

Uso de la variabilidad genética para identificar poblaciones a proteger

Islas Canarias

Trabajo a realizar

Vamos a examinar los resultados obtenidos con diferentes esfuerzos de muestreo (incrementaremos el número de islas muestreadas). Abrimos el programa PopART (<http://popart.otago.ac.nz/index.shtml>) y en primer lugar importamos el alineamiento que se encuentra en el archivo NA_LZ_2 de nuestra carpeta llamada “práctica”. Con esta aproximación exploraremos cómo de diferentes aparecen las poblaciones de herrerillos de Lanzarote con respecto a los herrerillos del norte de África.

En la opción “network” seleccionamos la que se llama “Median Joining Network”. El programa nos ofrecerá la estructura genética de las poblaciones analizadas en forma de red. Las barras verticales pequeñas representan cambios (i.e. mutaciones) que han tenido lugar entre dos individuos. Si nos vamos a estadísticas “Statistics” y seleccionamos secuencias idénticas “Identical sequences”, automáticamente se nos genera una tabla donde nos muestra el número de secuencias iguales que tiene cada haplotipo (círculo). Este archivo lo podemos abrir con un editor de texto y nos resultará de ayuda para identificar todos los individuos que comparten la misma secuencia y, por tanto, aparecen incluidos en la misma elipse o círculo.

Importante, nos tenemos que fijar en cómo se agrupan los individuos entre sí. Es decir, si los individuos de una determinada isla se agrupan solo entre ellos o también se agrupan con otras poblaciones (i.e. islas). La proximidad o lejanía de cada población nos da una idea de su diferenciación genética. Individuos más alejados se interpretaría como individuos más diferenciados entre sí.

Abreviaturas: Alger = Argelia; Moroc = Marruecos; Pante = Pantelleria; Ceuta = Ceuta; FV = Fuerteventura; LZ = Lanzarote; GC = Gran Canaria; TF = Tenerife; LG = La Gomera; EH = El Hierro; LP = La Palma; CI = Todas las Islas Canarias

Seguidamente hacemos el mismo ejercicio para el resto de archivos, importando esta secuencia de archivos, en los que se va añadiendo información de más islas:

- 1) NA_FV_LZ_2
- 2) NA_FV_LZ_GC_2
- 3) NA_FV_LZ_GC_TF_2
- 4) NA_FV_LZ_GC_TF_LG_2
- 5) NA_FV_LZ_GC_TF_LG_EH_2
- 6) NA_CI_2 (este archivo contiene secuencias de las 7 Islas Canarias, más otras secuencias del Norte de África)

Memoria:

Redactar una pequeña memoria discutiendo los resultados obtenidos. Indicar en base a estos resultados que poblaciones (i.e. islas) habría que manejar de manera diferencial en función de cómo se agrupan los diferentes individuos entre sí.

¿Ha sido más informativo muestrear unas pocas islas al azar o hacer un muestreo de todas?