

Evolución Molecular Adaptativa - Proyecto final

Cécile Truchot Taillefer

Introducción

El chayote (*Sechium edule ssp. edule*) es una trepadora herbácea perenne diploide, con 28 cromosomas ($2n = 28$), que pertenece a la familia de las Cucurbitaceas (Lira et al. 1999). Su fruto es una calabaza que se consume como vegetal y los tubérculos también se utilizan como fuente de alimento. Se cree que el chayote es originario de México, donde ha sido cultivado por más de 500 años. Actualmente el género *Sechium* cuenta con cinco taxa nativos de México, cuatro silvestres (*Sechium hintonii*, *S. compositum*, *S. chinantlense*, *S. edule ssp. sylvestre*) y uno cultivado (*Sechium edule ssp. Edule*). Pero las necesidades alimentarias y la degradación ambiental del país han generado presiones sobre los cultivos tradicionales y sus parientes silvestres, poniendo en riesgo tanto a las poblaciones silvestres, así como a las variedades cultivadas tradicionalmente del género. Durante mi doctorado, tendré que determinar entre y dentro de las especies si hay flujo genético, los eventos demográficos, y genes que podrían ser relacionados con adaptación a condiciones locales y a la domesticación.

Objetivos:

Ver si hay diferenciación genética entre los individuos de las diferentes áreas definidas según un gradiente ambiental.

Ver si hay un escenario demográfico diferente entre estas áreas (expansión o contracción).

Material:

Para el proyecto de la tarea final, elegí de hacer analysis con la especie *Sechium edule ssp. edule* con 6 áreas diferentes que incluyen entre 6 a 10 individuos por areas geographicas.

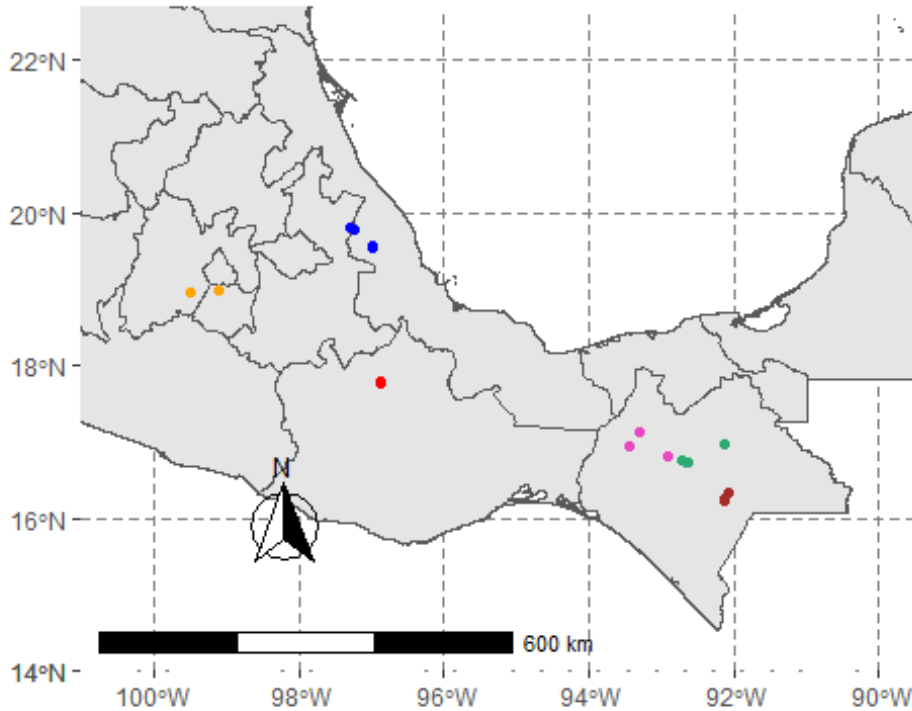


Fig. 1: Localización de los individuos según el área representada por un punto de color. Naranja: Estado de Mexico/Cuernavaca (10 individuos), azul: Xalapa (8 individuos), rojo: Cuicatlan (6 individuos), rosa: Tuxtla Gutierrez (7 individuos), verde: San Cristobal de las Casas (8 individuos) y marrón: Comitán (7 individuos).

Métodos y resultados:

Mapa de calor

Después la etapa de filtración, se obtuvieron 1599 SNPs por los 46 individuos. Una mapa de calor fue diseñada, con las comparaciones pareadas de F_{ST} hecho con distancia de Nei (1987). Las valores de los F_{ST} obtenidas fueron entre $-0.0195 < F_{ST} < 0.0116$, son muy bajas. Con estas valores, no puedo decir que hay una estructura genética.

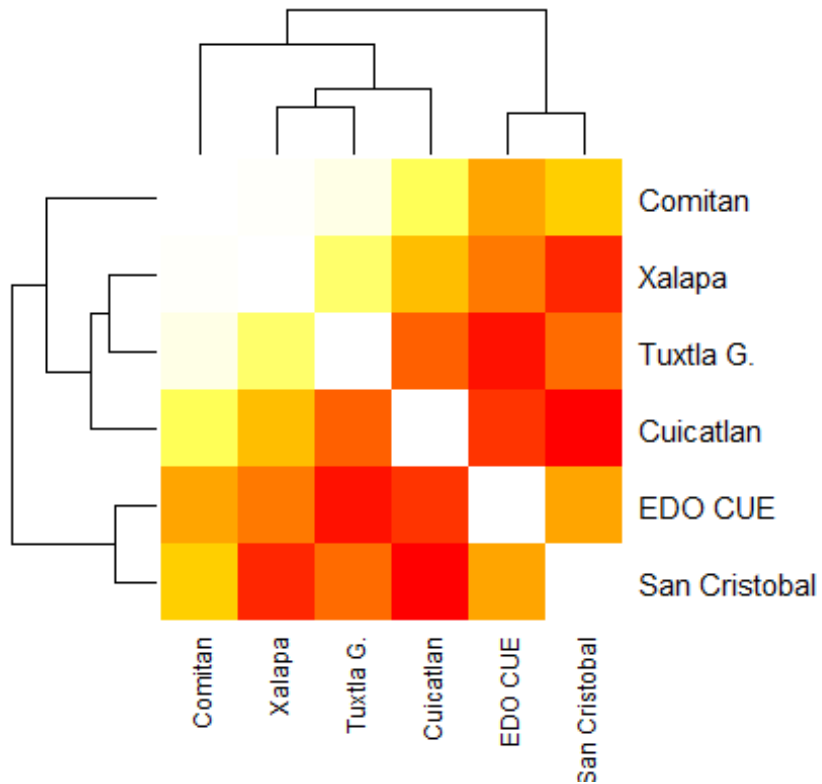


Fig 2. Mapa de calor por 6 grupos geographicos de *Sechium edule* spp. *edule*.

Espectros de frecuencias alélicas

Dos tipos de espectros de frecuencias alélicas que se diseñaron. El espectro tipo “Comitan” fue presente en 4/6 de los grupos. El espectro Edo/Cue fue también presente en el grupo de Cuicatlan.

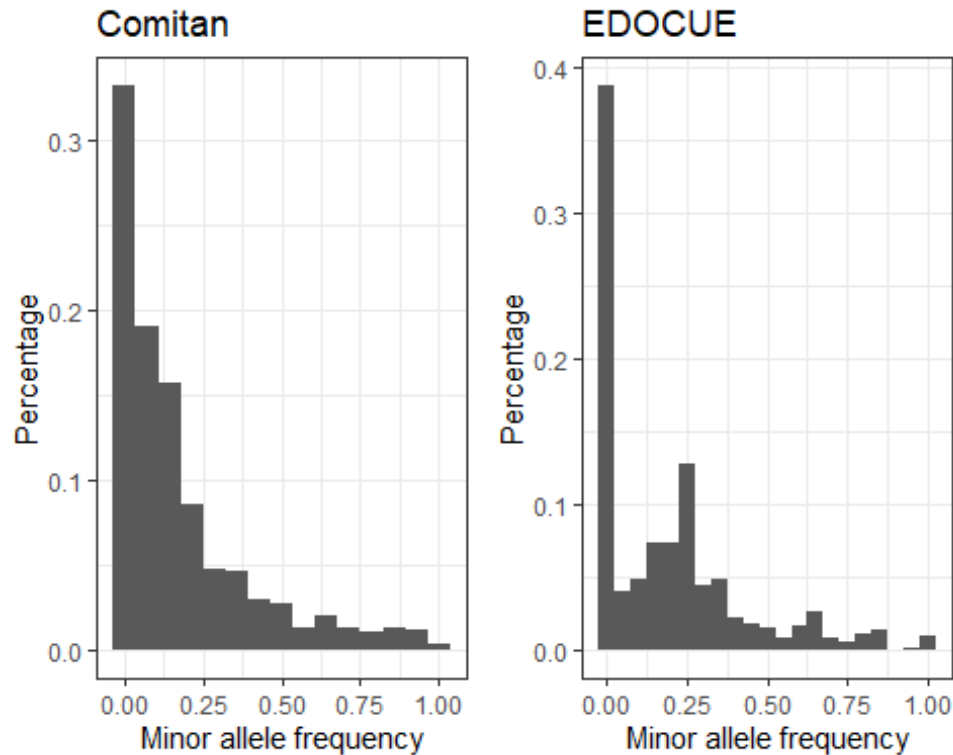


Fig 3. Ejemplo de espectros de frecuencias alélicas diseñados con el alelo menor.

Hipótesis: los grupos de Cuicatla y de Edo/Cue tuvieron el mismo espectro de frecuencia que los otros grupos, tipo Comitán. Pero con una reducción de coalescencia, las mutaciones que fueron raras empezaron a devenir más comunes, y se acumulan un poco al centro del espectro de frecuencia.

Perspectiva:

- Hacer un espectro de frecuencias con Stacks y añadir un outgroup que podría ser *Sechium chinanlense* o otra especie ancestral del chayote.
- Simular diferentes escenarios demográficos neutrales con simulaciones de coalescencia con programas como Mlcoalsim, fastSimCoal para cada grupo, y ver qué modelo será el más compatible con los datos observados.
- Para cada modelo simulado, estimar los estadísticos como D' de Tajima, F_{ST} , H_E que se compararán con los valores observados.