Forte discontinuité génétique entre zones hybrides chez *Heliconius*

Arias C.F., Rosales C., Salazar C., Castaño J., Bermingham E., Linares M. et McMillan O.

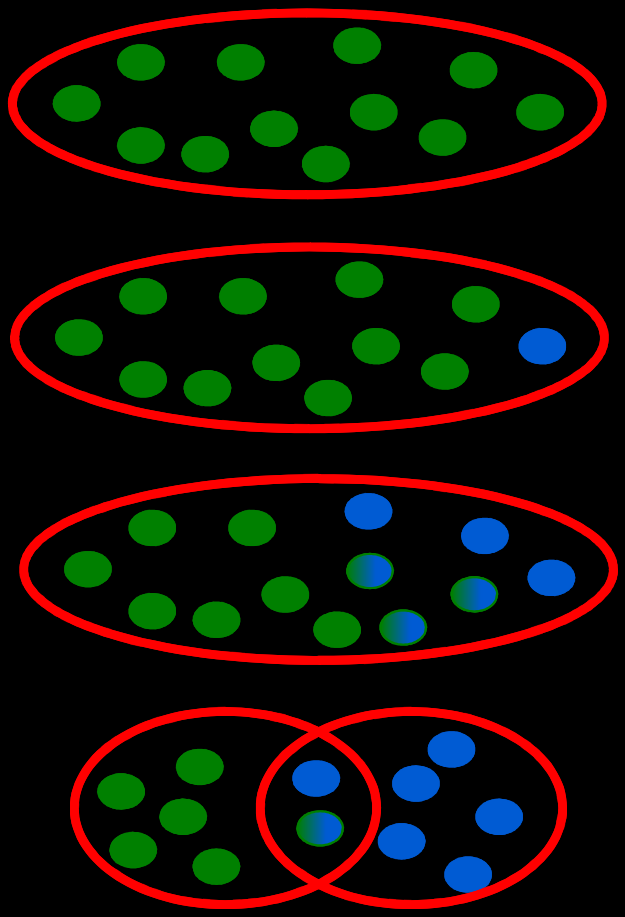
Superviseurs:
E. Bermingham
D. Schoen

NEO McGill
Smithsonian Tropical Research Institute

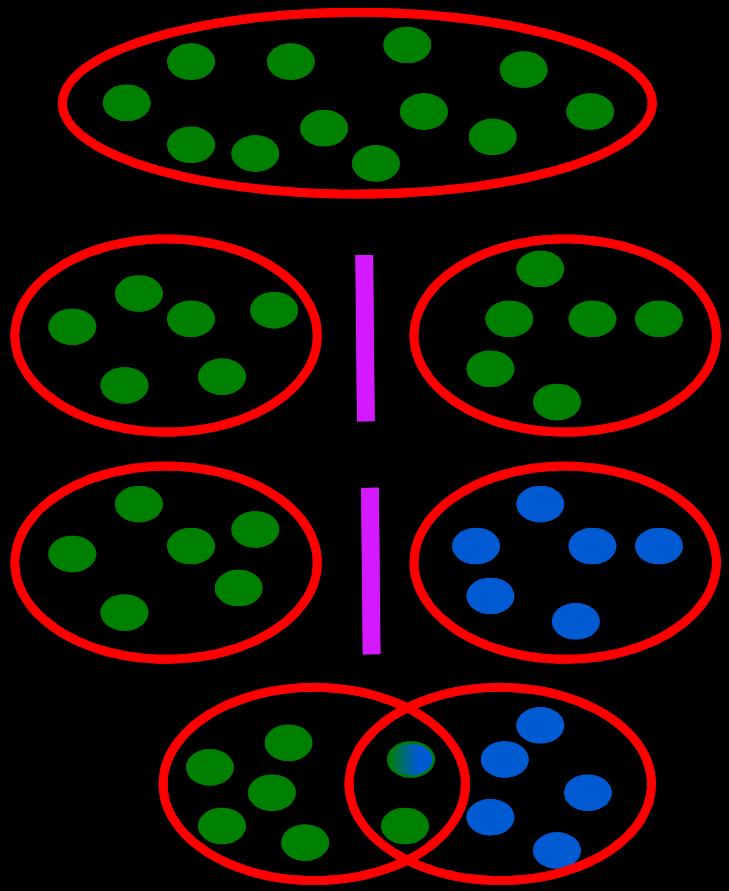
Zones hybrides

Les zones hybrides sont des domaines où les lignées divergentes entrent en contact, s'accouplent et produisent des descendants d'ascendance mixte (Barton et Hewitt, 1989).

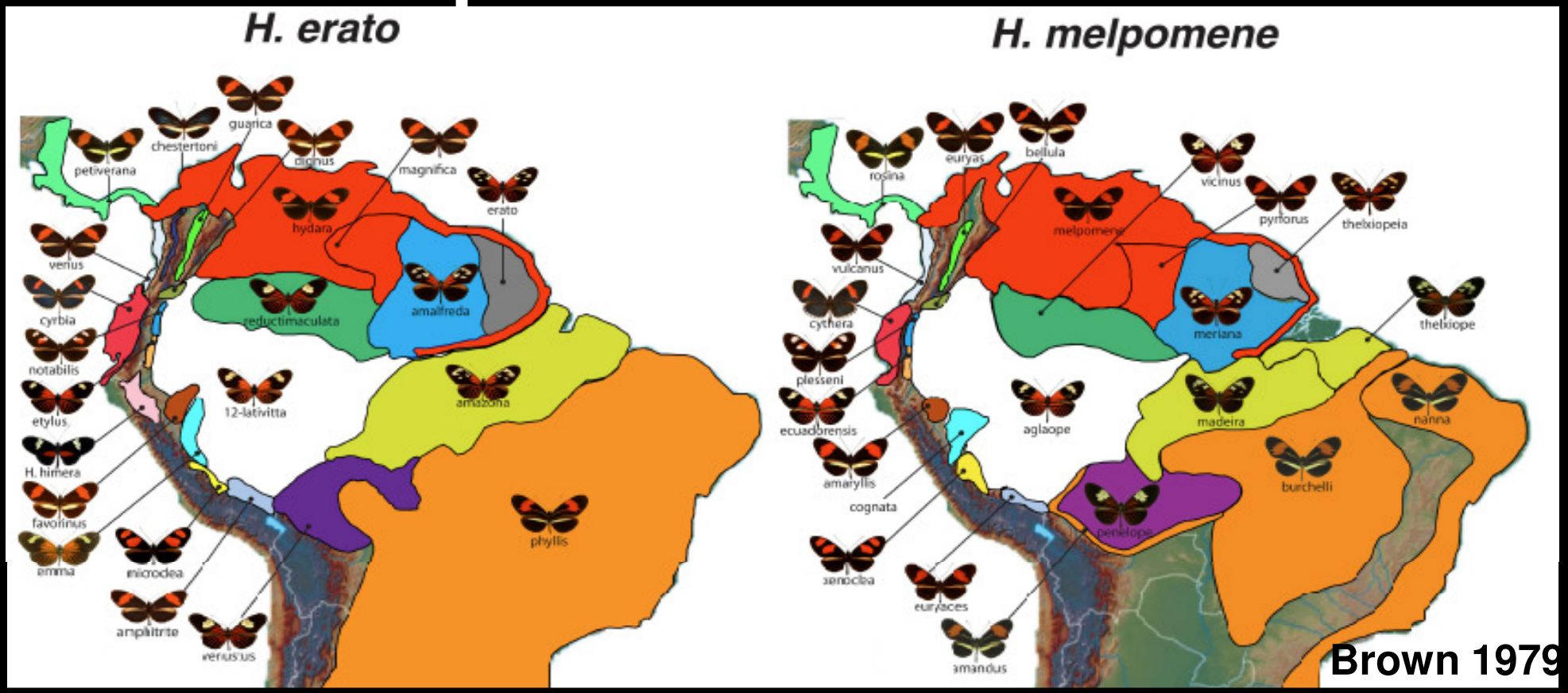
Contact primaire



Contact secondaire



Papillons *Heliconius*



- Motifs de couleur des ailes sont sous contrôle génétique mendélien simple.
- Motifs de couleur voyantes pour annoncer la toxicité est utilisé comme indice lors de accouplement.
- Motifs de couleur sont soumis une forte sélection naturelle.
- À l'intérieur d'une même espèce, la plupart des populations d'Heliconius ont des distribution parapatriques reliées par des zones hybrides qui peuvent être «unimodale» ou «bimodale». (Mallet et al. 1998; Arias et al. 2008)

Hypothèse:

1. **Différents motifs de couleur évoluent au cours des périodes d'allopatrie, peut-être dans les forêts refuges formées au cours du Pléistocène. Les populations entreraient alors en contact secondaire lorsque les barrières géographiques disparaissent (Brown et al. 1974)**

Quaternary Refugia in Tropical America: Evidence from Race Formation in Heliconius Butterflies

K. S. Brown; P. M. Sheppard; J. R. G. Turner

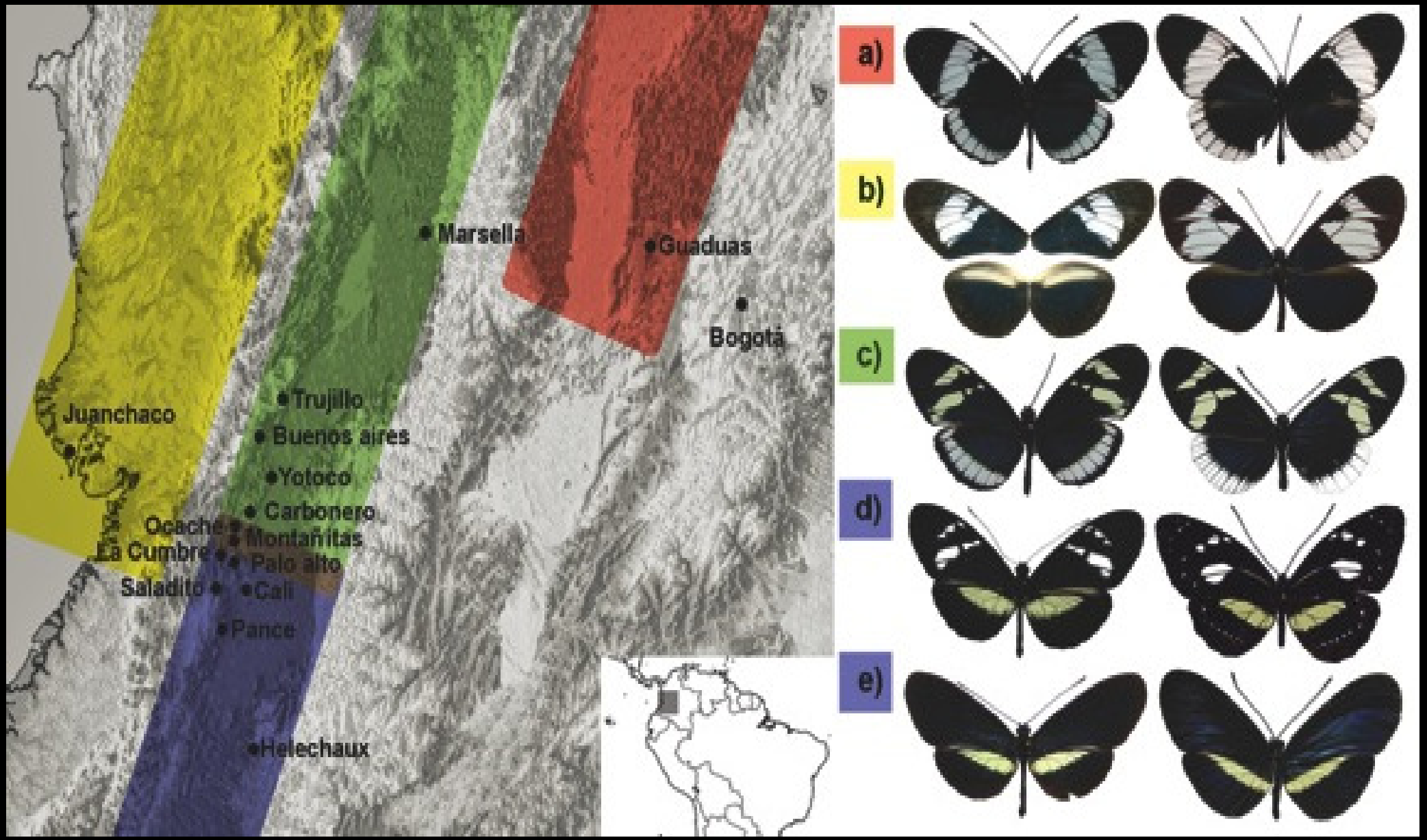
Proceedings of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences, Volume 187, Issue 1088 (Nov. 5, 1974), 369-378.

1. **Différents modèles de couleur évoluent au sein des populations locales et se propagent d'une manière semblable à celle décrite dans Wright(1932, 1977) «shifting balance theory» (Mallet 1993, 2010).**

Wing patterning gene redefines the mimetic history of *Heliconius* butterflies

Heather M. Hines[a,1], Brian A. Counterman[b], Riccardo Papa[c], Priscila Albuquerque de Moura[d], Marcio Z. Cardoso[d], Mauricio Linares[e], James Mallet[f,g], Robert D. Reed[h], Chris D. Jiggins[i], Marcus R. Kronforst[j], and W. Owen McMillan[a,k]

PNAS 2011



Distribution partielle des races d'*Heliconius cydno* et leurs «comimics».
Colonne de gauche: races d'Helioconus
Colonne de droite: «comimics»

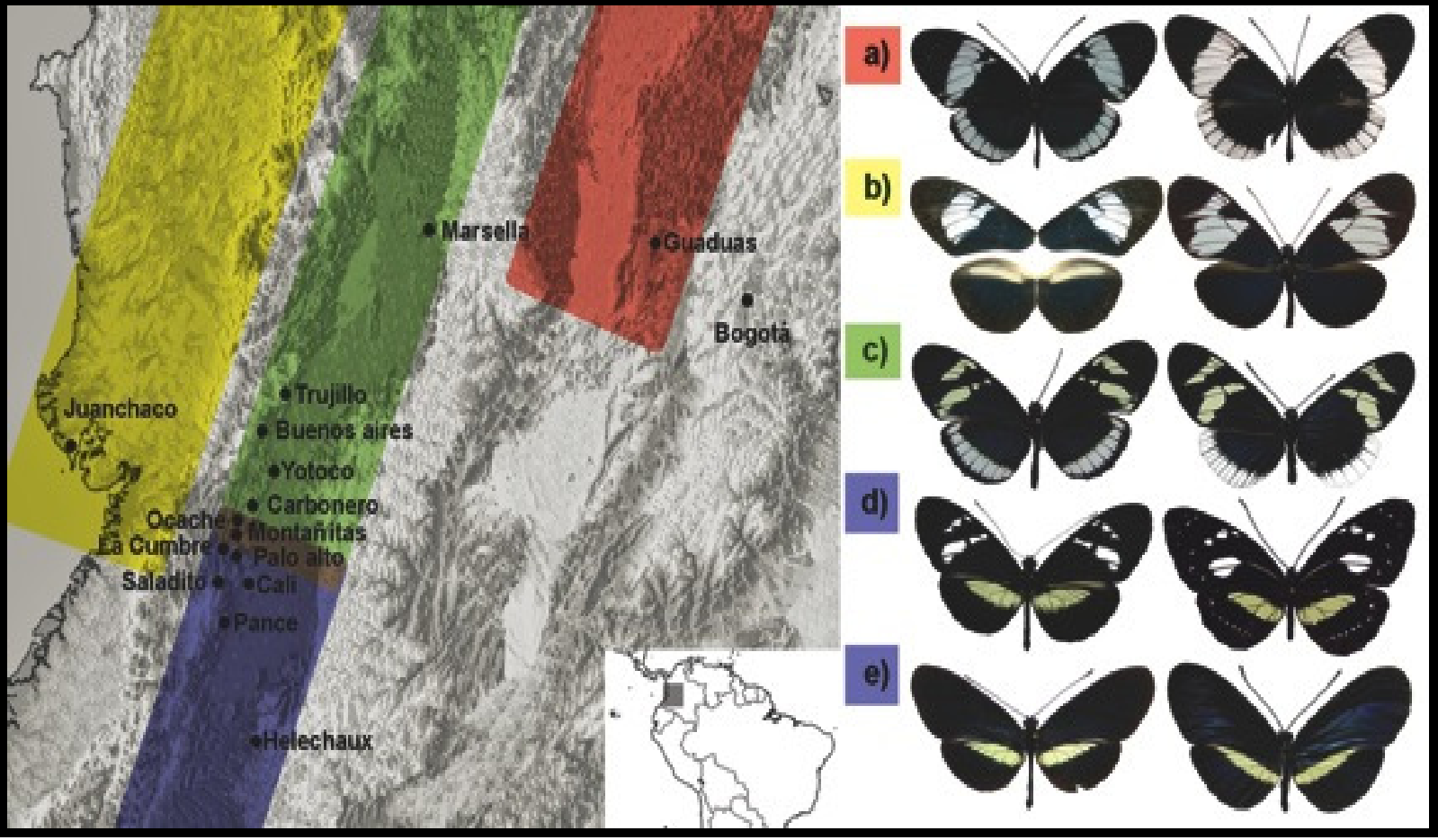
Notre objectif:

1. Caractériser la zone hybride entre *H. c. cydnides* et *H. c. weymeri.*

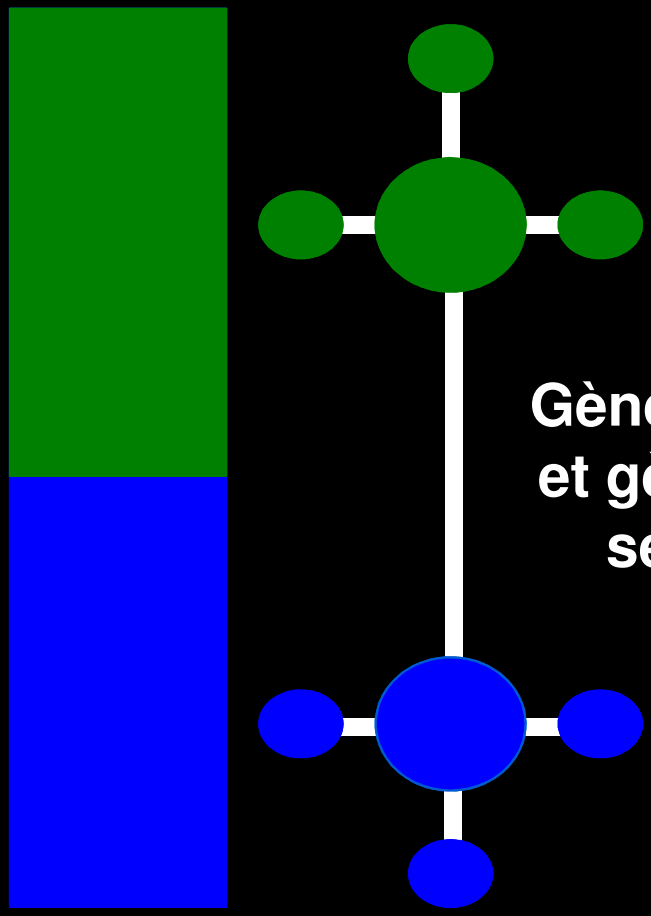
2. Étudier l'origine et la persistance de la zone hybride *H. cydno*.

Méthodologie

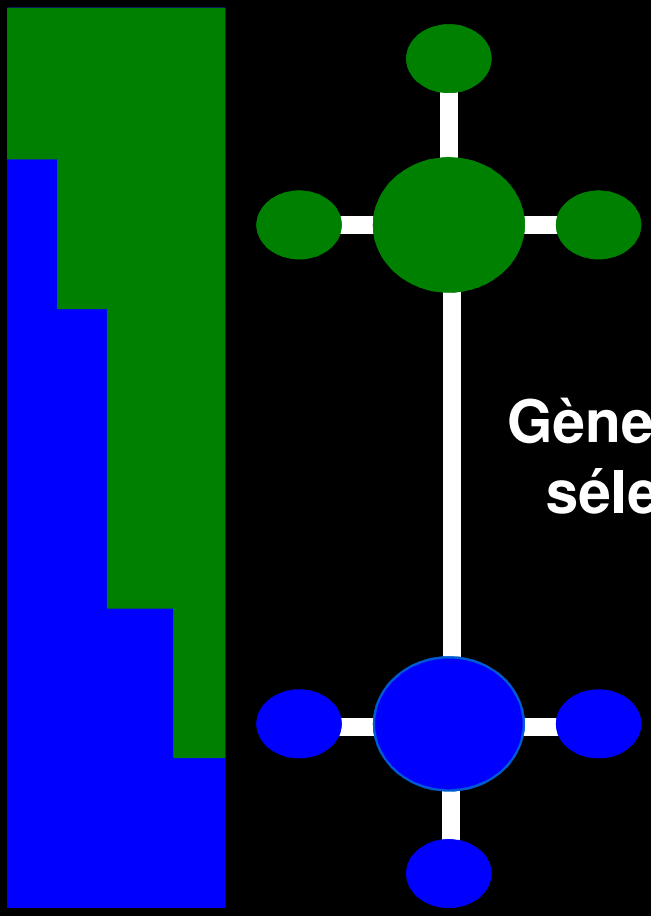
Microsatellites
AFLPS **478 individus**
ADNmt
7 Gènes liés au gene de motifs de couleur *Yb*
3 Gènes non-liés
Expériences de choix de partenaire



Prédictions



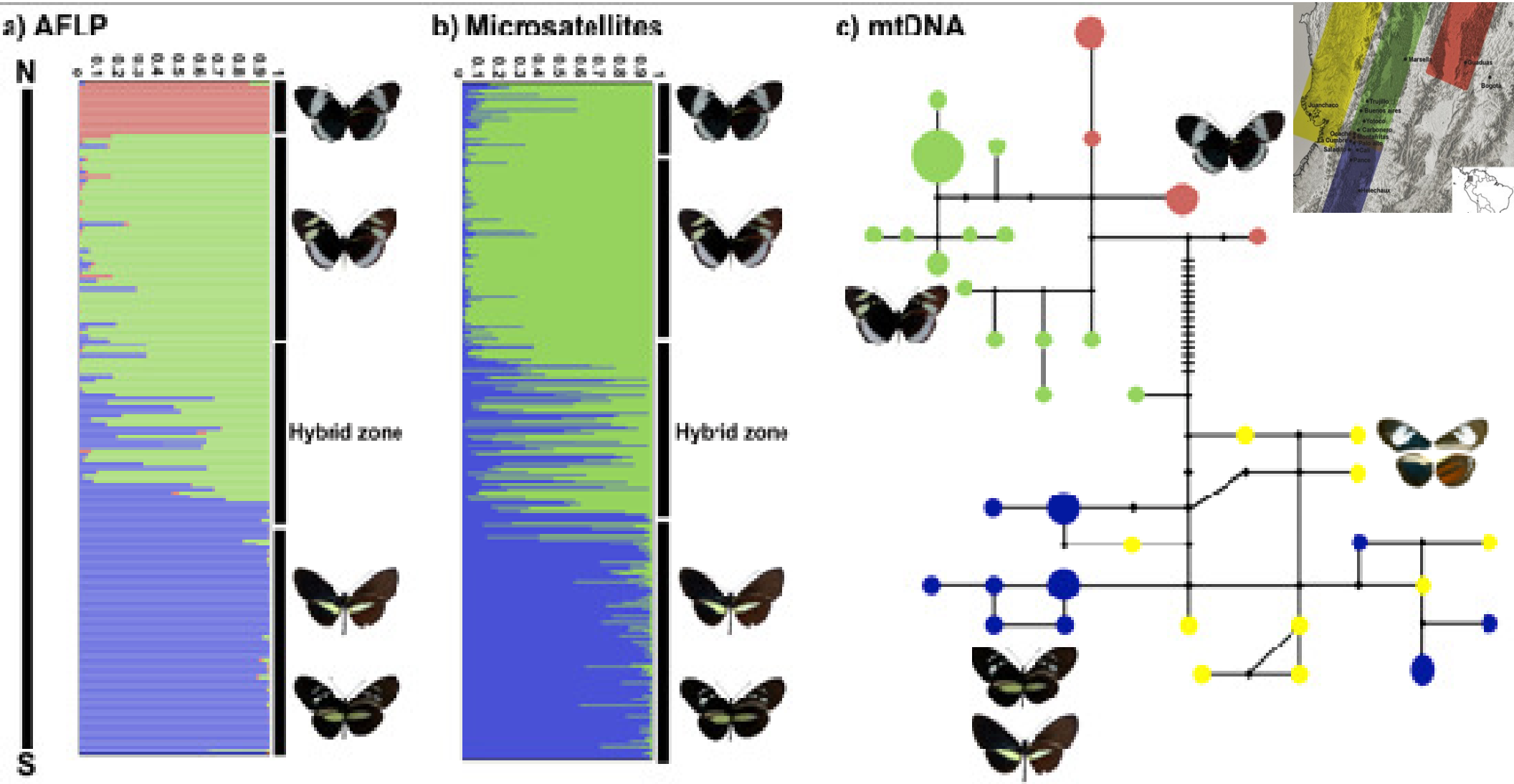
Gènes neutres et gènes sous sélection



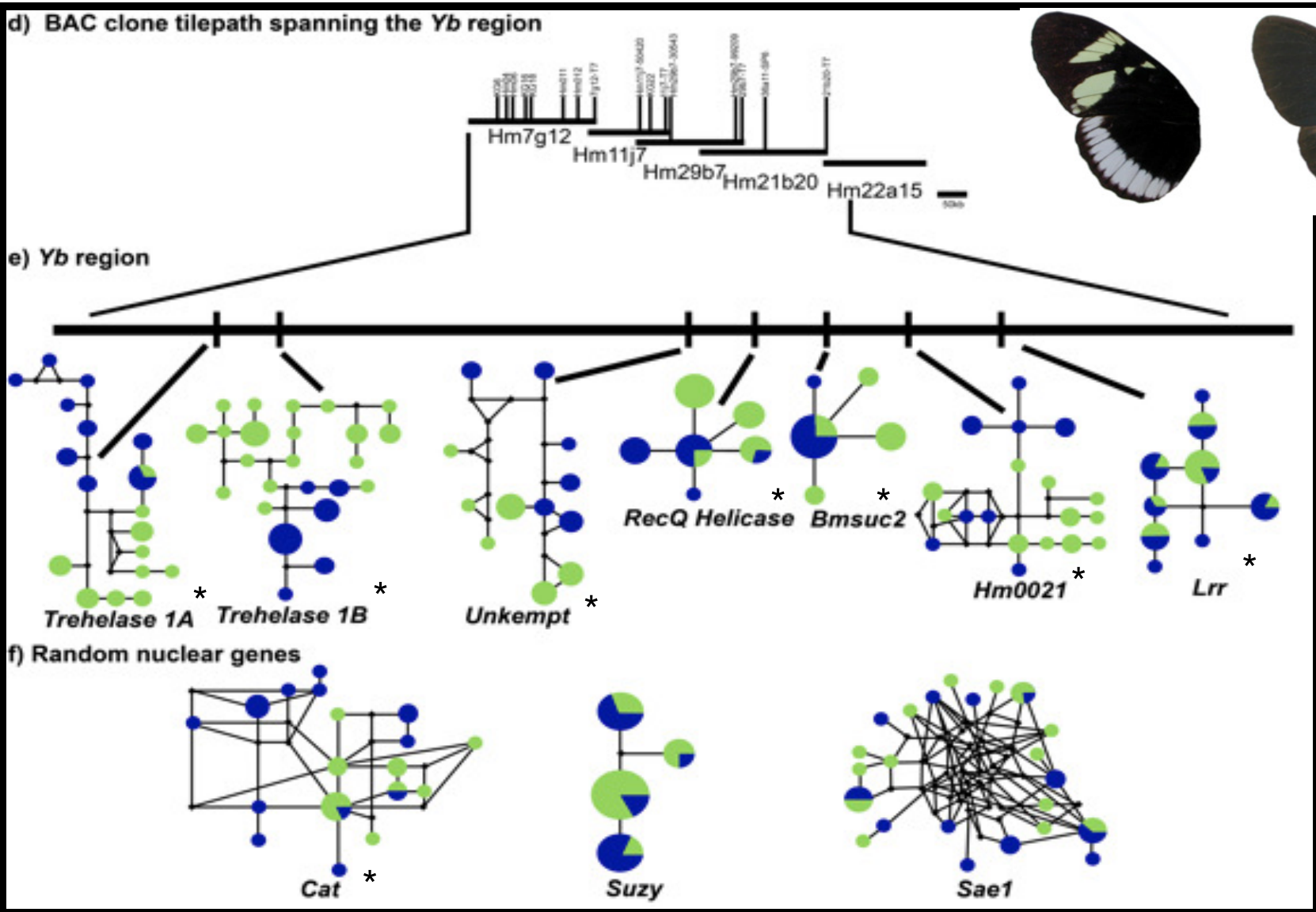
Gènes sous sélection

Contact secondaire

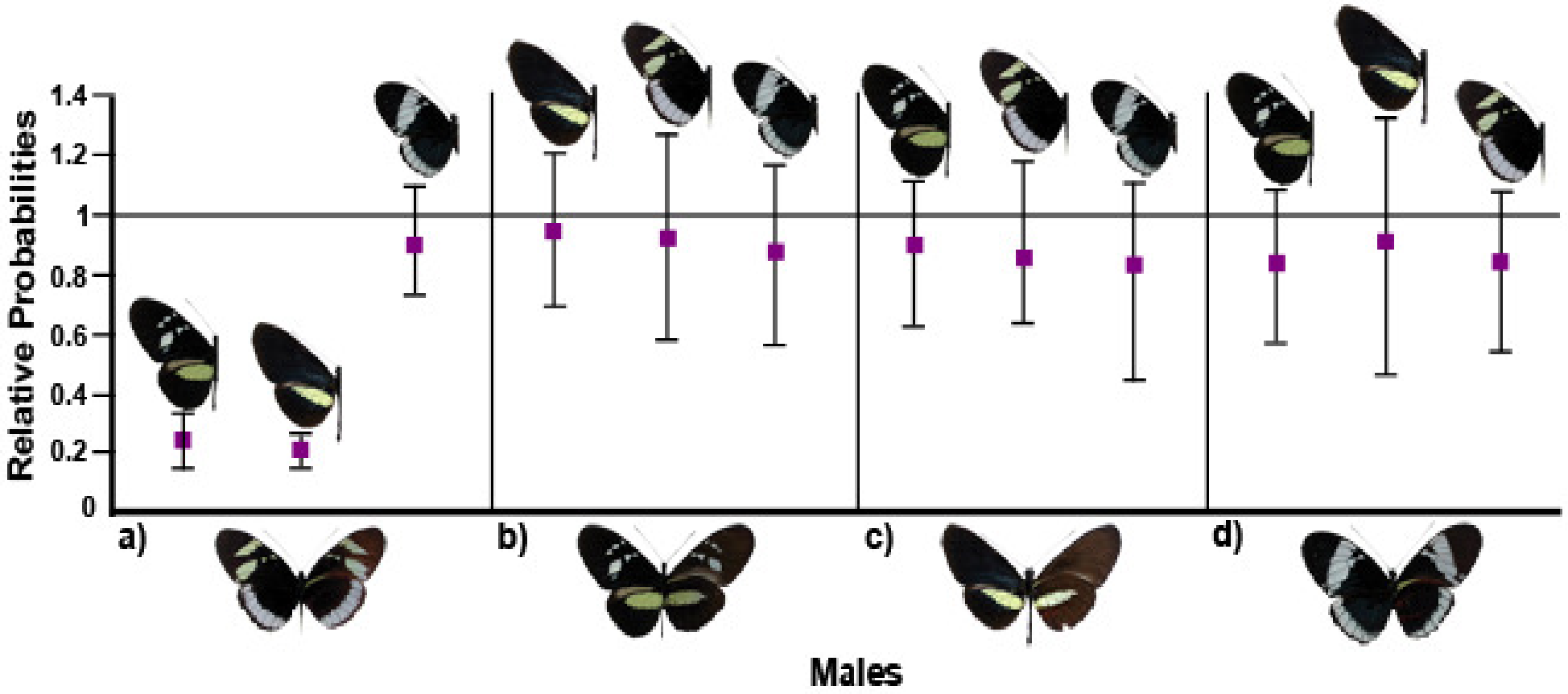
Contact primaire



Test Bayesien d'assignement des populations et réseau d'allèles.
Classification des couleurs : rouge(*H. c. cydno, Magdalena V.*), jaune (*H. c. zelinde Pacifique C.*), vert(*H. c. cydnides*) et bleu (*H. c. weymeri*).



Réseau d'allèles au travers la région YB et gènes nucléaires non-liés. Vert (*H. c. cydnides*) et bleu (*H. c. weymeri*). * Valeurs Fst significatives.



Probabilités de choix de partenaire. Les males testés sont montrés sur l'axe des X. En haut sont représentés les motifs de couleurs des femelles expérimentales. L'axe de Y montre la probabilité relative de parade envers les femelles. Pour chaque mâle, on utilise une femelle du même motif de couleur comme contrôle, représenté par la ligne horizontale (valeur de 1).

H. c. cydnides

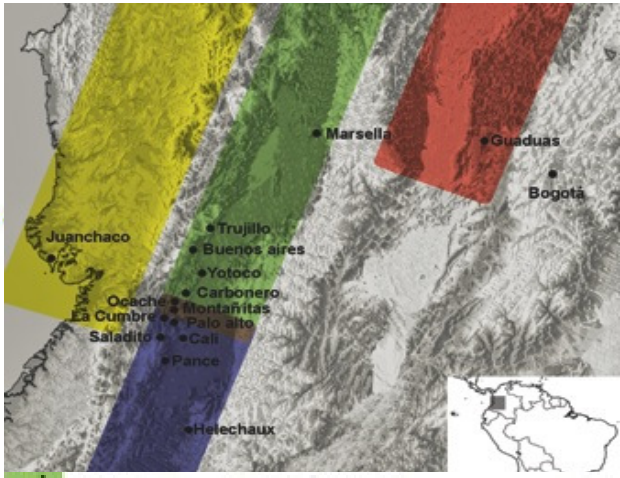
H. c. weymeri

H. melpomene

1569ab
2025aa
2025ab
1655M1
1655M2
2017M1
2018aa
2018ab
2019aa
2028aa
2125ab
2125aa
2028ab
2023aa
2017M2
1569aa
2026aa
2022aa
2022ab
2021ab
2021aa
2023ab
2026ab
1912Ha
1908Ha1
1908Hb2
1912Hb
2020aa
1904H2
1903H2
1904H1
1903H1
1913Hb
1915Ha
1913Ha
1915Hb
1906H2
1906H1
2019ab
1907Ha1
1910Hb
1910Ha
1907Hb2
1914Hb
1914Ha
1905H1
1905H2
amaryllis8573
amaryllis8618
Amaryllis8630
aglaope1247
Amaryllys8658
amaryllis8619
Aglaope286
mmelpomeneJm07
rosina1598
rosina612
rosina1512
mmelpomeneJm08
mmelpomeneJm02
rosina610
rosina613
mmelpomeneJm26
rosina611
rosina1485
aglaope1263
aglaope1262
mmelpomeneJm01
aglaope196
mmelpomeneJm04
mmelpomeneJm13

0.0020

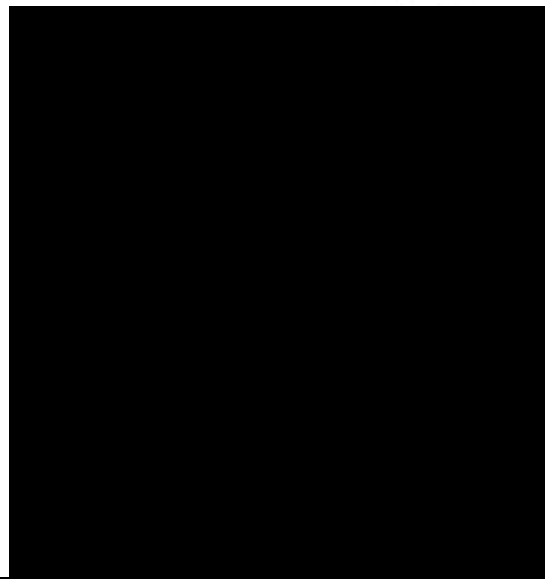
TrehB
500bp



c)

d)

e)



Conclusions

- **Pour la zone hybride entre *H. c. cydnides* et *H. c. weymeri*, la forte différence observée au sein de la plupart des loci s'explique mieux par une divergence en allopatrie qui s'en est suivie d'un contact secondaire plus récent.**

- **La fort «cluster» de l'ADNmt entre *H. c. cydnides* avec la race cydno provenant de la vallée Magdalena, et entre *H. c. weymeri* avec la race cydno de la côte Pacifique supporte l'hypothèse du contact secondaire.**

- **Selon ce scénario, *H. c. cydnides* a colonisé le nord de la vallée de Cauca et *H. weymeri s'est dispersé plus récemment dans la partie sud de la vallée en traversant les Andes*.**

- **Il est possible que l'introdression adaptative ait joué un rôle lors de l'établissement et la colonisation de la vallée de Cauca par le proto-*H. c. weymeri.***

Remerciements

Dr. Eldredge Bermingham
Dr. Daniel Schoen
Dr. Owen McMillan
Dr. Andrew Hendry
Dr. Mauricio Linares
Biff Lab

Levinson Fellowship
STRI-McGill-NEO Fellowship
Max Bin Fellowship
ICETEX-COLFUTURO
STRI short-term fellowship
COLCIENCIAS

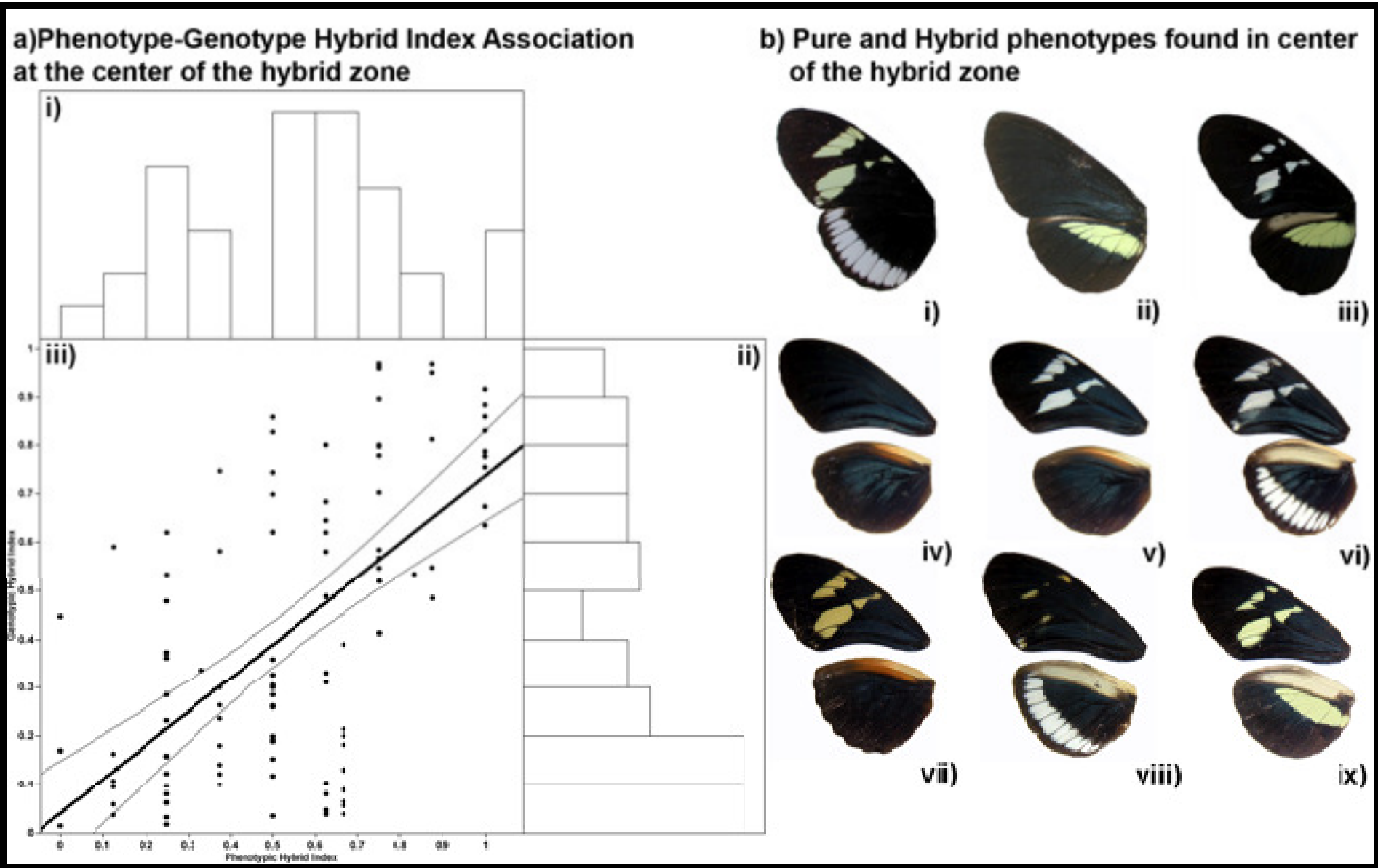
Smithsonian Tropical Research Institute

SRR / AFLP	*H. c. cydno*	*H. c. cydnides*	*H. c. weymeri* f. *gustavi*	*H. c. weymeri* f. *weymeri*
H. c. cydno		0.0879**	0.2208**	0.2235**
H. c. cydnides	0.1497**		0.1867**	0.1852**
H. c. weymeri* f. *gustavi	0.2067**	0.0591**		0.0024
H. c. weymeri* f. *weymeri	0.1983**	0.0586**	-0.0091	

Table 2. F_{ST} values between races Values over the diagonal show microsatellite analysis results (SRR); bellow the diagonal is show AFLP analysis results. *Statistically significant F_{ST} values with $p < 0.05$. **Highly significant F_{ST} values with $p < 0.01$.

	TrehB	*TrehA*	*Unk*	*RecQHel*	*Bmsuc2*	*Hm21*	*Yb loci concatenate*	*Lrr*	*Cat*	*Suzy*	*sae1*	*Random loci concatenate*
H. c. cydnides vs. H.c. weymerii	0.6263**	0.20458*	0.50375**	0.22698*	0.21838*	0.26714*	0.32629**	0.08174*	0.14564*	0.0938*	0.00333	0.07544

Table 3 SM. F_{ST} for nuclear loci in *Yb* region and random loci. *Statistically significant F_{ST} values with $p < 0.05$. **Highly significant F_{ST} values with $p < 0.01$.



Phenotype-genotype association at the center of the hybrid zone. a) Phenotype-genotype hybrid index association: i) Distribution of the different phenotypic classes at the contact zone, ii) Distribution of the different genotypic classes at the contact zone and iii) Phenotypic hybrid index vs. genotypic microsatellite hybrid Index (R^2= 0.36358; P>0.05). b) Pure and Hybrid phenotypes found in center of the *Heliconius cydno* hybrid zone in Cauca Valley.

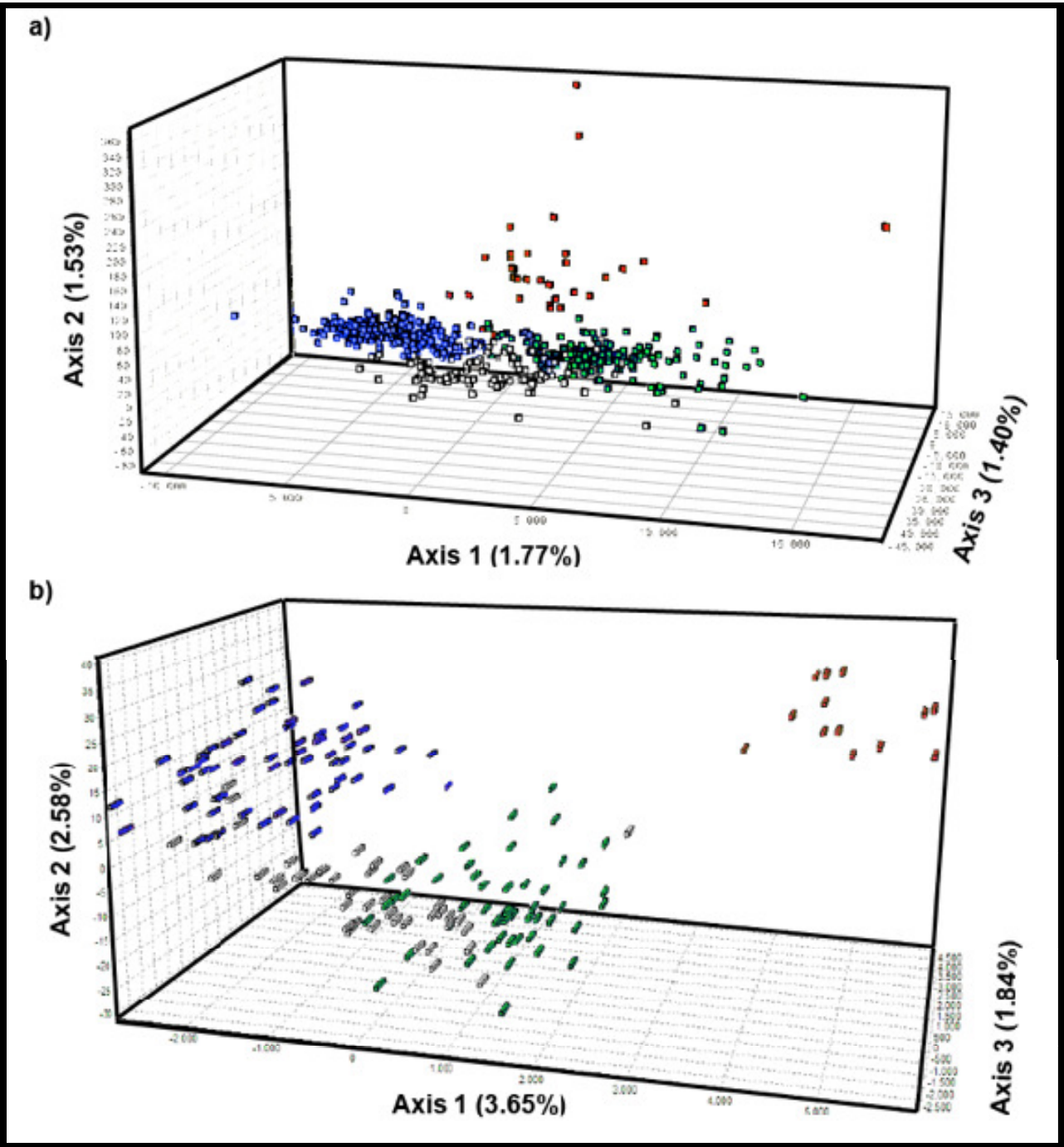
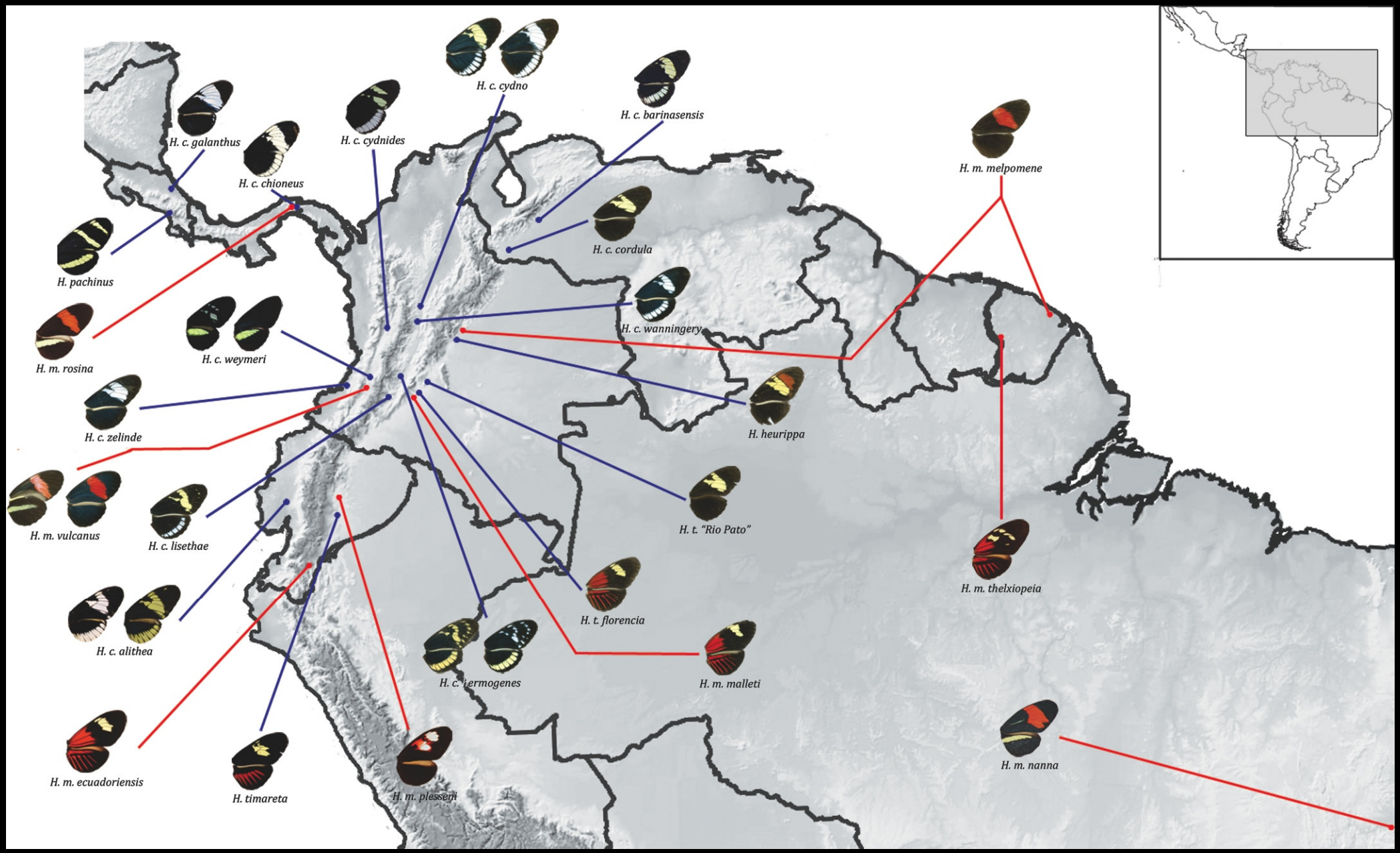


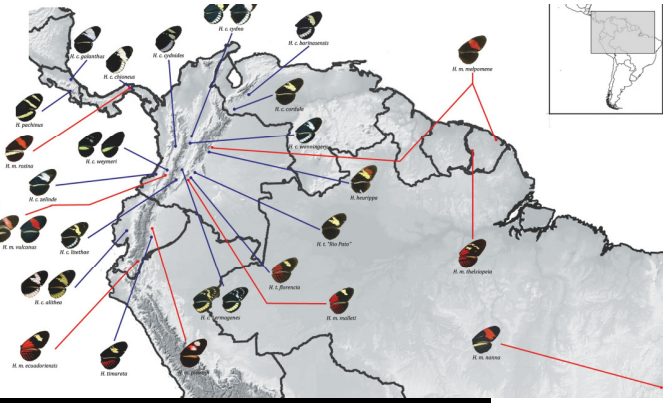
Figure 2 SM. Correspondence analysis. a) Microsatellites. b) AFLPs. Red squares represent H. c. cydno, green squares H. c. cydnides, blue squares H. c. weymeri (both f. weymeri and f. gustavi) and the hybrids (gray bars).

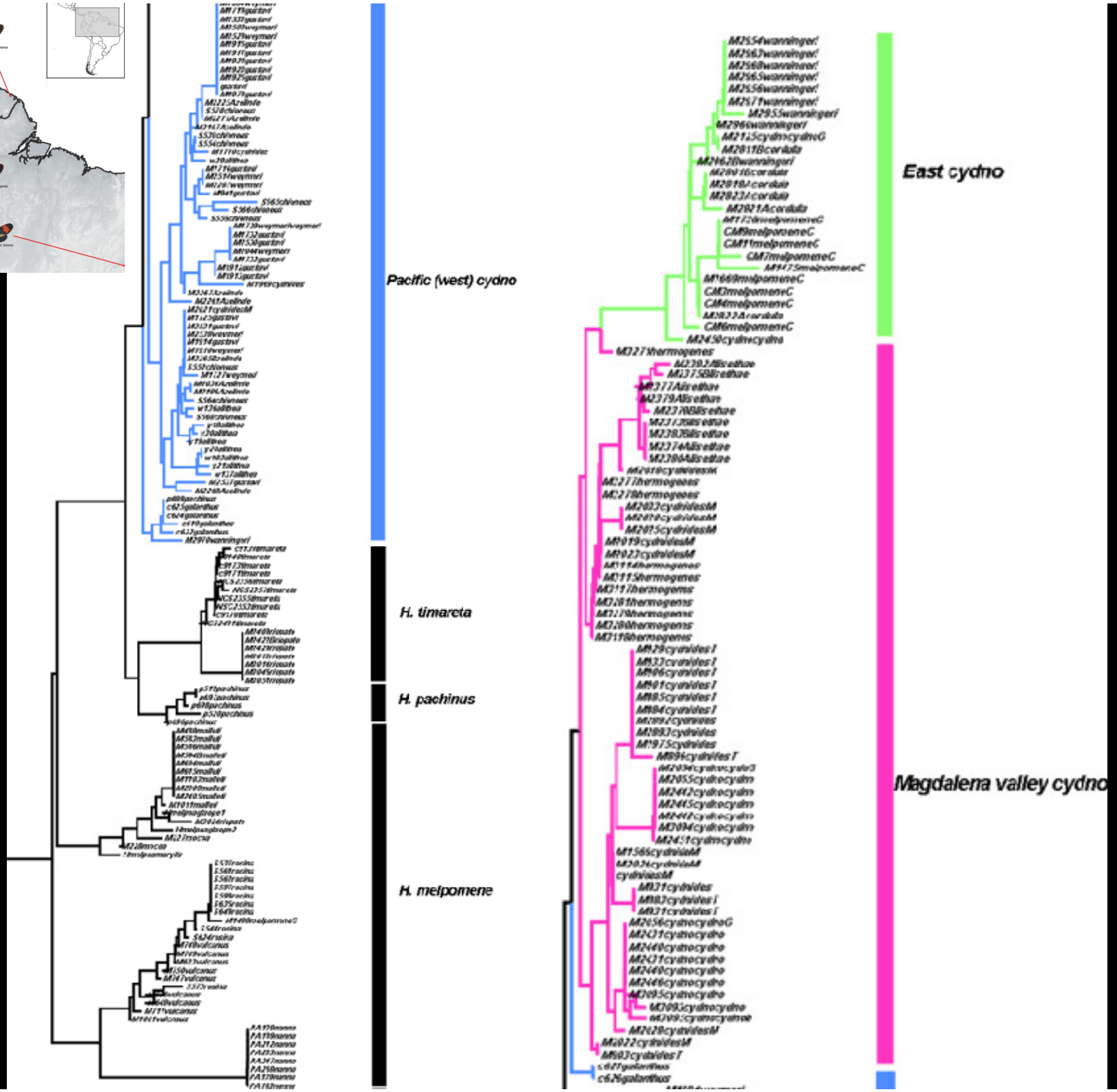
Locus		*YB* Region												
		Treh B	***Treh A***	***Unk***	***RecQ Hel***	***Bmsuc2***	***Hm21***	***Lrr***	***YB Concatenate***	***Cat***	***Suzy***	***sae1***	***Random Concatenate***	***COI-COII***
										Unlinked	**Unlinked**	**Unlinked**	**Unlinked**	**mtDNA**
π	cydnides	0.00502	0.00694	0.01043	0.00173	0.00174	0.00576	0.00239	0.00456	0.00171	0.00232	0.00658	0.00251	0.00487
	weymeri	0.00430	0.00587	0.00592	0.00305	0.00086	0.00732	0.00426	0.00449	0.00434	0.00344	0.00567	0.00344	0.00418
	admix	0.00865	0.00729	0.00972	0.00269	0.00152	0.00768	0.00340	0.00564	0.00357	0.003	0.00614	0.00310	0.00897
Tajima D	cydnides	0.39314	2.32836	1.61610	1.41657	0.82111	0.23558	-0.09212	1.22358	-0.32807	-0.03848	0.43949	0.43949	-0.82791
	weymeri	0.47955	0.84363	1.15873	-0.38973	-0.95384	1.80429	0.57298	0.83057	0.21044	1.22676	0.12317	0.12317	1.14934
	admix	1.53435	0.89212	0.14478	-0.65345	-0.82488	0.91869	0.38346	0.60463	-0.23577	1.19309	0.13973	0.13973	1.03892

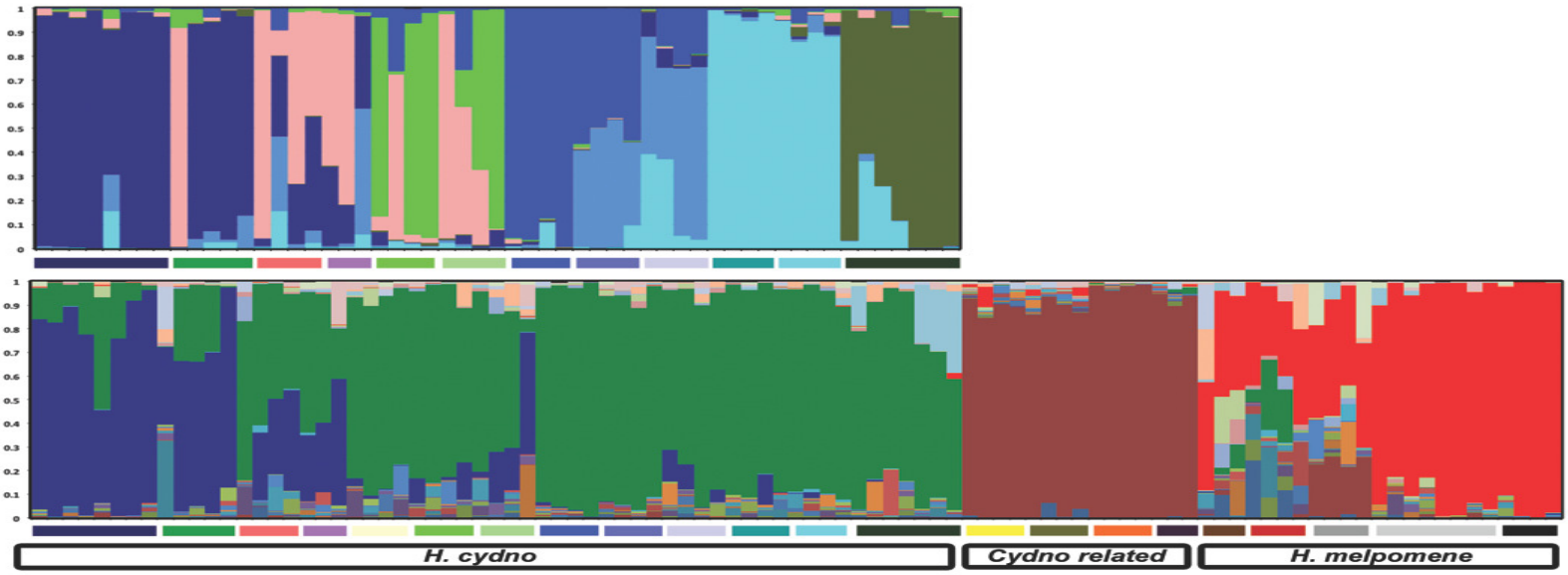
Table 4 SM. Estimates of genetic diversity across the *H. cydno* hybrid zone.
*Statistically significant values with $p < 0.05$. **Highly significant values with $p < 0.01$

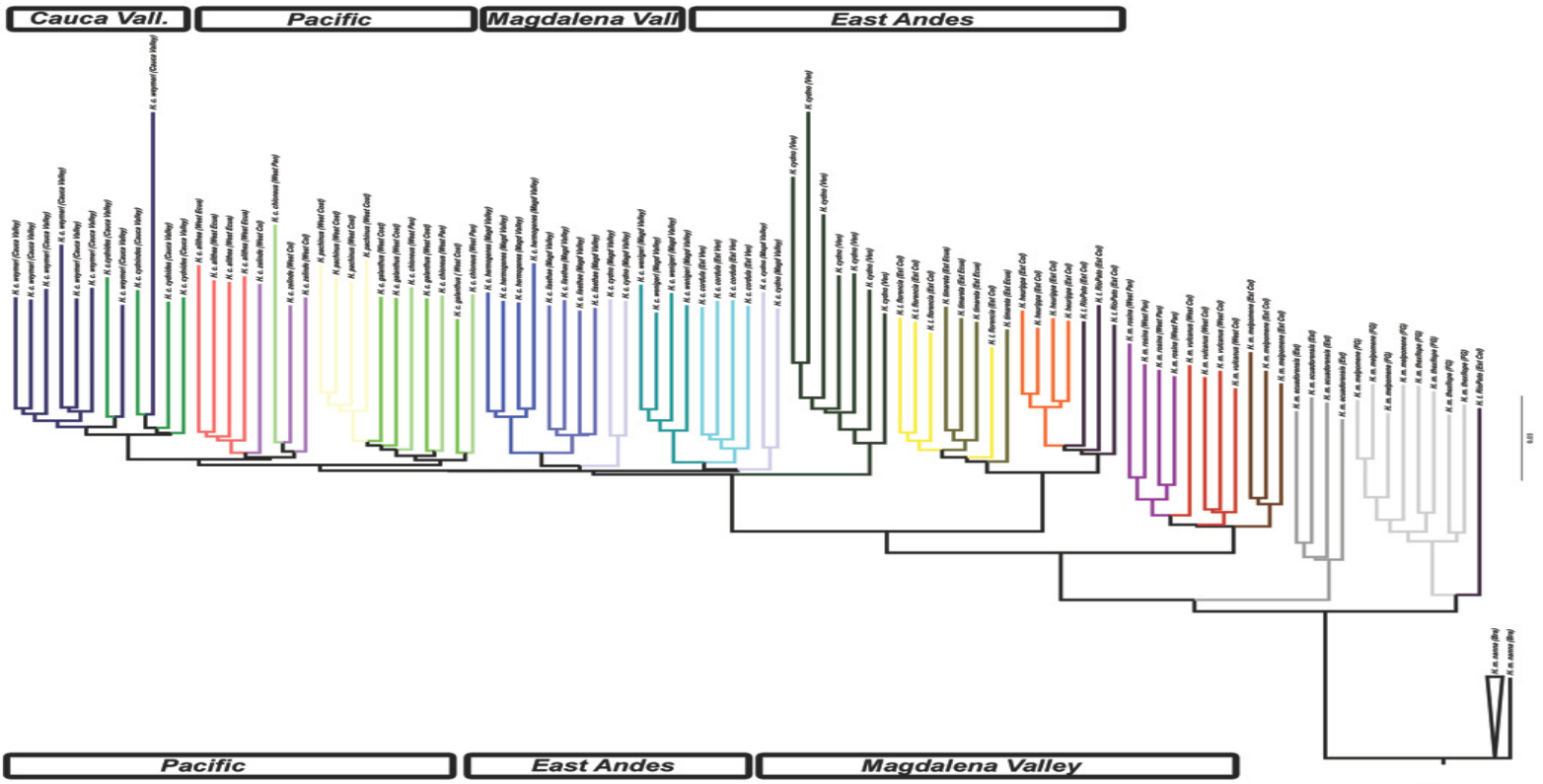
Phylogeography of *Heliconius* cydno races (Arias *et al.* In prep)

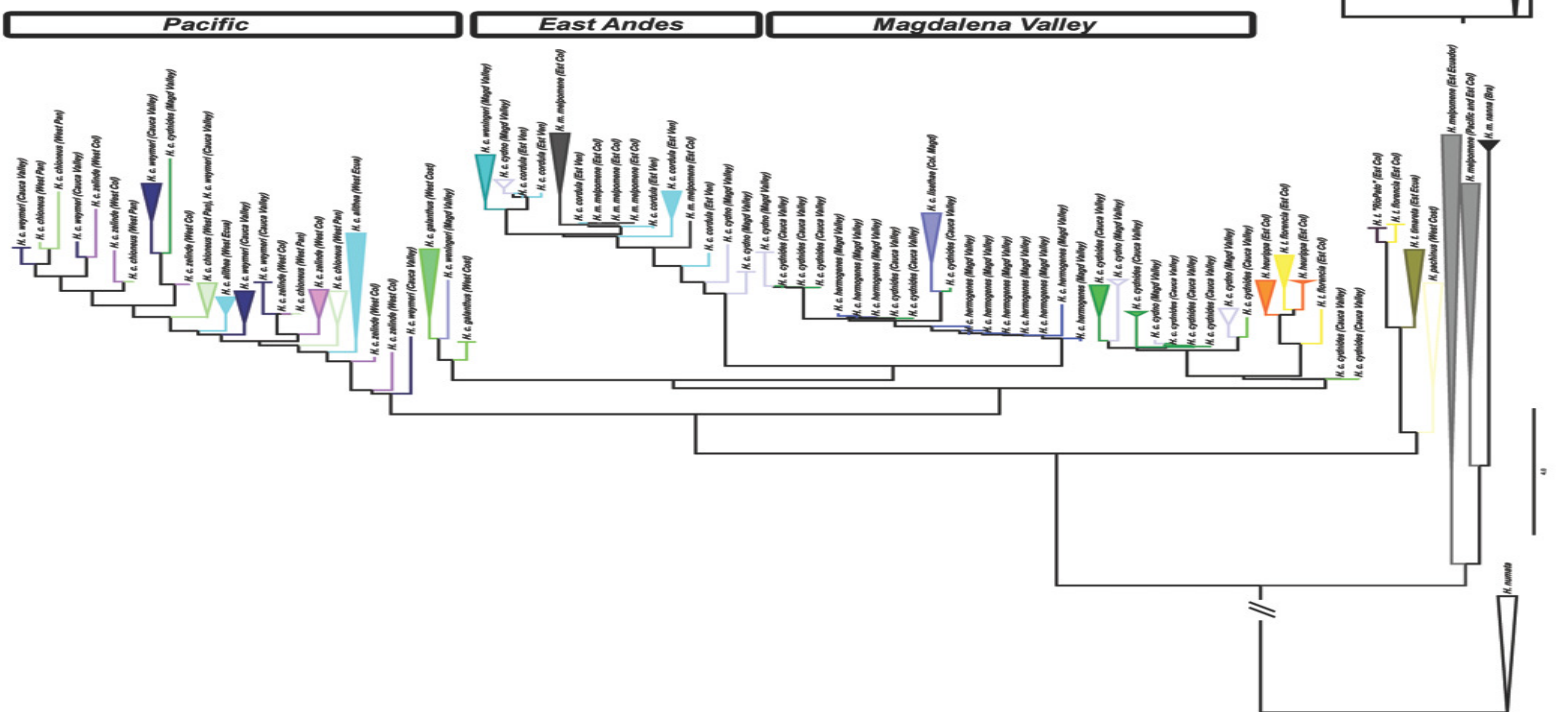





Pacific (west) cydno
H. timareta
H. pachinus
H. melpomene
East cydno
Magdalena valley cydno


H. cydno
Cydno related
H. melpomene


Cauca Vall.
Pacific
Magdalena Vall
East Andes


Pacific
East Andes
Magdalena Valley