

**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

## **5. Conclusiones**



1. Los niveles de polimorfismo detectados en la región OS de *D. melanogaster* están significativamente reducidos. Este patrón de variabilidad puede haber sido provocado por un barrido selectivo potenciado por la reducida tasa de recombinación de la región que incluye los genes OS-E y OS-F.
2. El gen OS-E de *D. melanogaster* muestra un patrón de polimorfismo claramente distinto del gen OS-F, es mucho más variable y presenta una estructuración genética en la que destaca un exceso de variantes polimórficas segregando a frecuencias intermedias. Este patrón se podría explicar por la acción conjunta de varios barridos selectivos.
3. La tasa evolutiva de la región codificadora del gen OS-E en el linaje de *D. melanogaster* es significativamente mayor que en el de *D. simulans*, destacando un exceso de sustituciones no sinónimas. Este exceso está posiblemente provocado por la acción de la selección natural sobre los cambios de amino ácido, aunque no se puede discernir entre selección positiva o relajación de la selección purificadora.
4. La población europea de *D. simulans* presenta una estructuración genética muy atípica, con una reducción significativa de la diversidad haplotípica generada por la presencia de varias secuencias con el mismo haplotipo. Este patrón de variabilidad podría reflejar el efecto de arrastre de una mutación beneficiosa relativamente cercana a los genes OS-E y OS-F en su dinámica hacia la fijación.
5. La región genómica que incluye los genes OS-E y OS-F en *D. subobscura* se localiza en la banda cromosómica 98D, y mantiene la misma estructura genética que en las especies del grupo melanogaster.
6. Las ordenaciones cromosómicas  $O_{[3+4]}$  y  $O_{3+4+23}$  de *D. subobscura* están genéticamente diferenciadas para la región OS, aunque se detecta un cierto intercambio genético, probablemente mediado por conversión génica.

7. El patrón de la variabilidad nucleotídica de la región OS dentro de cada una de las dos ordenaciones cromosómicas estudiadas en *D. subobscura* no se encuentra en el equilibrio estacionario, y aún refleja, probablemente, la expansión causada por el incremento de frecuencia de las inversiones.
8. La edad de la inversión O<sub>23</sub> de *D. subobscura*, estimada a partir de la información de la variabilidad nucleotídica silenciosa en la región OS, es de 0.19-0.29 millones de años.
9. En el linaje de *D. guanche* el gen OS-E muestra un exceso significativo de sustituciones no sinónimas; este resultado podría ser explicado por un menor tamaño efectivo poblacional de esta especie insular en relación a *D. subobscura*.
10. Los genes OS-E y OS-F están presentes en las 14 especies estudiadas del subgénero Sophophora, muestran una estructura genética muy conservada, y potencialmente son funcionales.
11. En las especies estudiadas la tasa evolutiva de la región codificadora del gen OS-E es significativamente más elevada que la del gen OS-F.
12. El análisis de máxima verosimilitud utilizando modelos de codones indica que los genes OS-E y OS-F tienen una elevada y muy similar restricción funcional.
13. El nivel de restricción funcional del gen OS-E no es homogéneo entre los diferentes linajes; probablemente el principal responsable de este patrón corresponda al linaje de *D. guanche* donde se ha detectado una proporción elevada de sustituciones no sinónimas.
14. La restricción funcional a lo largo de la región codificadora de los genes OS-E y OS-F no es homogénea; la mayoría de los codones

presenta una fuerte selección purificadora, mientras que en una pequeña proporción la selección estaría más relajada.

15. La selección natural positiva puede haber promovido la fijación de sustituciones aminoacídicas en 3 de los linajes estudiados. Este efecto se ha detectado tanto en el gen *OS-E* como el *OS-F*.
16. En todas las especies estudiadas el gen *OS-F* presenta dos regiones altamente conservadas en su primer intrón; estas regiones podrían contener elementos reguladores importantes.