

Análisis genético de la biodiversidad: fauna silvestre



Fabrício R. Santos



Biólogo, Genetista (fsantos@icb.ufmg.br), Professor de Evolução

Departamento de Biología General, ICB, UFMG

Belo Horizonte, MG, Brasil

Genética de Conservación

Aves



Mamíferos



Réptiles



Diferentes abordajes en genética de conservación

- **Genética de poblaciones**
- **Filogeografía**
- **Sistemática y filogenia**
- **Comportamiento reproductivo**

Metodología Molecular

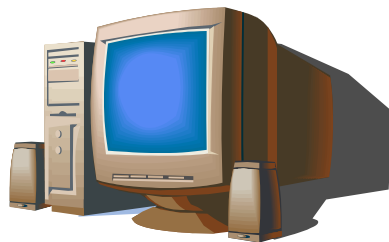


Colección de
tejido/espécimen

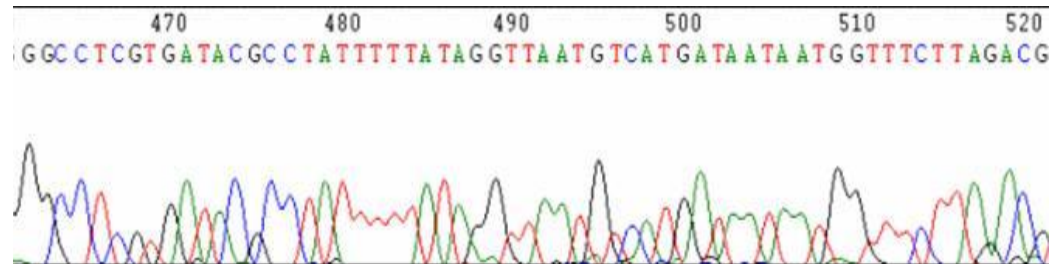
Extracción de ADN,
almacenamiento,
catalogación



PCR

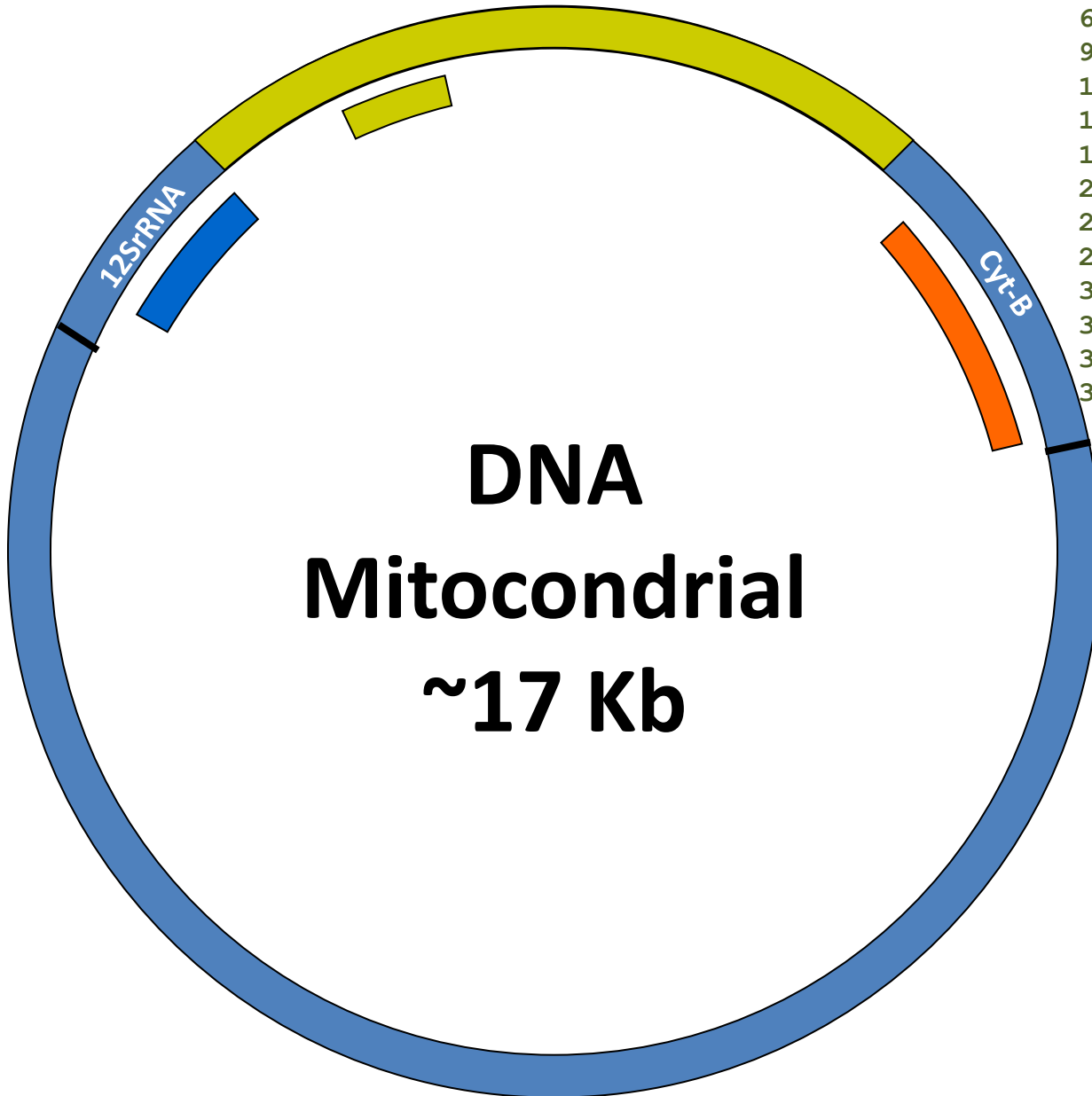


Análisis de datos
Bioinformática



Datos de
secuenciación/genotipaje

Región hipervariable



```
1   aatcctactt aaactactcc ctgtacggct
31  atgtaattcg tgcattatgt gtcctcccc
61  atatagtact atctatgttt tatcttacat
91  acaccatcct atgtataatc gtacattaca
121 ttatataccc catgottaca agcaagtaca
151 gtataaataa tgcttctaga cagtatatac
181 cttccactgc aaattcccaa ccacatggat
211 attcttcagt ccattcacct cttaatattg
241 cataatacat tacactcctt aatcgtacat
271 agcacatcac ttgaaatcat tctcgccaac
301 atgcttatca cctccattag gcagtccata
331 actaccaagc gccgagaaac cagcaaccog
361 ccctcatttt gtccctcttc tcgctccggg
391 cccataactt gtgggggtgt
```

Secuencia de DNA (400 pb) de la región hipervariable I (HVSI) del DNA mitocondrial. Una secuencia específica de un individuo es denominada **haplotipo**.

Variaciones de secuencias de DNA

Hap. M ...AAG**C**GTTAT**A**GCAGAG**G**TTAT...

Hap. N ...AAG**T**GTTAT**A**GCAGAG**G**TTAT...

Hap. O ...AAG**T**GTTA**G**AGCAGAG**G**TTAT...

Hap. P ...AAG**T**GTTA**G**AGCAG**A**ATTAT...

Rastreando filogenias de haplotipos

Hap. M ...AAG**C**GTTATAGCAGAG**G**TTAT...



Hap. N ...AAG**T**GTTATAGCAGAG**G**TTAT...



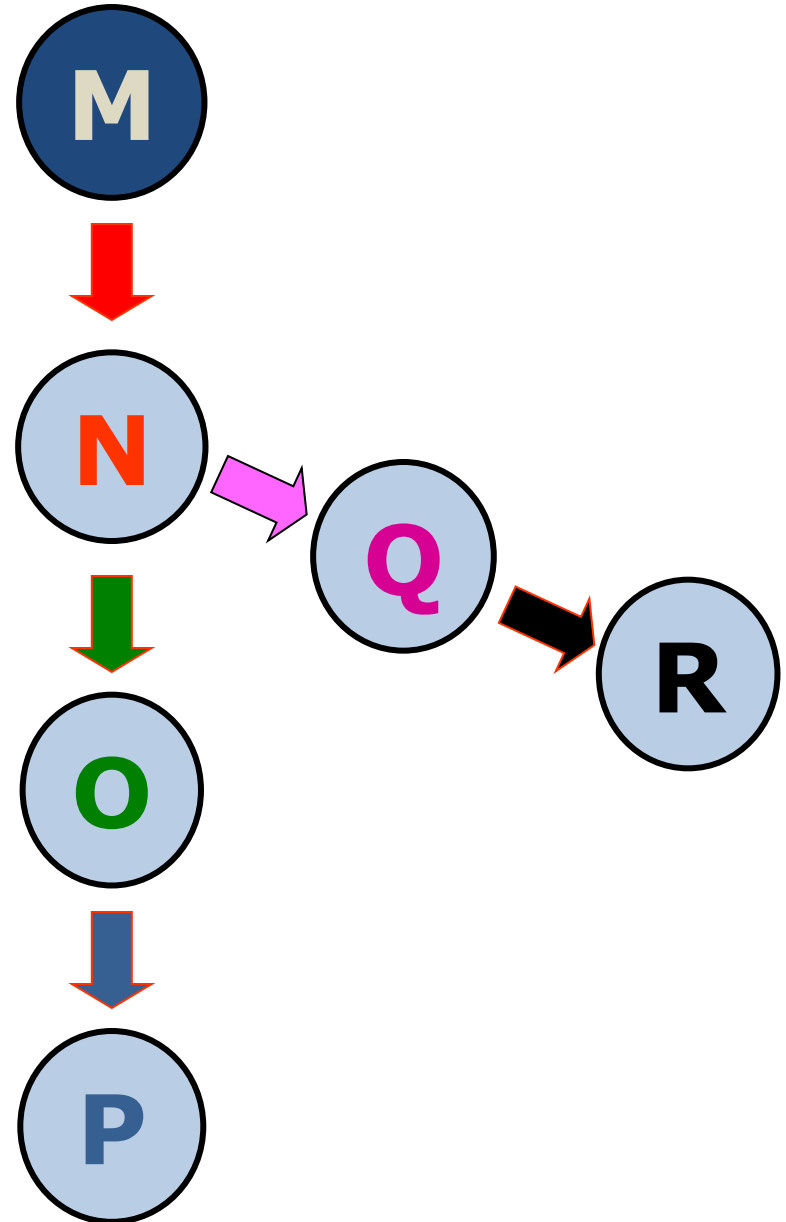
Hap. O ...AAG**T**GTTA**G**AGCAGAG**G**TTAT...



Hap. P ...AAG**T**GTTA**G**AGCAGA**A**TTAT...

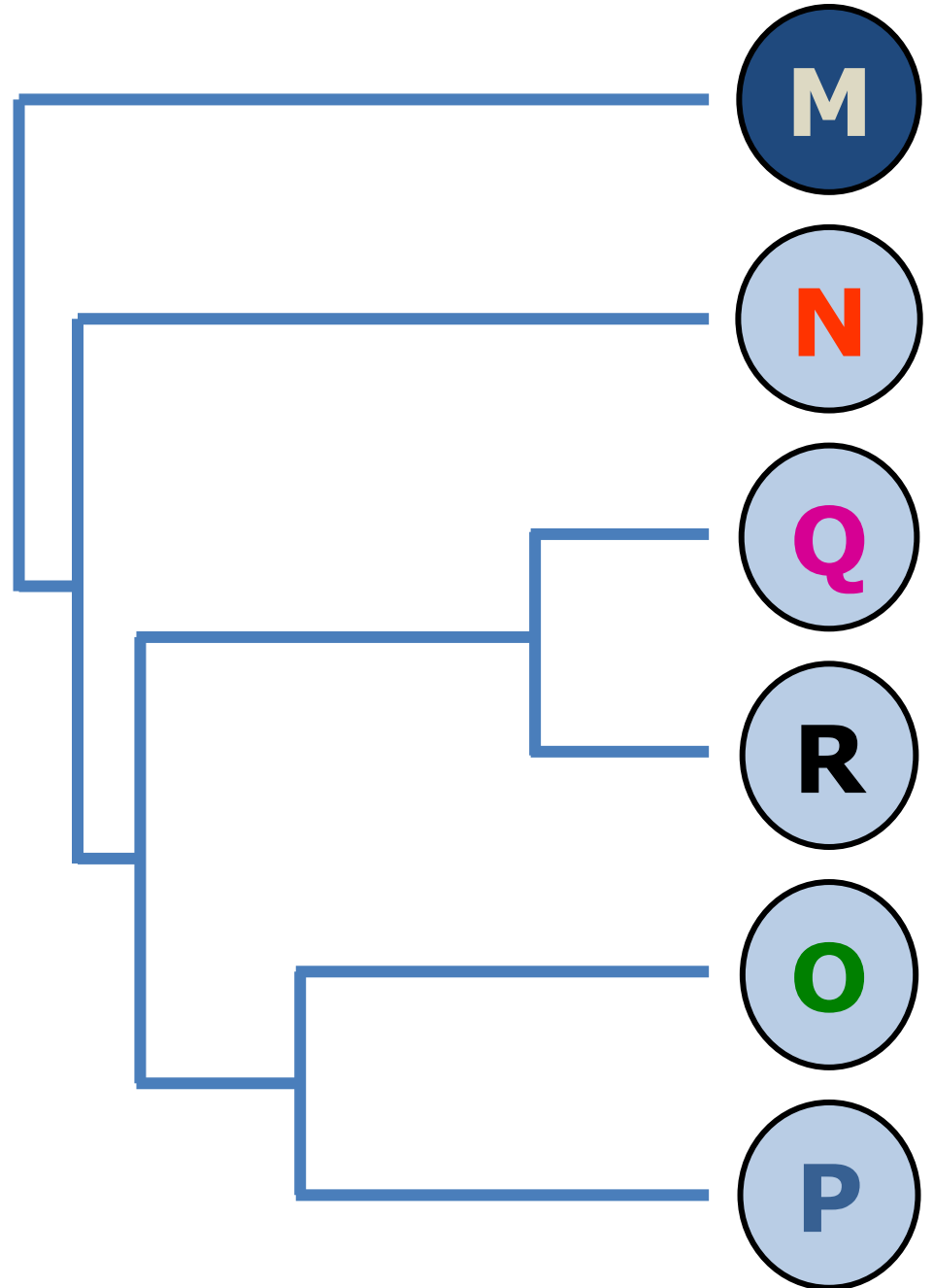
Red filogeográfica

Los haplotipos son conectados en una genealogía que cuenta la historia de diversificación del DNA mitocondrial en un contexto geográfico

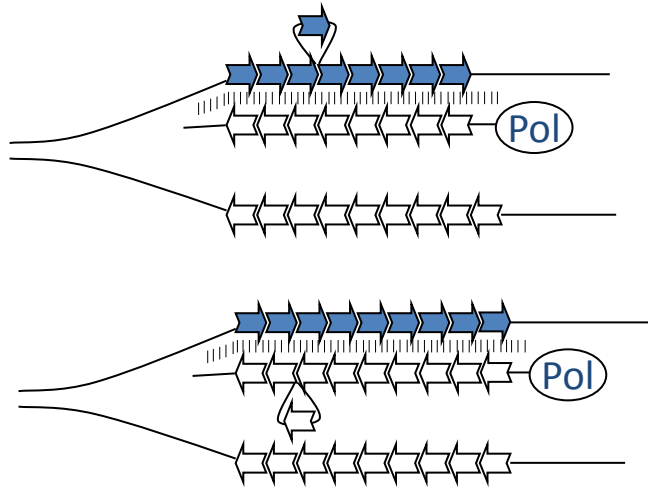


Árbol filogenético

Los haplotipos son conectados en una genealogía que representa una historia de ancestralidad común que debe ser proporcional al tiempo de divergencia.

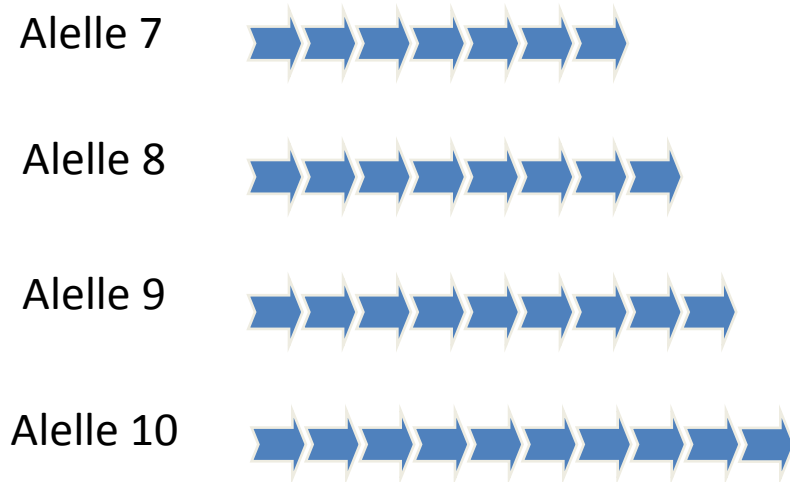


Microsatellites



$10^{-3} - 10^{-4}$ mut/locus

Population diversity
kinship, gene flow,
hybridization etc



➡ = di, tri or tetranucleotide repeat
(CA, TAC, GATA etc)

Autosomal markers



Chromosome



Gene Reference Sequence

10^{-8} mut/nucleotide site

A ...ACTTGGATTC... → ...ACTTGGACTC... **Single Nucleotide Polymorphism**

B  **Gene Deletion**

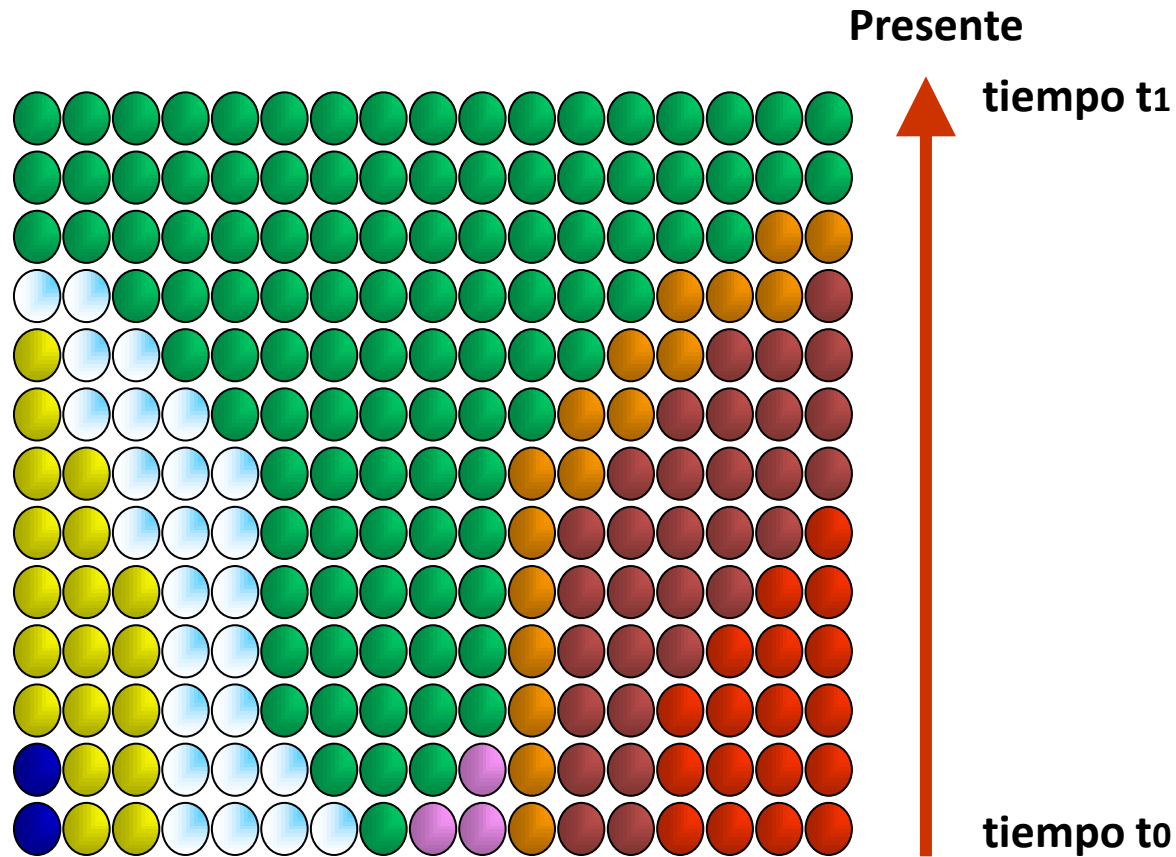
C  **Inverted Gene Sequence**

D  **Copy Number Variant (Multi-Copy Duplication)**

E  **Segmental Duplication**

F  **Large Scale Copy Number Variant**

Modelo coalescente



Representación gráfica de la coalescencia: casi todos los linajes se extinguen, excepto una en el tiempo t_1 , y todos los alelos verdes pueden ser rastreados al ancestro común en el tiempo t_0 .

Diversidad en Passeriformes

988 espécies en Brasil (CBRO)



Daniela Lacerda, Sibelle Vilaça, Anderson Chaves, Eloísa Sari, Juliana Chevitaresh, Bárbara Chaves y Fabrício R. Santos



Historia natural del complejo *Basileuterus culicivorus*

- Complejo *Basileuterus culicivorus*
 - *B. culicivorus*
 - *B. hypoleucus*



Foto: Andrei L. Roos



Foto: Sibelle T. Vilaça



Gulf Of Mexico

Caribbean Sea

Pacific Ocean



B. hypoleucus

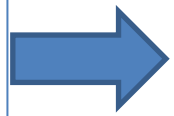


B. culicivorus



ML/Bayesian Cyt-b tree

BAP



VEN

COL

MES

MEX

Paraguay

Argentina

Brazil

Venezuela

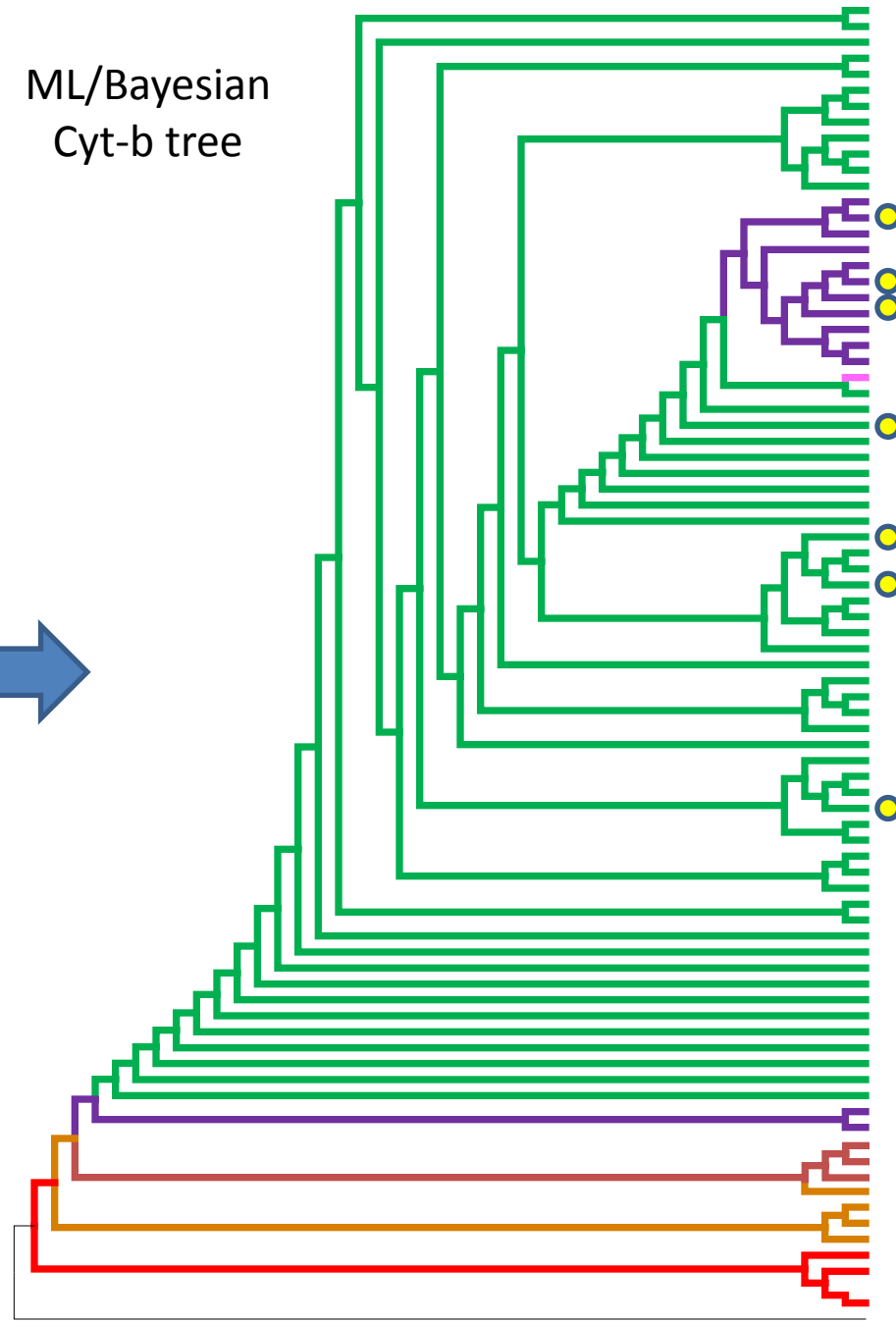
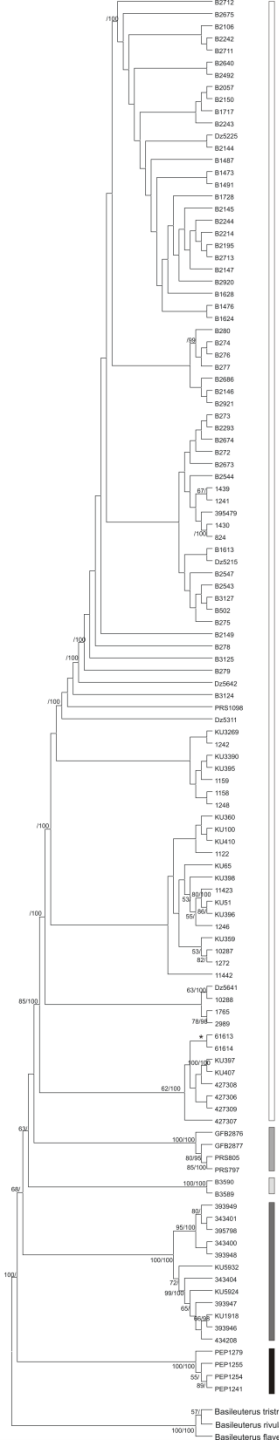
Colombia

Mexico S. / El Salvador

Mexico N.

Basileuterus rivularis

B. hypoleucus

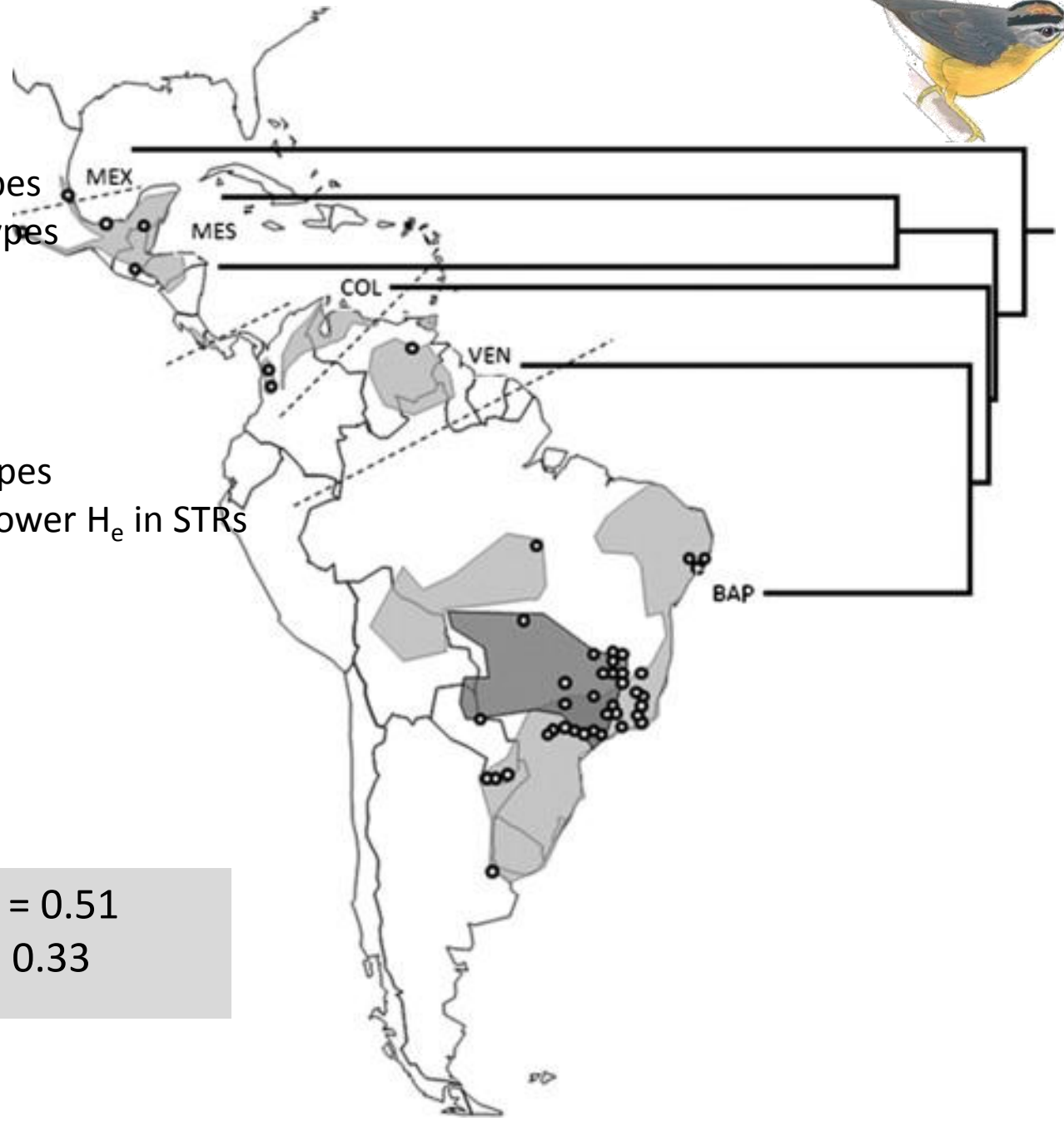




MEX 4 exclusive BF5 haplotypes
MES 10 exclusive BF5 haplotypes

BAP 36 exclusive BF5 haplotypes
and presents relatively lower H_e in STRs

Cyt-b overall $\phi_{st} = 0.51$
BF5 overall $\phi_{st} = 0.33$





Population expansion tests

Number of individuals (n), haplotype numbers (h), Tajima D va Fu's Fs values, pairwise ϕ_{st} - Cyt-b

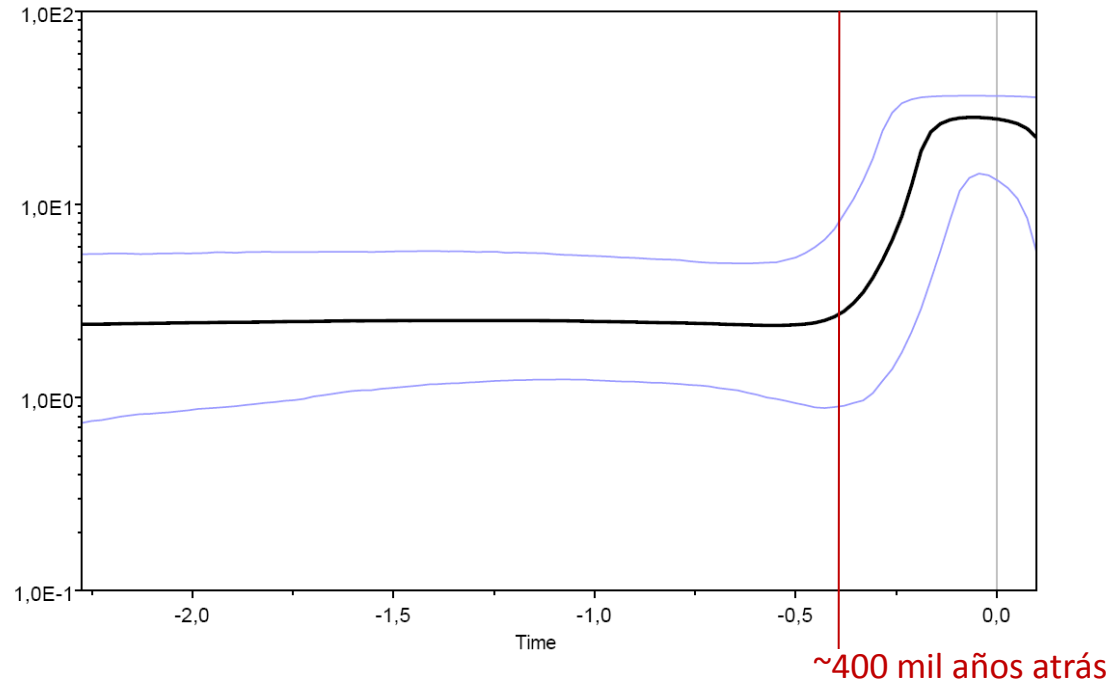
	BAP	Mexico_Norte	Mexico_El Salvador	Venezuela
n	71	4	3	4
h	67	4	3	3
D Tajima	0,39197	-0,31054	0,00000	0,17969
Fs Fu	-24,095***	0,561	0,901	0,888
ϕ_{st}	0,558***	0,611***	0,619***	0,626***

*** $p < 0,0001$

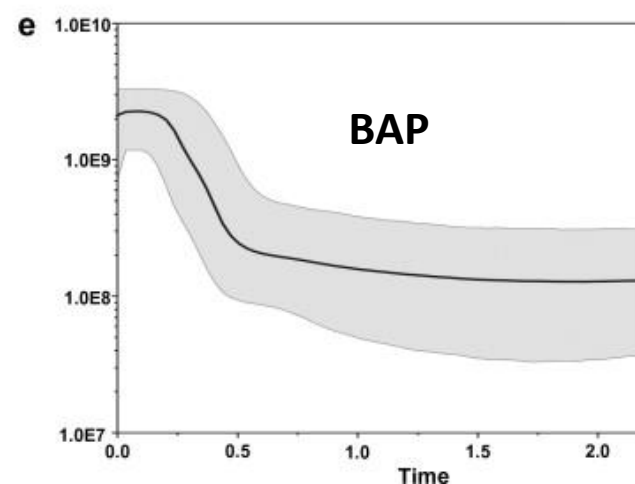
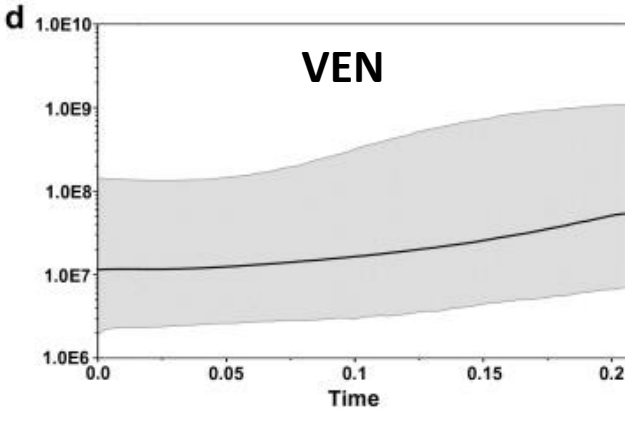
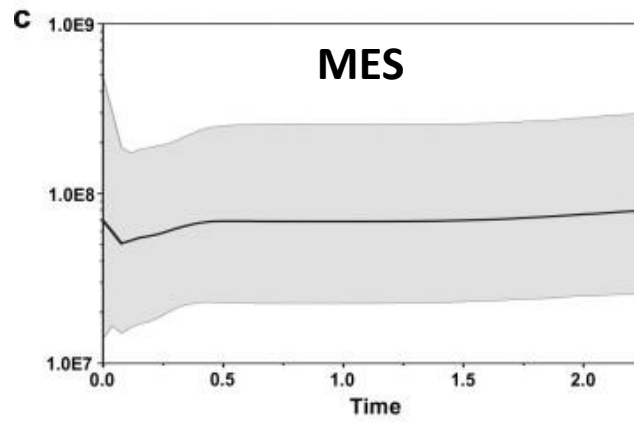
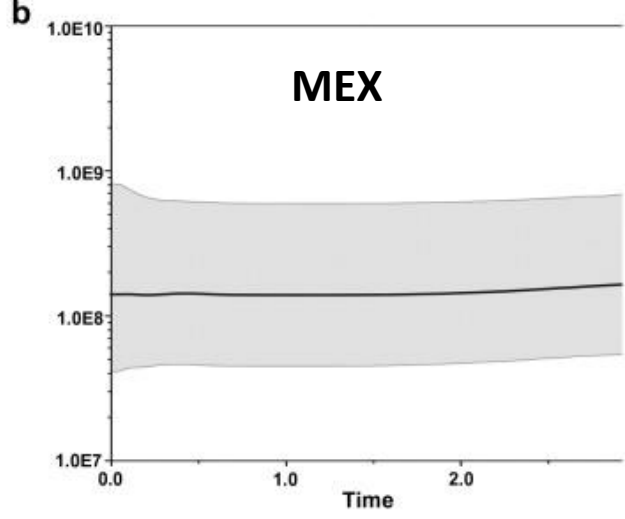
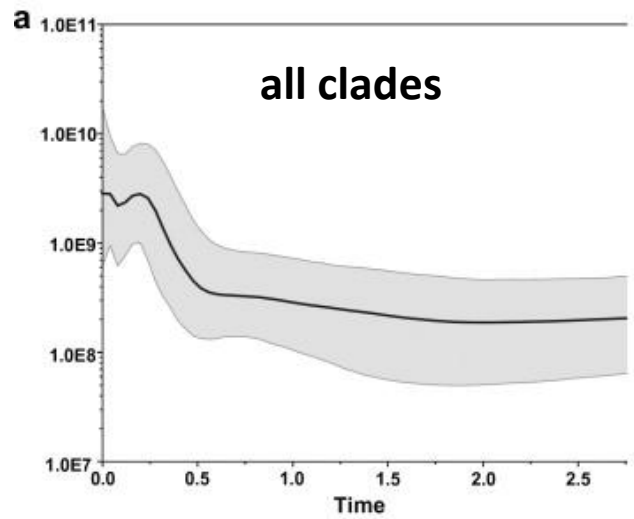
BF5 and microsatellites → non significant



Reconstrucción paleodemográfica

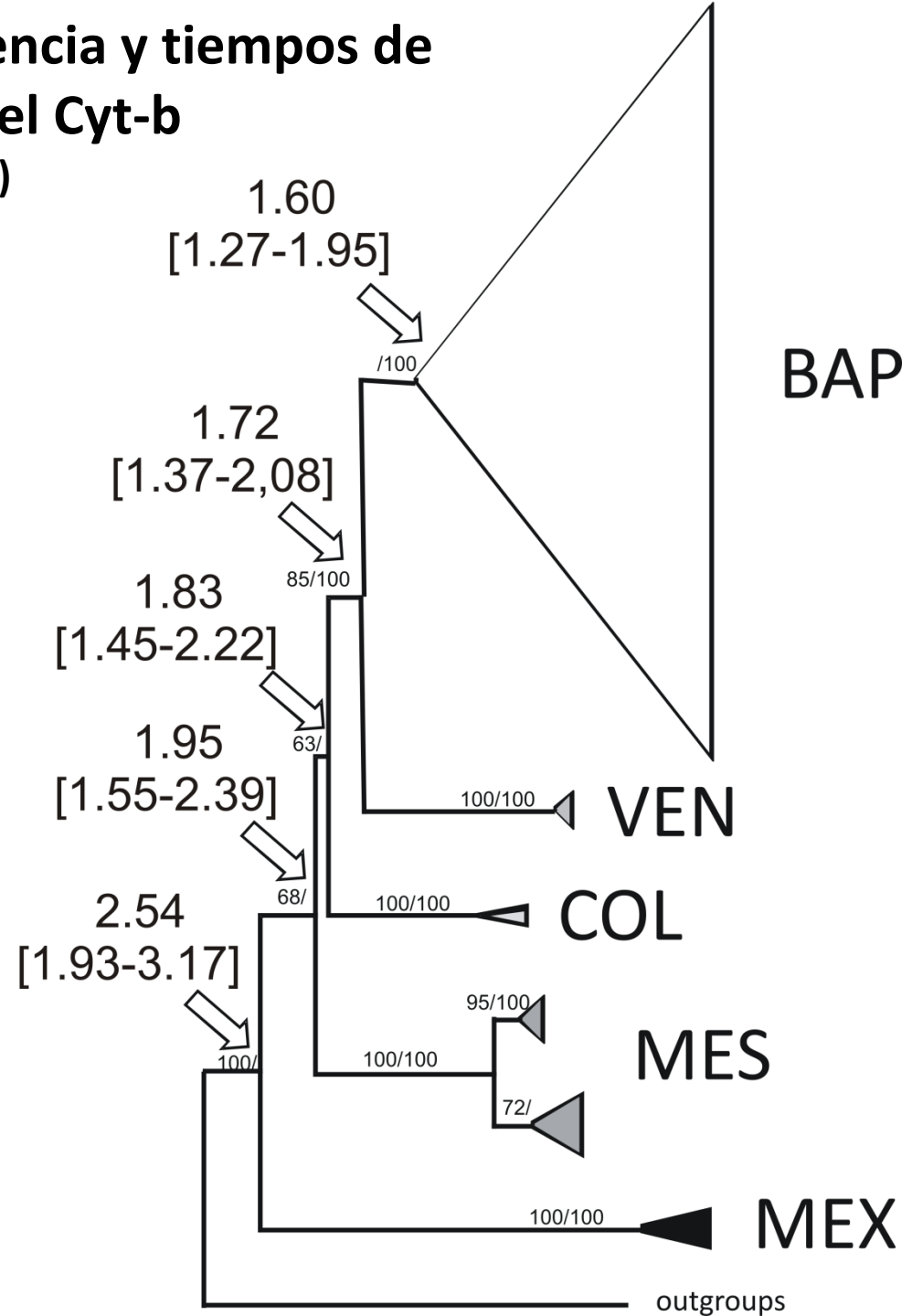


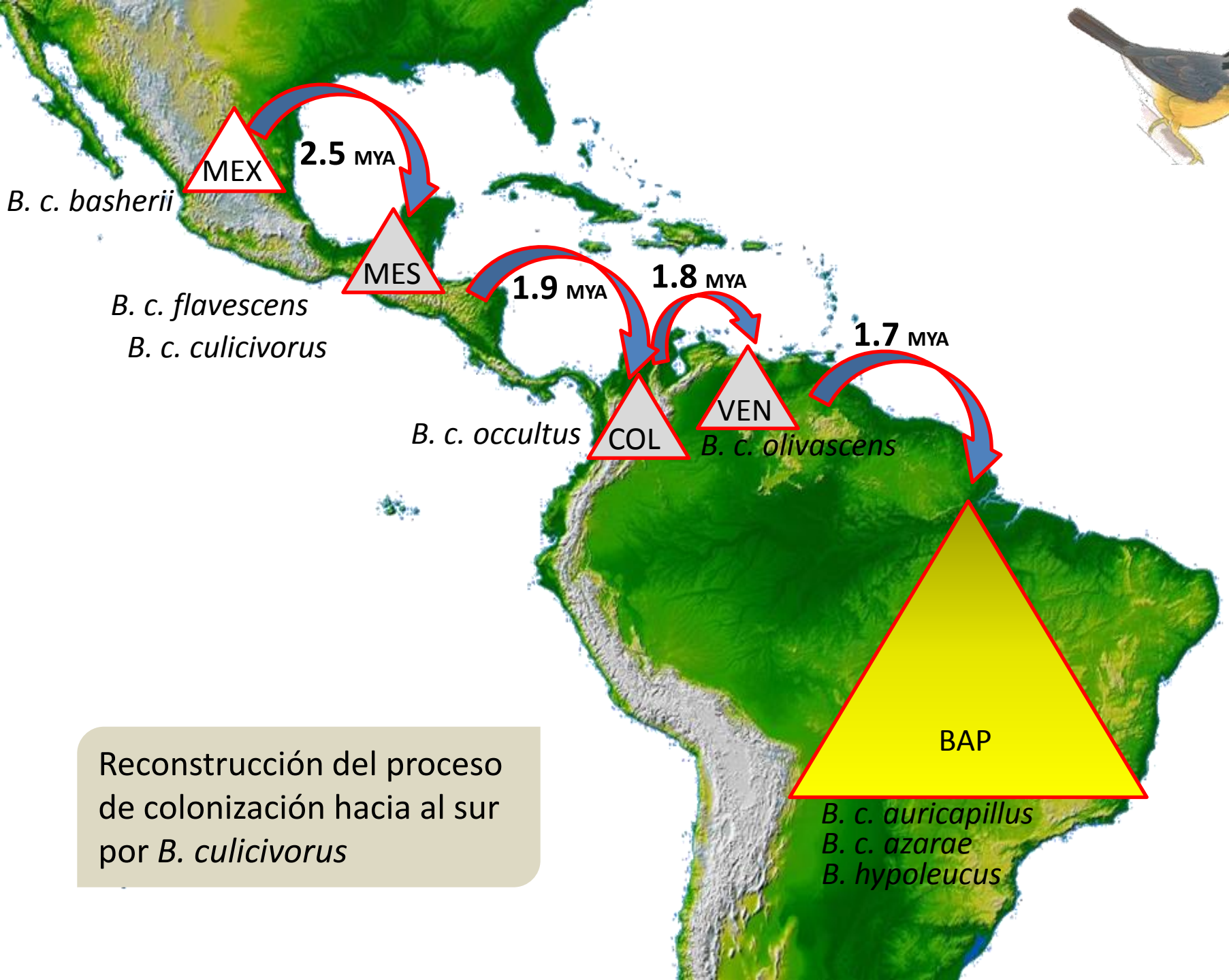
Bayesian Skyline Plot producido en el programa *Beast*. El eje X representa el tiempo pasado en millones de años; el eje Y representa el parámetro $N_e\tau$ de la población.



Bayesian skyline
Plots

Fechas de divergencia y tiempos de coalescencia con el Cyt-b (millones de años atrás)





MEX

2.5 MYA

B. c. basherii

MES

1.9 MYA

B. c. flavescens
B. c. culicivorus

1.8 MYA

COL

B. c. occultus

VEN

B. c. olivascens

1.7 MYA

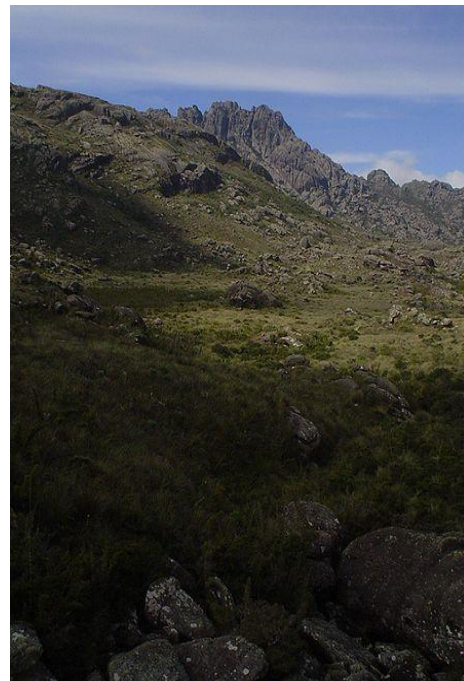
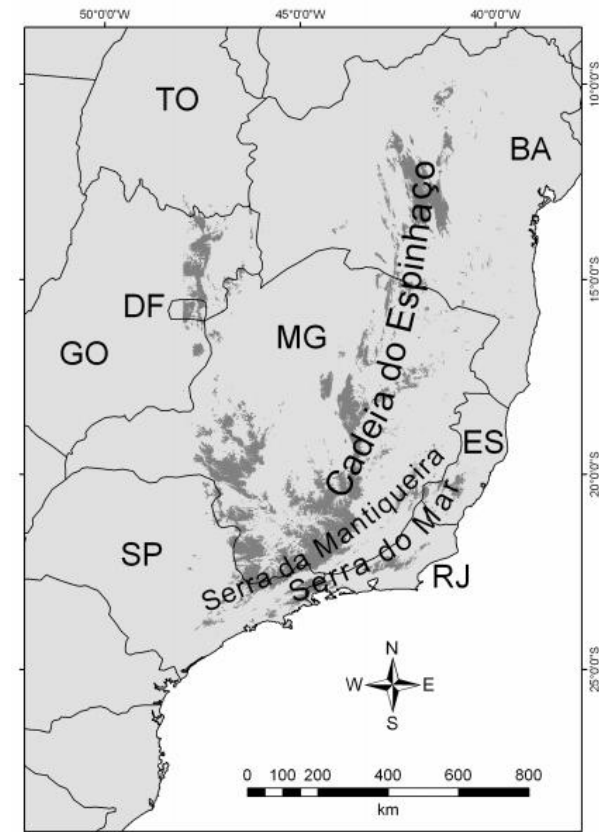
BAP

B. c. auricapillus
B. c. azarae
B. hypoleucus

Reconstrucción del proceso de colonización hacia al sur por *B. culicivorus*

Campos de altitude do Brasil

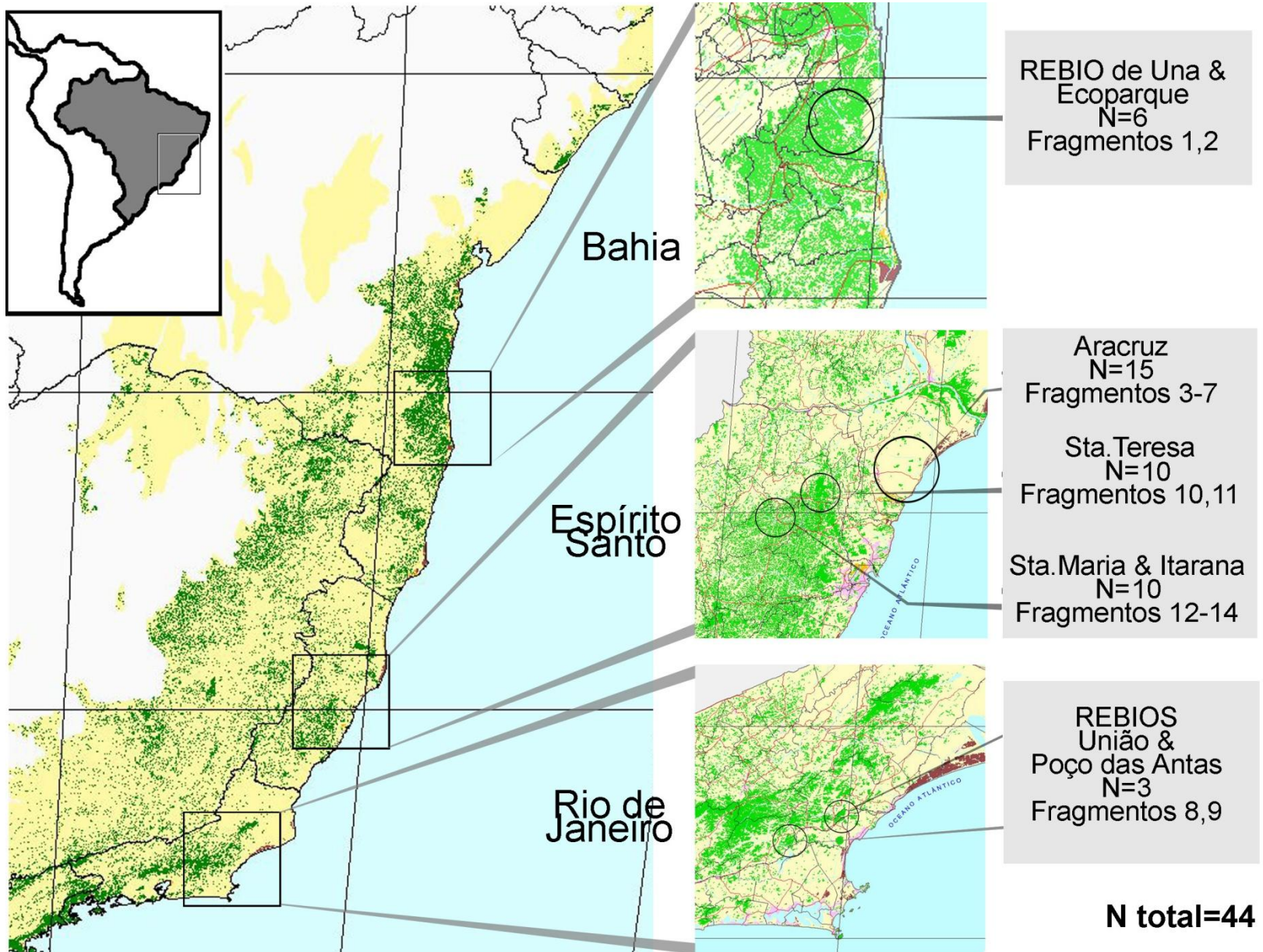
Muitos campos estão restritos aos topos de montanha frios no leste brasileiro: apresentam grande endemismo e são muito sensíveis ao aquecimento global.



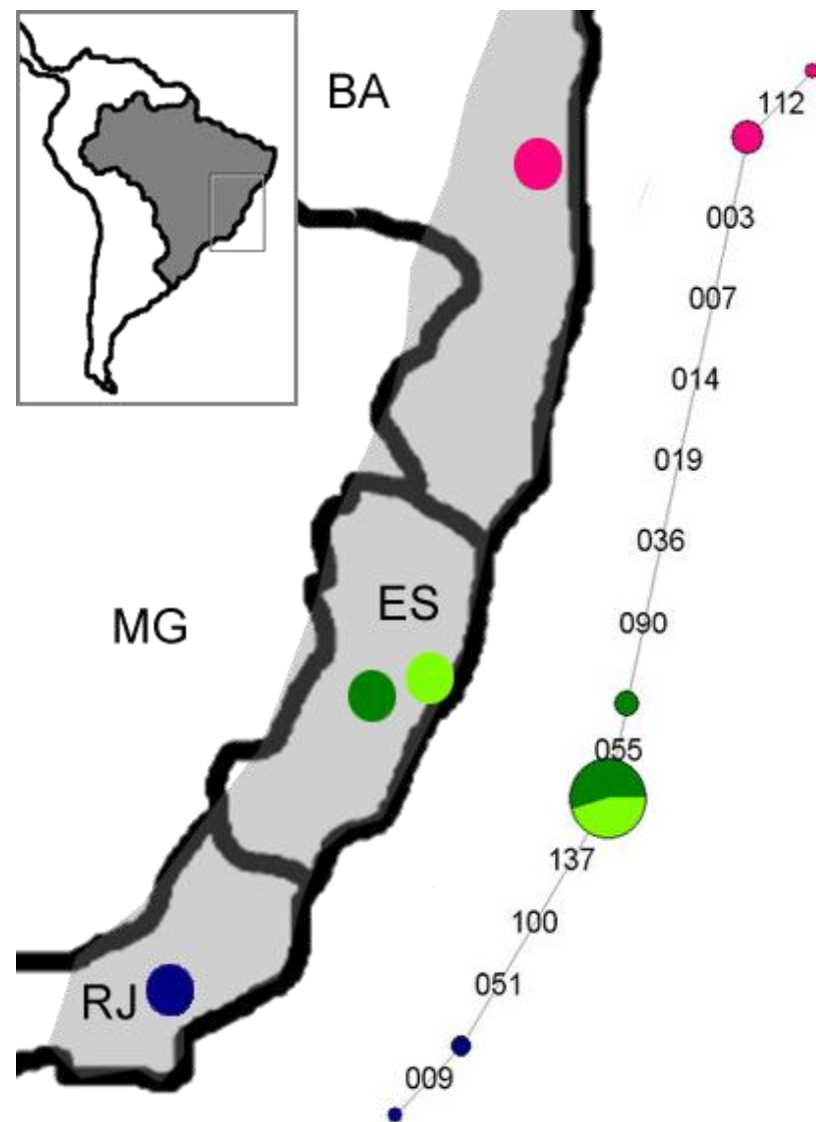
Estudios en Xenarthra



LOCALIDADES Y POBLACIONES DE ESTUDIO



Estructuración genética y geográfica de los haplotipos



AMOVA

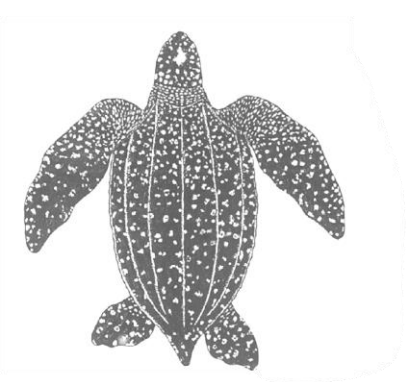
Fonte da variação	% da variação total
Entre estados	96,4
Entre populações do ES	0,16
Entre indivíduos dentro das 4 populações	3,44

Índice de diferenciação das populações

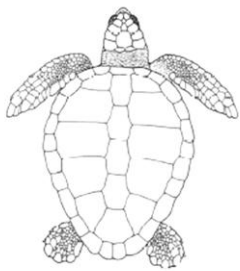
$$\Phi_{ST} = 0,966$$

Tartarugas marinhas

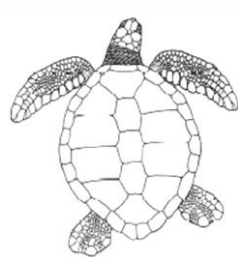
- Ordem Testudines
- Duas famílias (Cheloniidae/Dermochelidae)
- Sete espécies, cinco se encontram na costa brasileira
- Projeto em colaboração com o TAMAR



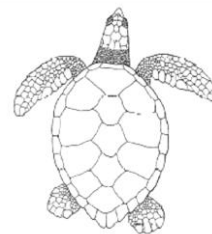
Dermochelys coriacea



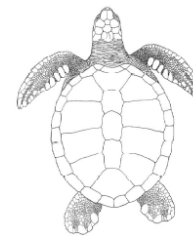
Caretta caretta



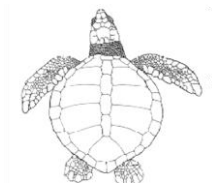
Chelonia mydas



Eretmochelys imbricata



*Natator depressus**



*Lepidochelys sp.**

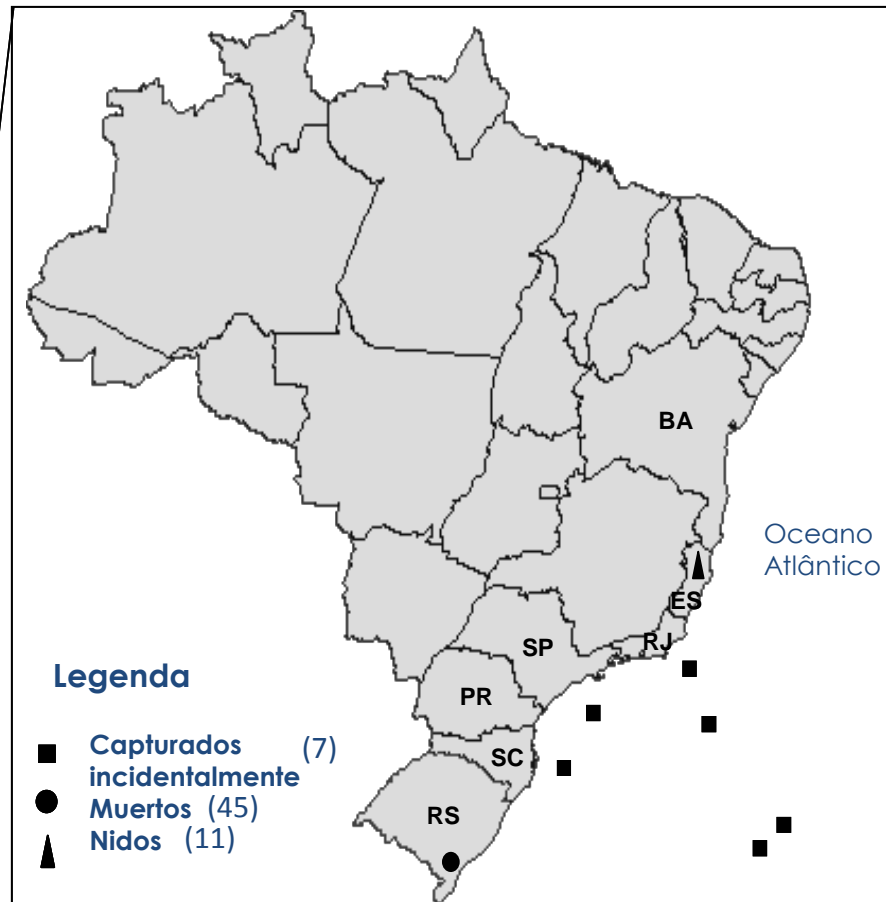


Diversidad genética y origen de tortugas de cuero (*Dermochelys coriacea*) encontradas en la costa brasileña

Sarah M. Vargas , Flávia C. Araújo, Danielle Monteiro , Sérgio Estima,
João Carlos Thomé, Luciano Soares y Fabrício R. Santos



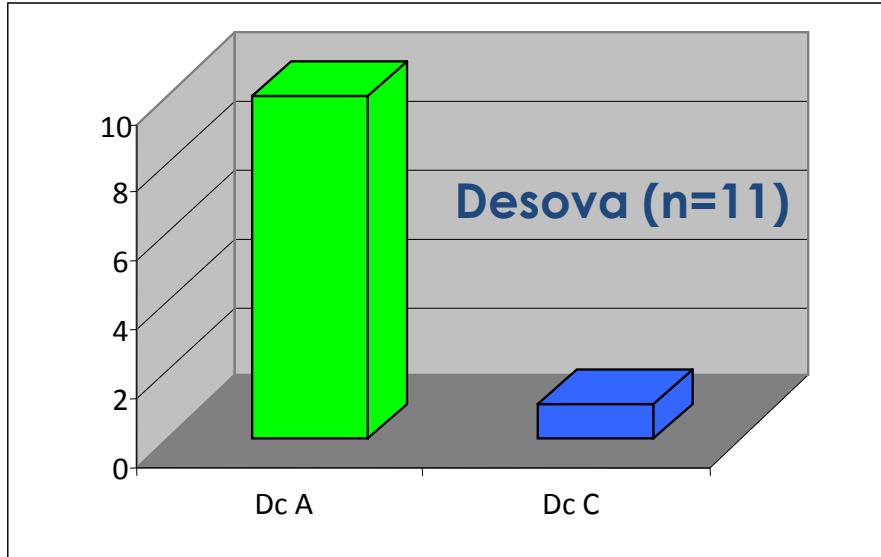
Muestreo



✓ Población de nidos en Brasil => pocos individuos, Espírito Santo

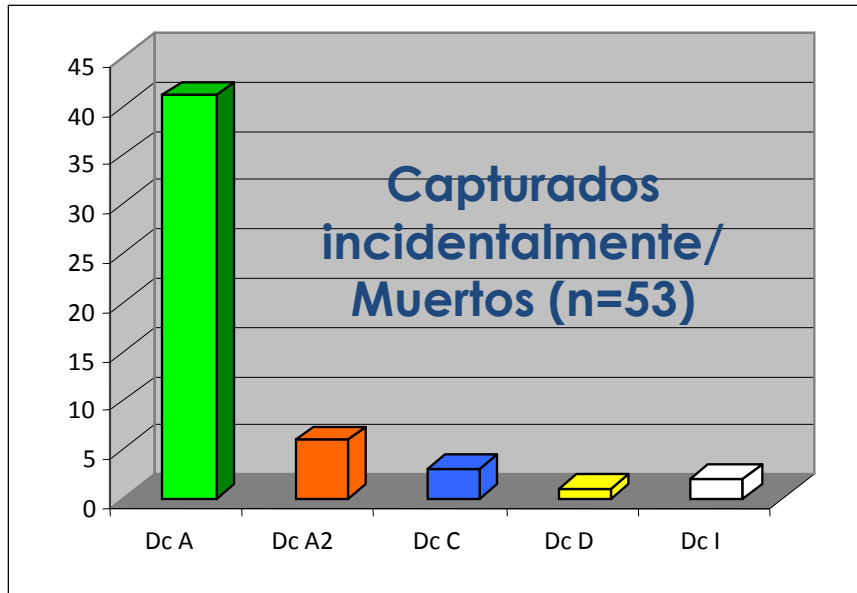
✓ Agregación de individuos en las regiones Sur y Sureste de Brasil

Análisis comparativo (HVSI r = 496 pb)



Dc A – Nidos de Brasil

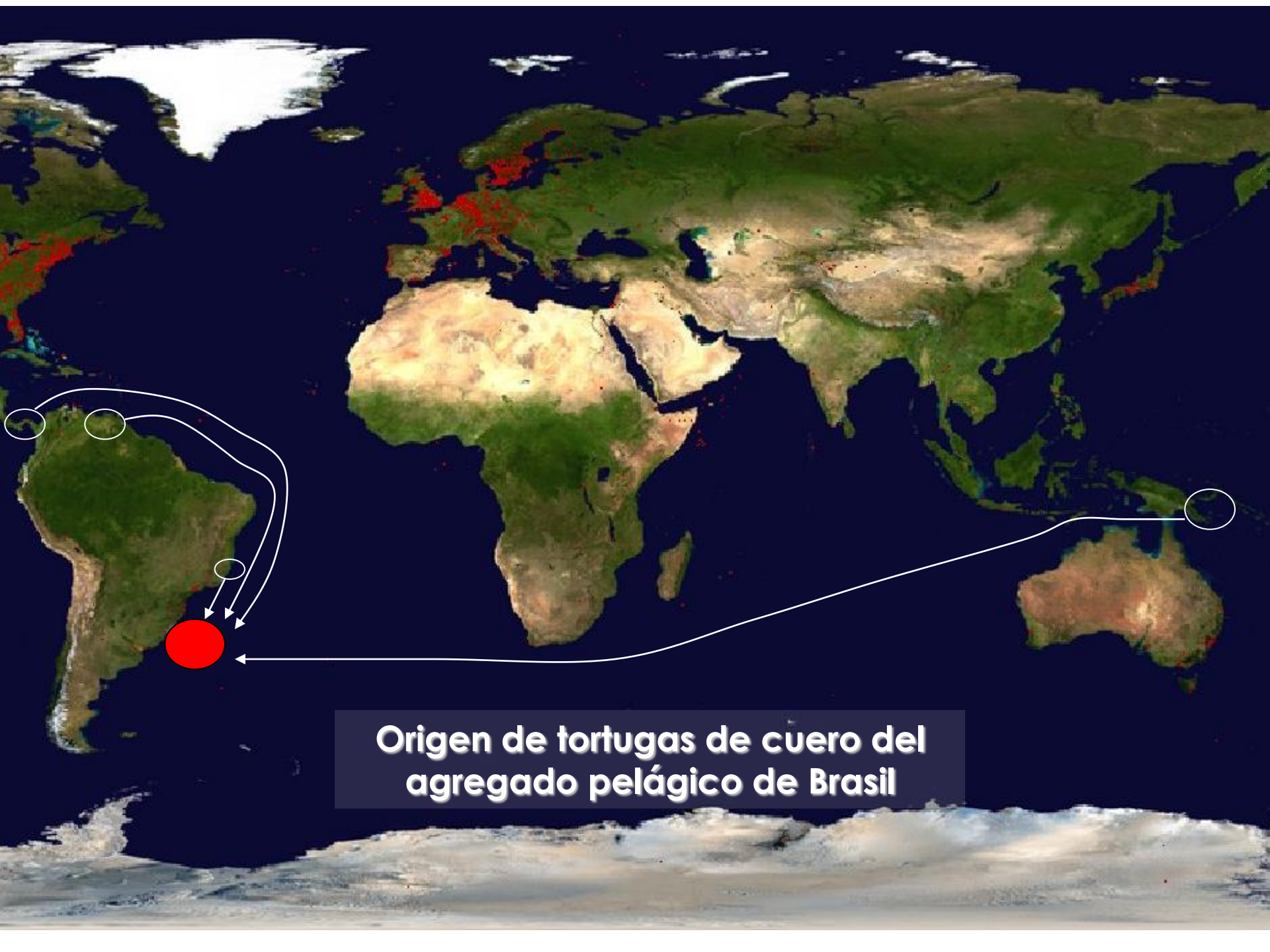
Dc C – Trinidad y Tobago (Atl)



Dc A2 - Nuevo haplotipo (Brasil)

Dc D - Costa Rica (Atl)

Dc I - Islas Salomon (Pac)



Origen de tortugas de cuero del agregado pelágico de Brasil

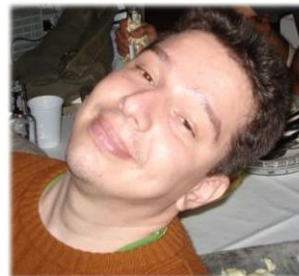
Colaboradores



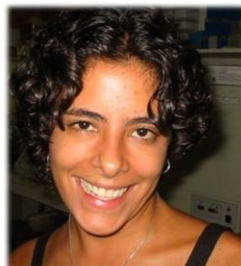
Financiación



Orientados/supervisionados



*+Gisele, Bruno, Lúcia,
Clarice, Claudiomar,
Angela, Cayo, Zé Eustáquio,
Samuel, Larissa*



Gracias

fsantos@icb.ufmg.br

