



MARITTIMO - IT FR - MARITIME
TOSCANA - LIGURIA - SARDEGNA - CORSE



LE ANALISI MOLECOLARI COME STRUMENTO PER LO STUDIO DELLA GENETICA DI POPOLAZIONE NEI CETACEI



A background image showing a whale breaching the ocean surface, with water splashing and a bright sky. The whale's head and back are visible above the water.

Cosa si intende per genetica di popolazione

Perché si studia la genetica di popolazione

Come si studia la genetica di popolazione

La genetica di popolazione

Lo studio della genetica di popolazione parte dal presupposto che tutte le popolazioni presentano un certo grado di variabilità

non c'è evoluzione senza variabilità



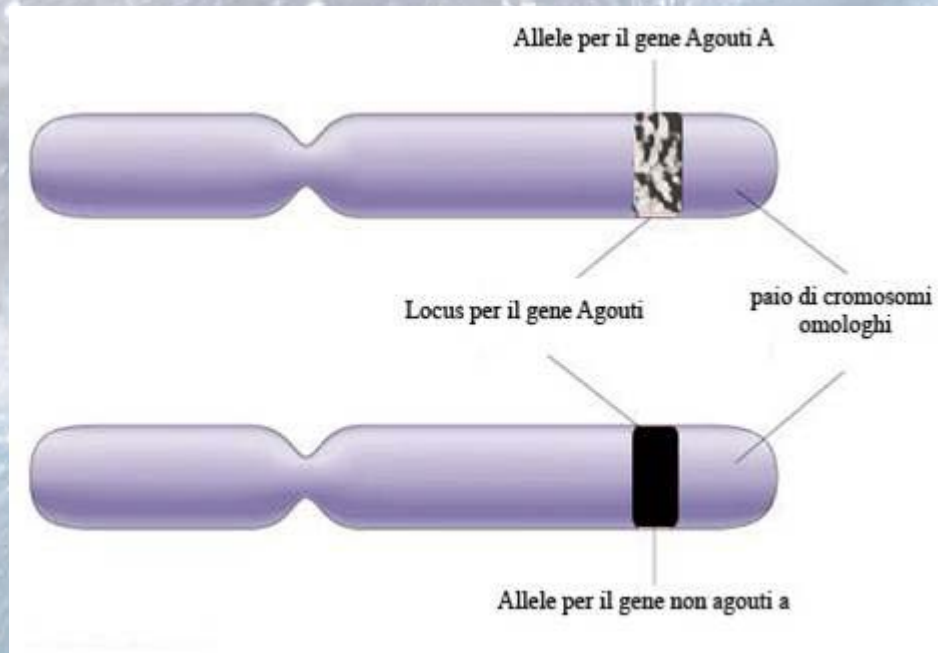
Variabilità morfologica

La genetica di popolazione studia l'ereditarieta' di caratteri in gruppi di individui che si accoppiano randomicamente:

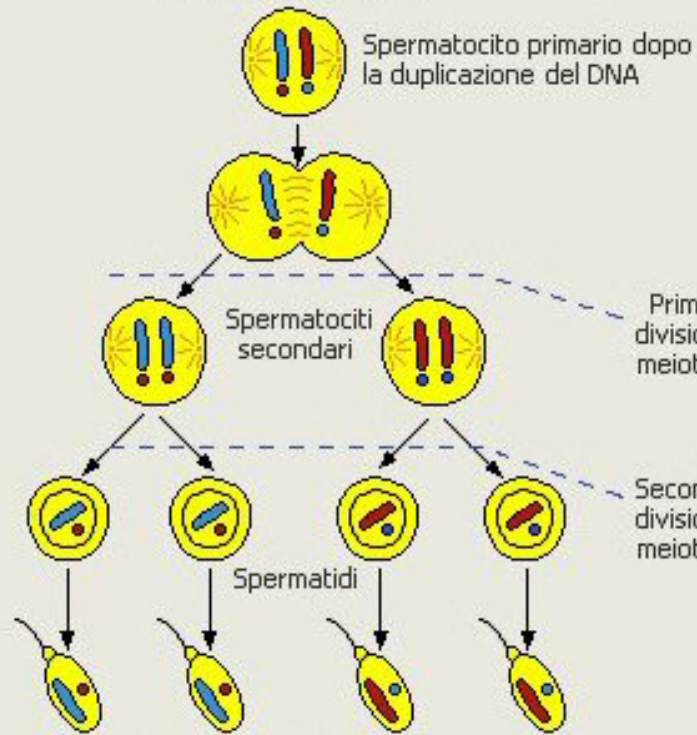
I caratteri fenotipici sono l'espressione di quanto codificato nel DNA
Secondo il dogma centrale della biologia



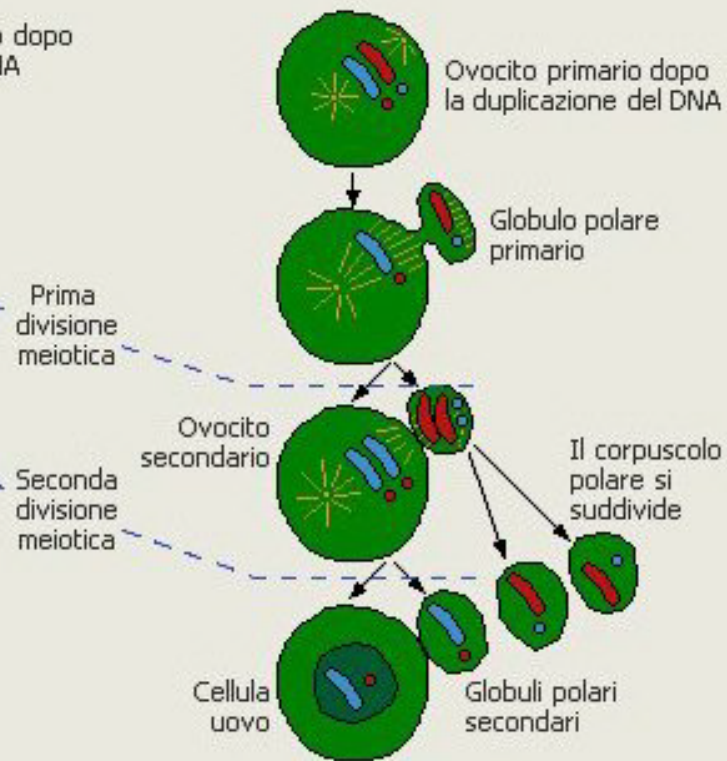
Locus o gene= è il sito del DNA che codifica per un preciso carattere
Allele = una delle espressioni possibili di un dato carattere



SPERMATOGENESI

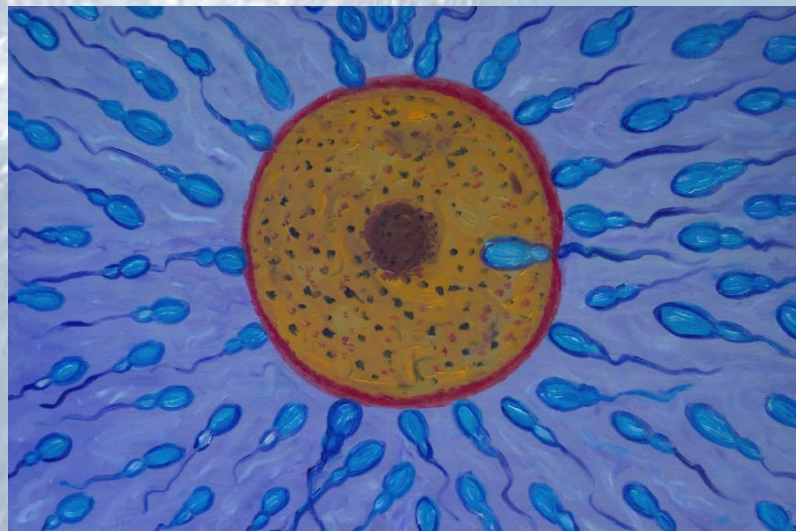


OVOGENESI



2N

1N



2N

Ciascun individuo di una popolazione sarà quindi portatore di una copia di alleli per ciascun locus

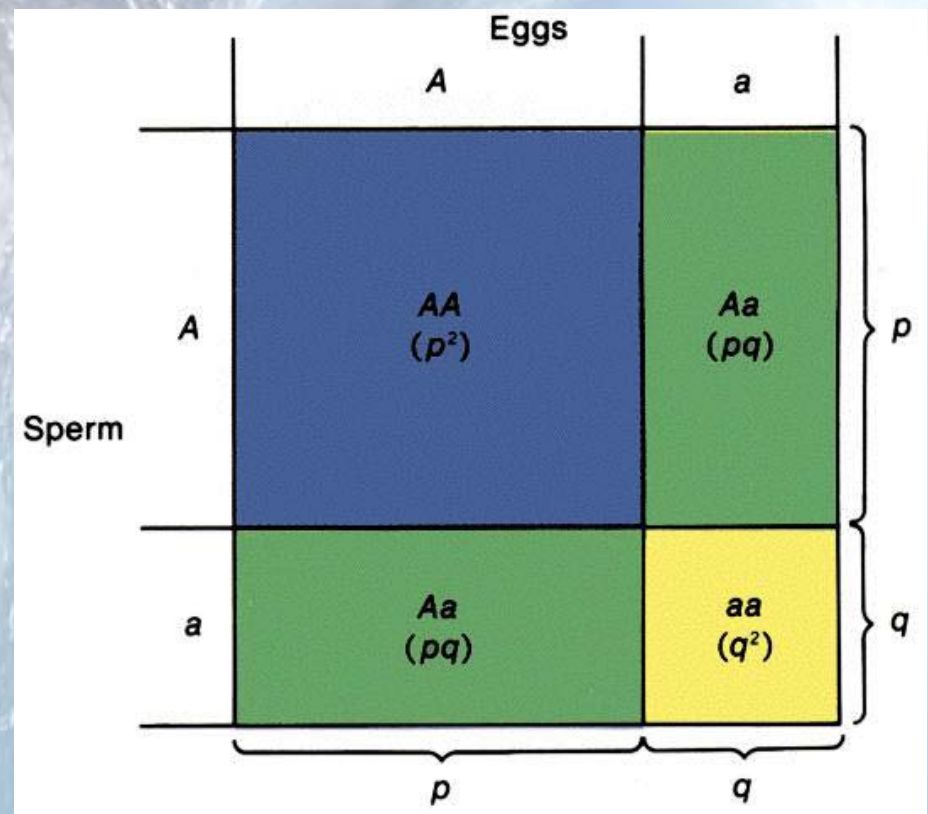
E alla fine nella progenie ciascun genotipo sarà presente con una certa frequenza

$$f(AA) = p^4 + 2p^3q + p^2q^2 = p^2 (p^2 + 2pq + q^2) = p^2$$

$$f(Aa) = 2p^3q + 4p^2q^2 + 2pq^3 = 2pq (p^2 + 2pq + q^2) = 2pq$$

$$f(aa) = p^2q^2 + 2pq^3 + q^4 = q^2 (p^2 + 2pq + q^2) = q^2$$

Cioè esattamente le frequenze che si ottengono immaginando di accoppiare a caso i gameti del pool genico parentale



Legge di Hardy Weimberg

In una popolazione infinitamente grande, in cui gli incroci avvengono casualmente, in cui non vi siano mutazioni, nè migrazioni, nè selezione

le **frequenze alleliche** in locus con 2 alleli non cambiano nel tempo, e le **frequenze genotipiche** si stabilizzano secondo le proporzioni:

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1$$



Va sempre tenuto presente che H-W e' un modello matematico che ci fornisce "un'ipotesi zero" cioe' un punto di partenza per saggiare gli effetti che possono modificare le frequenze alleliche: ci permette di individuare le forze che Influiscono sulla popolazione naturale

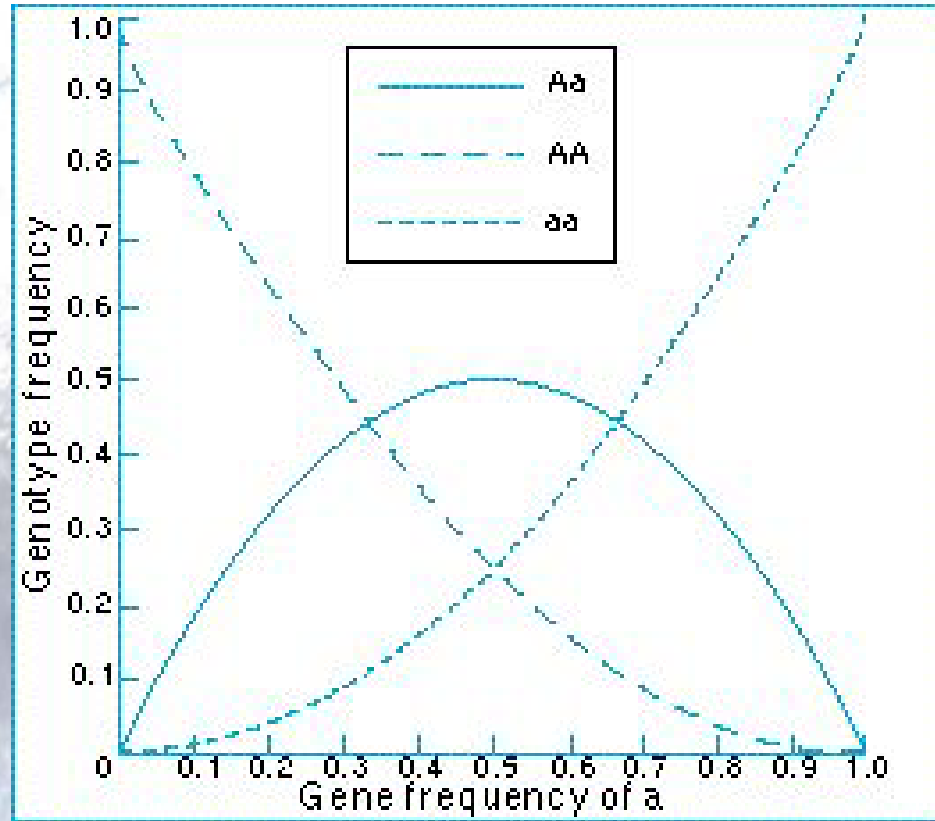
Condizioni per l'equilibrio di Hardy-Weinberg

- Organismo diploide, riproduzione sessuata
- Unione casuale
- Popolazione grande
- Mutazione trascurabile
- Migrazione trascurabile
- Mortalità indipendente dal genotipo
- Fertilità indipendente dal genotipo

Per ogni frequenza allelica ci sono moltissime combinazioni di frequenze genotipiche, ma solo una è quella di equilibrio

F(AA)	F(Aa)	F(aa)	p
40	0	60	0.4
37	6	57	0.4
32	16	52	0.4
20	40	40	0.4
16	48	36	0.4
10	60	30	0.4
1	78	21	0.4
0	80	20	0.4

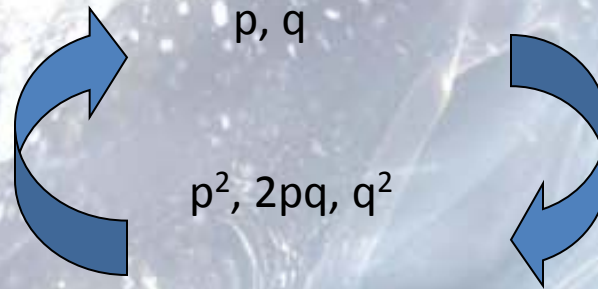
L'equilibrio di Hardy-Weinberg



Dopo una generazione di accoppiamento casuale:

Genotipo	AA	Aa	aa
Frequenza	p^2	$2pq$	q^2

Dopo la prima generazione di panmissia



Quindi, in una popolazione panmittica:

- Le frequenze genotipiche dipendono esclusivamente dalle frequenze alleliche della generazione precedente
- Le frequenze alleliche non cambiano attraverso le generazioni

Quindi, se c'è equilibrio non c'è evoluzione, e viceversa

Se non si incontrano queste condizioni:

- Unione casuale Inbreeding
- Popolazione grande Deriva genetica
- Mutazione trascurabile Mutazione
- Migrazione trascurabile Migrazione
- Mortalità indipendente dal genotipo Selezione
- Fertilità indipendente dal genotipo Selezione

Unione non casuale

Quando la scelta del partner riproduttivo non è casuale rispetto al suo genotipo si parla di unione assortativa

L'unione assortativa è **positiva** quando si scelgono partners fenotipicamente e geneticamente simili



Inbreeding o consanguineità
(diminuzione delle frequenze degli eterozigoti)

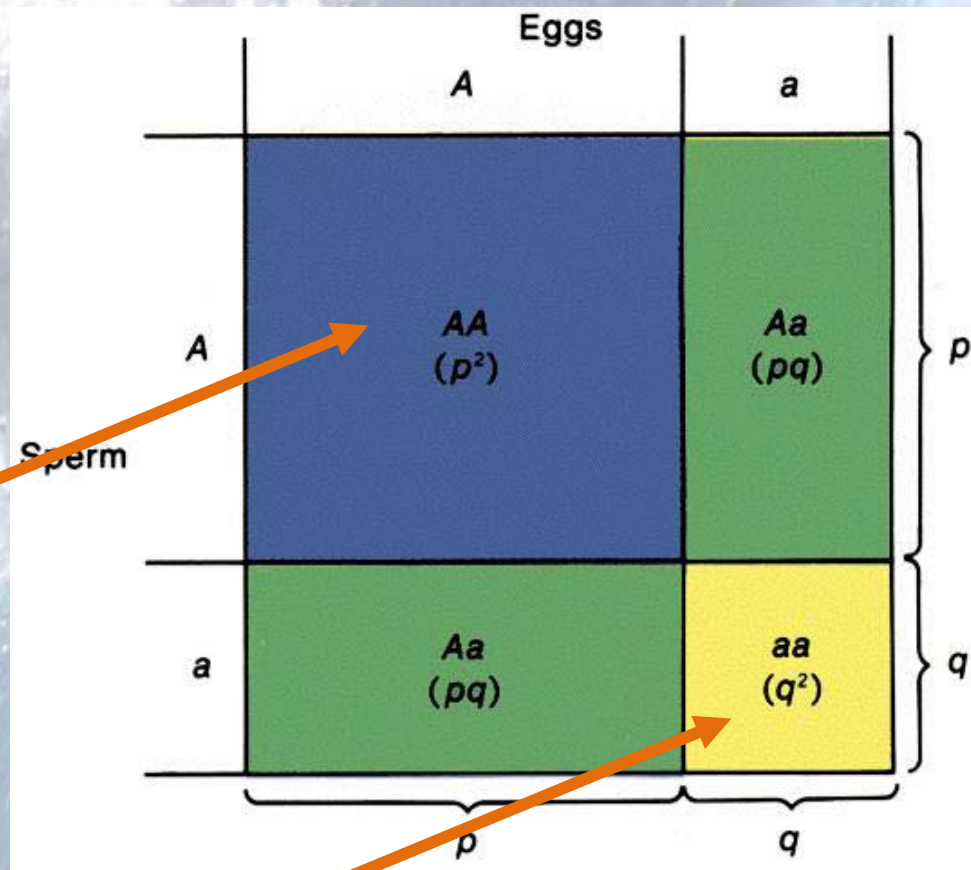
L'unione assortativa è **negativa** quando tra i partners la differenza fenotipica e genotipica è notevole



(aumento delle frequenze degli eterozigoti)

Effetti dell'inbreeding

- La tendenza ad accoppiarsi fra consanguinei determina la comparsa nella progenie di un eccesso di omozigoti:



COEFFICIENTE DI INBREEDING (F)

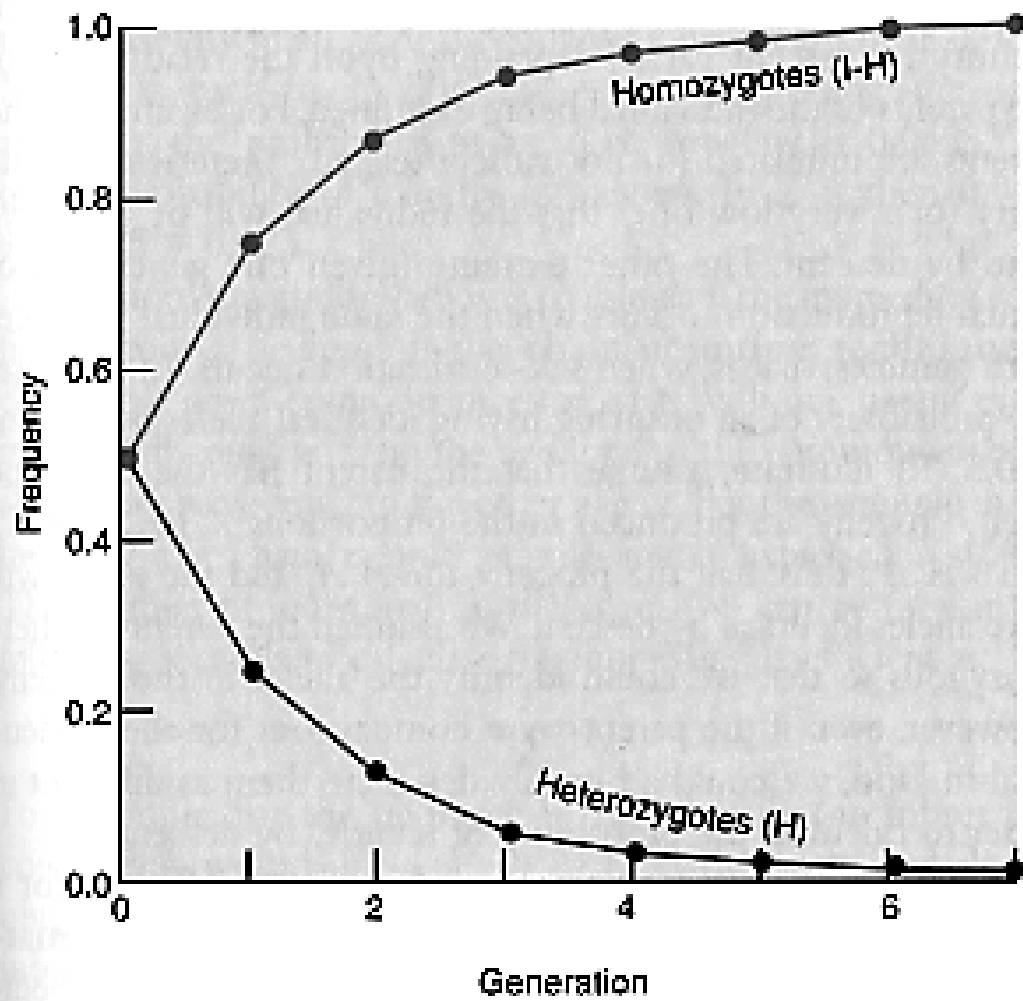
Probabilità che due alleli identici si trovino insieme nello stesso zigote


- da 0: unioni del tutto casuali (assenza di inbreeding)
- a 1: quando gli alleli sono identici

Genotipo	Hardy-Weinberg	con inbreeding
AA	p^2	$p^2 + pqF$
Aa	$2pq$	$2pq (1-F)$
aa	q^2	$q^2 + pqF$

L'inbreeding non altera le frequenze alleliche ma solamente le frequenze genotipiche

Genotipo	F = 0	F = 0,15	F = 0,50	F = 0,85	F = 1
A ₁ A ₁	0,160	0,196	0,280	0,364	0,400
A ₁ A ₂	0,480	0,408	0,240	0,072	0,000
A ₂ A ₂	0,360	0,396	0,480	0,564	0,600





Se non si incontrano queste condizioni:

- Unione casuale
- **Popolazione grande**
- Mutazione trascurabile
- Migrazione trascurabile
- Mortalità indipendente dal genotipo
- Fertilità indipendente dal genotipo

Inbreeding

Deriva genetica

Mutazione

Migrazione

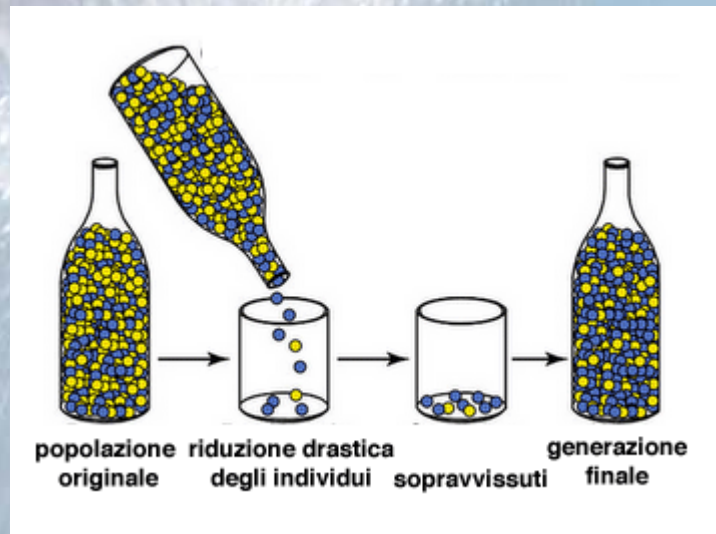
Selezione

Selezione

Deriva genetica



LA PERDITA CASUALE DI ALLELI MODIFICA LE FREQUENZE ALLELICHE DELLA POPOLAZIONE E QUINDI LE GENERAZIONI SUCCESSIVE



Deriva genetica

Le popolazioni non sono infinite, ma di solito sono sufficientemente grandi da vanificare gli effetti casuali delle variazioni alleliche cioè da annullare la deriva genetica.

Le variazioni casuali sono originate da fenomeni che non hanno niente a che vedere con il pool genico della popolazione. o con il singolo locus che si sta considerando.

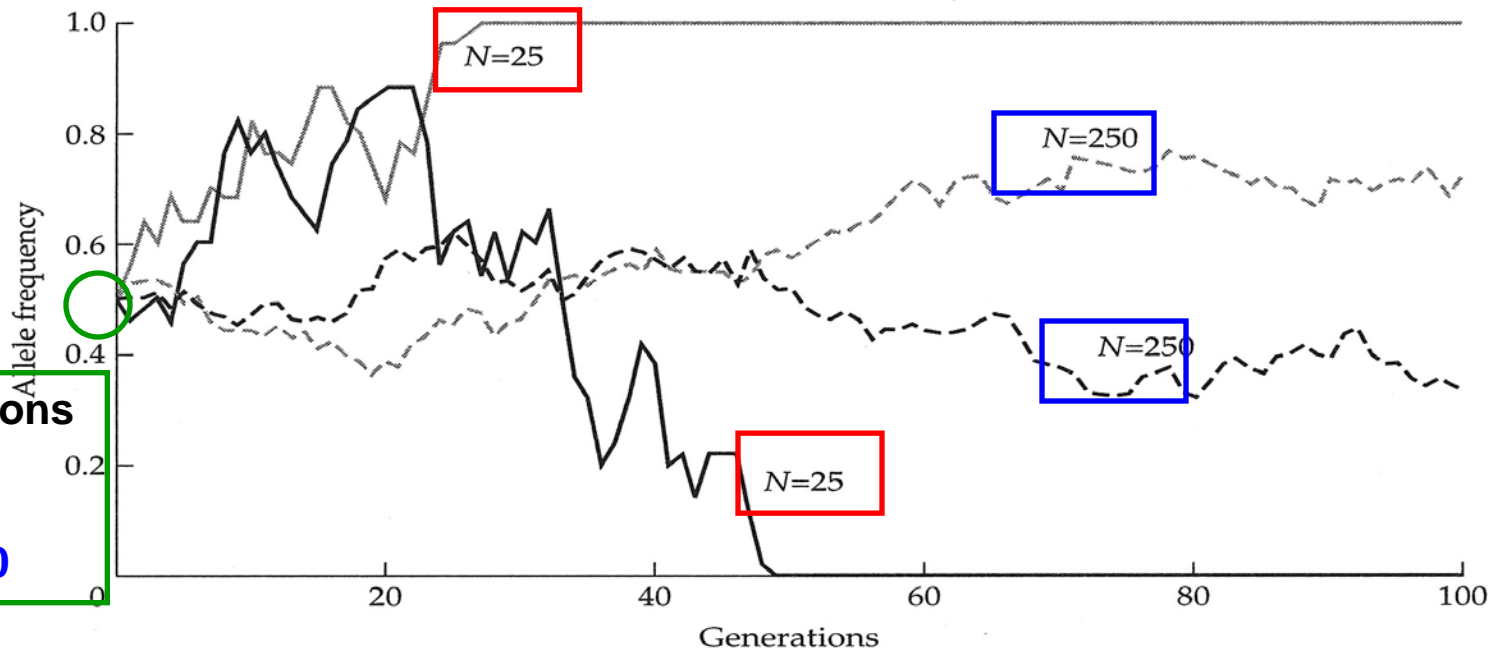
Esempi tipici sono

le **catastrofi naturali** che non uccidono gli individui sulla base del loro patrimonio genetico.

il numero ridotto di progenie che non permette a tutte le possibili combinazioni di verificarsi

Conseguenze della deriva

I cambiamenti delle frequenze alleliche diventano cumulativi nel corso delle generazioni. Tuttavia essendo i cambiamenti casuali possono andare in due direzioni fino a portare la frequenza di un allele a 0 (**perdita**) o a 1 (**fissazione**).



4 populations

2 at $N=25$

2 at $N=250$

Figure 2.4 Changes in frequencies of alleles subject to random genetic drift in populations of different sizes (N). In each generation, $2N$ genes were sampled with replacement from the previous generation. For each population size, two replicates are presented. It is assumed that the effective population size N_e is equal to the actual size N .

DIMINUZIONE DELLA POPOLAZIONE

DERIVA GENICA

**Diminuzione della
variabilità genetica
intra popolazione**

Fixation, Homozygosity, Inbreeding

**Aumento della
variabilità genetica
inter popolazione**

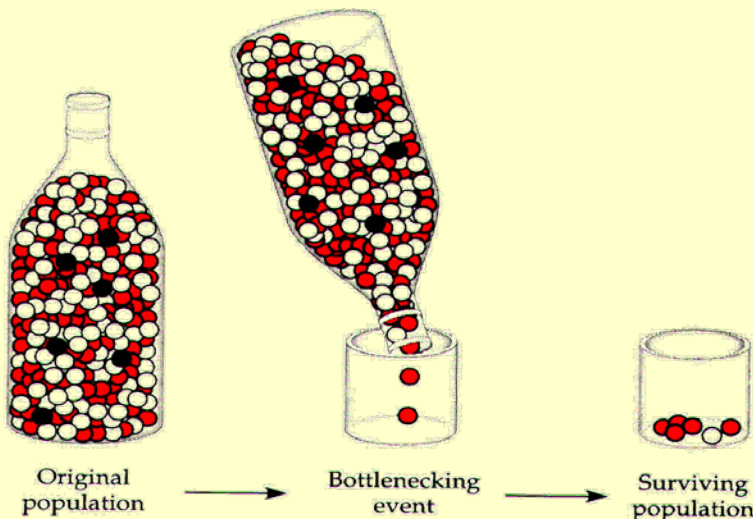
Quali sono i fattori che portano alla deriva genica?

Effetto collo di bottiglia (Bottleneck)

I colli di bottiglia costituiscono drastiche diminuzioni di numero che le popolazioni possono avere periodicamente

Per esempio possono essere dovute a severe condizioni ambientali avverse, epidemie o intervento antropico

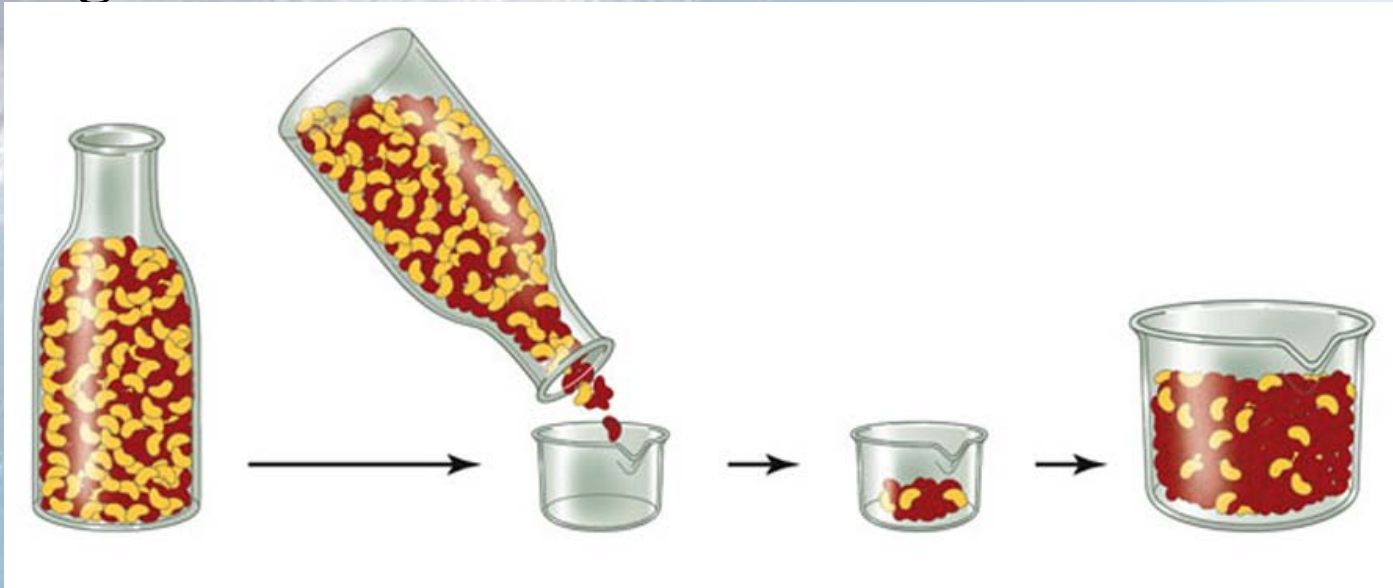
Ha un effetto casuale in relazione alla casualità della popolazione che sopravvive alla riduzione numerica



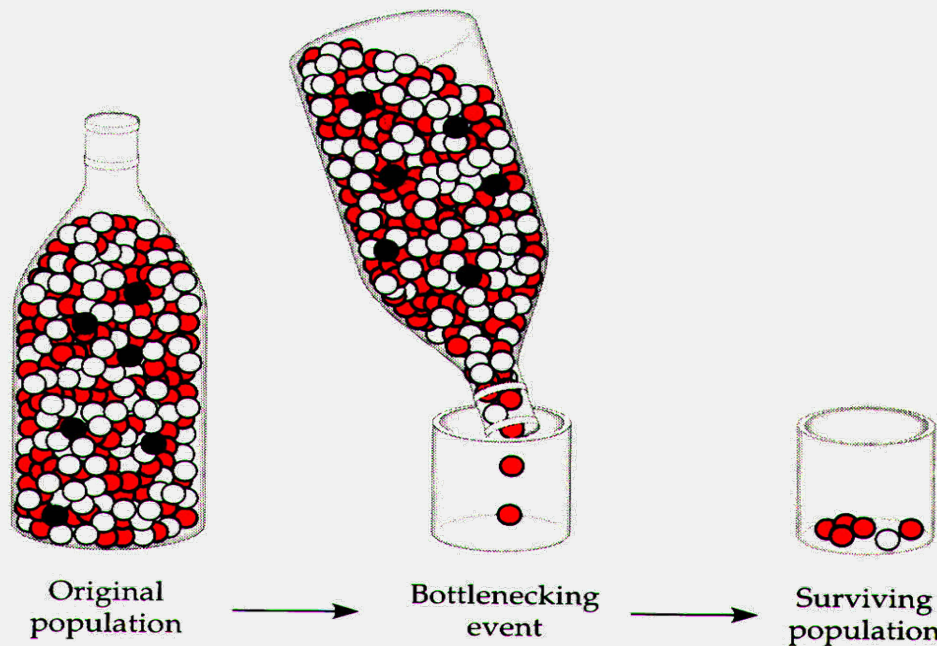
I genotipi che sopravvivono generalmente non riflettono il pool genico della popolazione prima della riduzione


Effetto fondatore

- Si ha quando una nuova popolazione ha origine da un piccolo numero di individui (esempio è la colonizzazione di particolari areali quali isole o bacini chiusi)
- I colonizzatori sono un piccolo gruppo e non rappresentano la popolazione di partenza.
- Le frequenze alleliche nella nuova popolazione possono essere differenti dalla popolazione dalla quale sono migrati i colonizzatori



Sia l'effetto fondatore che i colli di bottiglia tendono a eliminare gli alleli meno frequenti, perpetuando solamente quelli più comuni e determinando una drammatica riduzione della variabilità genetica e della capacità di adattamento





Se non si incontrano queste condizioni:

- Unione casuale
- Popolazione grande
- **Mutazione trascurabile**
- Migrazione trascurabile
- Mortalità indipendente dal genotipo
- Fertilità indipendente dal genotipo

Inbreeding
Deriva genetica

Mutazione

Migrazione

Selezione

Selezione

Mutazione

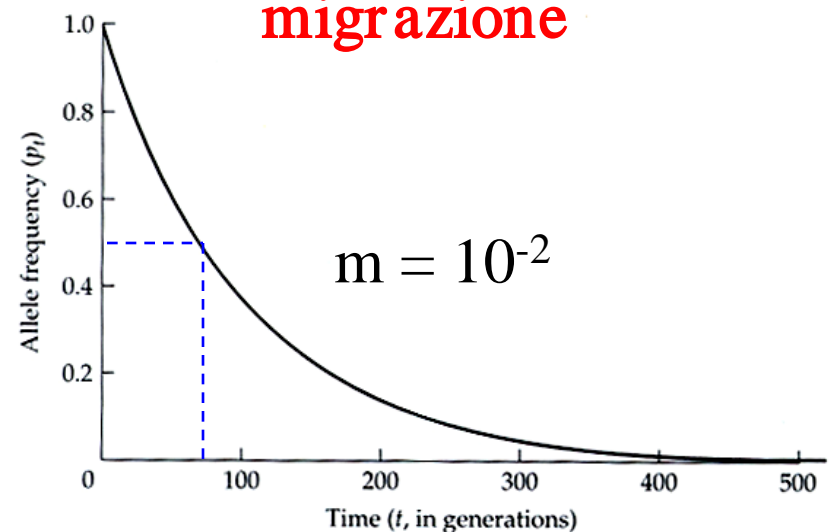
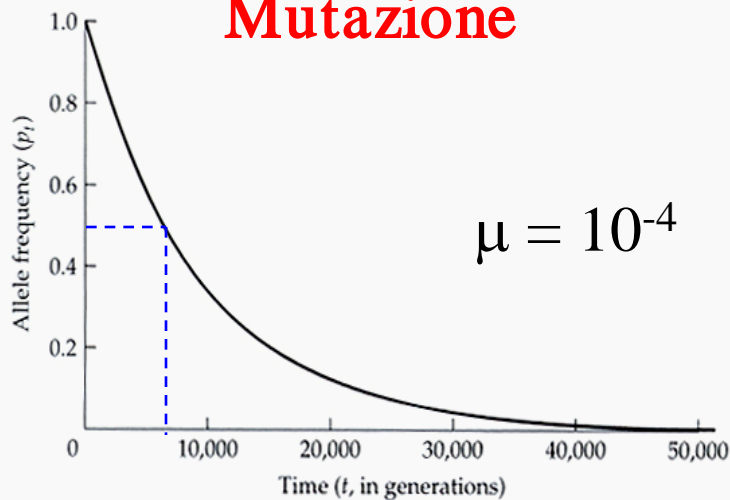
- Per mutazione si intende una modificazione della struttura del locus per cui un allele è convertito direttamente in un'altro
- Quanto gli alleli mutano vengono modificate le frequenze di entrambi gli alleli, quello mutato e quello mutante
- Se l'allele 'A' muta in 'a' la frequenza di A diminuisce
- Il tempo richiesto per questo cambiamento è molto lungo a causa delle basse velocità di mutazione

- L'effetto delle mutazioni sull'equilibrio di Hardy Weinberg è molto lieve in quanto i tassi di mutazione sono molto bassi.
- Gli effetti delle mutazioni sono solitamente ignorati poichè i valori non sono significativi se comparati con altri fattori

Mutazione

and

migrazione

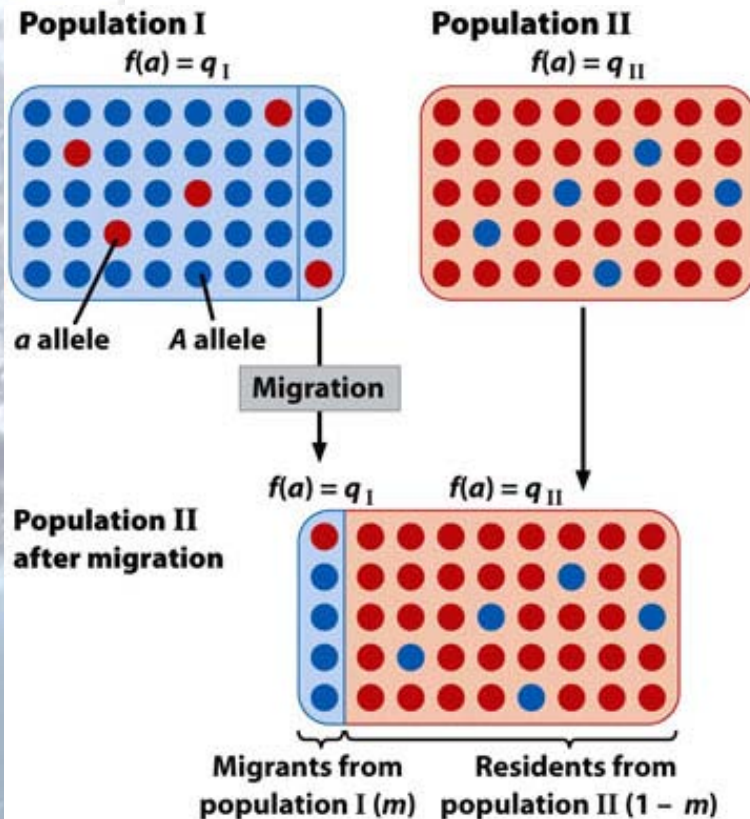


Se non si incontrano queste condizioni:

- Unione casuale
 - Popolazione grande
 - Mutazione trascurabile
 - **Migrazione trascurabile**
 - Mortalità indipendente dal genotipo
 - Fertilità indipendente dal genotipo
- Inbreeding
 - Deriva genetica
 - Mutazione
 - Migrazione**
 - Selezione
 - Selezione

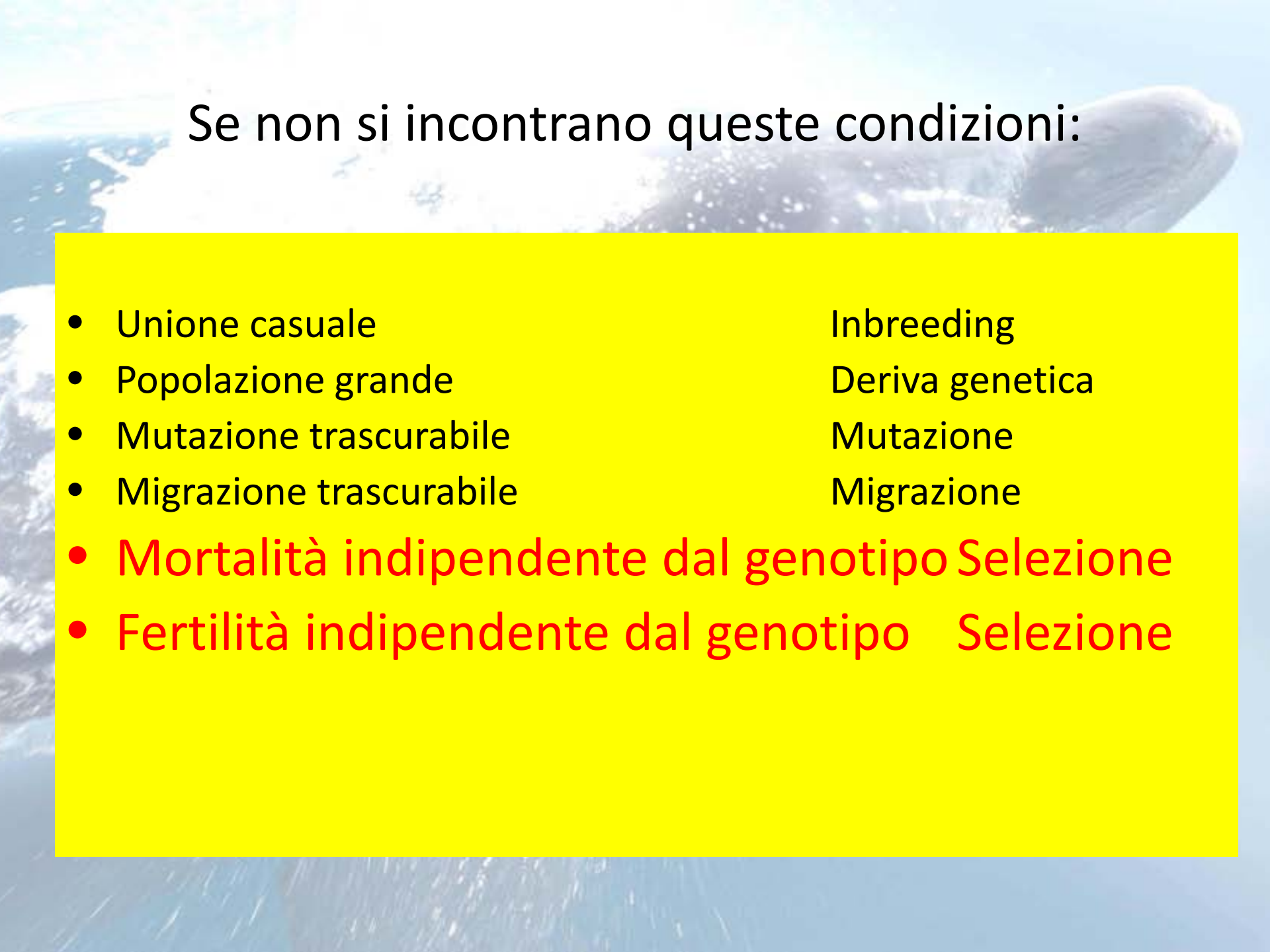
MIGRAZIONE

- La migrazione o flusso genico si ha quando individui di una popolazione si spostano in un'altra popolazione
- Per avere un effetto genetico-evoluzionistico le due popolazioni devono differire nelle frequenze alleliche



La migrazione può avere un effetto significativo sulle frequenze geniche

La modificazione delle frequenze geniche modifica l'adattamento locale



Se non si incontrano queste condizioni:

- Unione casuale
 - Popolazione grande
 - Mutazione trascurabile
 - Migrazione trascurabile
 - **Mortalità indipendente dal genotipo** Selezione
 - **Fertilità indipendente dal genotipo** Selezione
- | |
|-----------------|
| Inbreeding |
| Deriva genetica |
| Mutazione |
| Migrazione |

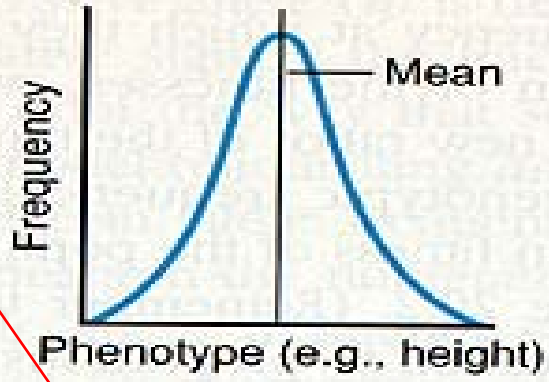
Selezione Naturale

- Si realizza quando un genotipo ha un vantaggio riproduttivo su un altro
- E' la riproduzione differenziale di genotipi alternativi
- E' il meccanismo che permette l'adattamento degli organismi all'ambiente
- Organismi adattati sono quelli che lasciano le progenie più numerose

Original distribution

Selezione contro genotipi estremi

Selezione per genotipi estremi



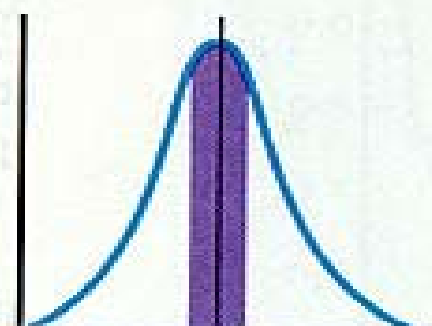
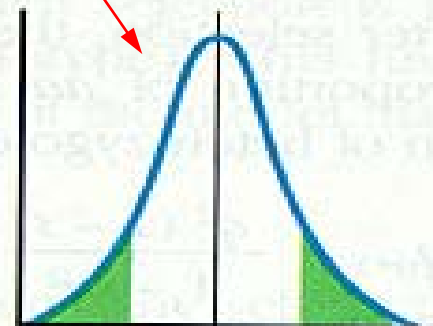
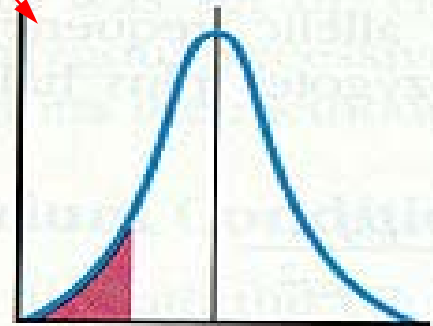
Selezione per un genotipo particolare

Directional selection

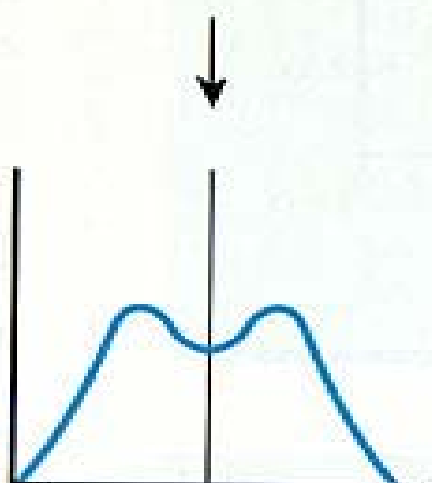
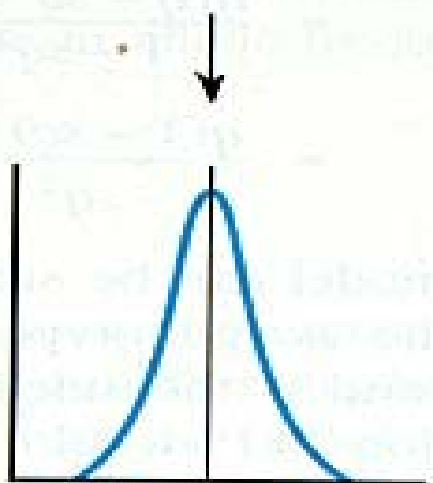
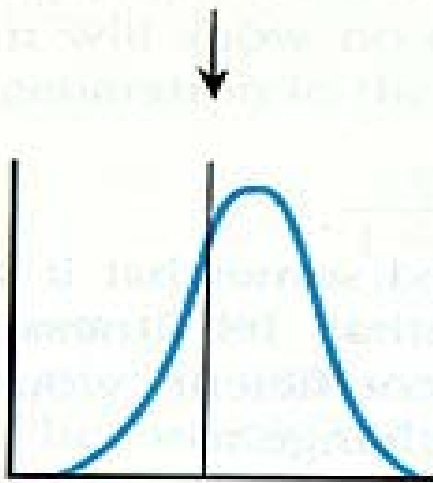
Stabilizing selection

Disruptive selection

Before selection



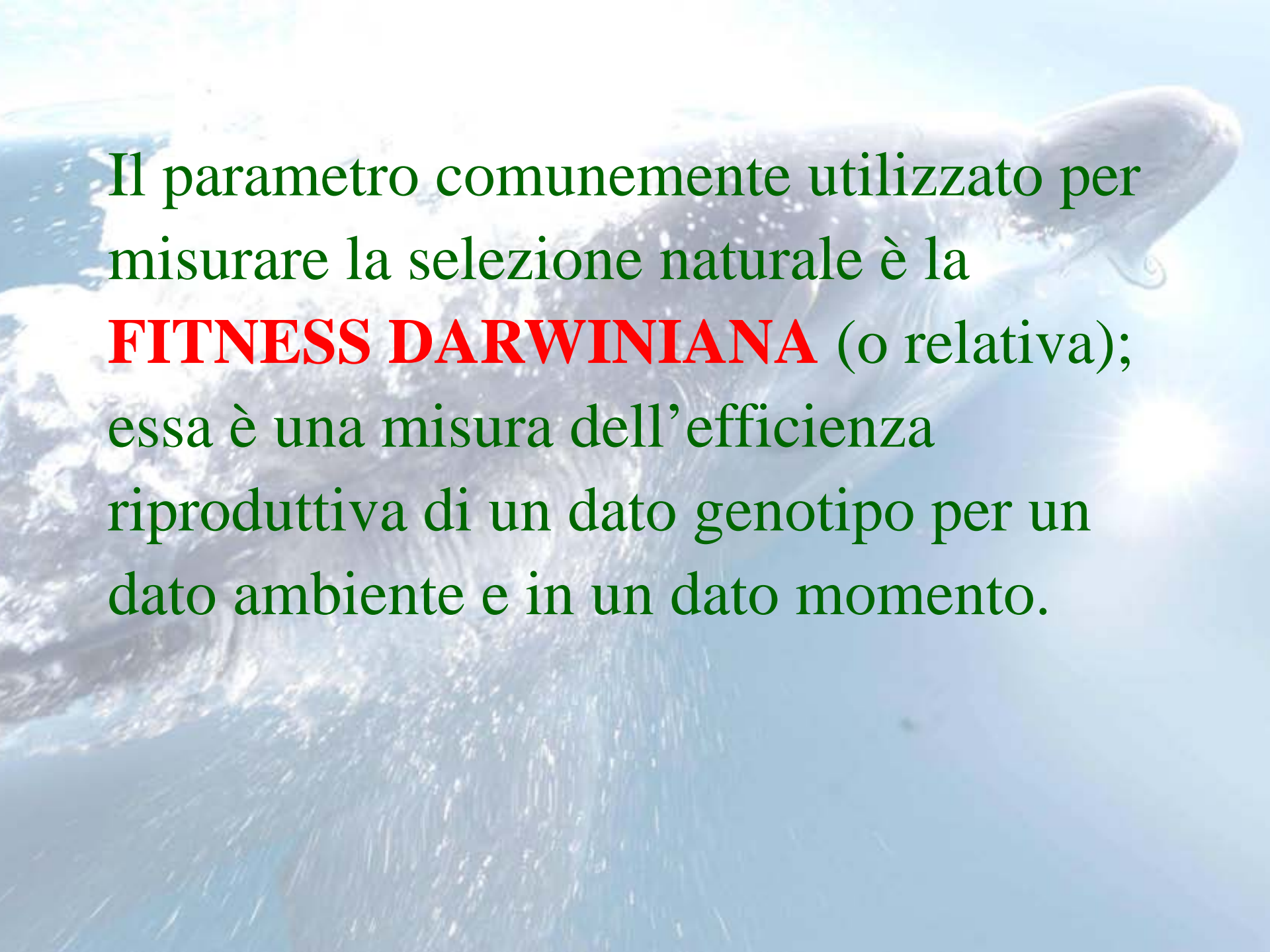
After selection



selezione

Come la deriva, la selezione determina una variazione delle frequenze alleliche. Tuttavia, nel caso della selezione, è possibile prevedere quale sarà la frequenza degli alleli all'equilibrio:

1. Nella selezione direzionale l'allele "vantaggioso" verrà fissato, mentre l'altro allele verrà perso
2. Nel "vantaggio dell'eterozigote" si mantiene il polimorfismo; la frequenza allelica all'equilibrio dipende dalla fitness dei vari genotipi

A photograph of a whale breaching the ocean surface, creating a large splash of water. The whale's head and back are visible above the water, and the sun is shining brightly from the upper right, creating a lens flare effect. The water is a deep blue color.

Il parametro comunemente utilizzato per misurare la selezione naturale è la **FITNESS DARWINIANA** (o relativa); essa è una misura dell'efficienza riproduttiva di un dato genotipo per un dato ambiente e in un dato momento.

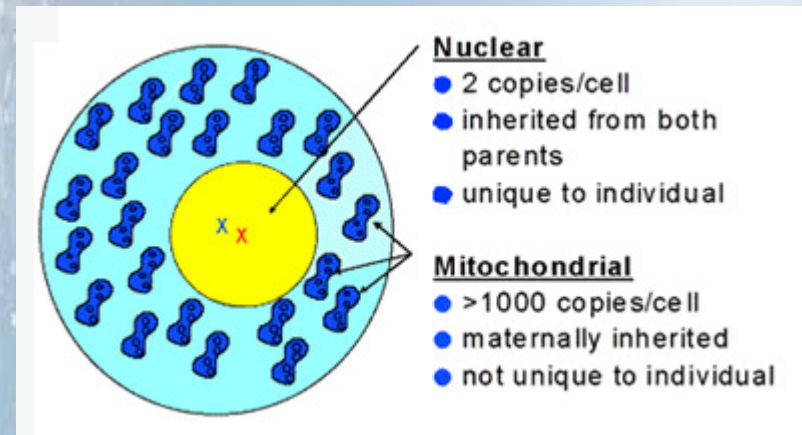
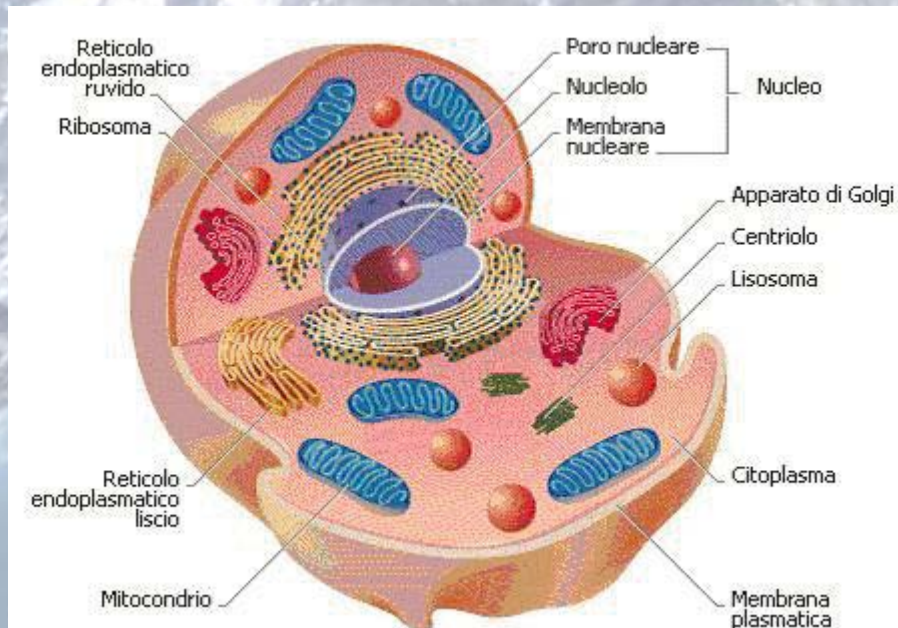
È il numero di individui di un genotipo ottenuto da un individuo dello stesso genotipo dopo una generazione

	Genotipo			Total e
	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	
(a) Numero di zigoti in una generazione	40	50	10	100
(b) Numero di zigoti prodotti da ciascun genotipo nella generazione successiva	80	90	10	180
<i>Calcolo</i> 1. Numero medio della progenie per individuo nella generazione successiva (b/a)	$80/40 = 2$	$90/50 = 1.8$	$10/10 = 1$	
2. Fitness	$2/2 = 1$	$1.8/2 = 0.9$	$1/2 = 0.5$	

Come si studia la diversità genetica

Si studia andando a rilevare i polimorfismi presenti in alcuni marcatori presenti nel DNA

I marcatori sono frammenti ipervariabile di DNA che vengono trasmessi da una generazione all'altra



MARINE MAMMAL SCIENCE, 19(1):224–231 (January 2003)
© 2003 by the Society for Marine Mammalogy

COMPARING TWO ALTERNATIVE METHODS FOR SAMPLING SMALL CETACEANS FOR MOLECULAR ANALYSIS

K. M. PARSONS

J. W. DURBAN

Lighthouse Field Station,
University of Aberdeen, Zoology Department, George Street,
Cromarty, Ross-shire, IV11 8YJ, United Kingdom
and

Bahamas Marine Mammal Survey,
P. O. Box AB20714, Marsh Harbour, Abaco, The Bahamas
E-mail: k.m.parsons@abdn.ac.uk

D. E. CLARIDGE

Bahamas Marine Mammal Survey,
P. O. Box AB20714, Marsh Harbour, Abaco, The Bahamas

During the last decade, non-destructive tissue sampling has been increasingly used to support the conservation and management of cetaceans. Biopsy sampling has permitted remote collection of small cores of skin and blubber to address questions on population size and structure, toxicological burdens, and feeding ecology for both large (*e.g.*, Brown *et al.* 1991, Palsbøll *et al.* 1991, Barrett-Lennard *et al.* 1996) and small (*e.g.*, Weller *et al.* 1997, Fossi *et al.* 2000) cetaceans (see Bearzi 2000 for review). Concern about the possible disturbance and physical impact caused by biopsy sampling has led to the development of less-invasive methods of tissue sampling (*e.g.*, Harlin *et al.* 1999, Parsons *et al.* 1999). However, the relative success of these alternative sampling approaches has not been examined. Here, we provide a direct comparison of the success and cost effectiveness of invasive and non-invasive methods for obtaining tissue samples from free-swimming bottlenose dolphins (*Tursiops truncatus*).

Tissue sampling was conducted from June to October, 1998–2000, in the NE Bahamas. Our objective was to obtain tissue samples for use in molecular analyses from known individuals using both remote biopsy sampling and collection of dolphin feces. Skin and blubber biopsy samples were obtained using the pneumatic darting system described in Barrett-Lennard *et al.* (1996). This system uses a variable-power dart projector (Pneudart Inc., Model 196) to deploy a lightweight, hollow aluminum dart body terminating with a nylon “stopper” and a stainless steel biopsy tip. Darts were modified for use on subtropical bottlenose dolphins by decreasing the tip length to limit the depth of penetration to 17 mm (based on ultrasonically measured skin/blubber thickness of bottlenose dolphins in Sarasota Bay, Florida.¹)

Biopsie “al volo”
Dardo bioptico
Spugna abrasiva

SAMPLE PREPARATION AND ANALYSIS OF MITOCHONDRIAL DNA FROM WHALE BALEEN PLATES

The use of osteological specimens from museums or whaling collections as a source of cetacean DNA offers many advantages: wild animals need not be captured or biopsied, the cost of collection is low, very large sample sizes may be available, rare species may be available, and retrospective sampling may be possible. Many museums and research institutions contain extensive and well-characterized osteological collections. Cetacean bones have been used as a source of mitochondrial DNA (mtDNA) (*e.g.*, Dizon *et al.* 1995). The DNA recoverable from bones, however, is generally less than 300 base pairs in length, because of degradation of the DNA. A possible alternative to bone is baleen. The use of whale baleen plates as a source of DNA presents several advantages. First, it is relatively easy to recover mtDNA from baleen because it is not locked up in a stony matrix, and there seems to be much more DNA in old baleen than in old bone. Second, baleen is usually morphologically diagnostic of the species, whereas single bone fragments often are not. The present note reports preliminary success with the extraction and sequencing of mtDNA from baleen.

TECHNICAL NOTE

Reliable microsatellite genotyping of dolphin DNA from faeces

KIM M. PARSONS

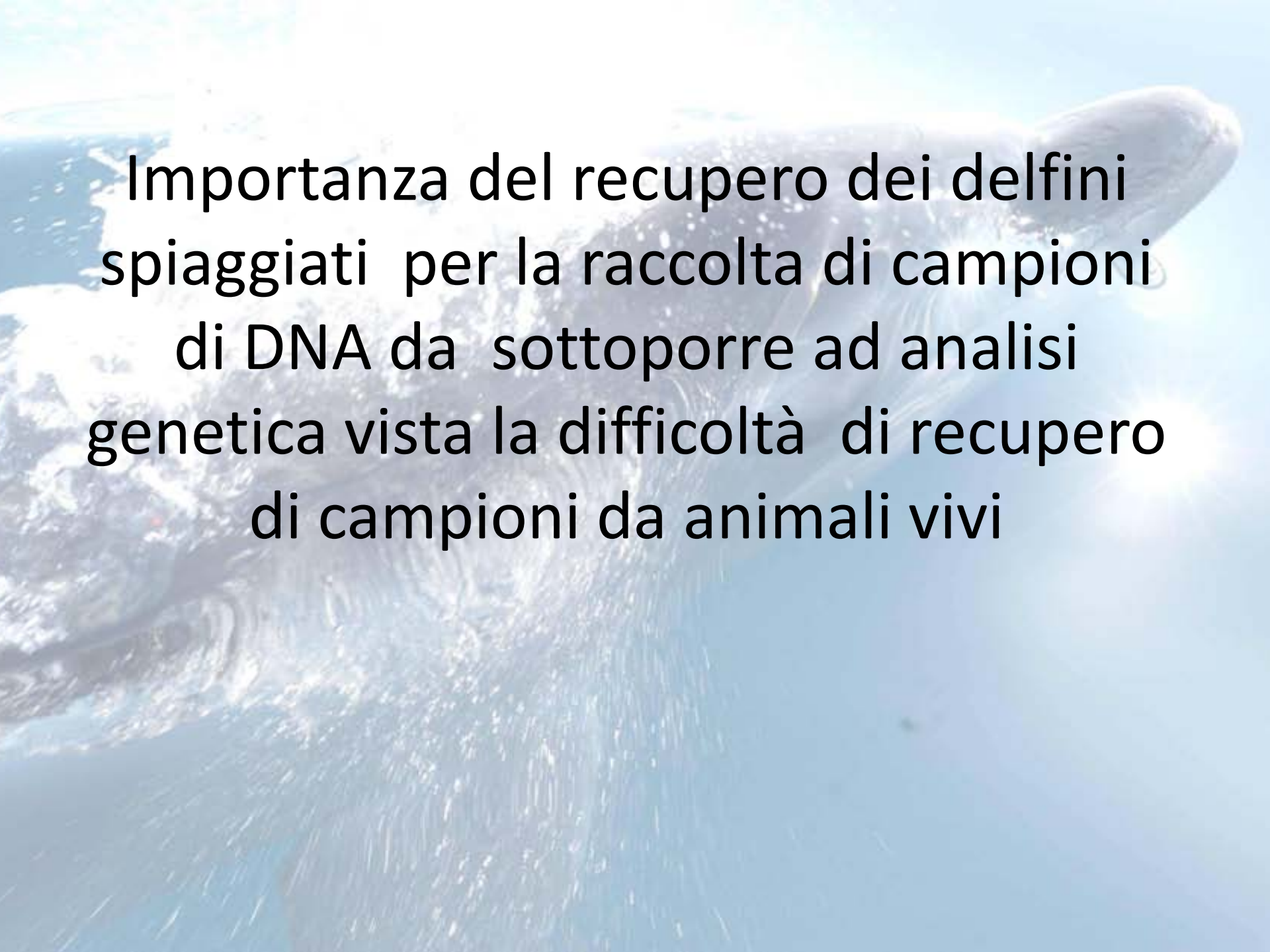
Lighthouse Field Station, Department of Zoology, University of Aberdeen, George St., Cromarty, Ross-shire IV11 8YJ, UK

Abstract

Noninvasive samples have proved useful in genotyping studies of free-ranging mammals. However, potential genotyping errors associated with such samples dictate the need for validation studies. This pilot study demonstrates the use of dolphin faeces in multilocus microsatellite genotyping studies. An empirical approach to calculating the rate of genotyping error was applied to data from matched pairs of blood or tissue and faecal samples from both captive and wild bottlenose dolphins. Microsatellite genotypes were assigned to dolphin faecal extracts with greater than 95% confidence by using a multiple tube approach, and at least two independent replicate genotypings.

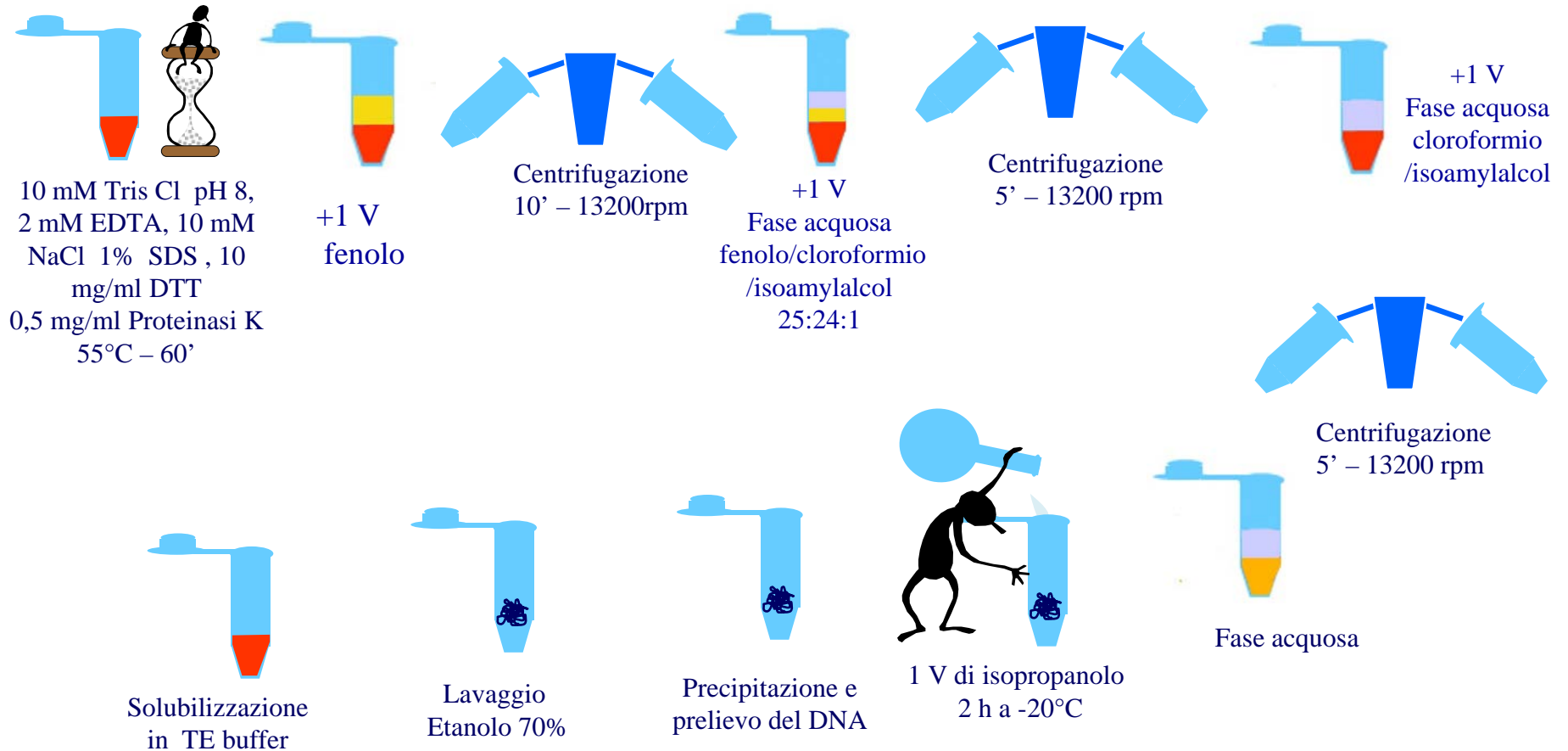
Keywords: cetaceans, faeces, microsatellite, noninvasive genotyping, *Tursiops truncatus*

Received 27 March 2001; revision accepted 12 May 2001

A photograph of a dolphin leaping from the water, creating a large splash. The dolphin is captured mid-air, with its body arched and its tail visible. The water is a deep blue, and the sky is a lighter blue. The dolphin's skin is dark and wet, with water droplets visible on its body. The splash is white and frothy, contrasting with the blue water.

Importanza del recupero dei delfini
spiaggiati per la raccolta di campioni
di DNA da sottoporre ad analisi
genetica vista la difficoltà di recupero
di campioni da animali vivi

Estrazione fenolo-cloroformio



KIT FORENSIC



1 Cellular Lysis

Cells are lysed and ChargeSwitch® Magnetic Beads are added to solution.

2 Bind DNA

pH lowered < 6.5. ChargeSwitch® becomes positively charged and selectively binds DNA in the presence of optimized reagents.

3 Contaminant Removal

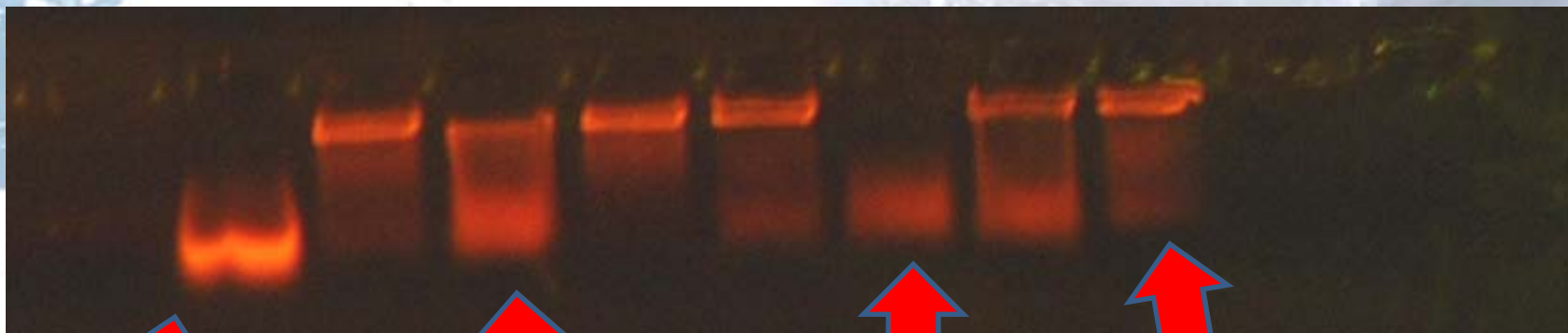
Non-nucleic acids washed away.

4 DNA Elution

pH is raised to pH 8.5. Purified DNA elutes directly into solution.



La qualità del DNA recuperato dipende dallo stato di conservazione dell'animale spiaggiato



Strumenti per l'analisi genetica

marcatori

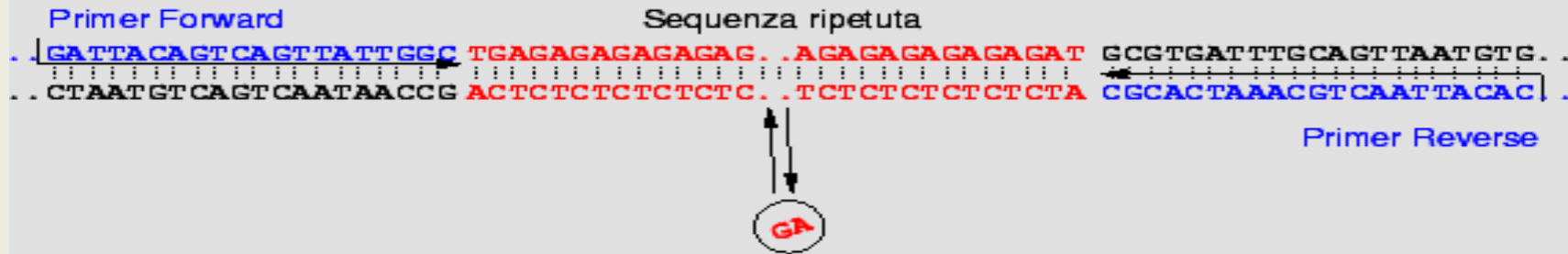
a livello di proteine (proteici o istochimici) • **Allozimi**

a livello di DNA

- **RFLP**
- **AFLP**
- **RAPD**
- **Microsatelliti**
- **DNA mitocondriale**

I marcatori maggiormente utilizzati nella valutazione della genetica dei delfini sono i microsatelliti e il DNA mitocondriale

MICROSATELLITI



- ▶ Alto tasso di mutazione nella **regione ripetuta** a causa di inserzioni o delezioni
- ▶ Conoscendo le sequenze fiancheggiatrici (**primer**) si amplifica questa regione tramite PCR
- ▶ Gli alleli differiscono nel numero di ripetizioni (es: **GA**) e possono essere riconosciuti in un gel ad alta risoluzione.

Ampia distribuzione nel genoma

Elevato numero di alleli

Alti livelli di eterozigosità

Trasmissione mendeliana

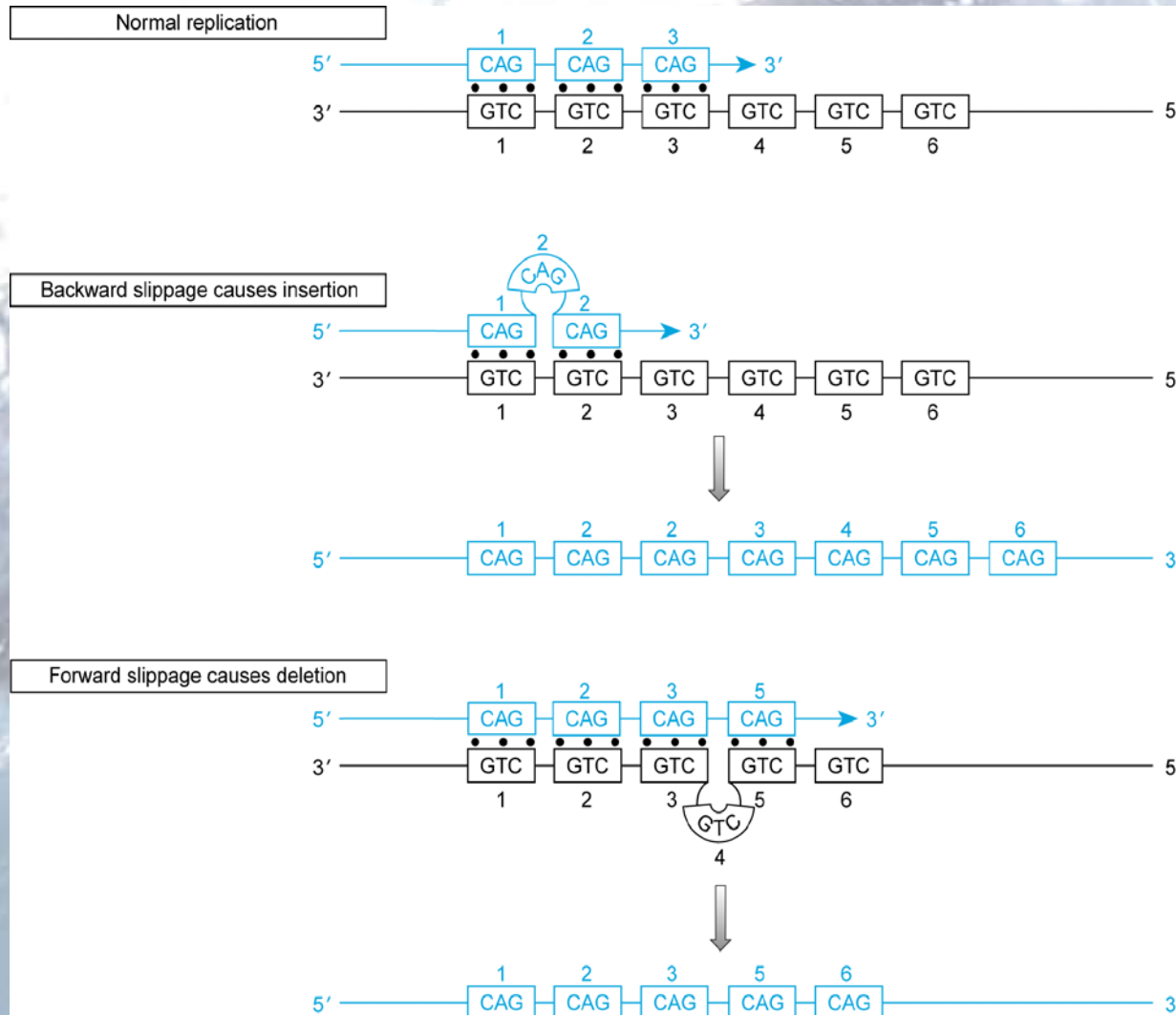
Sono particolarmente utili per lo studio di mutamenti recenti nella popolazione perché sono soggetti a tasso mutazionale più alto rispetto a quelle di altre sequenze geniche

caratterizzati da

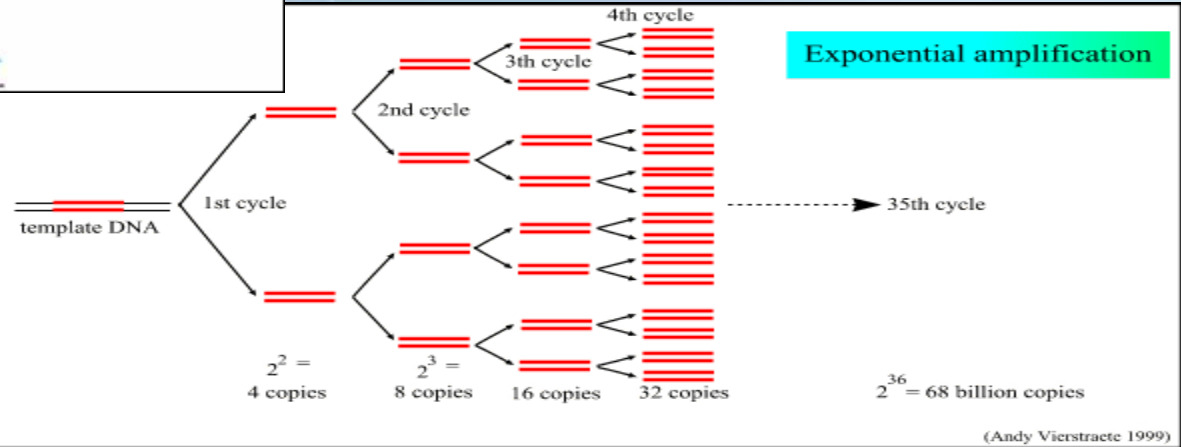
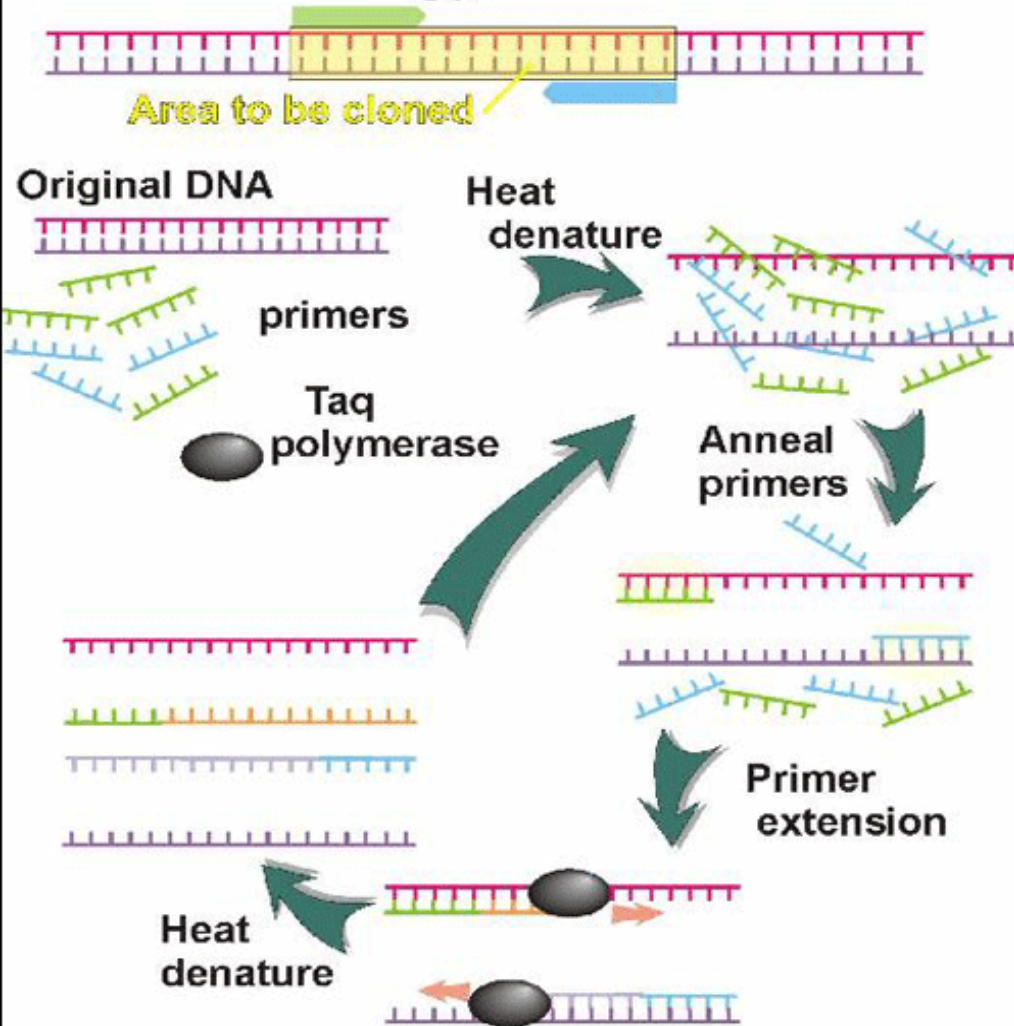
1) SLIPPED STRAND MISPAIRING

Appaiamento sfasato di **corte sequenze ripetute in tandem**

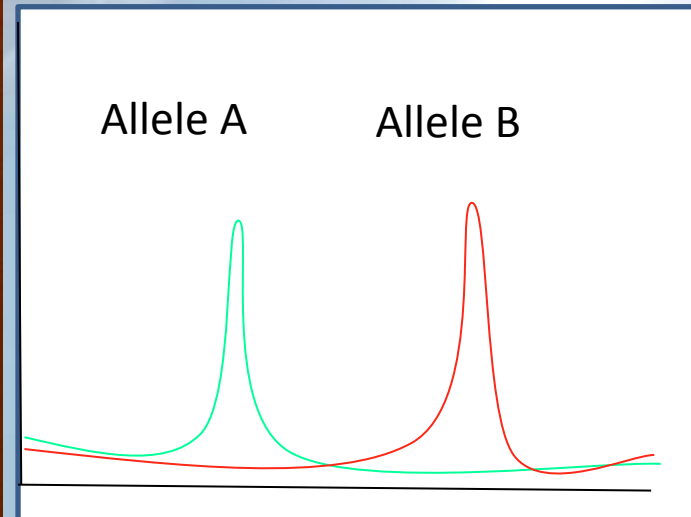
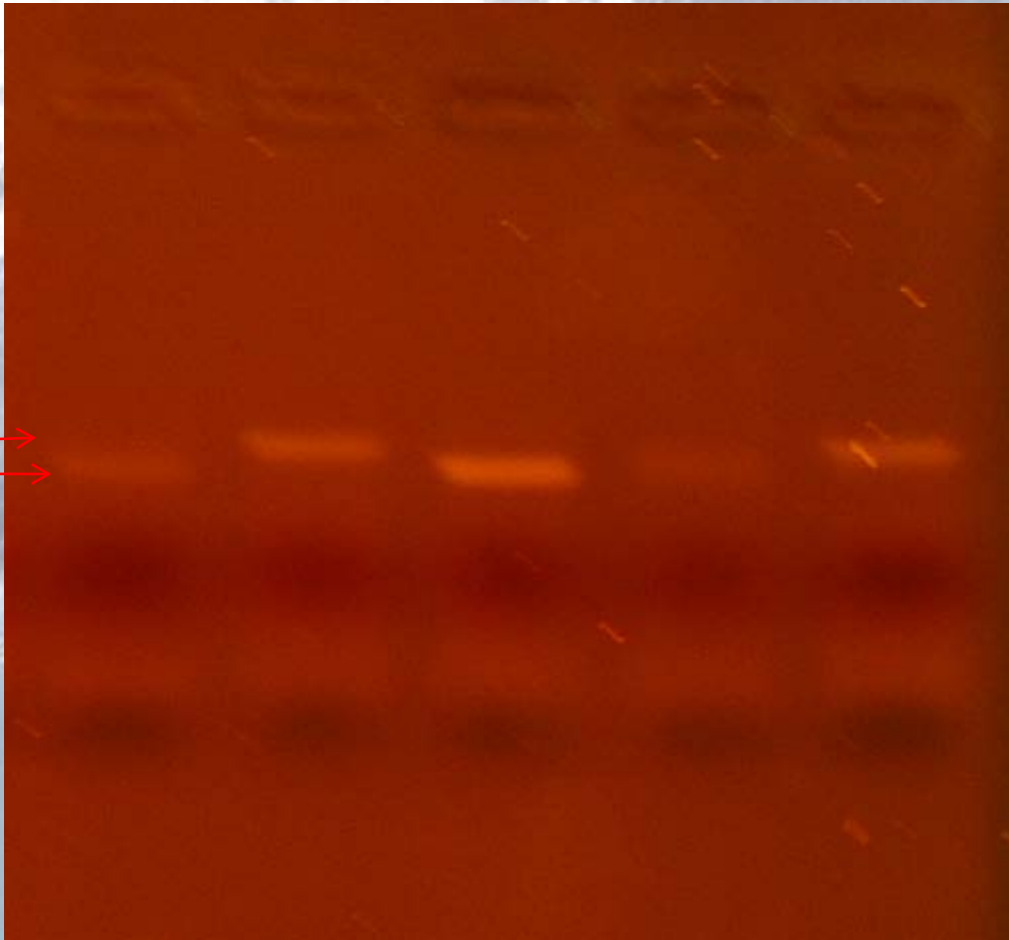
Causa piccole delezioni/inserzioni (che possono generare **polimorfismi di lunghezza**)



Strategy for PCR

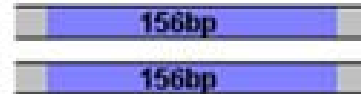


Elettroforesi su gel dei prodotti di PCR



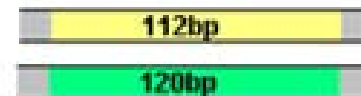


microsatellite 1.



microsatellite 1.

microsatellite 2.



microsatellite 2.

microsatellite 3.

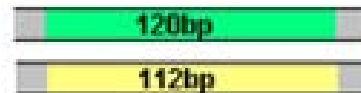


microsatellite 3.

bp = how many bases long the microsatellite is.



microsatellite 1.



microsatellite 2.

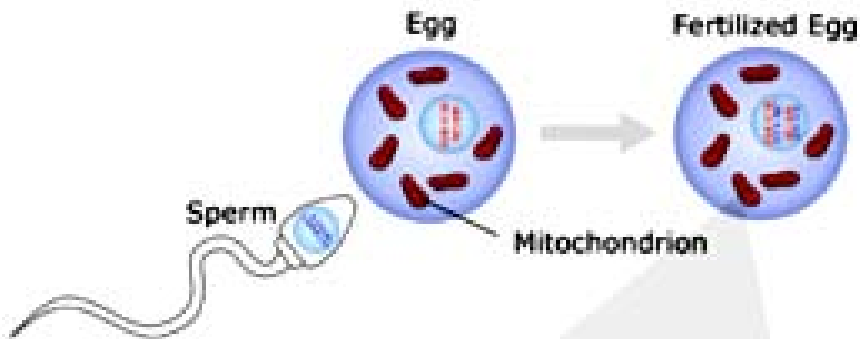
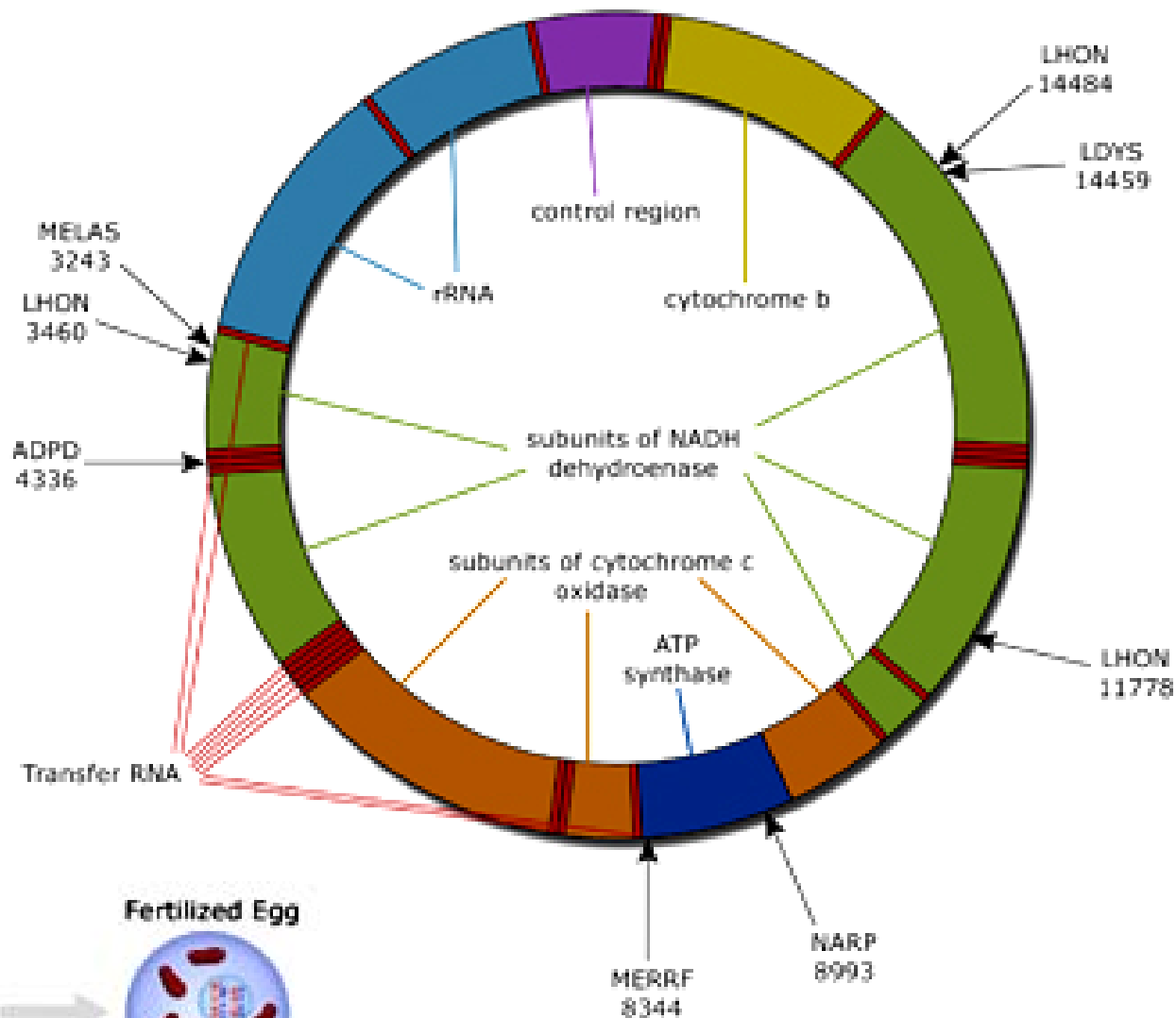


microsatellite 3.

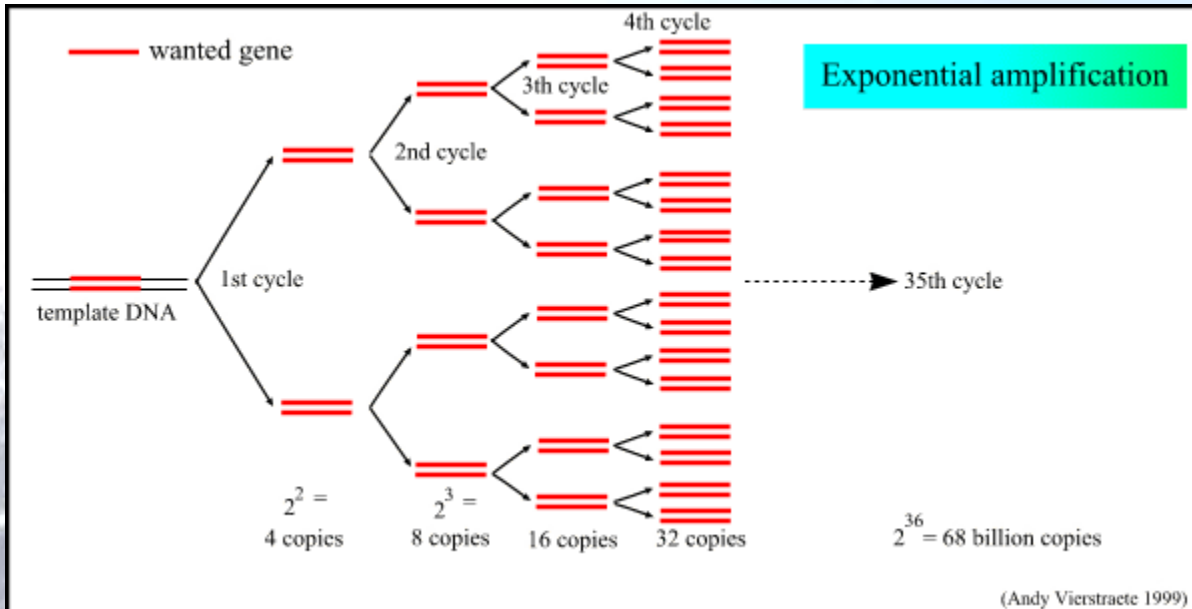
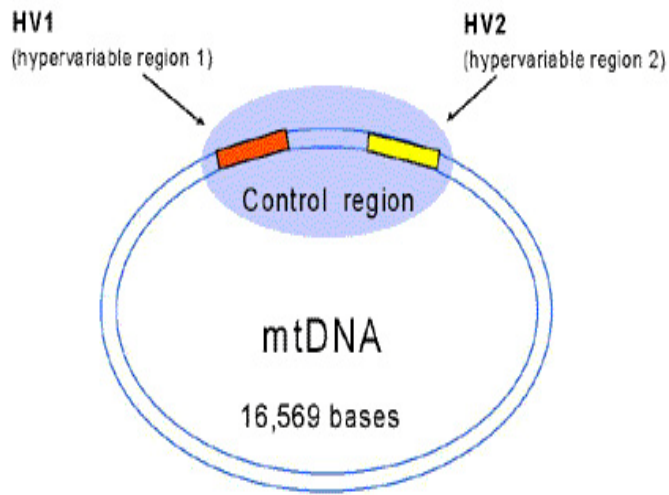
DNA mitocondriale

Ereditato per via materna

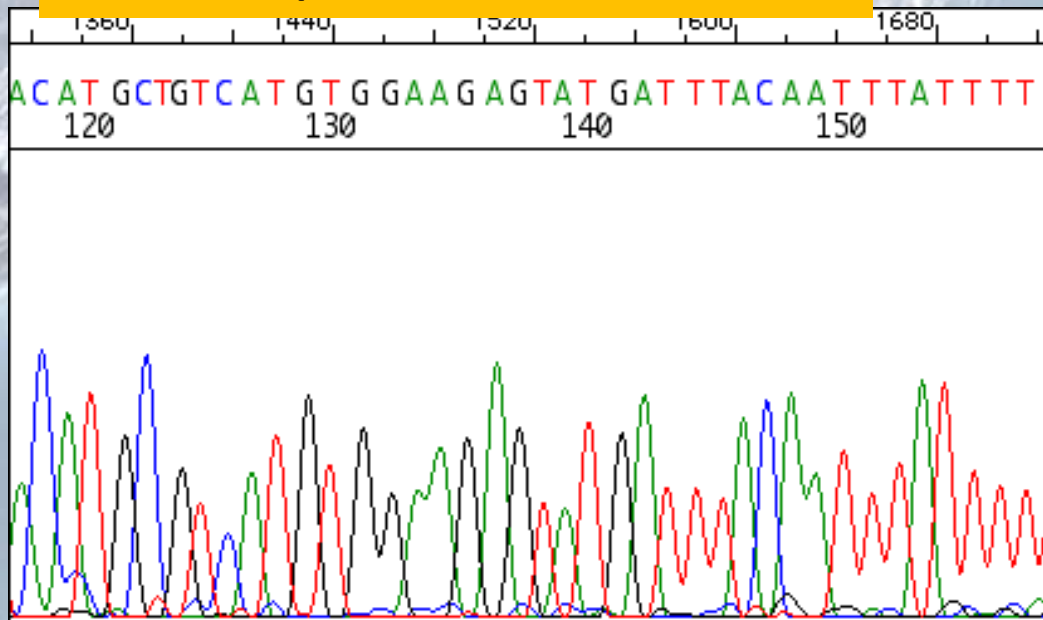
Presente in numerose copie in ciascuna cellula



PCR

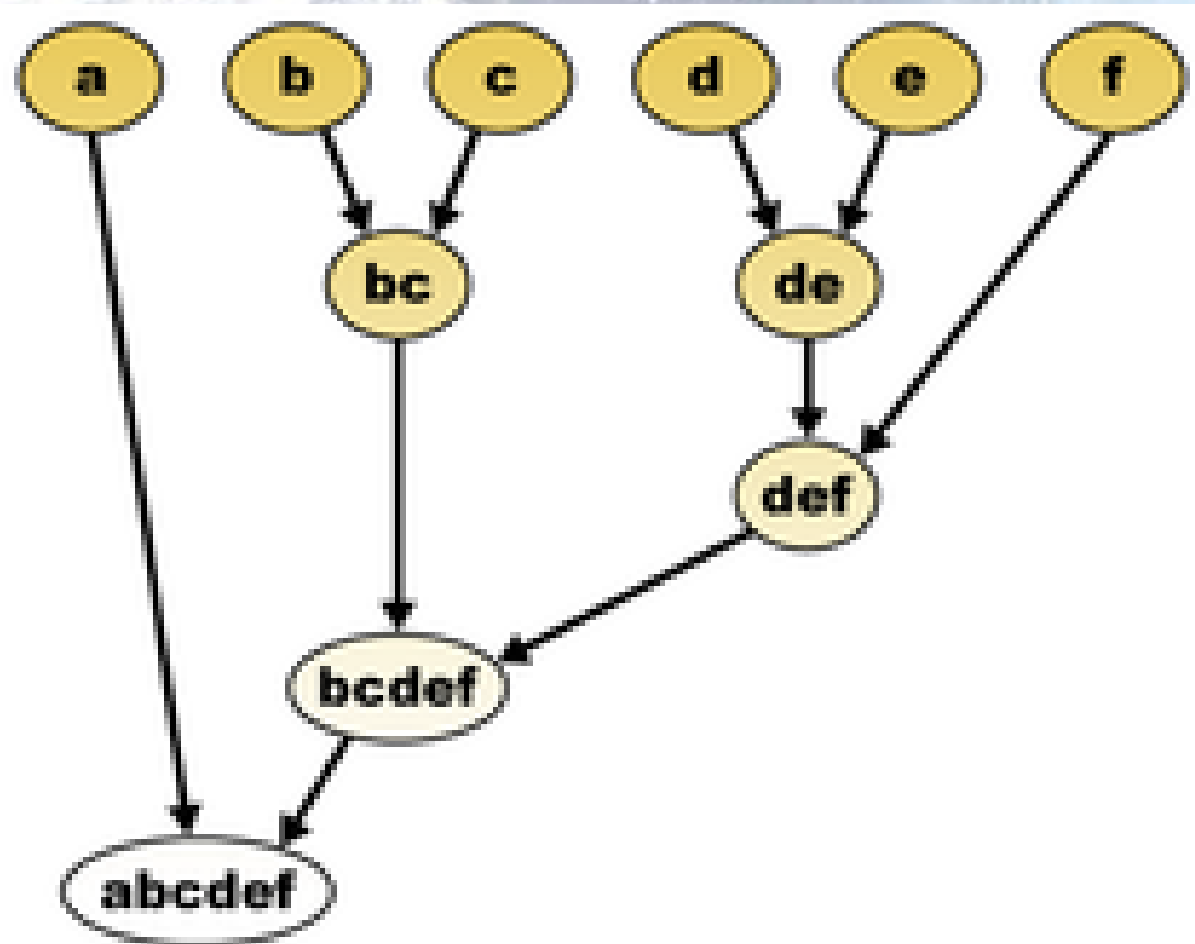


sequenziamento



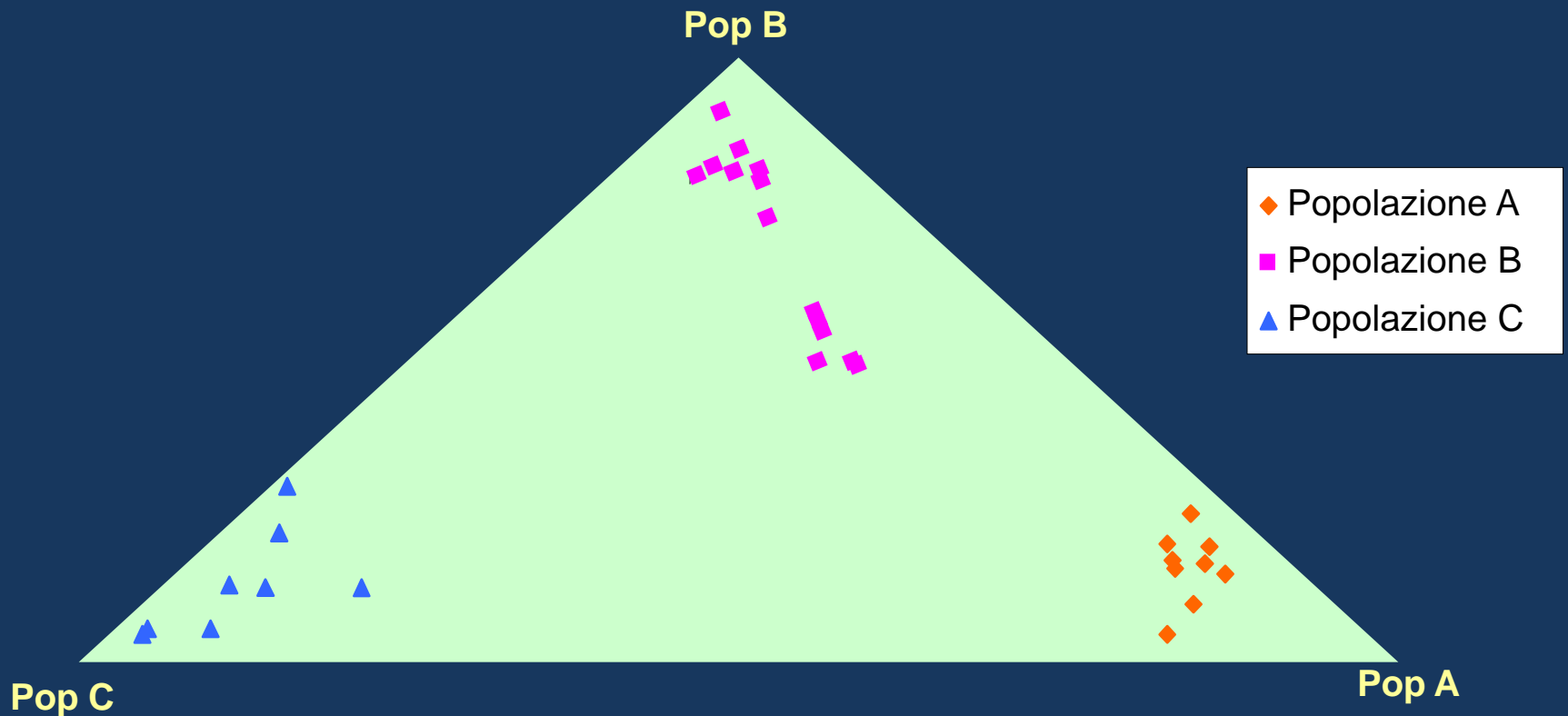
Presenta polimorfismi di sequenza

I dati ottenuti possono essere utilizzati per la valutazione delle alterazioni alla legge di Hardy Weimberg o per determinare relazioni di parentela tra individui e popolazioni



Genotype Assignment Test

Determina la possibilità di assegnare ciascun individuo ad una popolazione, caratterizzata dalla media delle caratteristiche genotipiche degli individui che la costituiscono, sulla base della massima somiglianza del genotipo dell'individuo con quello medio di una delle tre popolazioni





ELSEVIER

available at www.sciencedirect.comjournal homepage: www.elsevier.com/locate/biocon

Differenziazione tra popolazioni di tursiopi che vivono in mare aperto o nei pressi delle coste nel golfo della California

Conservation implications of the genetic and ecological distinction of *Tursiops truncatus* ecotypes in the Gulf of California

Iris Segura^a, Axayácatl Rocha-Olivares^{a,*}, Sergio Flores-Ramírez^b, Lorenzo Rojas-Bracho^c

^aMolecular Ecology Laboratory, Department of Biological Oceanography, CICESE, Km 107 Carr. Tijuana-Ensenada, Ensenada Baja California 22860, Mexico

^bMolecular Ecology and Conservation Genetics Laboratory, UABCS, Carretera al Sur Km 5.5, La Paz, Baja California Sur 23080, Mexico

^cMarine Mammals Program, Ecology National Institute at CICESE, Km 107 Carr. Tijuana-Ensenada, Ensenada Baja California 22860, Mexico

ARTICLE INFO

Article history:

Received 14 October 2005

Received in revised form

16 June 2006

Accepted 20 June 2006

Available online 30 August 2006

Keywords:

Ecological genetics

Resource polymorphism

Bottlenose dolphins

mtDNA

Stock designation

ABSTRACT

The demand for live bottlenose dolphins for commercial use is growing in Mexico, making the need for stock assessment and management ever more essential given their protected status. *Tursiops truncatus* is known to exhibit high levels of phenotypic polymorphisms. In the Gulf of California (GC), coastal and offshore ecotypes have been identified based on morphological, behavioral and ecological evidence, including different prey and habitat preferences. However, the extent to which this ecological and phenotypic variation is genetically correlated is unknown. Here we assess this correlation in GC bottlenose dolphins classified as coastal or offshore based on habitat, morphological and trophic evidence. Significant ($p < 0.0001$) haplotype heterogeneity (exact test) and genetic differentiation ($F_{ST} = 0.069$) were found in the mitochondrial control region, indicating some reproductive isolation between ecotypes. As elsewhere, coastal dolphins were less diverse than offshore. Phylogenetic analyses revealed paraphyletic coastal and offshore lineages and no evidence of lineage sorting, possibly due to recent isolation or gene flow. This is the first time that genetic, morphological and stable isotope evidence has been used to recognize ecotypes as different stocks for management purposes in bottlenose dolphins. Our results indicate that diversifying forces are shaping their phenotypic and genetic variation in the GC. Management and conservation efforts in this strategic region should aim to preserve these forces.



Habitat structure and the dispersal of male and female bottlenose dolphins (*Tursiops truncatus*)

Ada Natoli¹, Alexei Birkun², Alex Aguilar³, Alfredo Lopez⁴
and A. Rus Hoelzel^{1,*}

¹*School of Biological and Biomedical Sciences, University of Durham, South Road, Durham DH1 3LE, UK*

²*Brema Laboratory, Gagarin Street 9A, Simferopol, Crimea 95026, Ukraine*

³*Departamento de Biología Animal, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona, Diagonal 645, 08071 Barcelona, Spain*

⁴*CEMMA, PO Box 165, 36380 Gondomar, Pontevedra, Spain*

Bottlenose dolphins (*Tursiops truncatus*) are widely distributed and a high degree of morphometric and genetic differentiation has been found among both allopatric and parapatric populations. We analysed 145 samples along a contiguous distributional range from the Black Sea to the eastern North Atlantic for mitochondrial and nuclear genetic diversity, and found population structure with boundaries that coincided with transitions between habitat regions. These regions can be characterized by ocean floor topography, and oceanographic features such as surface salinity, productivity and temperature. At the extremes of this range there was evidence for the directional emigration of females. Bi-parentally inherited markers did not show this directional bias in migration, suggesting a different dispersal strategy for males and females at range margins. However, comparative assessment based on mitochondrial DNA and nuclear markers indicated that neither sex showed a strong bias for greater dispersal on average. These data imply a mechanism for the evolutionary structuring of populations based on local habitat dependence for both males and females.

Keywords: bottlenose dolphin; population genetics; Mediterranean Sea; Black Sea; sex-biased dispersal