

Discussão: determinantes da diversidade genética

Romiguier et al 2014

A questão central

Quais são os principais determinantes da diversidade genética encontrada em diferentes espécies?

Life-history

Características intrínsecas da espécie que influenciam a "abundância" da espécie: "One would therefore expect the genetic diversity of a species to be linked to biological traits associated with abundance, such as body size or fecundity."

tamanho adulto, massa corporal, longevidade máxima, capacidade de dispersão do adulto, fecundidade e tamanho do propágulo (cuidado parental).

Historical contingency

Contingência histórica refere-se a fatores externos, gargalos populacionais, e, de forma mais geral, distúrbios ecológicos

"polymorphism levels would be expected to fluctuate in time more or less randomly, irrespective of life-history traits"

Aspectos inovadores deste trabalho

"Indeed, current knowledge on species genetic diversity is based on just a handful of model organisms, or small sets of molecular data [...]"

Here we fill this gap and present the first distribution of genome-wide polymorphism levels across the metazoan tree of life."

apresentam a primeira distribuição de níveis de polimorfismo em todo o genoma através da árvore da vida de metazoários.

-> Uso de dados moleculares em escala genômica

-> enquadramento teórico claro: contraste entre história de vida e contingências

Métodos

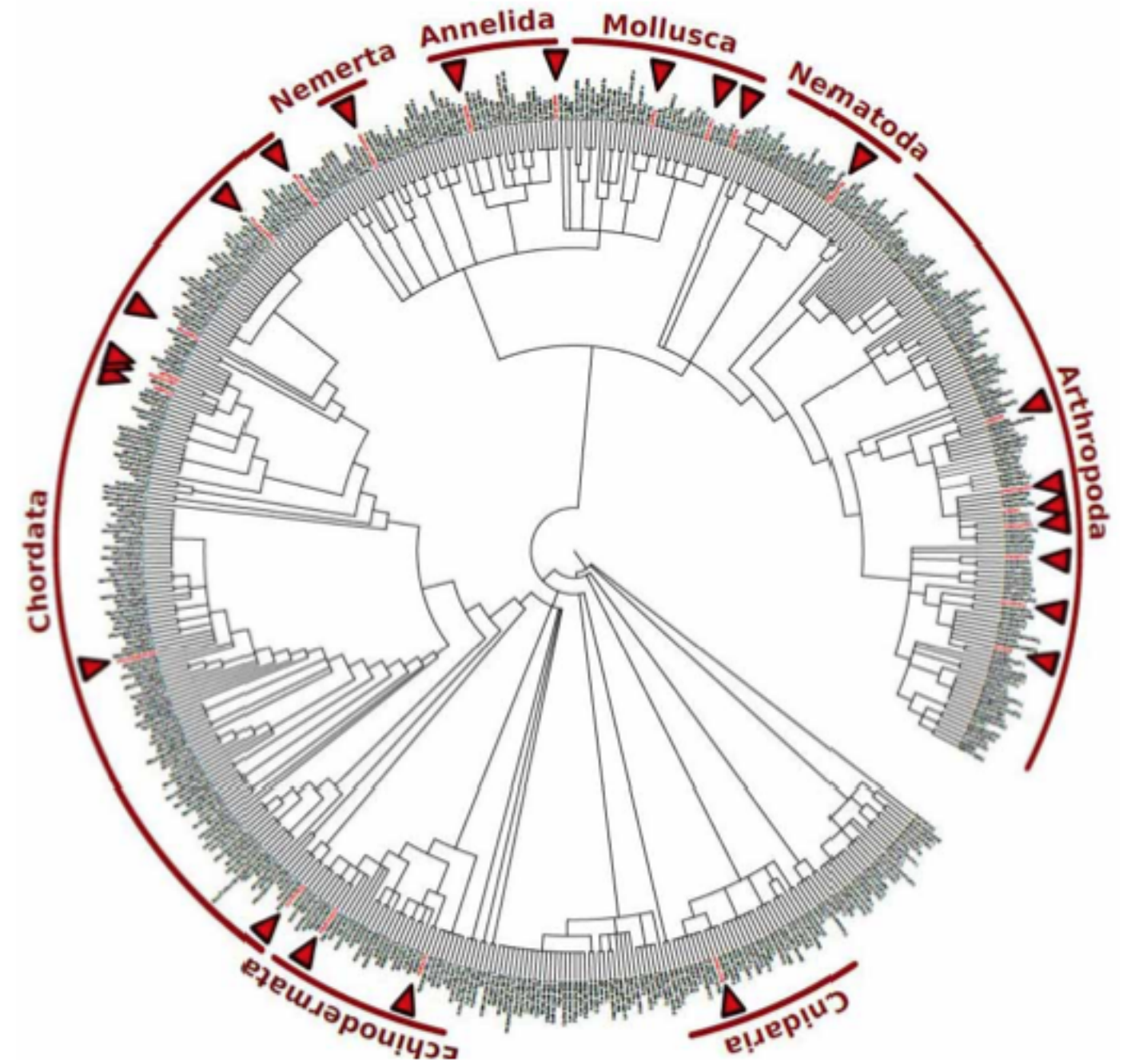
Amostragem e sequenciamento:

- 76 espécies, com indivíduos variando de 2 a 11.
- Extração de RNA: a análise do transcriptoma permite avaliar genes codificadores e identificar mutações sinônimas e não-sinônimas.

Transcriptoma -> vantagens: só codificantes;

Varição sinônima -> informativa sobre efeitos de deriva (menos sujeita a seleção do que variação não sinônimas)

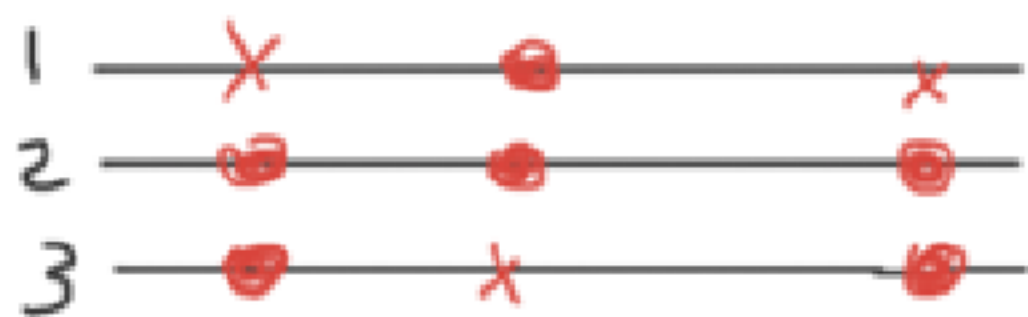
$\pi_s \rightarrow$ medida



As 76 espécies analisadas foram selecionadas com base em critérios filogenéticos e ecológicos com o objetivo de reunir um painel representativo da diversidade de metazoários.

Em cada espécie, de dois a onze indivíduos foram coletados em várias localidades de sua distribuição geográfica natural (Tabela Suplementar 1) ou em zoológicos; no total, 374 transcriptomas individuais de 76 espécies não modelo.

50 loci, sorteados ao acaso, são suficientes para capturar a relação estudada com uma boa probabilidade.



$$d_{12} = 2$$

$$d_{13} = 3$$

$$d_{23} = 1$$

$$\pi = \frac{2+3+1}{3} = 2$$

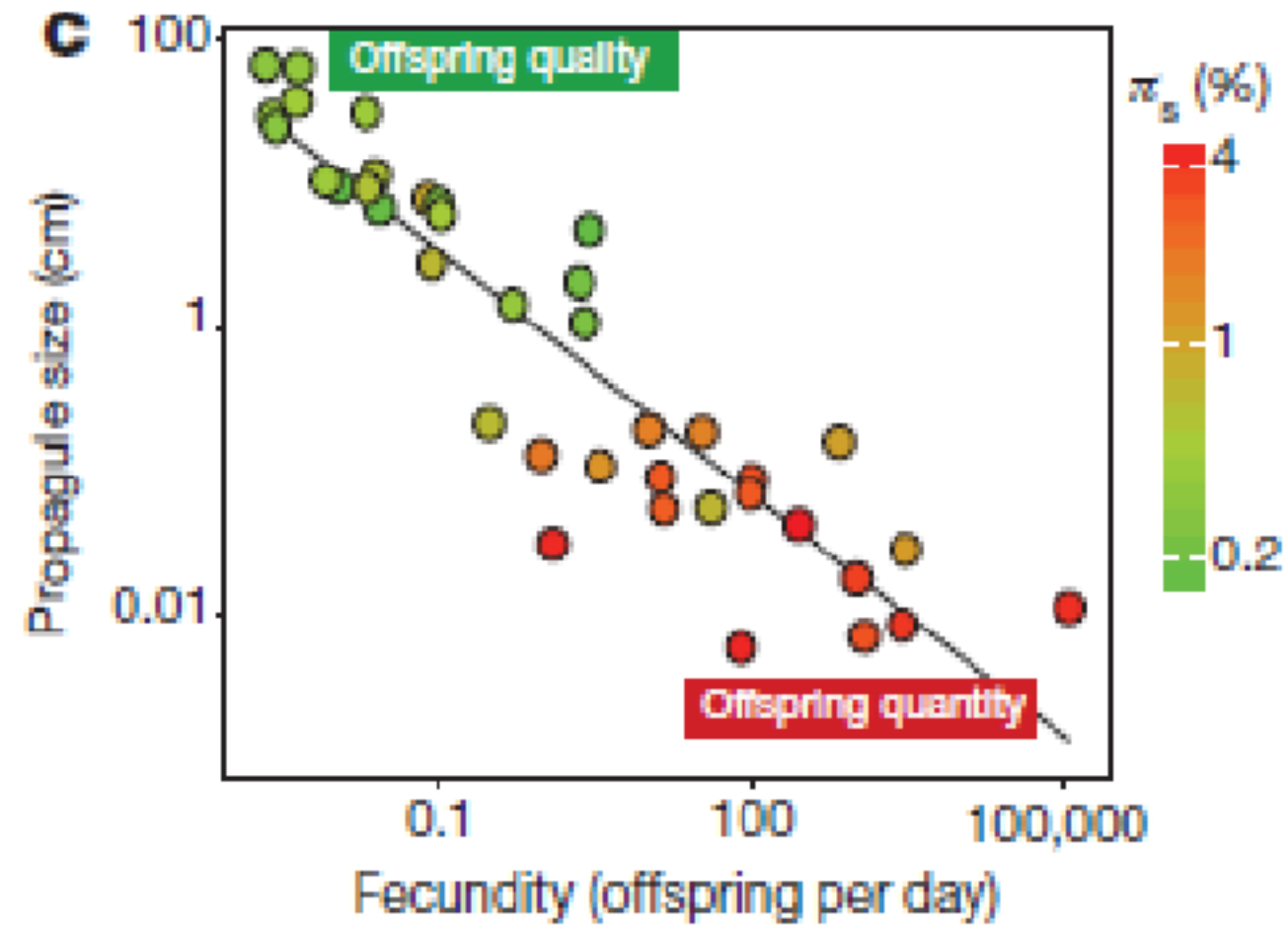
$$\pi_s = 2$$



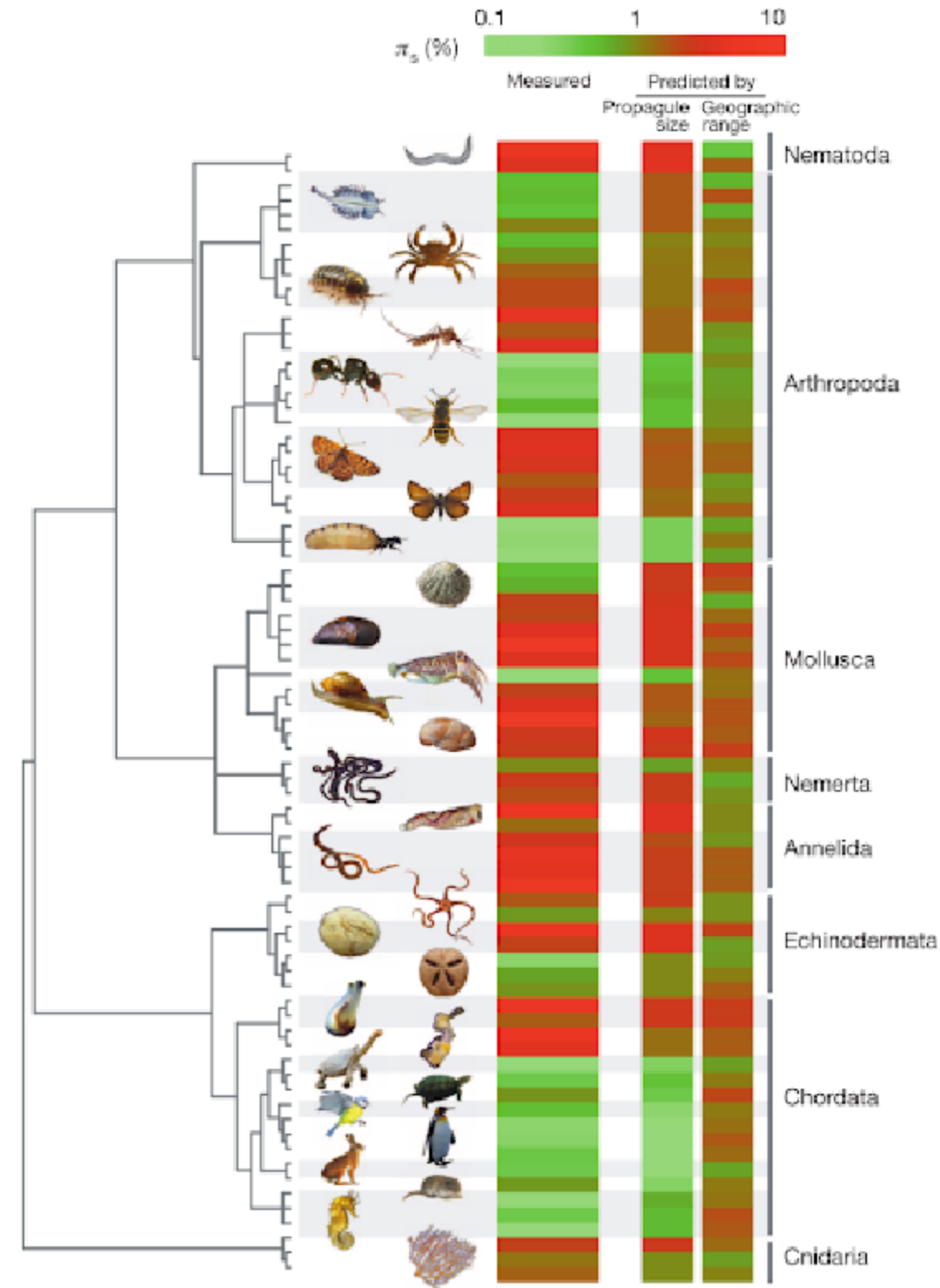
$$d = 2 \times 2N + \mu$$

$$\pi_s = 4N \mu$$

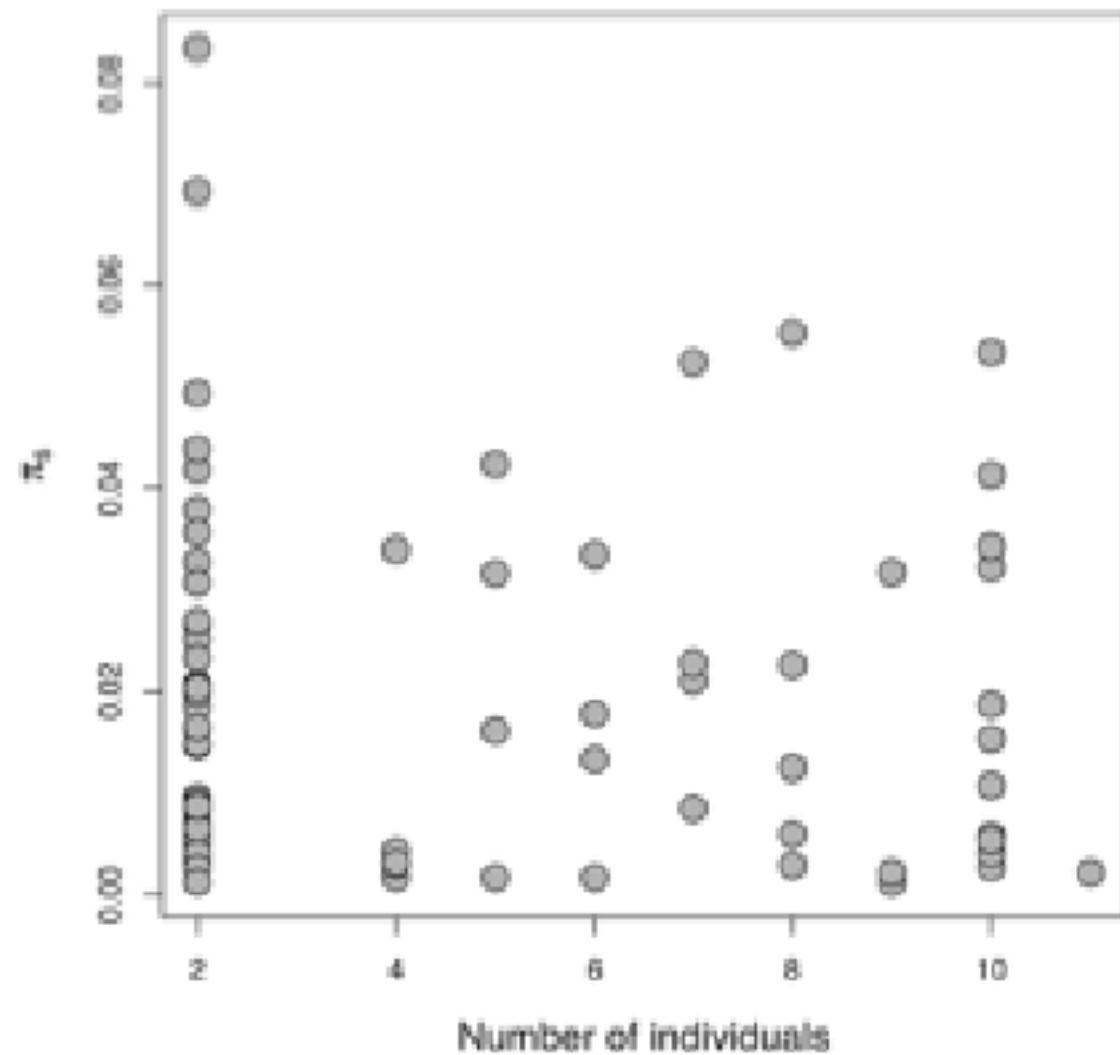
Resultados



o trade-off entre a quantidade de descendência (fecundidade) e a qualidade (tamanho do propágulo) parece ser o fator mais relevante para explicar as variações no polimorfismo entre as espécies no reino animal.



Confundidores e possíveis erros



uma taxa de mutação média por geração mais alta em estrategistas r do que em estrategistas K poderia explicar os resultados independentemente do efeito do tamanho da população. No entanto, modelos teóricos e medidas empíricas na verdade apóiam o oposto; ou seja, uma taxa de mutação por geração aumentada em organismos grandes e de vida longa devido a um maior número de divisões de células germinativas por geração e uma eficácia reduzida da seleção natural na fidelidade das polimerases. Portanto, até onde se pode dizer, as variações entre as espécies da taxa de mutação provavelmente se opõem, e não fortalecem, o principal efeito estudado.

Conclusões, limitações, desdobramentos

- Viés taxonômico. Influencia o resultado?
- Esse estudo foca "apenas" em metazoa
- Dificuldade com bactérias: como delimitar espécies?
- Plantas mudariam esse quadro?
- Poucas espécies? Mais espécies faria muita diferença?
- Como analisar as espécies com características intermediárias entre r-estrategistas e K-estrategistas?

