

ANÁLISIS DE LA DINÁMICA GENÉTICA Y DEMOGRÁFICA DE *Drosophila pseudoobscura* EN COLOMBIA Y MÉXICO MEDIANTE MÉTODOS DE COALESCENCIA

ÁLVAREZ, D., RUIZ-GARCÍA, M.

Genética de Poblaciones-Biología Evolutiva, Departamento de Biología,
Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá,
Colombia. dalvarez@javeriana.edu.co

Drosophila pseudoobscura ha sido uno de los modelos biológicos que ha servido al estudio de la especiación dada su distribución geográfica (Dobzhansky & Epling, 1944, Dobzhansky *et al.*, 1963). Se estudiaron once poblaciones con 14 marcadores microsatélites. La mayor parte de los microsatélites estudiados, tanto en Colombia, como en México no están en HWE. Probablemente el efecto Wahlund y la endogamia pueden explicar el exceso de homocigotos en todas las poblaciones estudiadas. La diferenciación poblacional ausente en DpsX009 y Dps2005 podría significar que estos dos marcadores están asociados a áreas genómicas sometidas a selección natural unificante. La heterocigocidad esperada en las poblaciones mexicanas es el doble que la estimada en Colombia. La información a partir de los estadísticos F de Wright muestran en el global de los marcadores ausencias de HWE por exceso de homocigotos y una baja heterogeneidad poblacional dentro de las poblaciones colombianas y mexicanas, pero grande entre ellas. Los tamaños efectivos de las poblaciones analizadas son mayores en las poblaciones mexicanas. Globalmente podría decirse que las poblaciones colombianas tienen tamaños efectivos de 70.000 individuos mientras que las mexicanas alrededor de los 250.000. Además, el flujo génico es mayor entre las poblaciones mexicanas que entre las colombianas. Los dendrogramas muestran la divergencia Colombia - México clara y dentro de las poblaciones mexicanas Amecameca y Zurahuén son un clado separado, mientras que en Colombia, Potosí es la población más divergente. Se aplicaron diferentes programas de simulación fundamentados en la teoría de la coalescencia que permiten reconstruir, para diferentes parámetros poblaciones, las historias de estas poblaciones basados en las distribuciones posteriores de las variables pertinentes luego de simularlas con métodos MCMC. El programa dlik calcula los tamaños efectivos, confirmando los valores encontrados por otros métodos, fdist determina que marcadores presentan valores de heterocigocidad solo explicables por selección como es el caso de DpsX009, msvar mide si las poblaciones han pasado por períodos de contracción o expansión histórica. Las poblaciones estudiadas parecen haber estado estables en las últimas generaciones. 2mod define si las poblaciones han estado dominadas por flujo génico o por deriva genética, en nuestro caso el modelo que más se ajusta es el de flujo génico. La aplicación de estas últimas herramientas de análisis de datos abren toda una gama de posibilidades que le dan más poder a la reconstrucción histórica de los mecanismos que permitieron conformar las frecuencias alélicas detectadas en las muestras.