten en simpatría en varios sitios. Nuestro objetivo fue analizar mediante marcadores moleculares SNP (Polimorfismos de Nucleótido Simple) procesos de divergencia simpátrica entre especies (adaptativa) o alopátrica entre filogrupos (neutral). Mediante técnicas de Genotipado Por Secuenciación (GBS, Genotyping By Sequencing), se identificaron más de 8000 SNPs compartidos por las tres especies. La identificación de SNPs asociados a los fenotipos “especie” y “filogrupo” se realizó usando modelos lineales mixtos (Tassel V 5.2.52) y análisis de componentes principales (adegenet V 2.1.1) para verificar los agrupamientos propuestos. La divergencia entre y dentro de especies se estimó mediante estadísticos F usando tres conjuntos de SNPs: asociados a especies, asociados a filogrupos o no asociados. Mediante un análisis de BLASTx, se identificaron los genes bajo selección (e-value $<10^{-2}$ y más del 90% de identidad). Los marcadores neutrales indicaron flujo génico muy alto entre filogrupos Norte y Sur ($F_{ST}<0.0152$). Por el contrario, los marcadores potencialmente adaptativos asociados a filogrupos mostraron un grado de aislamiento notoriamente alto ($0.45<F_{ST}<0.8$), especialmente si se compara con el aislamiento registrado entre las tres especies ($F_{ST}=0.52$), estimado a partir de todos los SNPs. El análisis BLAST mostró que la mitad de los SNPs asociados a filogrupos pertenecen a regiones codificantes del genoma. En conjunto, los resultados muestran que el aislamiento alopátrico prolongado entre filogrupos no logró limitar el flujo génico neutral, que se restableció luego del contacto secundario. Por último, la divergencia simpátrica, mediante la adaptación local, ha favorecido el surgimiento de barreras reproductivas intrínsecas, con base genética, entre las especies estudiadas.