

EL ROL DE LOS CICLOS GLACIALES EN LA DIVERSIFICACIÓN Y ESPECIACIÓN DE LAS AVES DEL SUR DE SUDAMÉRICA



Darío A. Lijtmaer, Belén Bukowski, Pablo D. Lavinia,
Agustín I. Casale, Pablo A. Fracas, Leonardo Campagna
& Pablo L. Tubaro



El Neotrópico



- Los estudios de la historia evolutiva de las aves del Neotrópico se han concentrado tradicionalmente en áreas de bajas latitudes (Amazonía, Andes del norte y Selva Atlántica).

El Neotrópico



- Los estudios de la historia evolutiva de las aves del Neotrópico se han concentrado tradicionalmente en áreas de bajas latitudes (Amazonía, Andes del norte y Selva Atlántica).
- Los resultados han mostrado la presencia de especies más antiguas que en el Neártico, con patrones filogeográficos complejos y una menor influencia de los ciclos glaciales.

El Neotrópico



- Los estudios de la historia evolutiva de las aves del Neotrópico se han concentrado tradicionalmente en áreas de bajas latitudes (Amazonía, Andes del norte y Selva Atlántica).

- Los resultados han mostrado la presencia de especies más antiguas que en el Neártico, con patrones filogeográficos complejos y una menor influencia de los ciclos glaciales.

El cono sur de Sudamérica, y en especial los Andes del sur y la Patagonia, han sido menos estudiados, no estando claro cómo han sido los patrones y procesos evolutivos.

Dos enfoques complementarios

Estudio de la diversificación y especiación de las aves neotropicales con foco en la Patagonia a dos escalas complementarias.

1. Análisis a gran escala
2. Análisis de especies de amplia distribución enfocados en Patagonia



Tero
(*Vanellus chilensis*)



Ratona
(*Troglodytes aedon*)



Chingolo
(*Zonotrichia capensis*)

Dos enfoques complementarios

Estudio de la diversificación y especiación de las aves neotropicales con foco en la Patagonia a dos escalas complementarias.

1. Análisis a gran escala

2. Análisis de especies de amplia distribución enfocados en Patagonia



Tero
(*Vanellus chilensis*)



Ratona
(*Troglodytes aedon*)



Chingolo
(*Zonotrichia capensis*)

Análisis a gran escala

2.004 especies del continente americano (9.000 secuencias de COI).



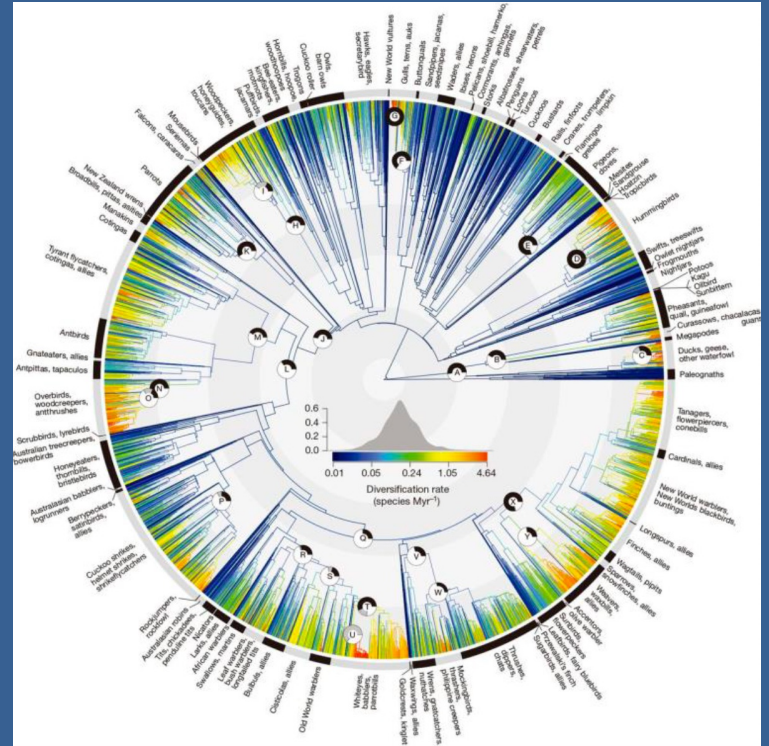
Análisis a gran escala

2.004 especies del continente americano (9.000 secuencias de COI).



Análisis a gran escala

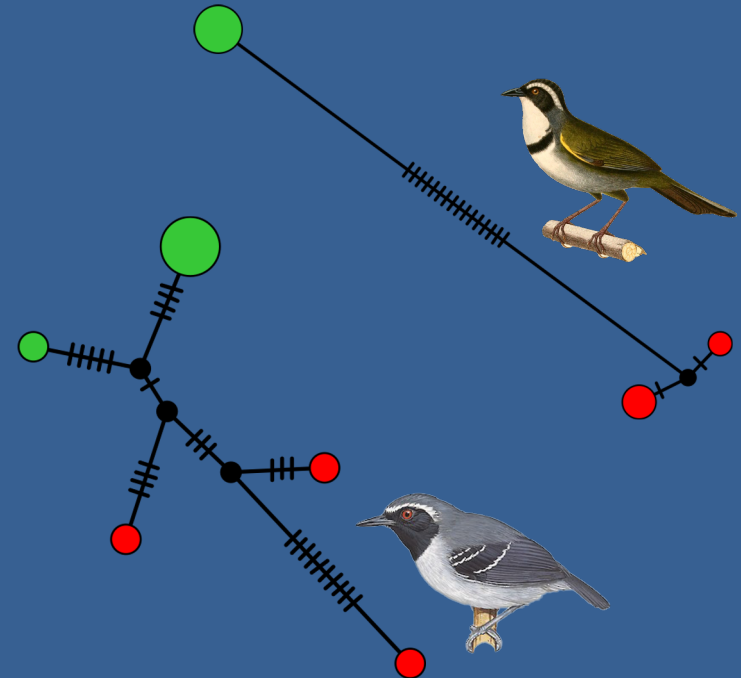
2.004 especies del continente americano (9.000 secuencias de COI).



Selección de 278 pares de especies hermanas en base a la filogenia de aves del mundo de Jetz et al. (2012) para analizar la edad de las especies.

Análisis a gran escala

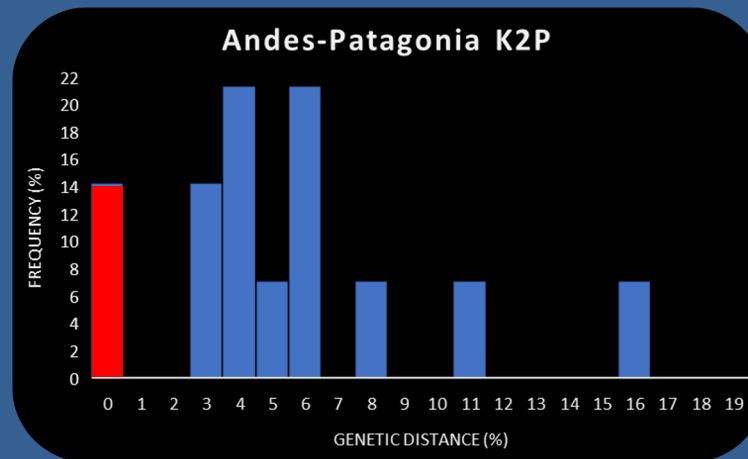
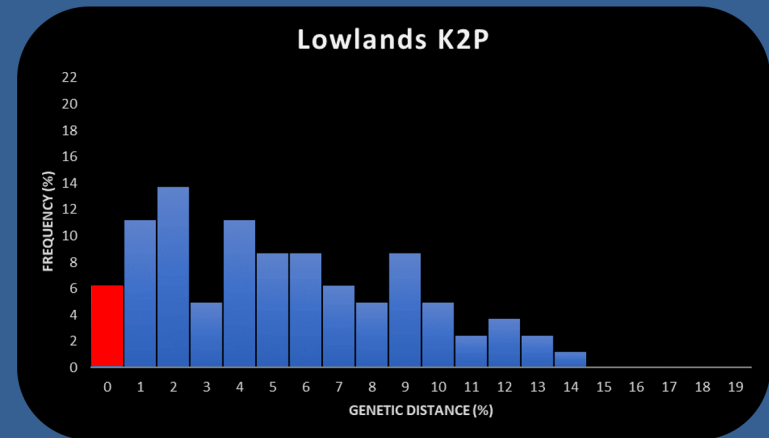
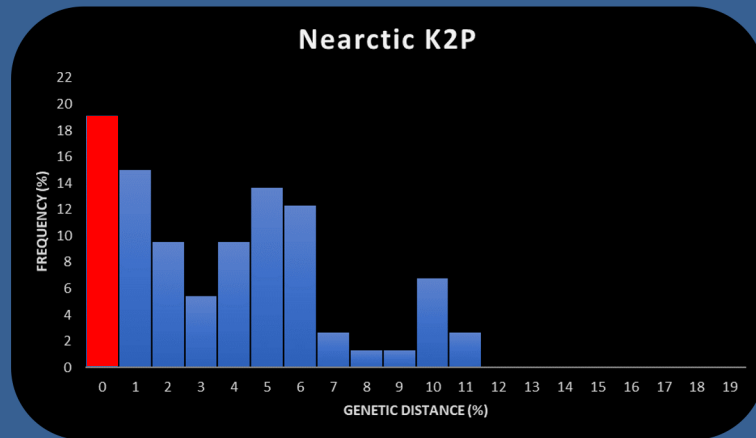
2.004 especies del continente americano (9.000 secuencias de COI).



Análisis de los patrones de variación intraespecífica, enfocado en las especies con alta variabilidad.

Análisis a gran escala

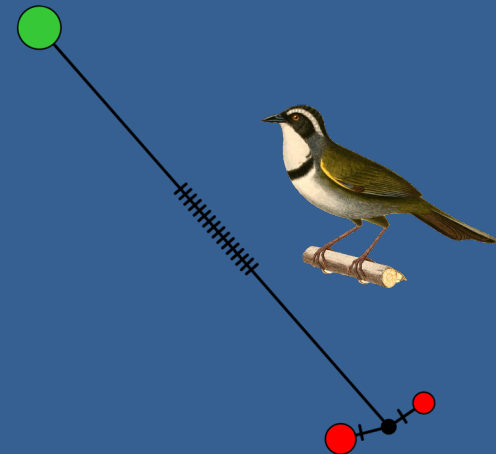
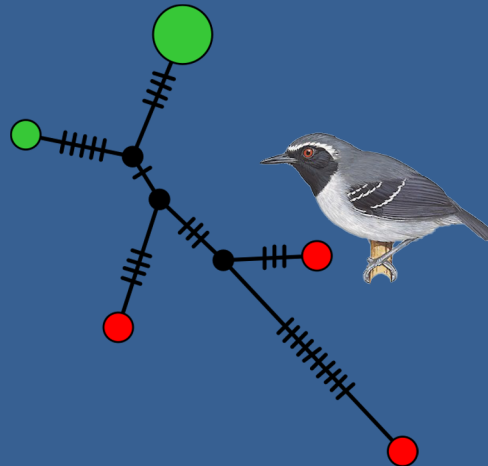
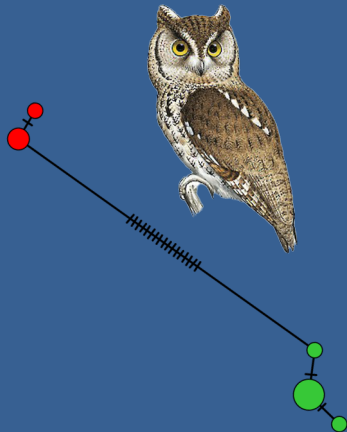
Distribución de distancias entre especies hermanas.



Análisis a gran escala

Distancia máxima intraespecífica promedio.

Neártico	Zonas de baja latitud y altitud	Andes-Patagonia
0.56 %	1.37 %	0.49 %



Dos enfoques complementarios

Estudio de la diversificación y especiación de las aves neotropicales con foco en la Patagonia a dos escalas complementarias.

1. **Análisis a gran escala** —————→ **Rol relevante de los ciclos glaciales en la zona andino-patagónica**
2. Análisis de especies de amplia distribución enfocados en Patagonia



Tero
(*Vanellus chilensis*)



Ratona
(*Troglodytes aedon*)



Chingolo
(*Zonotrichia capensis*)

Dos enfoques complementarios

Estudio de la diversificación y especiación de las aves neotropicales con foco en la Patagonia a dos escalas complementarias.

1. Análisis a gran escala

2. Análisis de especies de amplia distribución enfocados en Patagonia



Tero
(*Vanellus chilensis*)



Ratona
(*Troglodytes aedon*)



Chingolo
(*Zonotrichia capensis*)

Estudio de especies focales

Enfoque diferente: estudiar especies de amplia distribución enfocándonos en sus patrones evolutivos en la Patagonia.



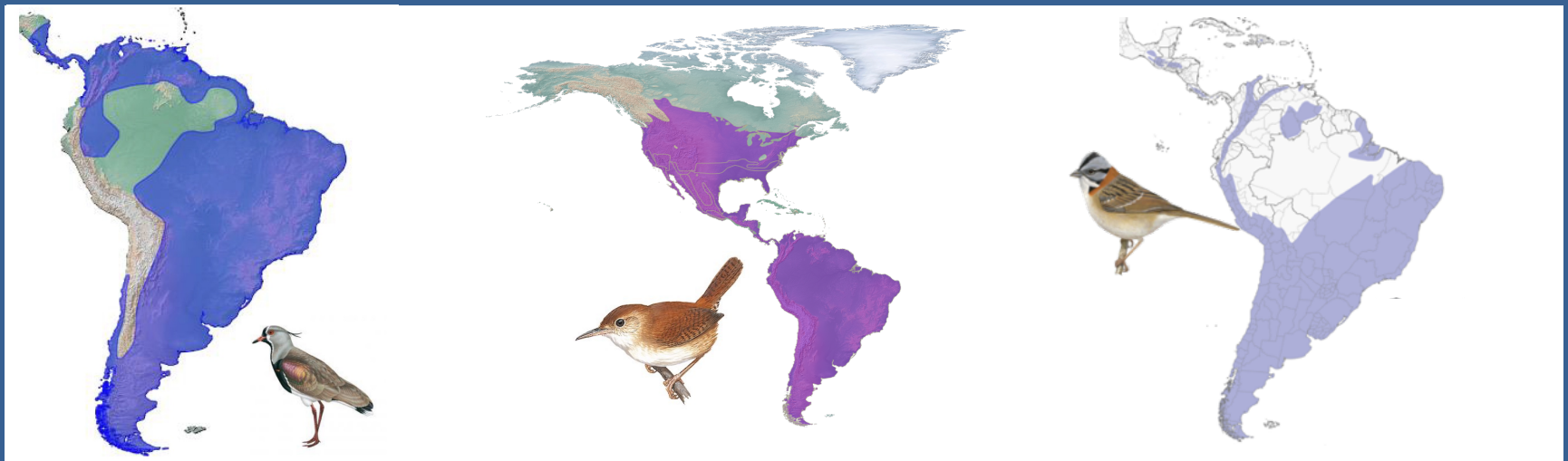
Tero
(*Vanellus chilensis*)



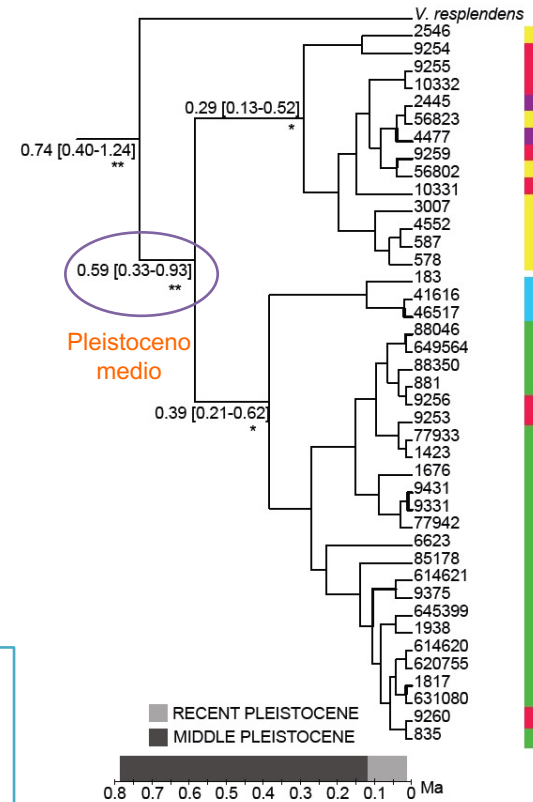
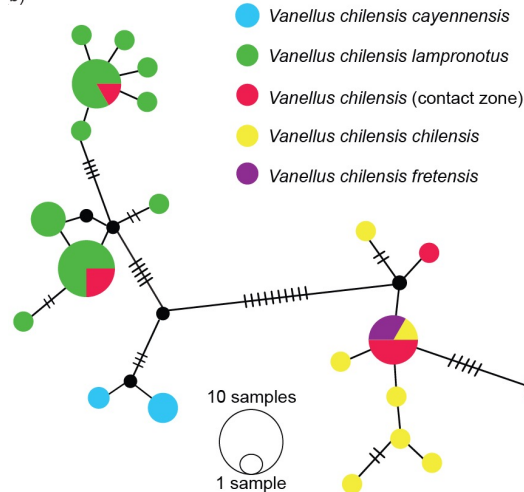
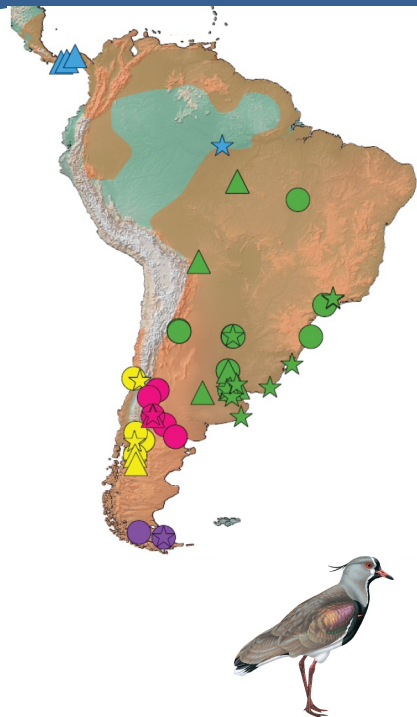
Ratona
(*Troglodytes aedon*)



Chingolo
(*Zonotrichia capensis*)

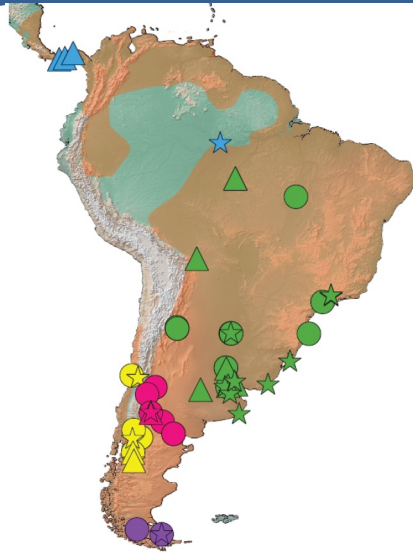


Tero: ADN mitocondrial

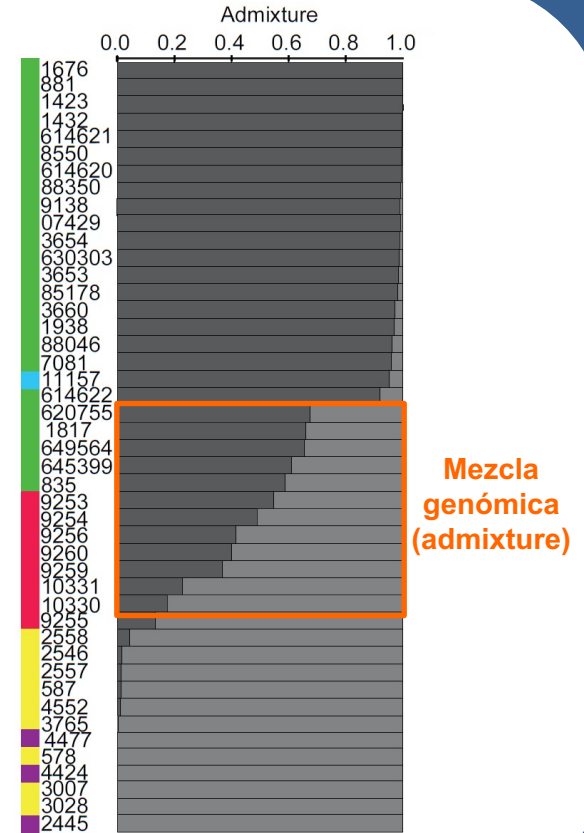
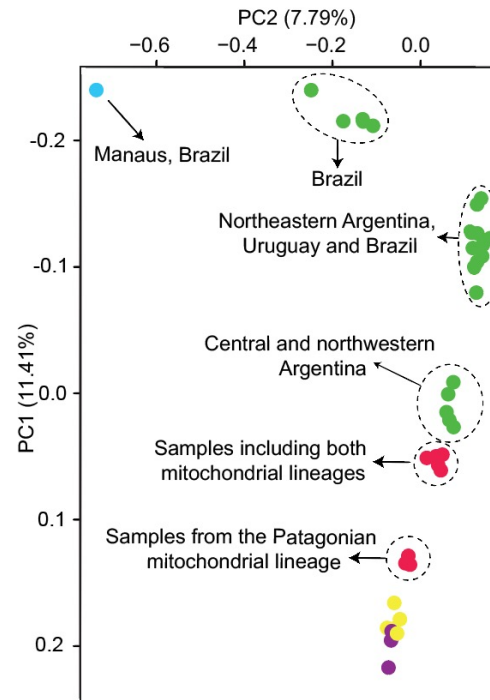


Hay dos linajes mitocondriales principales con una divergencia promedio de 1,5%, que divergieron hace alrededor de 600.000 años.

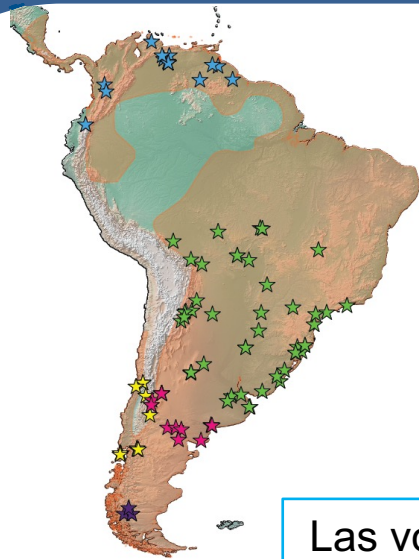
Tero: ADN genómico nuclear



Flujo génico intenso entre el linaje patagónico y el linaje del resto de la distribución de la especie



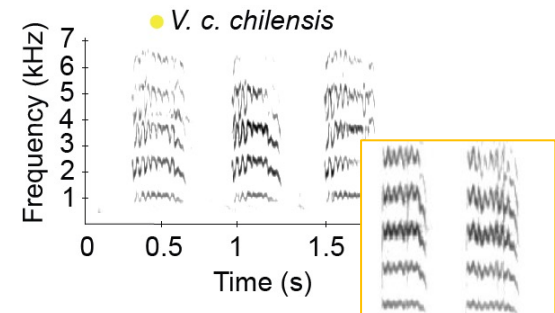
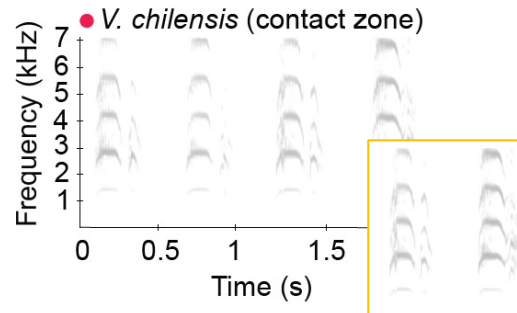
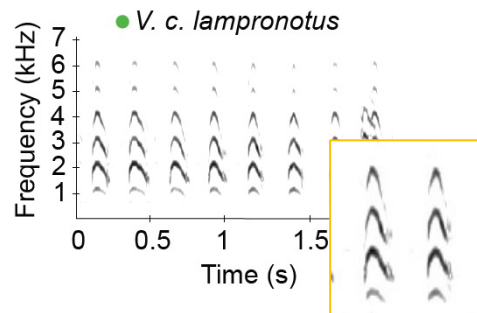
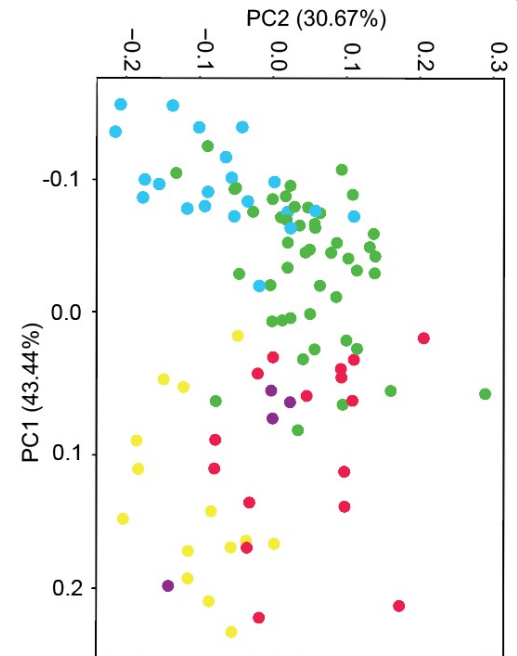
Tero: vocalizaciones



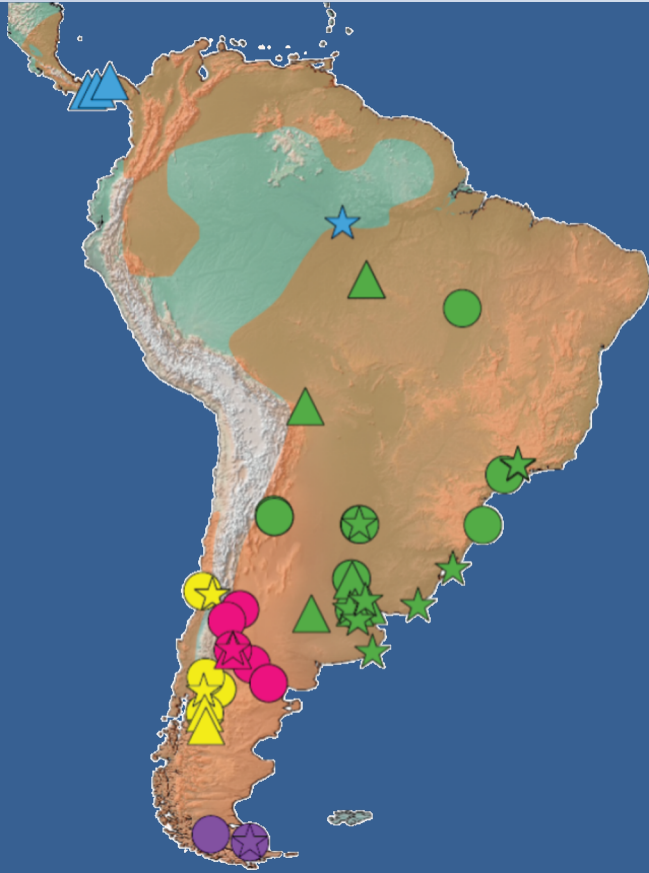
- ★ *Vanellus chilensis cayennensis*
- ★ *Vanellus chilensis lampronotus*
- ★ *Vanellus chilensis* (contact zone)
- ★ *Vanellus chilensis chilensis*
- ★ *Vanellus chilensis fretensis*



Las vocalizaciones difieren entre los dos linajes y son intermedias en la zona de contacto.



Tero: escenario evolutivo



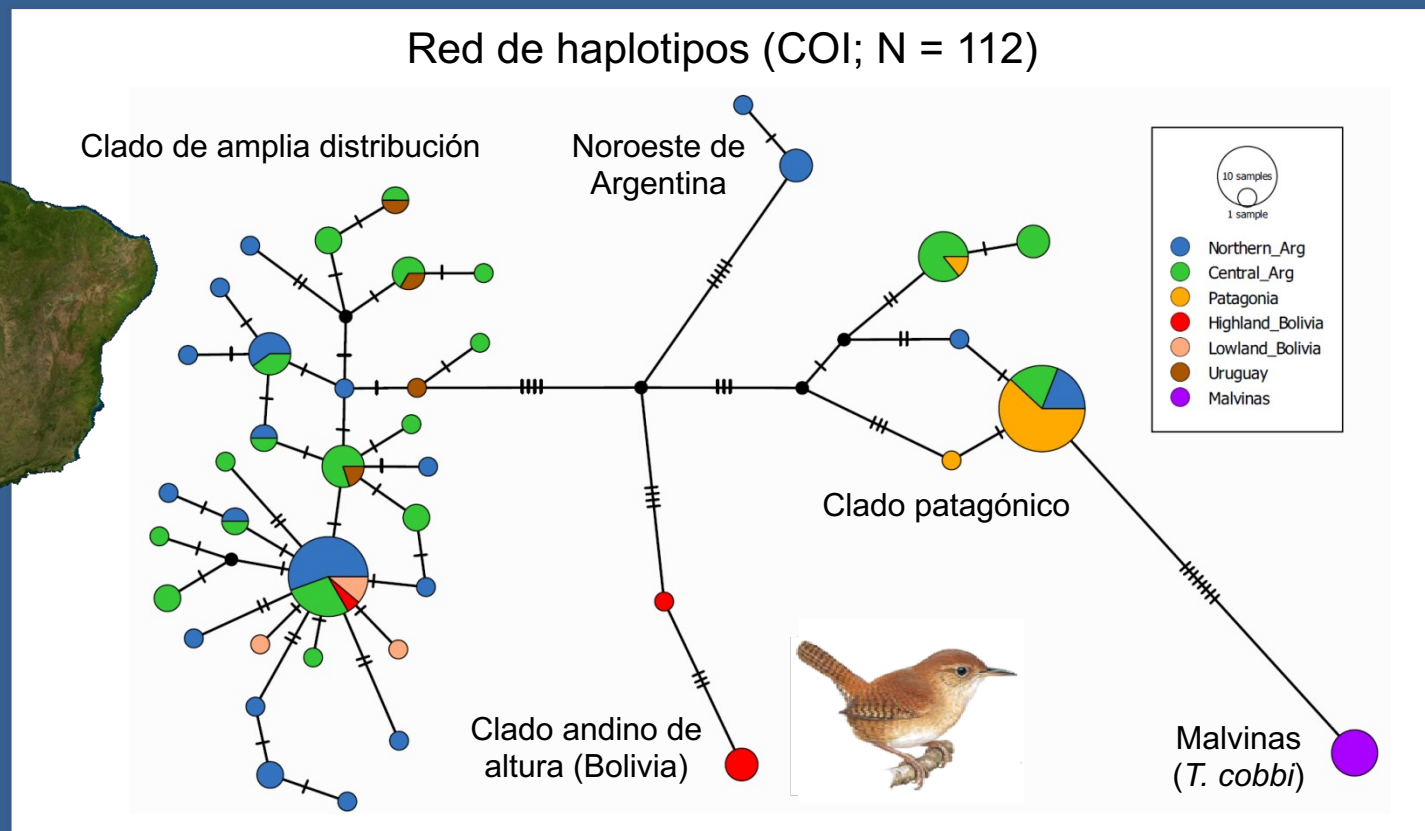
Los períodos glaciales aislaron a las poblaciones patagónicas hace alrededor de 600.000 años, promoviendo la diferenciación en esta región.

Luego de los ciclos glaciales, las poblaciones patagónicas se expandieron hacia el norte, entrando en contacto secundario en el norte de la Patagonia con el otro linaje.

Hay flujo génico intensivo entre los dos linajes en la zona de contacto, así como vocalizaciones intermedias.



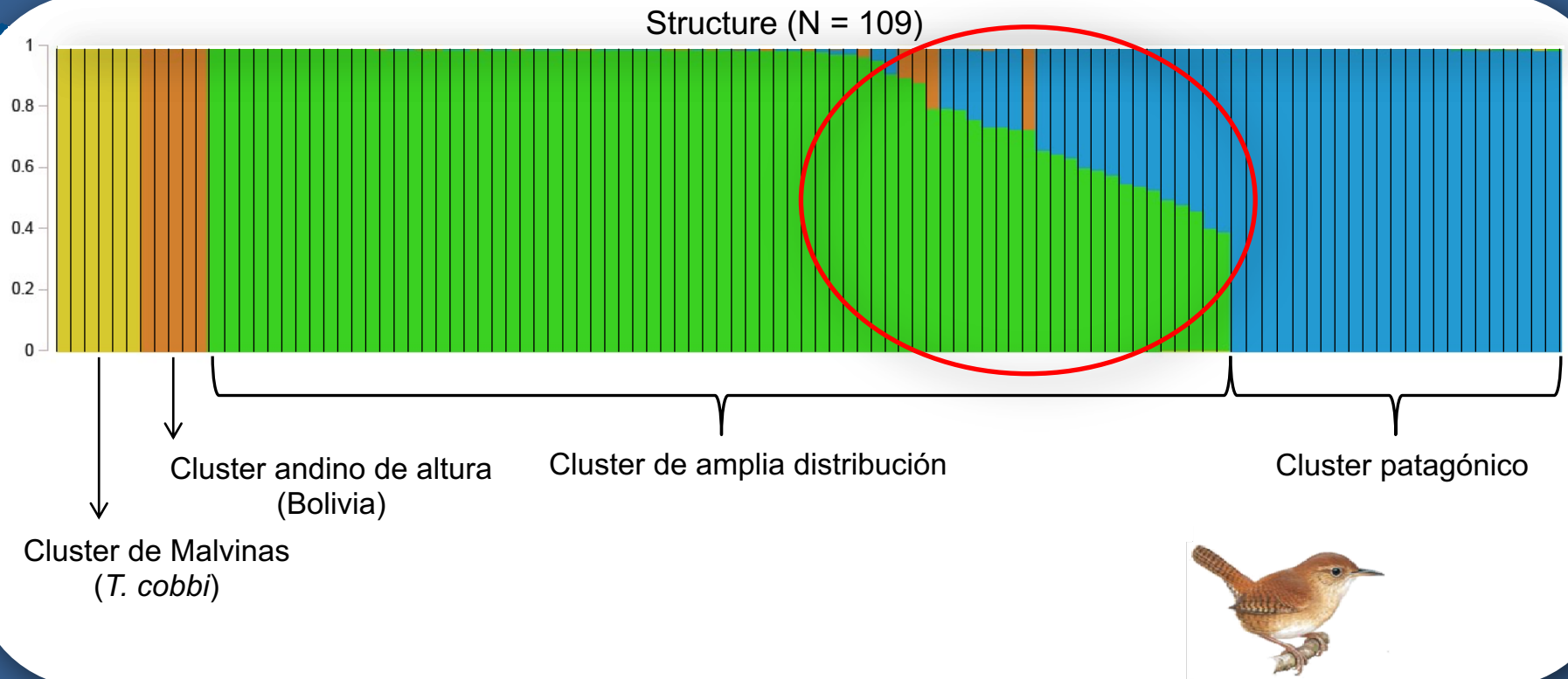
Ratona: ADN mitocondrial



Hay 5 clados mitocondriales con divergencias de hasta 5% en la secuencia.

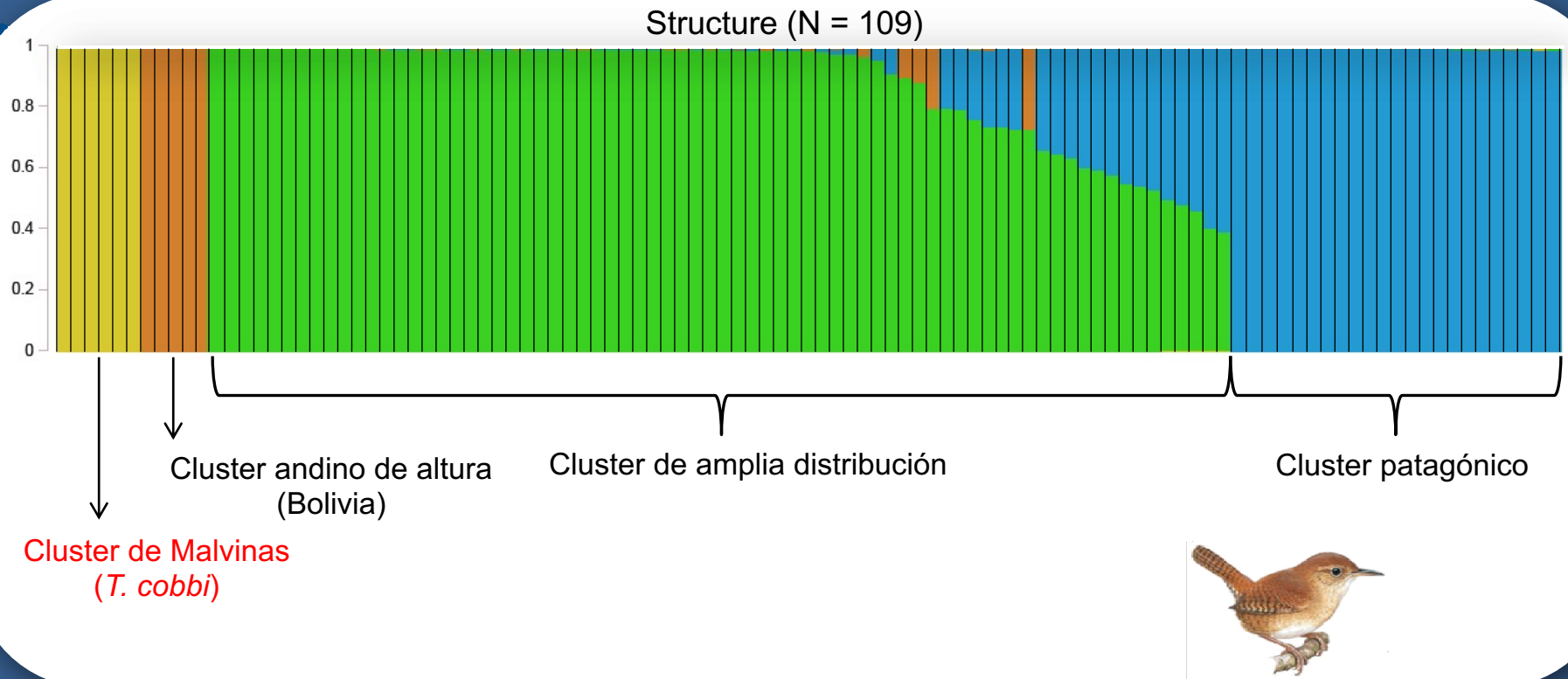
T. Cobbi se ubica como especie hermana del clado patagónico.

Ratona: ADN genómico nuclear



Se recuperan 4 clusters genómicos con muy clara evidencia de mezcla genómica (admixture) entre los linajes continentales, indicando altos niveles de flujo génico.

Ratona: ADN genómico nuclear



Se recuperan 4 clusters genómicos con muy clara evidencia de mezcla genómica (admixture) entre los linajes continentales, indicando altos niveles de flujo génico.

El único cluster aislado es *T. cobbi* de las Malvinas.

Ratona: escenario evolutivo



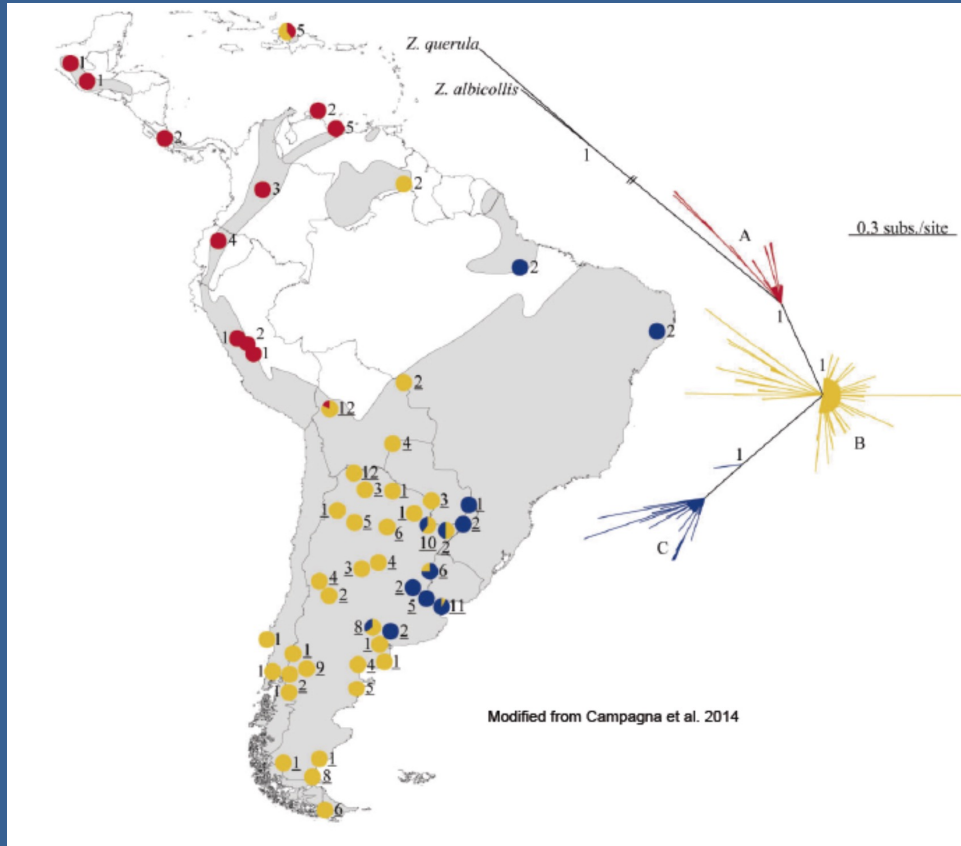
- Durante las glaciaciones (hace alrededor de 2 millones de años) tanto las poblaciones patagónicas como las andinas quedaron aisladas.

- En este período las Islas Malvinas fueron colonizadas desde la Patagonia.

- Luego de los ciclos glaciales, los linajes continentales entraron en contacto secundario con un intenso flujo génico.

- La población de las Islas Malvinas en cambio, permaneció aislada, originándose una nueva especie.

Chingolo



Coloración típica



Coloración patagónica

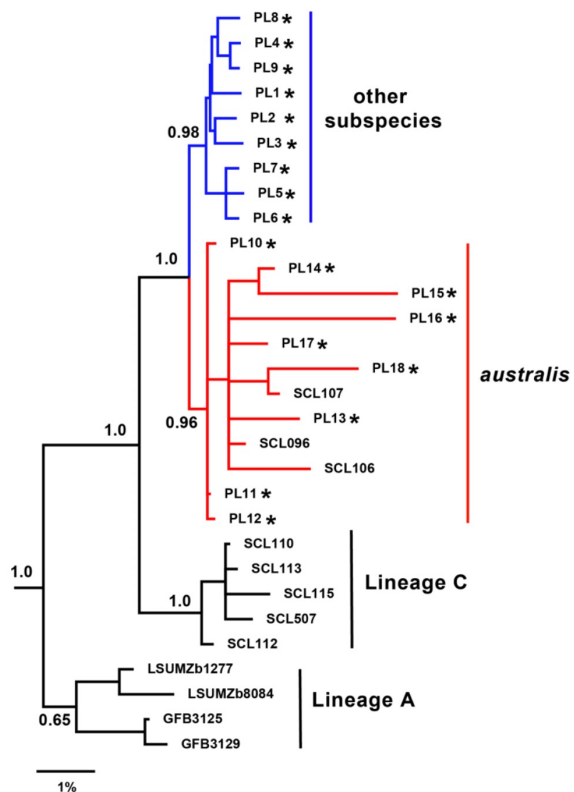
La subespecie patagónica (*Z. capensis australis*) no presenta una diferenciación particularmente alta en su ADN mitocondrial, pero es la más diferenciada de la especie en su morfología y canto.

Realizamos un análisis de genomas completos para estudiar la historia evolutiva de esta subespecie y la base genómica de su diferenciación en la coloración.

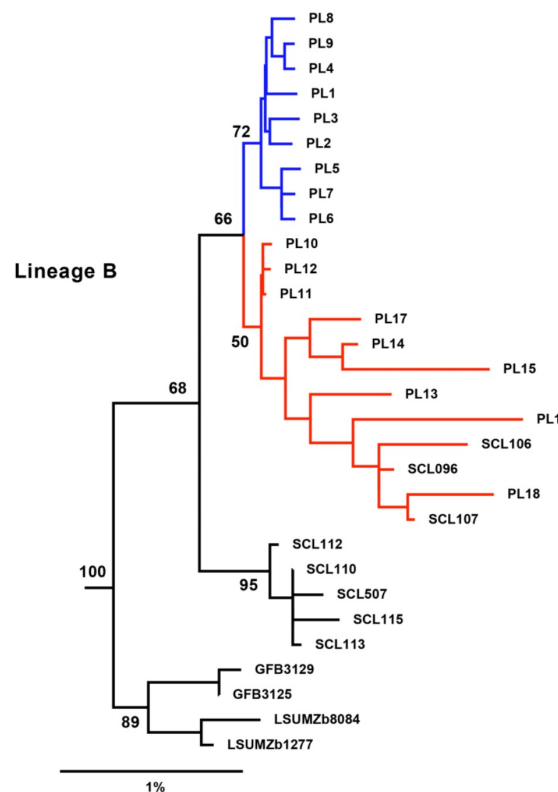
Chingolo: ADN mitocondrial

Análisis filogenéticos basados en genomas mitocondriales completos (17 Kb).

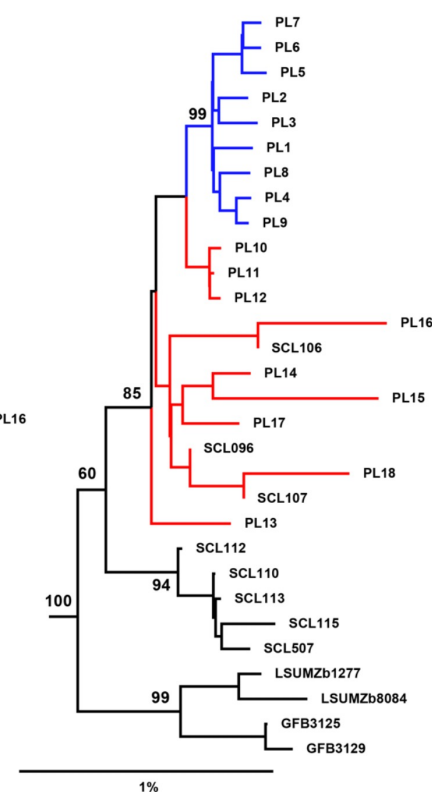
(A) Bayesian tree



(B) Maximum likelihood tree



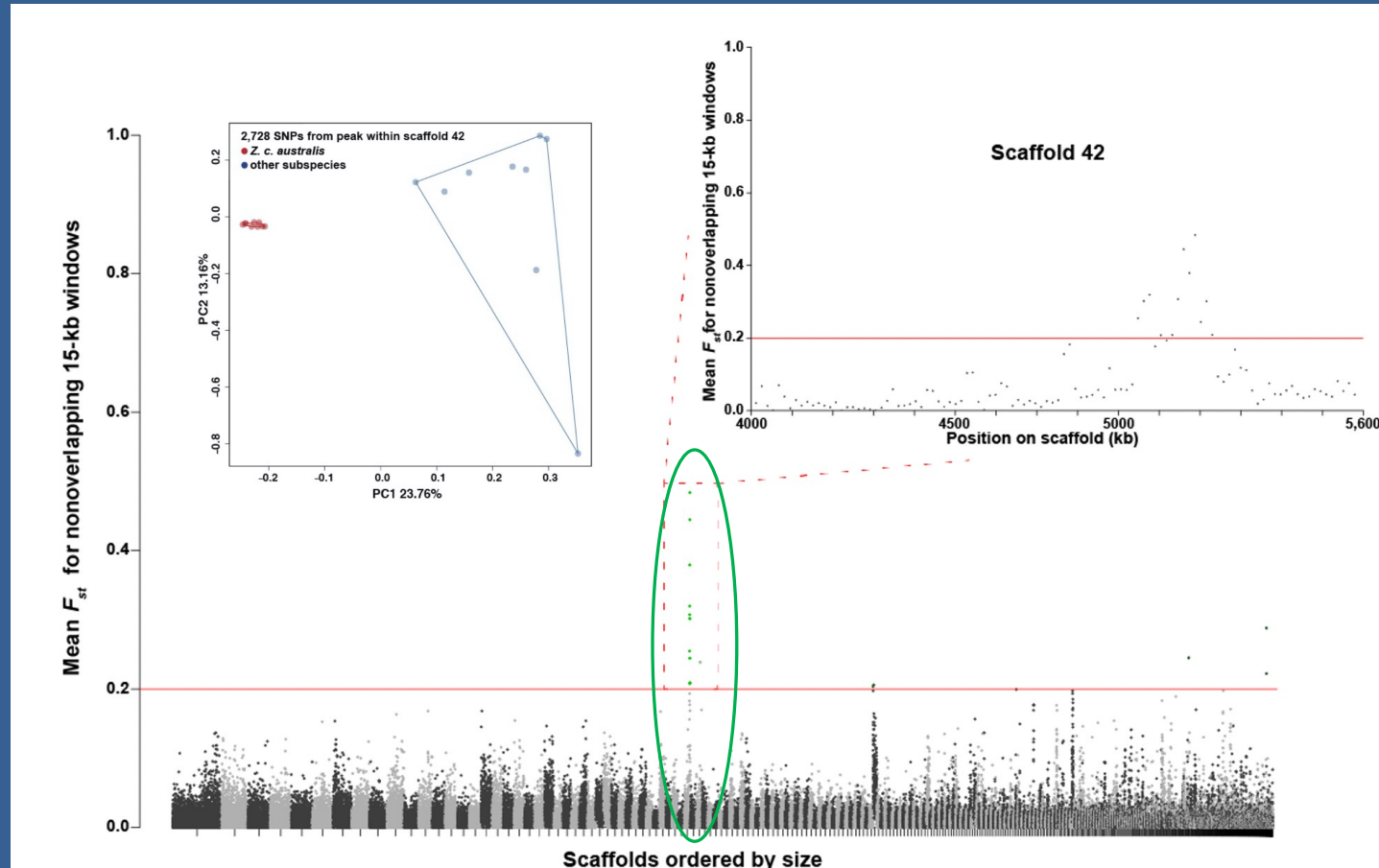
(C) Neighbor-joining tree



Los resultados son compatibles con un escenario de múltiples refugios glaciales en Patagonia.

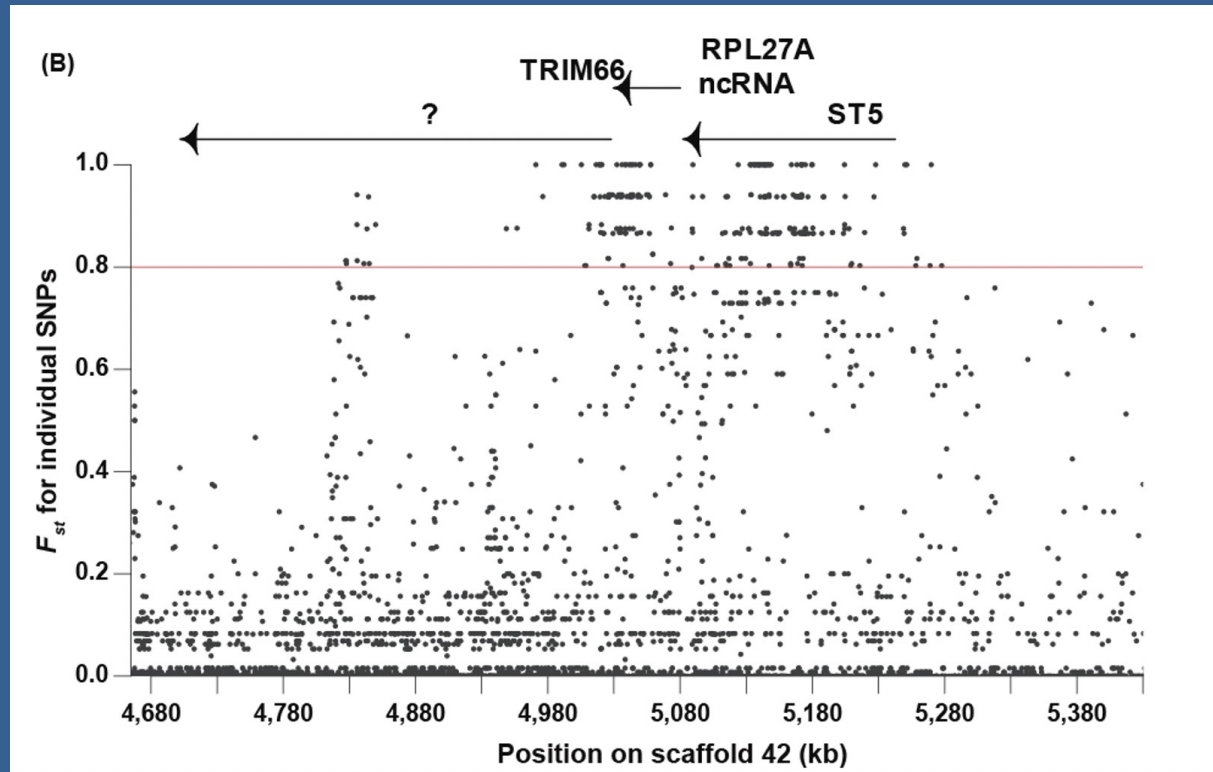
Chingolo: ADN genómico nuclear

Gráfico de Manhattan del genoma completo



Hay un pico particularmente evidente de diferenciación dentro de un contexto general de muy pocas diferencias genómicas.

Chingolo: ADN genómico nuclear



Esta región se encuentra en el cromosoma 5, y las diferencias entre subespecies se ubican principalmente dentro y en los alrededores del gen ST5.

Este gen regula a su vez otro gen (RAB9A), que se sabe que interviene en la producción de melanosomas y pigmentación de melanocitos en mamíferos.

Chingolo: escenario evolutivo



- Las poblaciones patagónicas quedaron aisladas hace alrededor de 400.000 años y persistieron y divergieron en múltiples refugios.
- Luego del retroceso del hielo, estas poblaciones entraron en contacto y volvieron a tener flujo génico, primero entre las poblaciones patagónicas y luego entre éstas y las de otras regiones del cono sur, homogeneizándose el contenido nuclear.
- La diferenciación fenotípica evolucionó rápidamente y con bajos niveles de divergencia genómica general. Esto se debería a la diferenciación en ST5 y su efecto en la síntesis y deposición de la melanina.

Conclusiones generales



- Tanto los análisis a gran escala como los tres modelos de estudio muestran la relevancia de los períodos glaciales al aislar poblaciones del sur de Sudamérica y promover su diversificación y especiación (*T. cobbi*).

Conclusiones generales



- Tanto los análisis a gran escala como los tres modelos de estudio muestran la relevancia de los períodos glaciales al aislar poblaciones del sur de Sudamérica y promover su diversificación y especiación (*T. cobbi*).
- Las especies son consistentes en sus patrones geográficos, pero no lo son tanto en sus patrones temporales: la separación del linaje patagónico ocurrió entre alrededor de 2 millones de años atrás (ratona) y 400.000 años atrás (chingolo).

Conclusiones generales



- Tanto los análisis a gran escala como los tres modelos de estudio muestran la relevancia de los períodos glaciales al aislar poblaciones del sur de Sudamérica y promover su diversificación y especiación (*T. cobbi*).
- Las especies son consistentes en sus patrones geográficos, pero no lo son tanto en sus patrones temporales: la separación del linaje patagónico ocurrió entre alrededor de 2 millones de años atrás (ratona) y 400.000 años atrás (chingolo).
- Luego del retroceso de los hielos y la expansión hacia el norte de las poblaciones patagónicas, en los tres modelos los linajes continentales reanudaron el flujo génico y parecería estar al menos en parte homogeneizándose su contenido genómico nuclear.

Conclusiones generales



- Adicionalmente a lo observado en relación con el ADN, en el caso del chingolo las diferencias fenotípicas (color y vocalizaciones) más notorias ocurren entre Patagonia y el resto de la especie, y lo mismo pasa con las vocalizaciones en el tero, observándose además fenotipos intermedio en la zona de contacto.

Conclusiones generales



- Adicionalmente a lo observado en relación con el ADN, en el caso del chingolo las diferencias fenotípicas (color y vocalizaciones) más notorias ocurren entre Patagonia y el resto de la especie, y lo mismo pasa con las vocalizaciones en el tero, observándose además fenotipos intermedio en la zona de contacto.
- Finalmente, en el chingolo las diferencias de coloración habrían evolucionado rápidamente y como consecuencia de diferencias en un único gen.

Muchas gracias a...

Colaboradores

- Miembros de nuestro grupo del MACN y del Laboratorio de Ornitología de Cornell.
- La gente que colaboró con el trabajo de campo y otorgó préstamos de tejidos.



Pablo Tubaro



Pablo Lavinia



Belén Bukowski



Pablo Fracas



Agustín Casale



Leo Campagna

Financiamiento

- AGENCIA I+D+i
- CONICET
- Lounsbery Foundation
- Fundación Williams
- Genome Canada
- IDRC
- Lounsbery Foundation

Permisos

- Secretaría de Ambiente y Desarrollo Sustentable
- Autoridades de fauna provinciales
- APN



Preguntas?