

Discordanze meso-nucleari di una lucertola peninsulare: la funzione di deriva, selezione e climatiche.

I genomi nucleari e mitocondriali coesistono all'interno delle cellule, ma sono soggetti a diversi tempi e modi di evoluzione.

Le forze dell'evoluzione come la deriva, la mutazione, la selezione e la migrazione dovrebbero svolgere dei ruoli fondamentali nell'origine e il mantenimento di popolazioni divergenti; Tuttavia, la divergenza può ritardare tra i genomi soggetti a diverse modalità ereditarie e di specializzazione funzionale. Nel presente documento esploriamo interi dati del genoma mitocondriale e migliaia di polimorfismi per singolo nucleotide allo scopo di dimostrare l'estrema discordanza meso-nucleare nella piccola lucertola a pennello dalla coda nera,

Urosaurus nigricaudus, della penisola di Baja California, Messico e sud della California, USA, e discutere dei potenziali Driver.

I risultati mostrano tre linee evolutive mitocondriali profondamente divergenti risalenti al tardo Miocene (ca. 5,5 ma) e Pliocene (ca. 2,8 ma) che probabilmente seguì l'isolamento geografico a causa di fughe Trans-peninsulari.

Questo contrasta con bassissimi livelli di differenziazione genetica nei loci nucleari ($F_{ST} < 0,028$) tra i famiglie di mtDNA. Analisi dei geni che codificanti le proteine che rivelano una sostanziale variazione fissa tra le linee mitocondriali, di cui una parte significativa proviene da mutazioni sinonimi.

Una miscela di deriva e selezione è probabilmente responsabile dell'ascesa di questi gruppi di mtDNA, anche se con poche prove di marcate differenze nello spazio di nicchia climatica tra di loro.

Infine, le indagini future possono essere presenti nel ruolo che le incompatibilità meso-nucleari ed i sistemi di accoppiamento giocano nella spiegazione del flusso di geni nucleari contrastanti.

Introduzione.

I mitocondri sono componenti vitali delle cellule eucariotiche
sono direttamente coinvolti nell'uso di ossigeno, metabolismo e
produzione di energia tramite fosforilazione ossidativa

OXPHOS (Saraste 1999).

Hanno una propria circolarità dei vertebrati che codificano le proteine.

Questi geni lavorano in combinazione con 72 geni del DNA nucleare (nDNA) che codificano le
proteine.

Al contrario, il nDNA è ereditato biparentalmente e si può ricombinare durante la meiosi.

California, Messico.

Poiché tutti i geni del mitogenetico sono coinvolti nella produzione di energia ed il metabolismo, e di
conseguenza giocare in Messico il ruolo vitale nella vita dell'organismo, il genoma del mtDNA

dovrebbe evolvere sotto la selezione purificante;

Deleterie, le mutazioni sono selezionate, quindi la funzionalità dei complessi proteici rimane
invariato.

Sebbene studi recenti sui pesci dovrebbero agire allo stesso modo sul nDNA nei geni coinvolti nel
sistema OXPHOS per mantenere la compatibilità con il genoma del mtDNA e preservare l'efficienza
nella produzione di energia.

La co-evoluzione dei geni del mtDNA e del nDNA è noto come compensazione funzionale mito-
nucleare.

Il forte legame funzionale tra questi geni provoca una selezione naturale mappa della penisola
meridionale di Baja California (Messico) mostrando gli ibridi, specialmente nelle zone di discordanza
del mtDNA, la località di campionamento.

Le linee tratteggiate indicano possibili posizioni di interruzione.

Punti con linee miste mtDNA e marcatura nella zona di contatto per evitare che gli individui con
produzione di energia inefficiente.

Eppure, solo pochissimi famiglie mitocondriali (S2, C1, e C2) si verificano negli studi hanno testato
per la compensazione funzionale mito-nucleare stato messicano di Baja della California.

La più profonda analisi dei geni nDNA direttamente coinvolti nella divergenza di mtDNA per U.
nigricaudus si verifica attraverso il sistema OXPHOS (bar-Yaacov et al. 2015).

Istmo di La Paz sulla porzione meridionale della penisola.

Specie che presentano dei diversi modelli geografici qui, i famiglie mtDNA (S2 vs. C1 + C2) differiscono tra mtDNA e nDNA offrono preziose opportunità per 11,02% nelle loro sequenze, e il secondo più profondo dis-test i ruoli di neutralità e la selezione sulla continuità mito-genomica.

La maggior parte dell'ambiente sulle linee geograficamente limitate in assenza di penisola fisica è costituito da habitat arido, e gli Arroyos sono le barriere? L'origine di questi discordanze data a milioni solo aree che possono trattenere l'acqua per un breve periodo di tempo; anni fa, ma non esiste alcuna spiegazione meccanicistica per la loro estrema mito-discordanza nucleare in una lucertola peninsulare: il ruolo della deriva, della selezione e del clima Persistenza.

Qui, usiamo il genoma del mtDNA per inves-2 min seguiti da 39 cicli di 94 ° c per 30 s, 48-52 ° c per selezione naturale dei geni di codifica delle proteine mtDNA e 45 s, 72 ° c 45 s, con una temperatura di estensione finale di 72 ° c.

Valutare la divergenza di nicchia climatica tra mtDNA linea-per 5 min.

Il DNA amplificato è stato separato da elettroforesi Ges.

Si contrastano i risultati con le prove da dati SNP su un gel di saccarosio all'1% e macchiati con SYBR Safe DNA-gel, il flusso genetico nDNA non ha restrizioni mentre il tempo originale evidenzia ogni macchia (ThermoFisher).

Le bande di DNA sono state visualizzate in sicurezza dei lignaggi mitocondriali.

Il trans-illuminatore di luce blu (ThermoFisher) comprensivo di selezione, l'adattamento climatico e la deriva possono essere riprodotti singolarmente e centrifugati attraverso un filtro

mantenimento delle discontinuità del mtDNA (10 min a 3500 RPM).

Il modello è composto da tutti i campioni, futuri luoghi di ricerca, che si esaminano come test mito-nucleare, con sequenze in entrambe le direzioni (avanti e indietro) utilizzando la compensazione funzionale: il comportamento e il kit di sequenziamento del ciclo di BigDye Terminator v 3.1.

L'estrema discordanza mito-nucleare di una lucertola peninsulare: il ruolo della deriva, della selezione e del clima.

Dopo aver completato i test del modello di sito, si è analizzata la dimensione con la potenza più discriminante che è stata usata per i modelli di ramo da testare con nessuna ipotesi di linea di regressione contro le variabili bioclimatiche utilizzando i rami nell'albero mtDNA che si sono evoluti mediante lo stesso metodo, seguito da una stima di tasso evolutivo.

Tutte le analisi

che ha ipotizzato che tutte le linee condividessero la stessa media, sono state fatte in R (R Core Team 2013) e le cifre sono state opposte al modello alternativo (a due rapporti) per verificare se appostato con GGPlot2 (Wickham 2016).

Un ramo specifico nell'albero (ramo di primo piano) aveva un distinto dagli altri rami.

Si sono eseguite tre analisi in serie: SNP, con calcoli LRT che selezionano ciascuno delle

linee (S2, C1 e C2) come ramo in primo piano per verificare se 109 campioni sono stati trattati mentre il tasso evolutivo variava tra i comportamenti. Se il sequenziamento doppio del tag RAD

ha prodotto risultati sono stati significativi, si è respinta l'ipotesi che tutta la struttura AGC (Arizona Genetics Core). Il protocollo seguito è stato assegnato ad mtDNA: i comportamenti si stanno evolvendo, e ulteriormente quello di Peterson et al. (2012). Gli enzimi utilizzati erano SphI, raggruppati in un'unica corsia che Illumina a Hi-Seq 2500,

La linea di età mitocondriale che seleziona dati grezzi di sequenza, sono stati filtrati per il mascheramento, non si stava evolvendo sotto nucleotidi positivi con N se la qualità del fallimento era inferiore a 50.

La selezione avviene utilizzando il modello A1 ($0 < \beta < 1$ o 1).

Le letture sono state scartate se più del 50% di N risulta seleziona attiva, sono stati trovati.

Il catalogo di divergenza con nicchia climatica di RAD-tagged loci è stato costruito utilizzando

CS-TACKS e una distanza massima di 4 nucleotidi ($-n \leq 4$) per fondere i loci.

Per valutare il ruolo che il clima potrebbe aver svolto nei loci della lista nera mitocondriale del catalogo che erano divergenza pre-allineamento: 19 variabili bioclimatiche in un arco 30 invii con ≤ 20 volte.

Successivamente, ogni risoluzione dei secondi (circa 1/2 km) è stata scaricata dal campione è stata ri-abbinata al catalogo con SS-TACKS.

Sono stati utilizzati molteplici fattori di regressione lineare e di importanza variabile per determinare

la contemporaneità, escludendo le variabili contemporanee - Per visualizzare i dati nDNA, abbiamo calcolato un 0.9.

Ci si concentra solo su 11 variabili (bio2, bio3, bio4, unendo l'albero usando distanza euclidea tra individui: bio6, bio8, bio9, bio14, bio15, bio17, bio18, bio19; sulla base di dati del genotipo multivariato.

Per comprimere i dati climatici multivariati in un pacchetto, per un insieme ridotto di dimensioni coordinate, abbiamo eseguito un albero non adiacente.

Inoltre, abbiamo ordinato i dati genetici con metrica di scala multidimensionale, funzione iso-MDS, utilizzando la scala multidimensionale non metrica (NMDS).

Il modello di rapporto unidimensionale in CODEML consente di stimare una media con albero e meso-genoma calibrati che avevano un supporto molto alto: 0,033 per i 13 geni concatenati con proteine codificate, per la separazione tra linee di mtDNA.

Nella prima analisi dei modelli del sito è emerso che ND1, COI; in entrambi i casi, la data stimata della pausa dalla fuga COII, COIII, ND3, ND4L e CYTB l'origine dei tre allineamenti mitocondriali che suggeriscono di avere una media di codoni in quei geni.

Il modello più adatto è M1, che ha permesso ad alcuni codoni di evolversi sotto differenti analisi di evoluzione molecolare.

Il test per la selezione positiva sui codoni in evoluzione.

La prima analisi utilizza il conteggio robusto in BEAST che ha indicato diversi valori di , ND2, ATP8, ATP6, ND4, ND5, e suggerisce una fase di purificazione o selezione neutra.

Il test BEB ha suggerito che alcune variabili fisse hanno DN/dScodons specifiche per l'evoluzione di ATP8, ND2, ND4, ND5 e ND6.

Gli esperti hanno stimato per ogni specie mitocondriale è avvenuta una selezione positiva, ma nessuno di questi risultati è stato rilevato in estrema discordanza meso-nucleare all'interno di una lucertola peninsulare: il ruolo della deriva, della selezione e del clima, ecc.

Così, all'interno di una popolazione, una singola mutazione vantaggiosa le direzioni future saranno:

- incompatibilità meso-nucleare è probabile che trascinare lungo i sistemi neutri collegati e quasi neutri e di accoppiamento delle variabili genetiche, che nel caso di mtDNA, in assenza di frequente forte selezione sulla respirazione efficiente richiede una certa ricombinazione.

Data la naturale sovrabbondanza di compatibilità di geni OXPHOS, in entrambi, la variazione sinonimica nel, ci aspettiamo che gli annomi. Tuttavia, diversi tassi di evoluzione e la grande frazione dei siti di questa classe sarà fissato insieme alle modalità di eredità può molte volte causare un rapido accumulo di mutazioni vantaggiose, dando una firma di incompatibilità genetiche purificanti che portano a speciazioni incipienti da parte di un selezione (ad es. $dN/dS < 1$).

Le forze evolutive come drift-mechanism, noto come compensazione funzionale meso-nucleare,

e selezione naturale, in genere non agiscono in modo isolato e all'effetto del genoma dipende in gran parte dal suggerito che la compensazione funzionale e meso-nucleare ha mantenuto l'aumento della frequenza di quelli non effettivamente neutri.

Inoltre, le specie con mtDNA si estendono attraverso lo stesso che può essere vero per

U. nigricaudus le cui barriere di fuga originali risultano in contatto secondario.

In questo caso la trasmissione di mtDNA non è parentale e respinge l'ipotesi di una forte filometria mentre quella di nDNA è biparentale.

Ancora più importante, gli individui di diversi mitocondriali e femmine potrebbero anche guidare il meso-nucleare in cui si verificano (in almeno 4 gruppi di cordoni).

Mentre le femmine di *U. nigricaudus* sono estremamente alcuni si trovano a pochi metri di distanza.