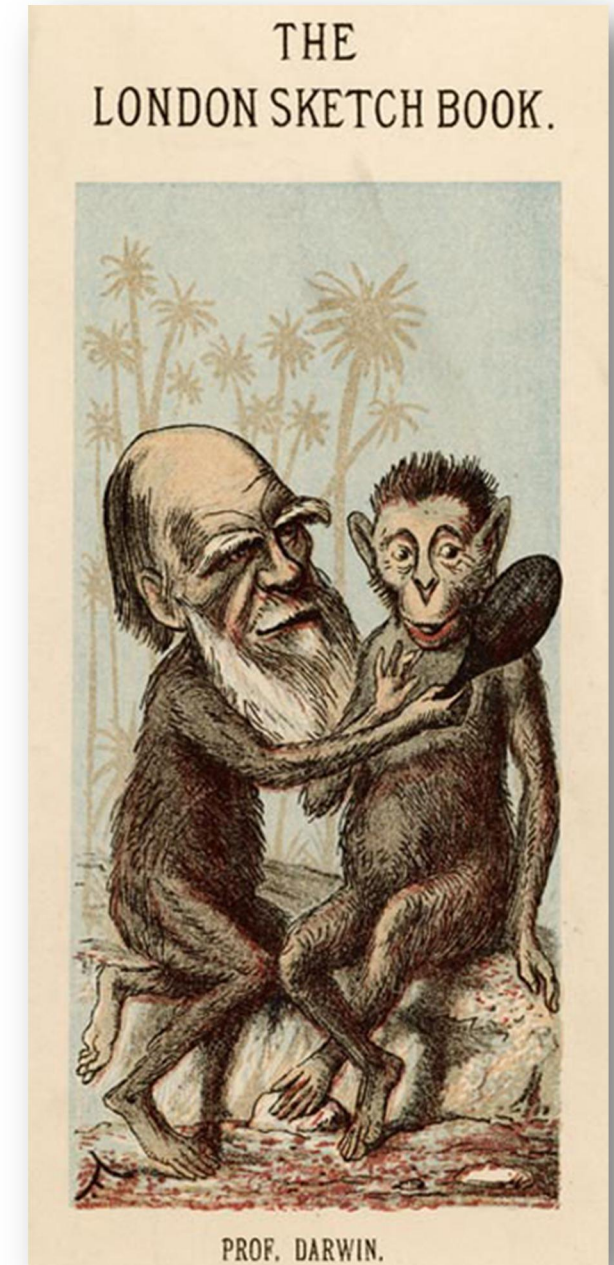


Selección Natural y Evolución

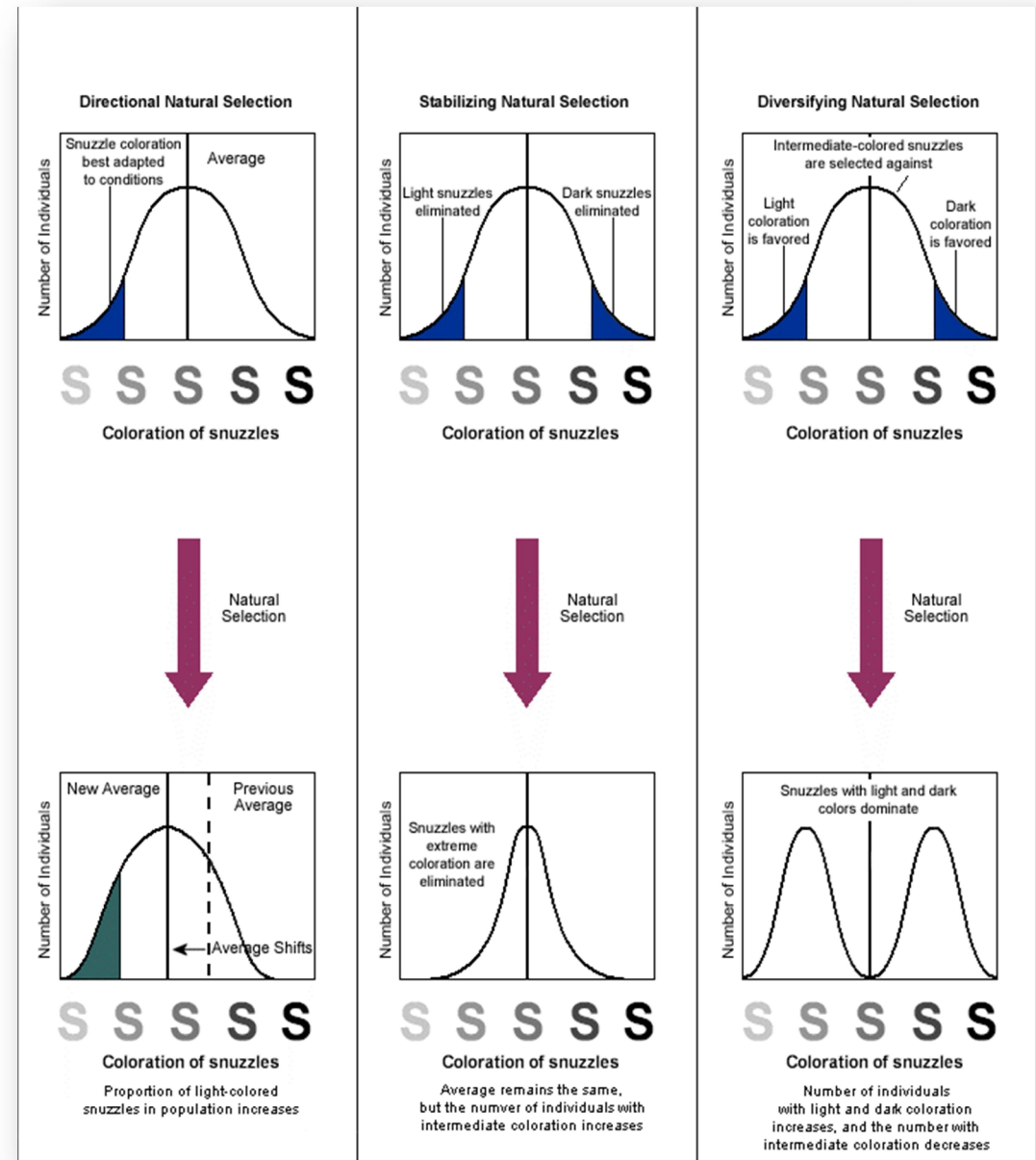
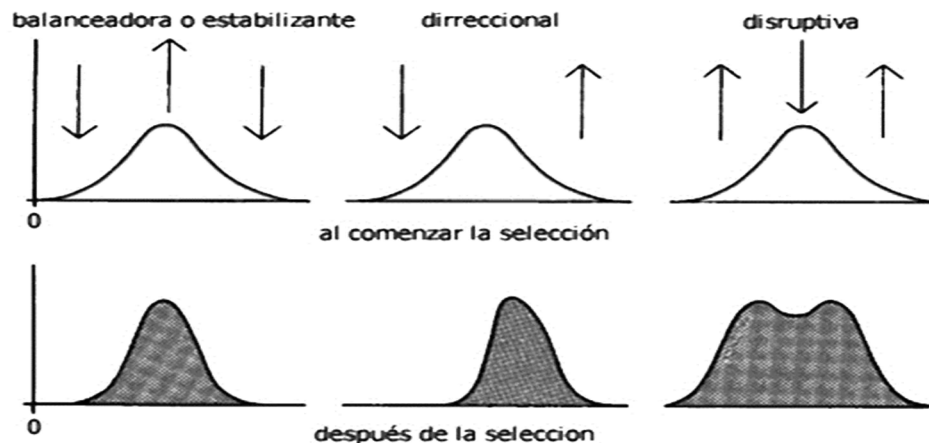
"La evolución es un cambio en la composición genética de las poblaciones. El estudio de los mecanismos evolutivos corresponde a la genética poblacional" (Dobzhansky, 1951), y la *genética de poblaciones* es la disciplina biológica que suministra los principios teóricos de la evolución.

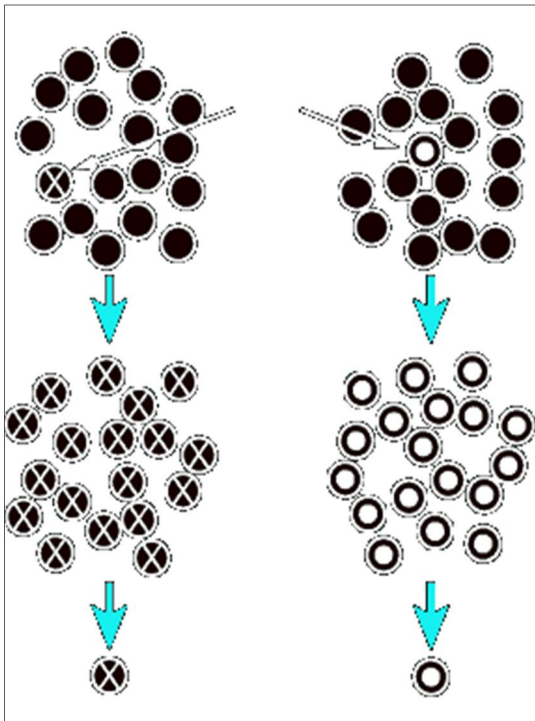
Otra "fuerza" que modula la evolución de una población es la Selección Natural, que se define como la reproducción diferencial de los genotipos en el seno de una población biológica



Tipos de selección:

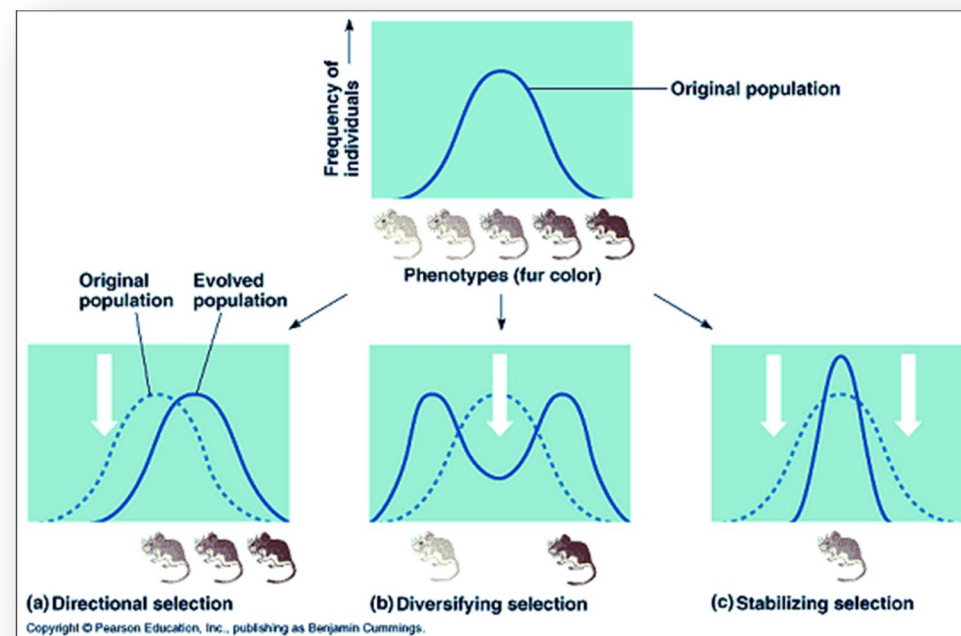
- Balanceadora (Stabilizing or Balancing) Elimina las colas de la distribución.
- Direccional o purificadora (Directional) (Biston betularia) Elimina una de las colas..
- Disruptiva (Disruptive). Las colas tienen la mayor adecuación



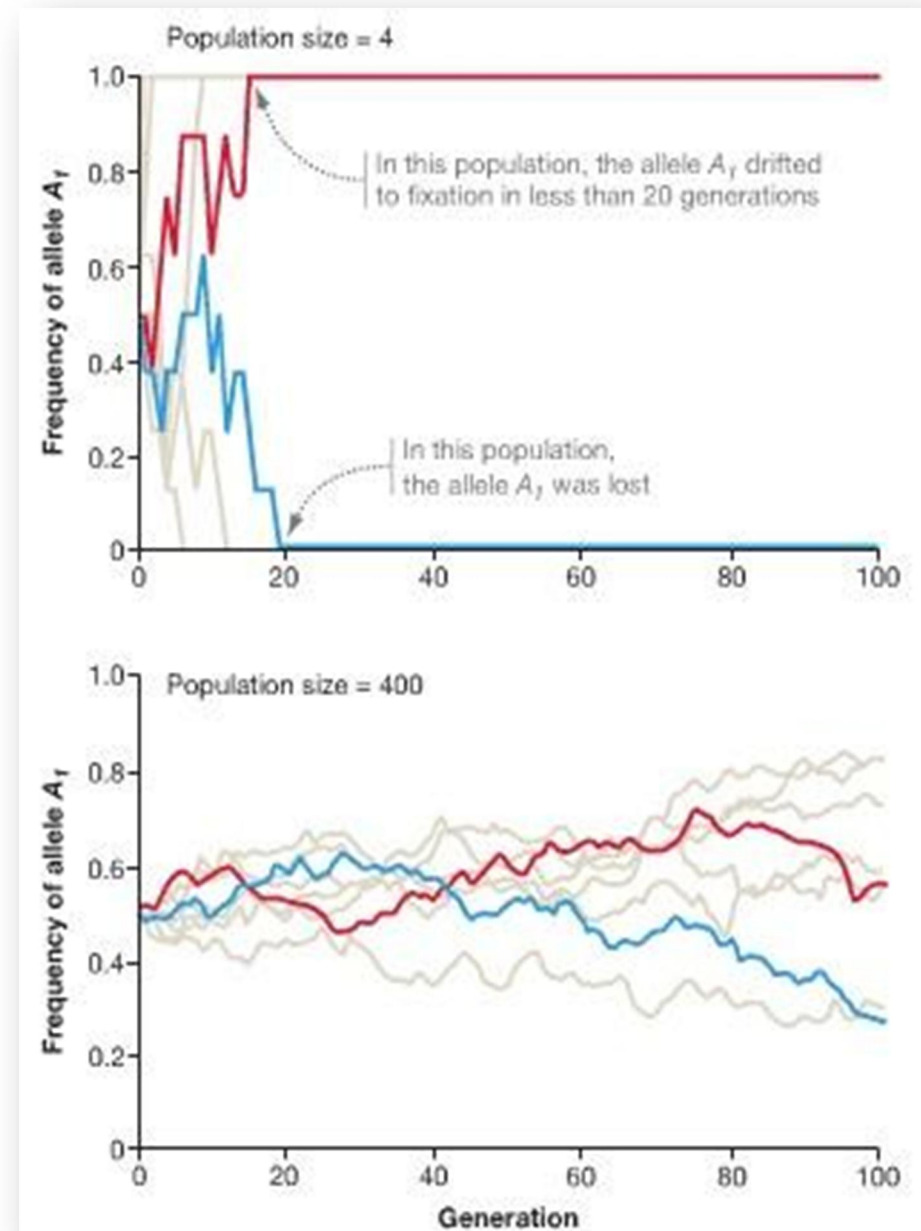


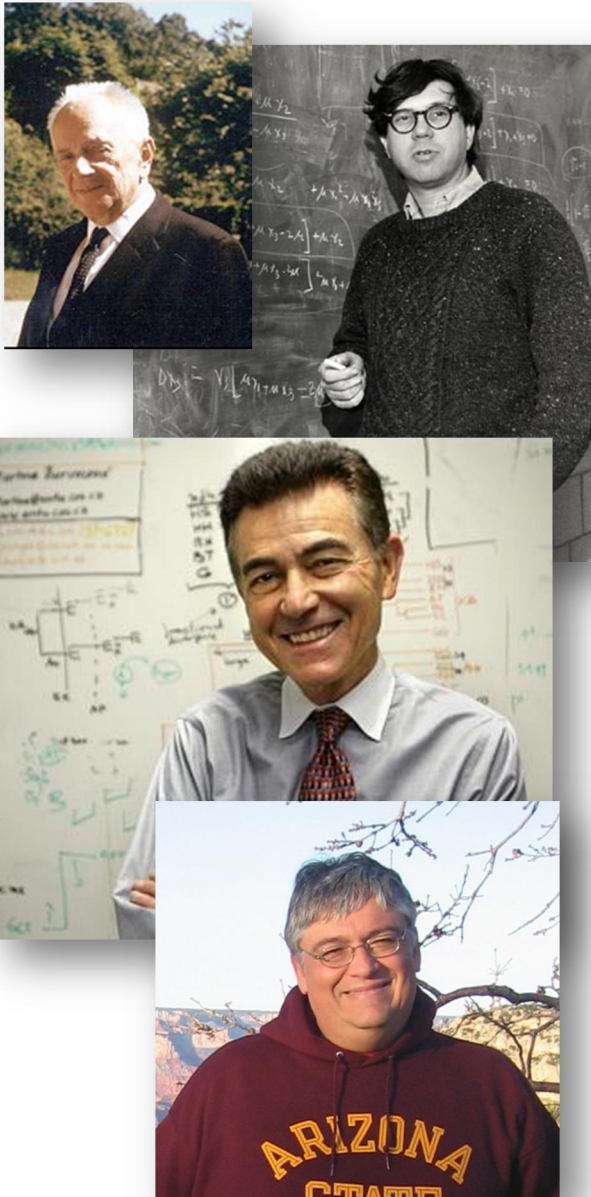
La **selección direccional**, o **selección positiva**, es un tipo de selección natural que favorece un solo alelo, y por esto la frecuencia alélica de una población continuamente va en una dirección. Este mecanismo puede conducir a **Adaptaciones**

- La **selección negativa** o **selección purificadora**, es un tipo de selección natural en el que la diversidad genética decae según un valor particular de carácter.



- La **selección positiva** adaptativa es el mecanismo evolutivo mediante el cual nuevos mutantes poseen adecuaciones mayores que el promedio de la población, y las frecuencias de dichos mutantes se incrementan en la siguiente generación (Li, 1997).
- La **selección negativa** los nuevos mutantes poseen adecuaciones menores que el promedio de la población, y la frecuencia de estos mutantes disminuye en las siguientes generaciones (Li, 1997).
- La **selección positiva balanceadora** promueve la diversidad genética y la selección negativa disminuye o purga esta diversidad eliminando las variantes de la población.





Levels of Genetic Variation in Natural Population.
Richard Lewontin y Hubby (1966)

La evolución es un cambio en la composición genética de las poblaciones. El estudio de los mecanismos evolutivos corresponde a la genética poblacional" (Dobzhansky, 1951).

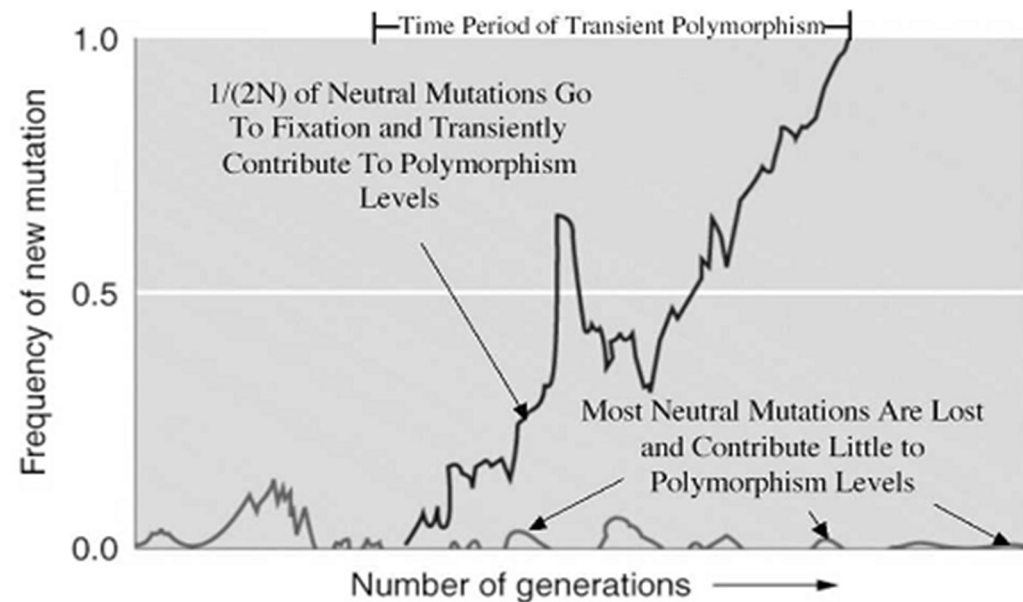
Francisco Ayala "Darwin y el diseño inteligente" (2007) explica que la evolución y las creencias religiosas son perfectamente compatibles, pero no así el creacionismo, que haría de Dios el primero y mayor abortista. Biólogo evolucionista, con trabajos importantes en enfermedades infecciosas humanas y en reloj molecular.

Ananias Escalante , Biólogo Venezolano (actualmente en USA), enfocado en establecer puentes entre los aspectos epidemiológicos, ecológicos y perspectivas biología evolutiva para abordar las enfermedades infecciosas

La teoría neutral

La gran mayoría de los cambios evolutivos a nivel molecular son causados selectivamente por deriva al azar de mutaciones neutrales o casi neutrales. Siendo su más importante consecuencia la fijación de mutaciones a una tasa constante dentro de la población.

Kimura, M. 1968. Evolutionary rate at the molecular level. Nature 217(129):624-626.



Medidas de selección

Selective pressure at the protein level can be measured as: $\omega = dN/dS$

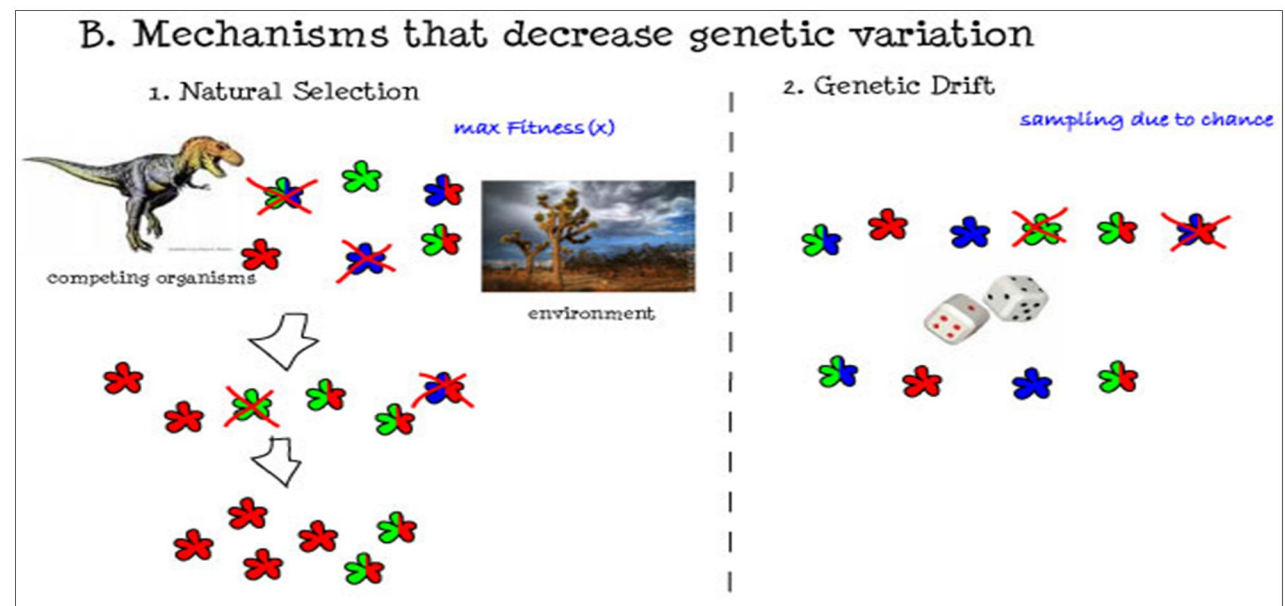
- **dN** is the number of nonsynonymous substitutions per nonsynonymous site
- **dS** is the number of synonymous substitutions per synonymous site between two protein-coding sequences

If non-synonymous mutations are

favored by positive selection, non-synonymous mutations will be fixed at faster rate than synonymous mutations, then $\omega > 1$

If non-synonymous mutations are deleterious (purifying selection), synonymous mutations will be fixed at faster rate, then $\omega < 1$

If selection has no effect on fitness (neutral evolution), synonymous and non-synonymous mutations will be fixed at equal rate, then $\omega = 1$



Prueba de Tajima

Está basada en la detección de las diferencias entre los estimadores π y θ con la determinación de la D de Tajima, calculada a partir de la siguiente expresión:

$$D = \frac{\pi - \theta}{\sqrt{V(\pi - \theta)}}$$

- $-D$ quiere decir que $\theta > \pi$, mutaciones deletéreas.
- $+D$ quiere decir que $\pi > \theta$, selección positiva

Método Fu-Li

$$G = \frac{n_e \cdot n_i / a - 1}{\sqrt{V [n_e \cdot n_i / (a - 1)]}}$$

donde

n_e = número de mutaciones en ramas externas

n_i = número de mutaciones en ramas internas

- Si existe selección negativa purificadora se observará un exceso de las mutaciones en las ramas más externas.
- si existe algún tipo de selección positiva se verá una disminución de las mutaciones en las ramas externas.

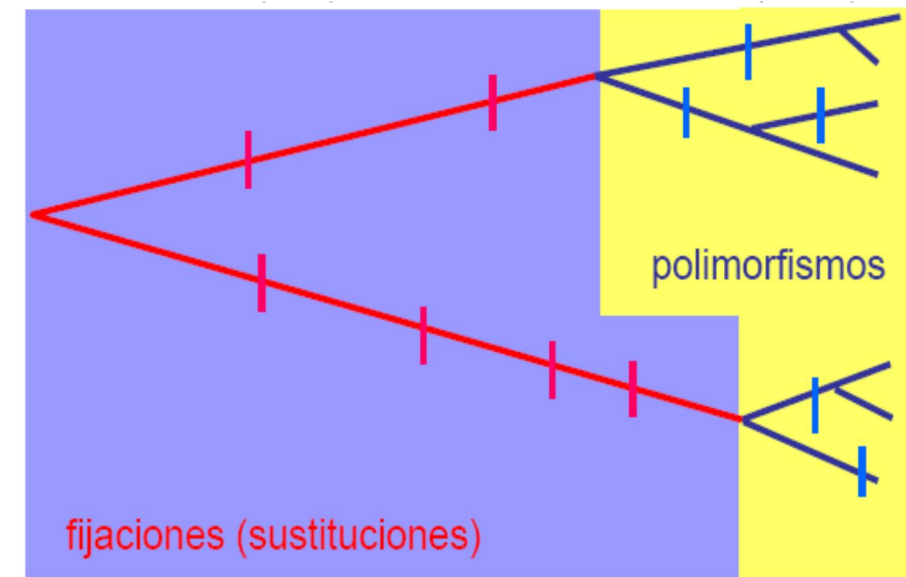
McDonald-Kreitman

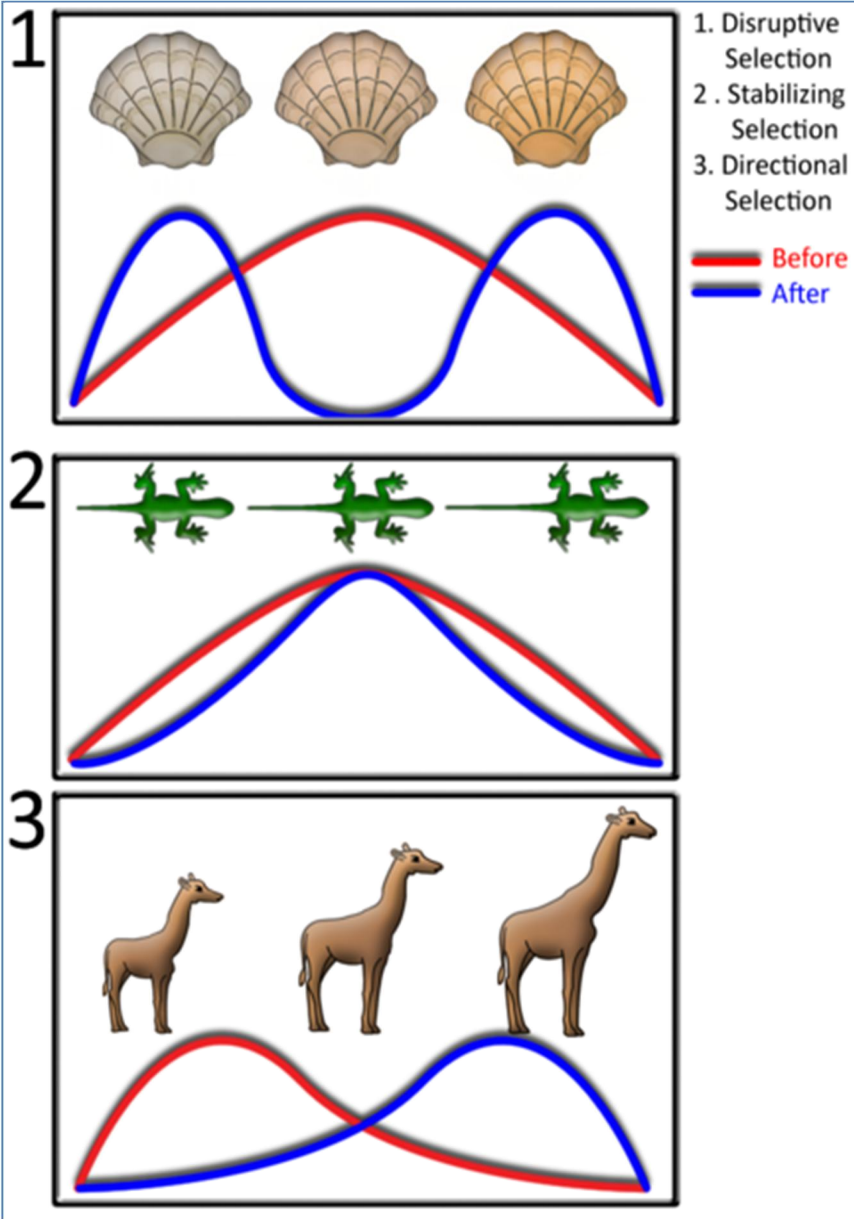
Esta prueba está basada en principios muy sencillos, en los que se consideran las relaciones entre las diferencias sinónimas y no-sinónimas entre y dentro de las especies.

La hipótesis nula en la prueba de McDonald y Kreitman es la siguiente:

$$E(nf)/Esf = E(np) / Esp$$

- nf = sitios fijos con sustituciones no-sinónimas
- sf = sitios fijos con sustituciones sinónimas
- np = sitios polimórficos con sustituciones no-sinónimas
- sp = sitios polimórficos con sustituciones sinónimas





Programas

PAML -Phylogenetic Analysis by Maximum Likelihood- (Ziheng Yang)
<http://abacus.gene.ucl.ac.uk/software/paml.html>

PHYLIP -Phylogeny inference package- (Joe Felsenstein, 1993)
<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html/>

MEGA -Molecular Evolutionary Genetics analysis - (Kumar *et al.*, 2000)
www.megasoftware.org

DNASP – (Rozas y Rozas 1999)
www.ub.es/DNAsp/

