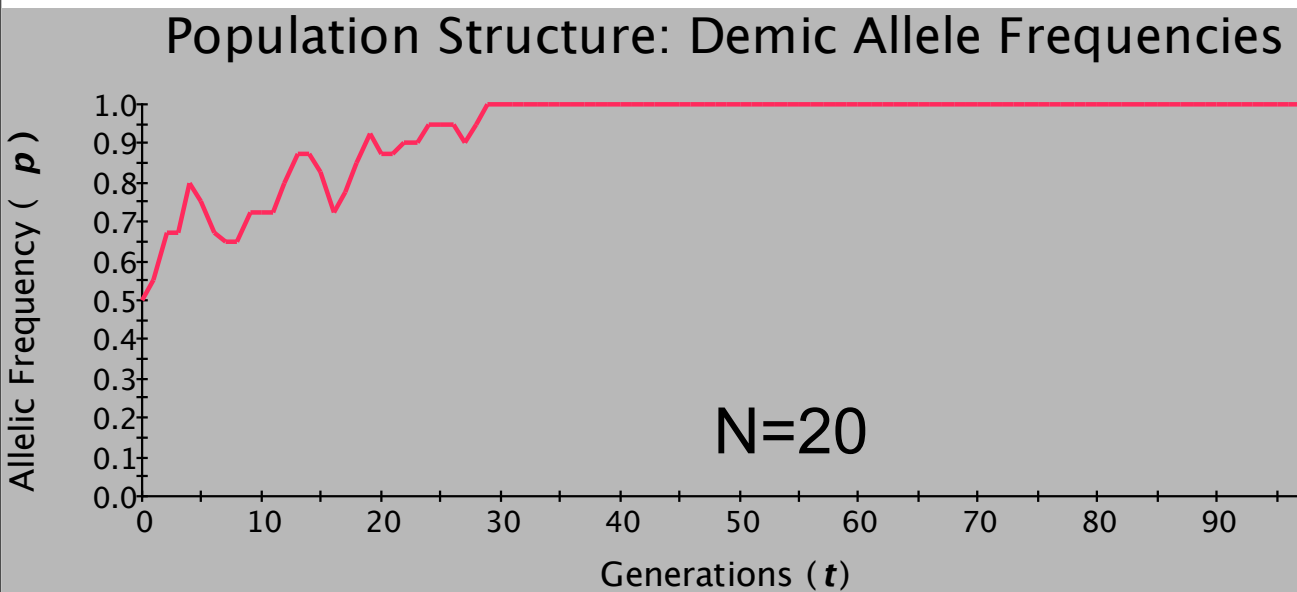


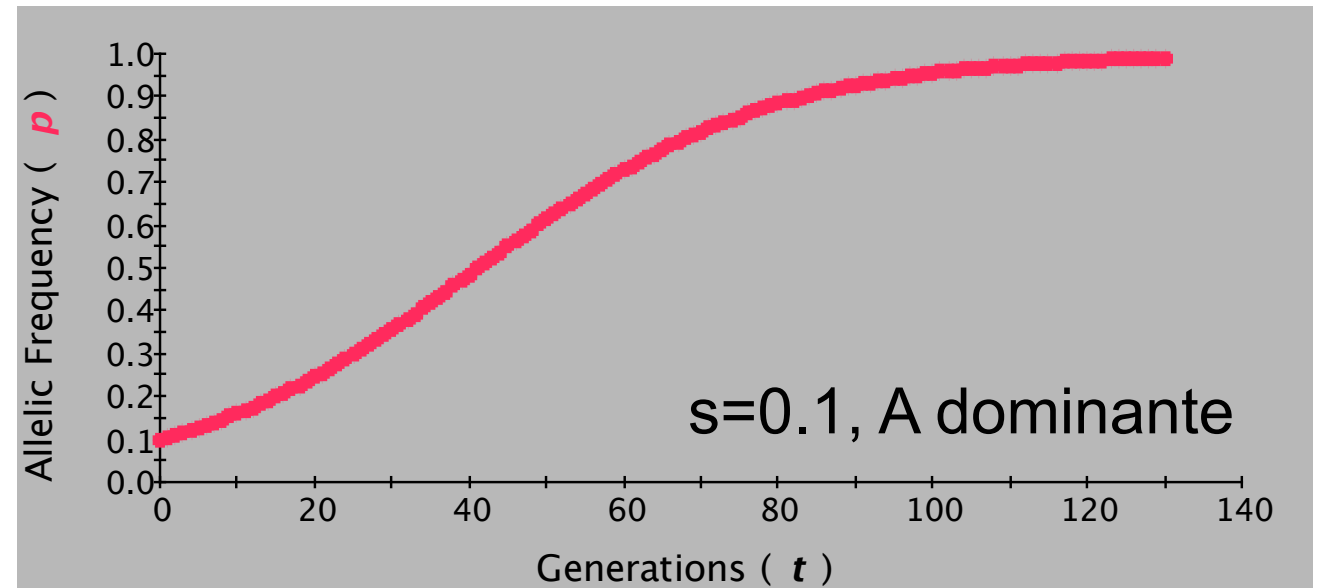
Integração de forças evolutivas: interação entre deriva e seleção

BIO 208 - Processos Evolutivos - 2014
Diogo Meyer

Modelos que vimos

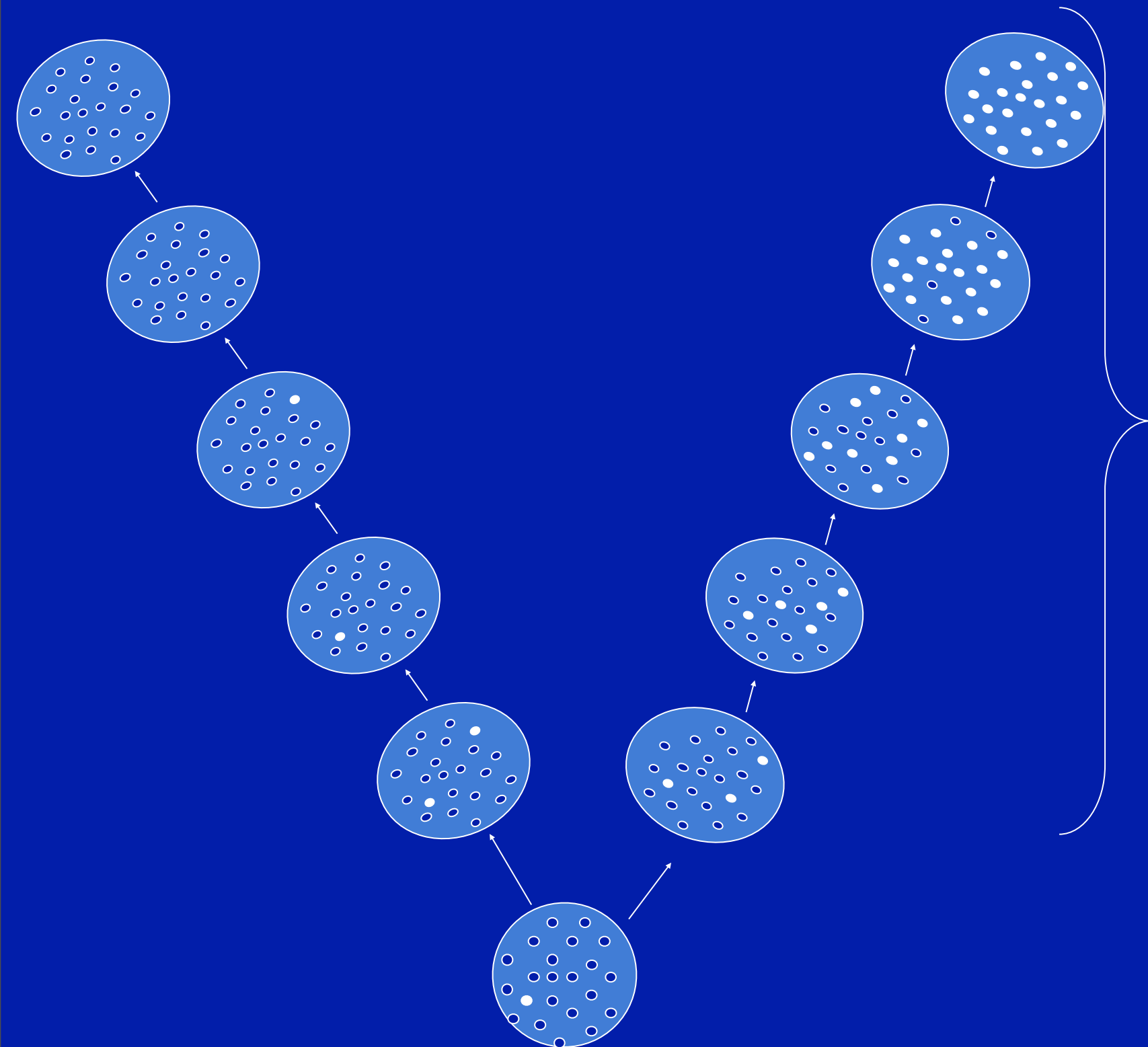


Deriva



Seleção

Como explicar a variação entre e dentro de espécies?



1. Diferenças entre espécies: Deriva ou seleção?

2. Variabilidade dentro de espécies: Quanta? O que a mantém?

A visão neutralista da evolução molecular



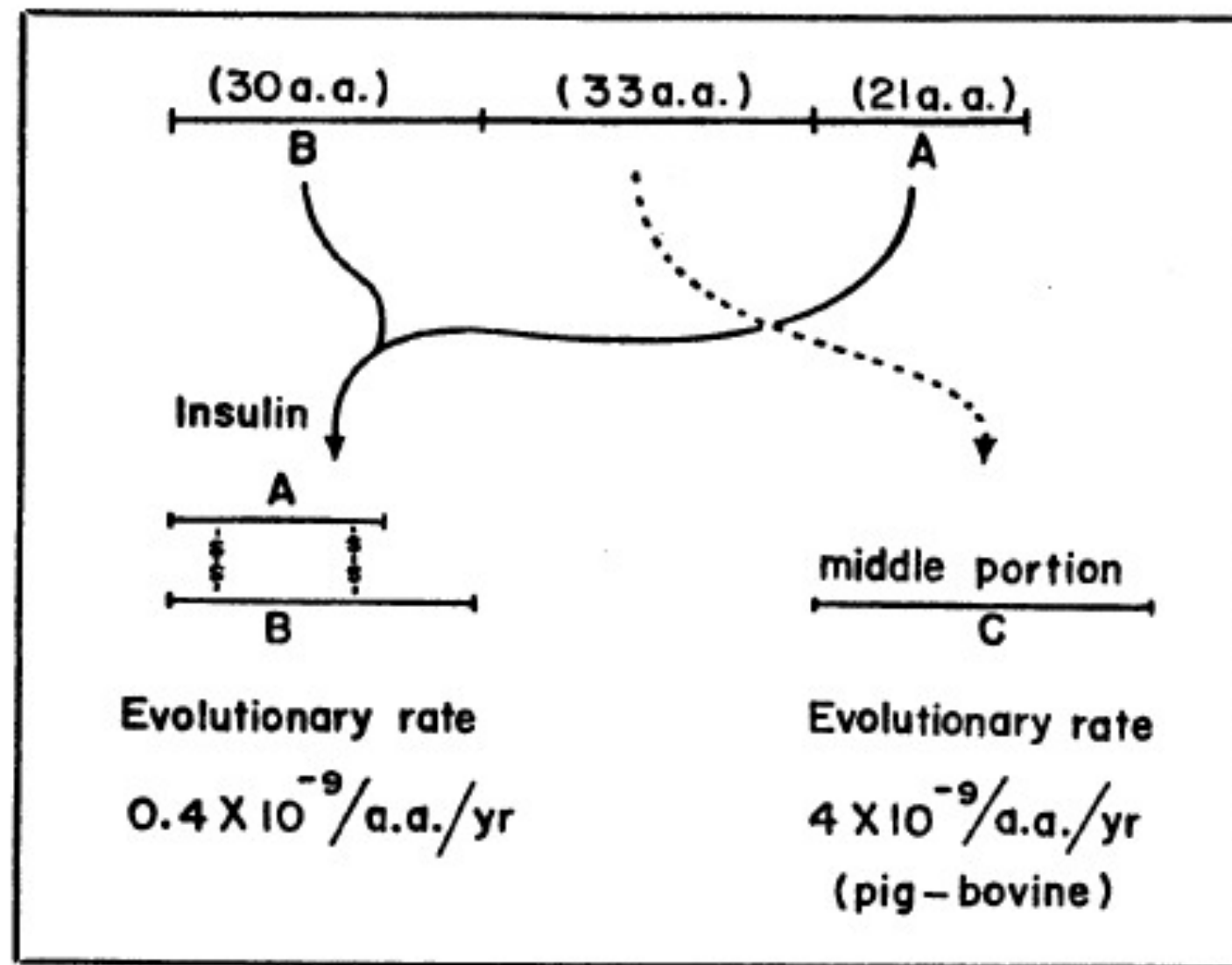


- 60 mil diferenças de proteínas entre as duas espécies
- alto polimorfismo em humanos

Neutralista: a maior parte das diferenças (e polimorfismos) por deriva

Selecionista: a maior parte por seleção

Taxa de substituição varia ao longo do gene da insulina

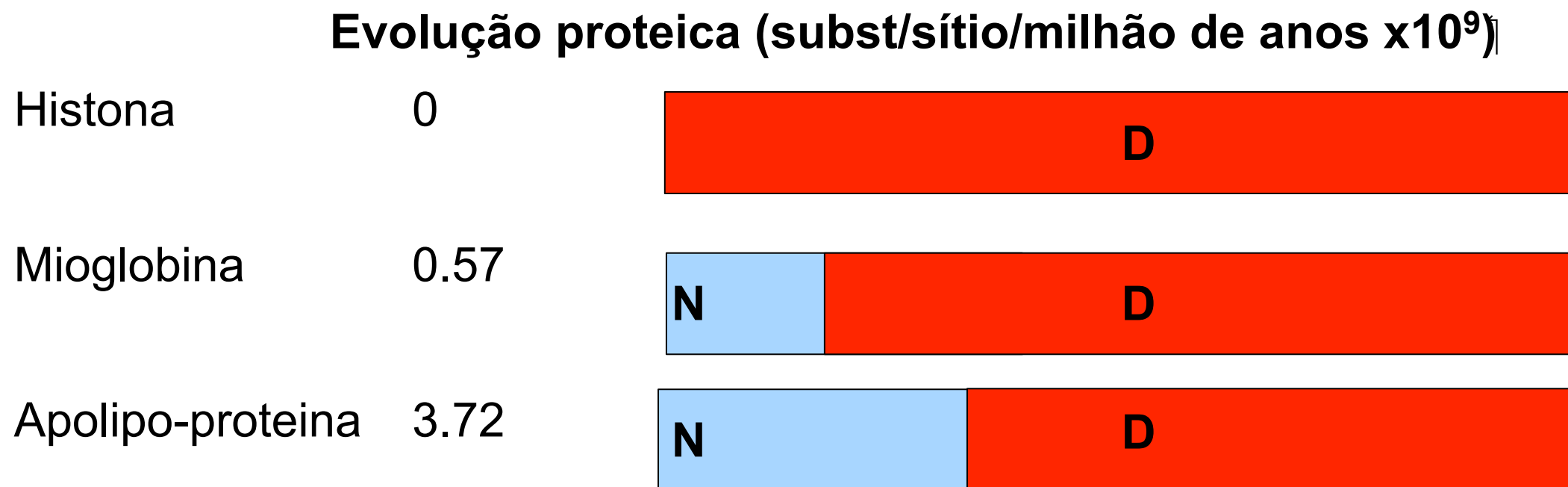


Funcionalmente importante -> muda menos
Funcionalmente menos importante -> muda mais

Taxas de substituição não-sinônimas entre humanos e roedores

	Evolução proteica (subst/sítio/milhão de anos $\times 10^9$)
Histona	0
Mioglobina	0.57
Apolipo-proteína	3.72

Taxas de substituição não-sinônimas entre humanos e roedores para diferentes genes

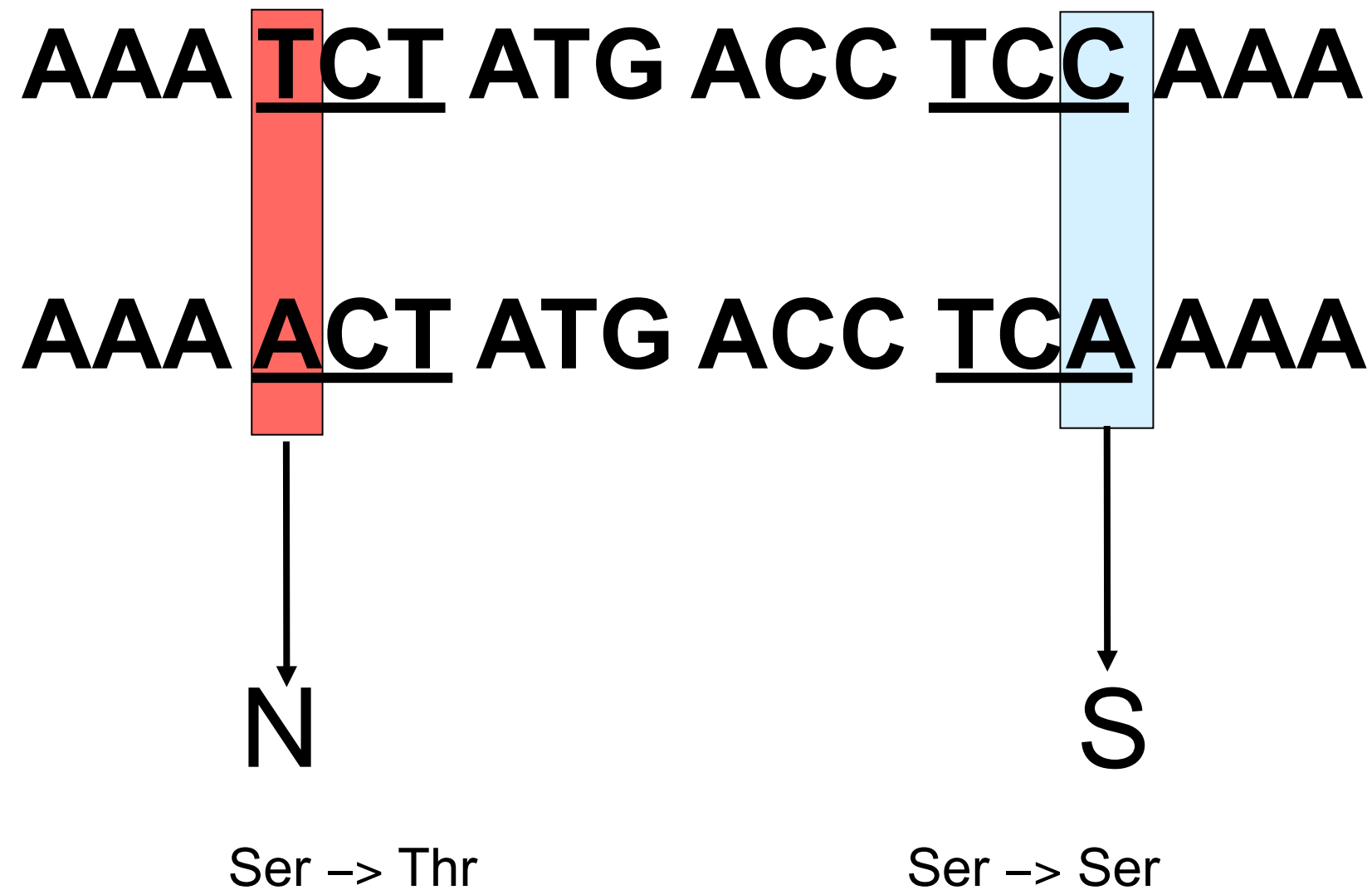


Como estimar kN e kS

AAA **T**CT ATG ACC TCC AAA

AAA **A**CT ATG ACC TCA AAA

Como estimar kN e kS



Como estimar kN e kS

AAA TCT ATG ACC TCC AAA

AAA ACT ATG ACC TCA AAA

total de sítios: 18

sítios não sinônimos: 12

sítios sinônimos: 6

$$kN = 1/12$$

$$kS = 1/6$$

$$kN/kS=0,5$$

Predições a partir de kN e kS

$kN/kS < 1$ seleção remove deletérias (purificadora)

$kN/kS = 1$ ausência de seleção (neutralidade completa)

$kN/kS > 1$ seleção fixa vantajosas (positiva)

Taxas de substituição não sinônima em alguns genes

Tabela 7.6

Taxas de evolução para substituições sinônimas e não-sinônimas (ou seja, que trocam o aminoácido) em vários genes. As taxas são expressas como o número inferido de bases por 10^9 anos. Esses dados foram utilizados para calcular as figuras introdutórias na Tabela 7.1. Reproduzida de Li (1997).

Gene	Taxa não-sinonima	Taxa sinônima
Albumina	0,92	5,16
α -globina	0,56	4,38
β -globina	0,78	2,58
Imunoglobulina V _H	1,1	4,76
Hormônio da paratireóide	1,0	3,57
Relaxina	2,59	6,39
Proteína ribossomal	0,02	2,16
Média (45 genes)	0,74	3,51

$$dS > dN$$

dS mais uniforme do que dN

Evidências de seleção natural em sequências de DNA

- O caso da lisozima



Presbytis entellus

colobinos

$kN/kS=3.5$ para
linhagem de
colobinos

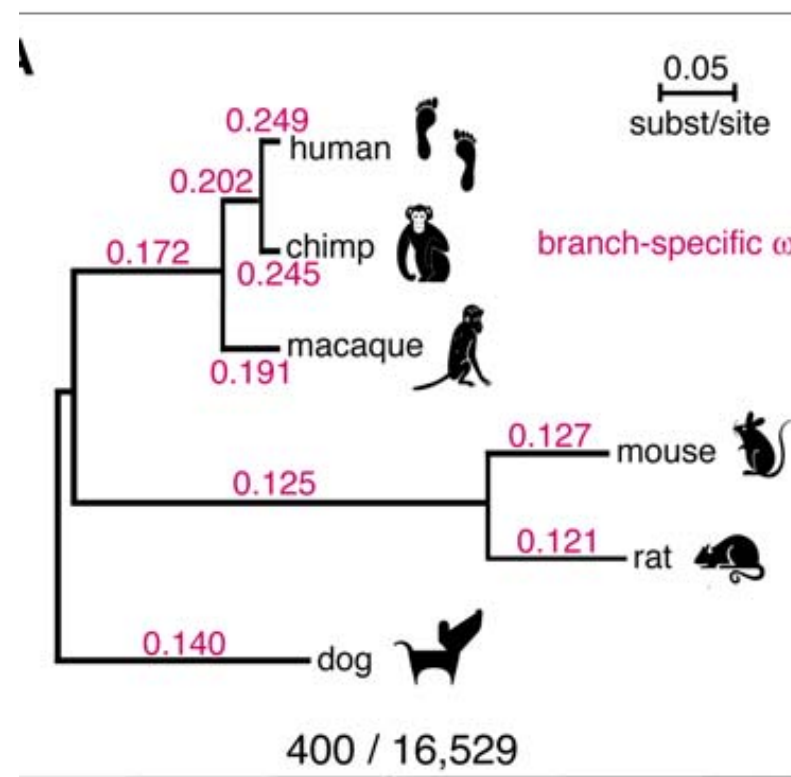
$kN/kS = 0,6$ para as
demais linhagens
de primatas

Seleção positiva: o quão comum é $kN/kS > 1$?

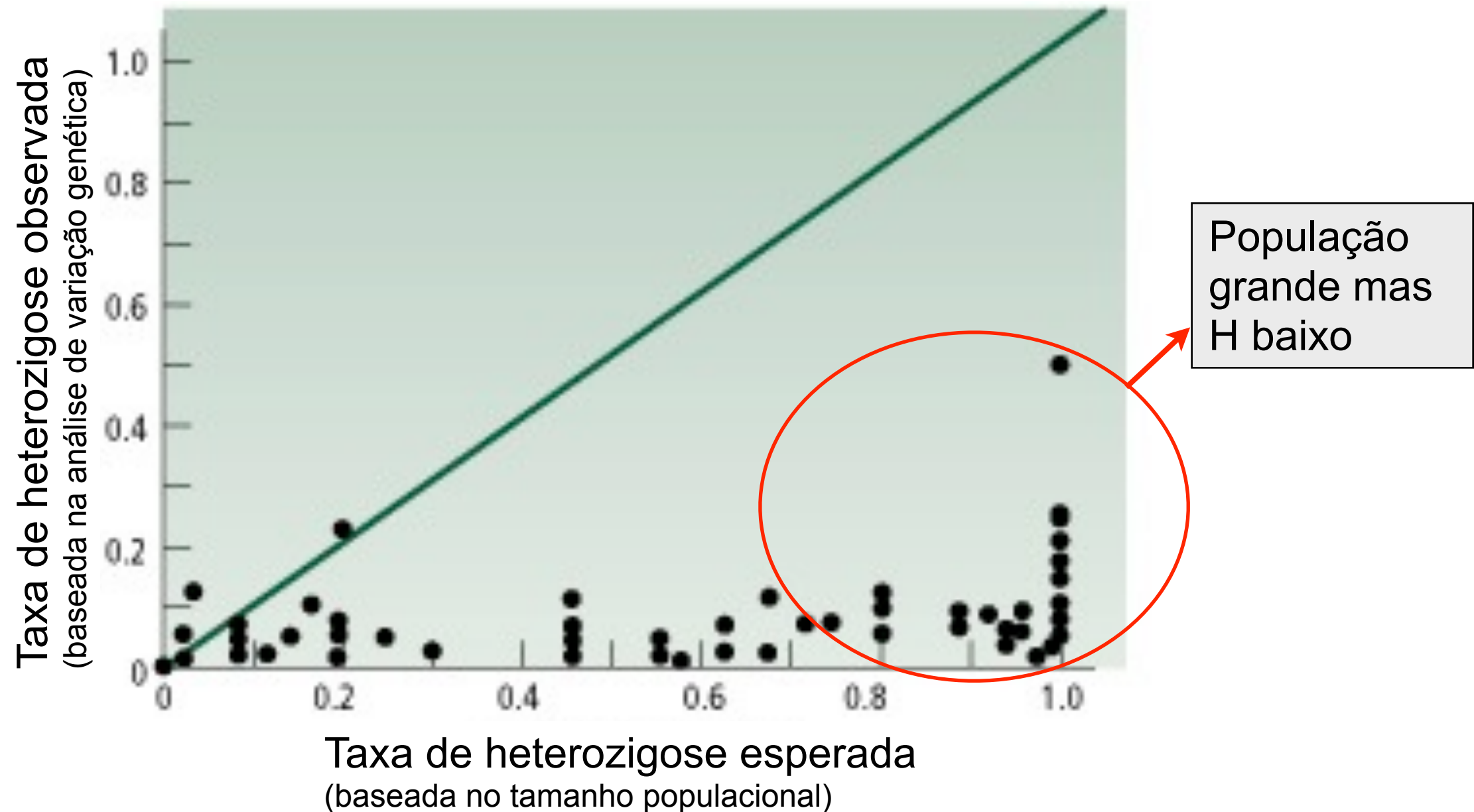
Cerca de 400 genes num estudo com vários mamíferos (3% do total)

Genes selecionados atuam em:

- Imunidade
- Defesa
- Reprodução

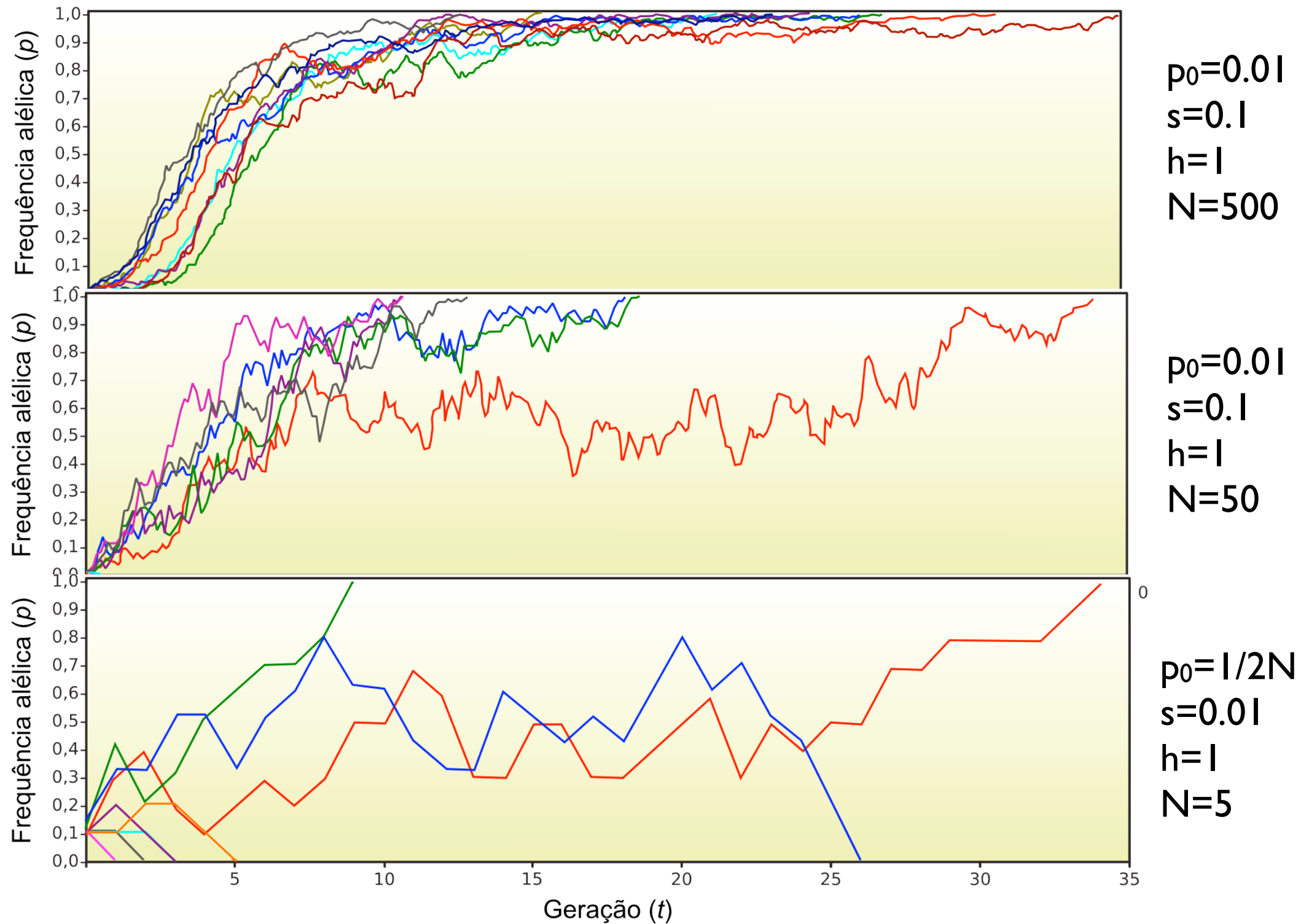


O paradoxo da variação

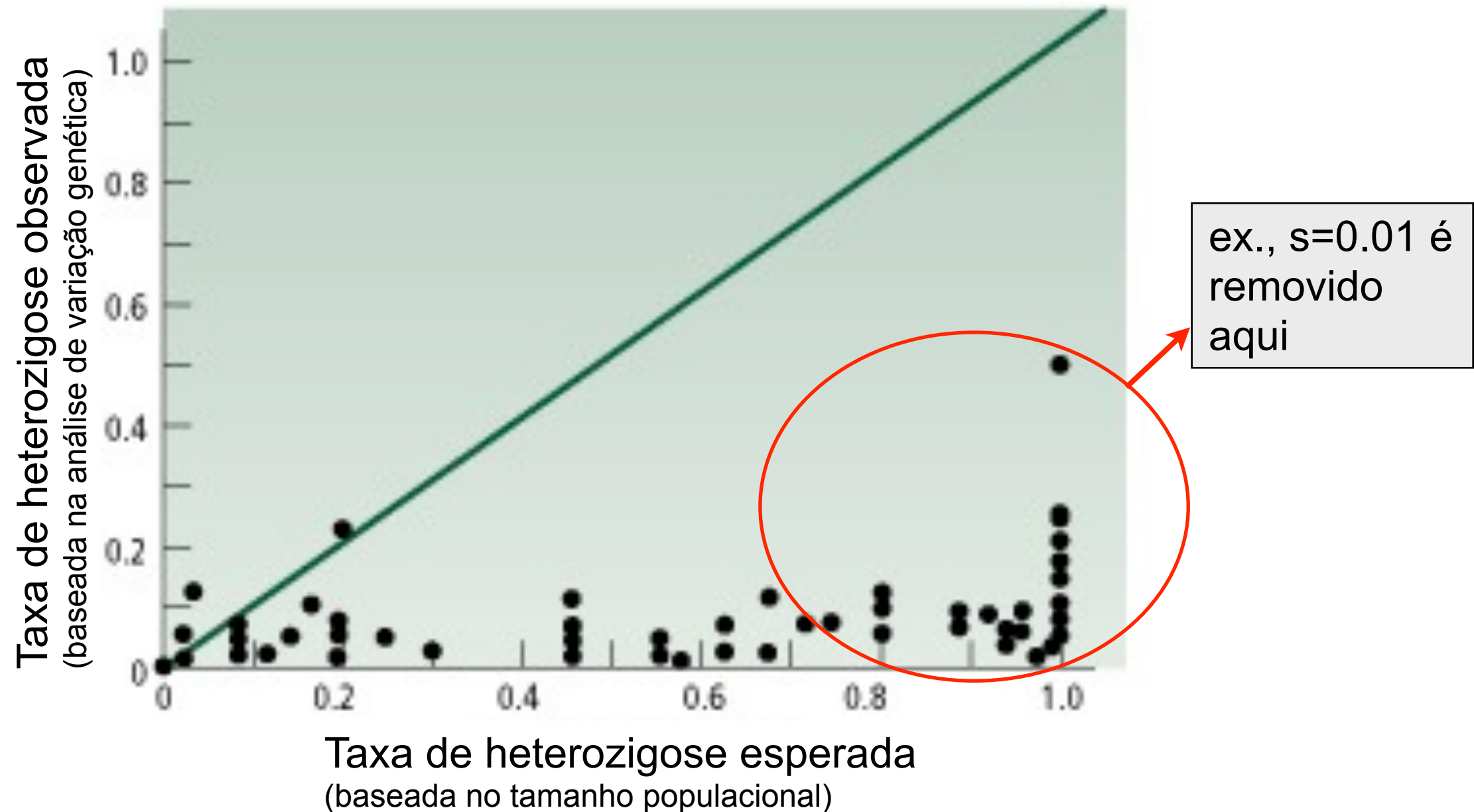


Conclusão: variação em populações grandes é menor do que a esperada pela teoria neutra

Interação entre seleção e deriva: modelo



O paradoxo da variação



Explicação: em populações maiores, mais variação fracamente deletéria é removida

A teoria quase neutra

“A teoria quase neutra pode ser resumida da seguinte forma. Tanto a deriva genética como a seleção influenciam o comportamento de mutações fracamente selecionadas. A deriva predomina em populações pequenas, e a seleção em populações grandes. A maioria das novas mutações é deletéria, e a maioria das mutações de efeito pequeno devem ser muito fracamente deletérias. Há seleção contra essas mutações em populações grandes, mas se comportam como neutras e populações pequenas”

Tomoko Ohta



Teste para seleção em mutações fracamente selecionadas



Ilha: *Anas luzonica*



Continente: *Anas zonorhyncha*,



Mais
substituições
não sinônimas



Menos
substituições
não sinônimas

Teste para seleção em mutações fracamente selecionadas



Europeus



Mais
polimorfismos
não sinônimos



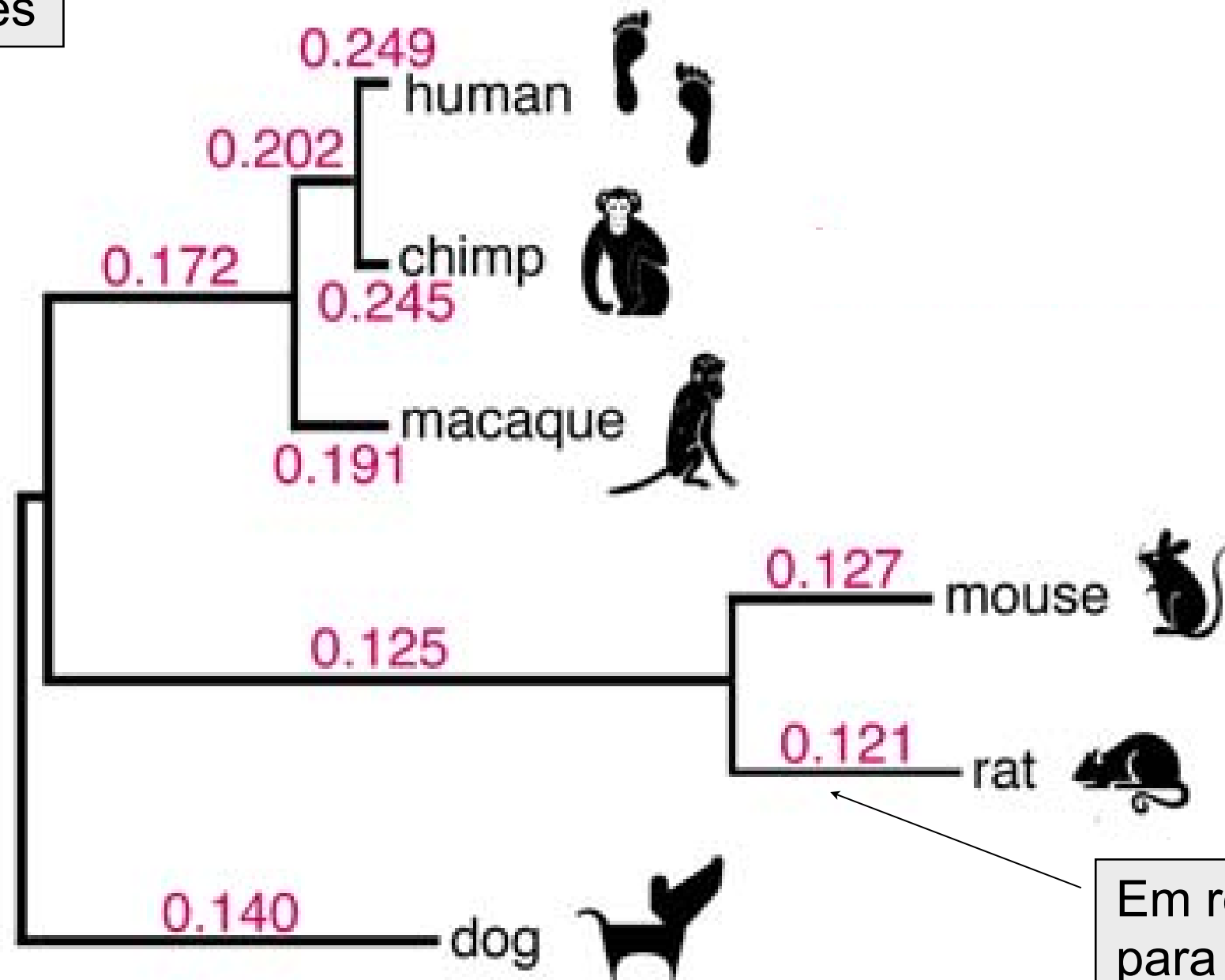
Africanos



Menos
polimorfismos
não sinônimos

Teste para seleção em mutações fracamente selecionadas

6 mamíferos
16,500 genes



Em rosa: kN/kS
para ramo

Teste para seleção em mutações fracamente selecionadas

More genes underwent positive selection in chimpanzee evolution than in human evolution

Margaret A. Bakewell, Peng Shi, and Jianzhi Zhang*

Table 1. Genic positive selection in human and chimp lineages since their split

Comparison	Chimp	Human	Chimp/human ratio
No. of genes analyzed	13,888	13,888	1
No. of PSGs	233	154	1.51

Bakewell et al.
PNAS 2007

Mensagens da aula

- Deriva sozinha não explica toda a variação:
 - há casos de genes selecionados (kN/kS revela isso)
- Há menos variação em populações com N grande do que seria esperado
- Uma explicação: fracamente s deletérias são removidas mais eficientemente em populações grandes
- Há apoio para o maior acúmulo de variantes fracamente deletérias em populações menores