

Universitat de Barcelona

Facultat de Biologia
Departament de Genètica

Evolución molecular
de los genes del sistema olfatorio *OS-E* y *OS-F*
en diferentes especies de *Drosophila*

Alejandro Sánchez-Gracia

Barcelona, Noviembre de 2005

2. Objetivos

La mayoría de los organismos dependen, en gran manera, de la recepción e identificación de olores para su supervivencia. El reconocimiento y discriminación de señales olorosas es esencial para la búsqueda de alimentos y la reproducción de los individuos; además, determinados procesos de recepción de señales químicas, como la percepción de feromonas, contribuyen a procesos evolutivos críticos como el aislamiento reproductor y la especiación. Todo esto hace pensar que los genes del sistema olfativo han podido estar bajo una gran presión selectiva en su eficiencia y especificidad, pudiendo haber evolucionado bajo la acción de la selección natural positiva. De hecho se ha propuesto que la selección positiva habría estado implicada en la evolución de PBP's de *Chortstoneura* (WILLETT 2000), y en la de las OBP's de algún grupo de himenópteros, donde además controlarían diversos aspectos de su organización social (KRIEGER and ROSS 2002). Los genes del sistema olfativo son atractivos, por lo tanto, en los estudios de la adaptación a nivel molecular. Asimismo, el estudio de la variabilidad nucleotídica en genes duplicados puede aportar información sobre el mecanismo de su generación y mantenimiento en las poblaciones o en las especies.

En la presente tesis doctoral se ha estudiado la evolución molecular de dos genes del sistema olfativo que codifican para OBP's, los genes *OS-E* y *OS-F*, en diferentes especies de *Drosophila*. Los objetivos propuestos han sido los siguientes:

1. Analizar el polimorfismo nucleotídico de la región que incluye los genes *OS-E* y *OS-F* (región OS) en una población natural de *D. melanogaster* de Córdoba (España), y de la divergencia nucleotídica interespecífica con diferentes especies del grupo melanogaster de *Drosophila* (*D. simulans*, *D. mauritiana* y *D. erecta*), con objeto de determinar las fuerzas evolutivas responsables del patrón de variabilidad nucleotídica de estos genes.
2. Estudiar el polimorfismo nucleotídico en la región OS en una población natural de *D. simulans* de Montblanc (España) y en una población de Matputo (Mozambique), para inferir el papel de la selección natural, en

frente de la de procesos demográficos, en la generación del nivel y patrón de la variabilidad nucleotídica en esta especie.

3. Caracterizar la región OS en *D. subobscura* y *D. guanche*, y analizar la variabilidad nucleotídica intraespecífica en dos poblaciones naturales de *D. subobscura*, y la divergencia interespecífica entre esta especie y *D. guanche*, con objeto de estudiar el efecto del polimorfismo cromosómico en el nivel y el patrón de polimorfismo nucleotídico.

4. Caracterizar los genes OS-E y OS-F en diferentes especies del subgénero Sophophora de Drosophila (*D. yakuba*, *D. teissieri*, *D. ananassae*, *D. pseudoobscura*, *D. persimilis*, *D. miranda*, *D. bifasciata*, y *D. madeirensis*). Analizar la divergencia aminoacídica y nucleotídica en la región codificadora de ambos genes, y relacionarla con la estructura tridimensional de las OBPs, con objeto de detectar la acción de la selección natural, tanto positiva como negativa, y de obtener una visión general de la evolución molecular de estos genes en el subgénero Sophophora.