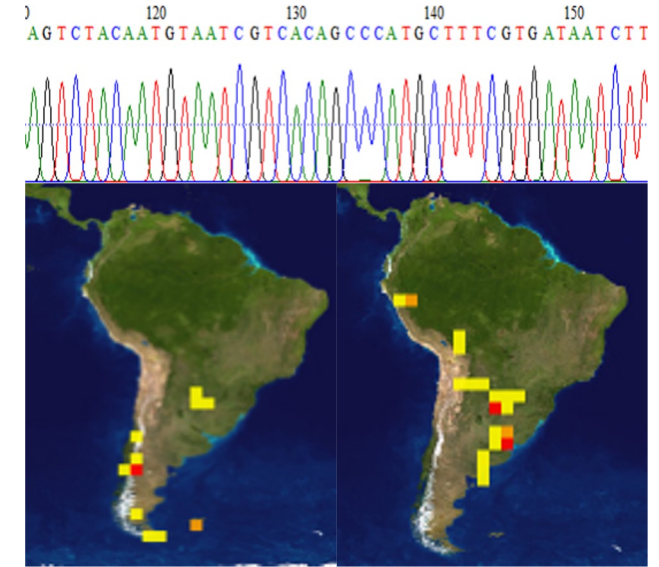
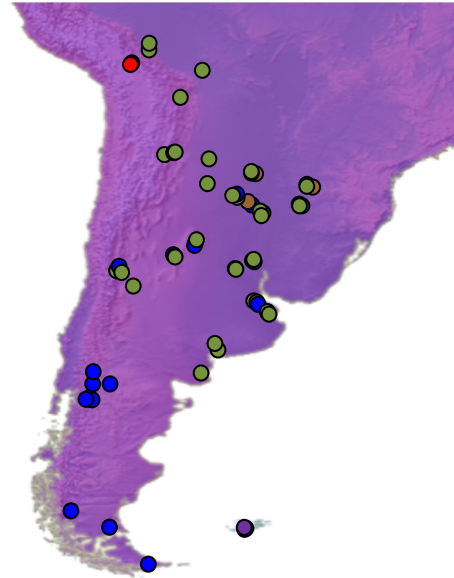


Ausencia de apareamiento selectivo y de mecanismos de aislamiento reproductivo postcigótico en una zona de contacto entre linajes divergentes de la ratona (*Troglodytes aedon*)

Pablo A. Fracas, Ramiro S. Arrieta, Belén Bukowski, Leonardo Campagna, Pablo D. Lavinia, Paulo E. Llambías, Pablo L. Tubaro, Darío A. Lijtmaer



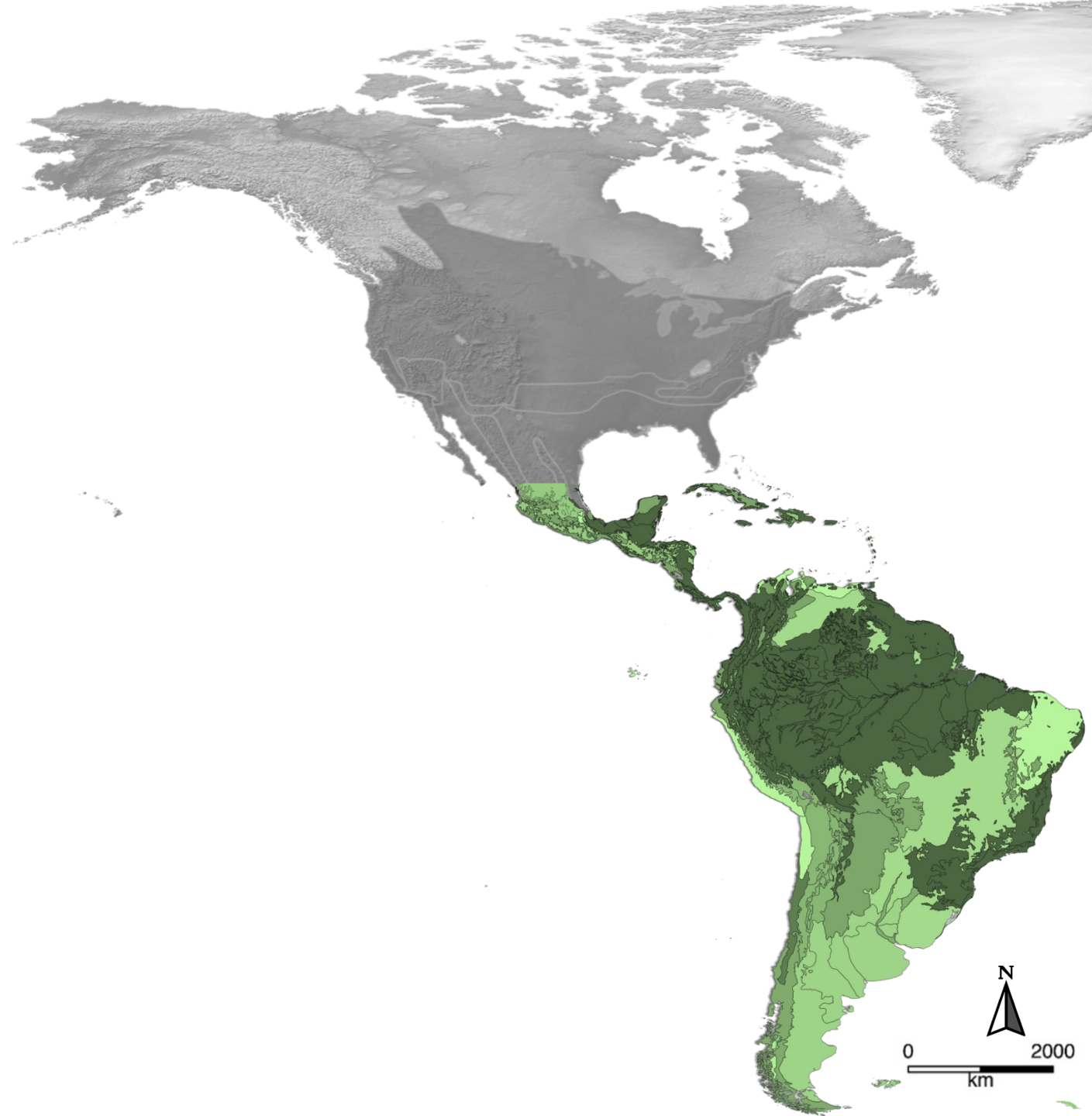
M A C N
CONICET

MUSEO
ARGENTINO
DE CIENCIAS
NATURALES



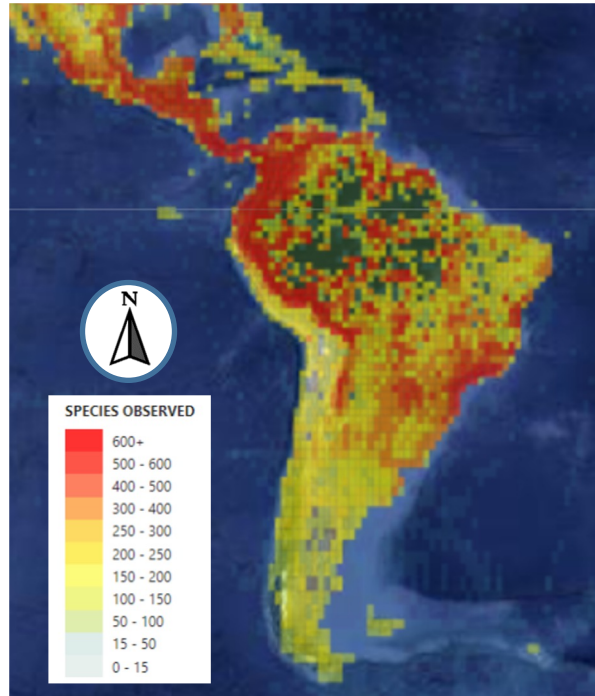
El Neotrópico

- Es la región **más biodiversa**.



El Neotrópico

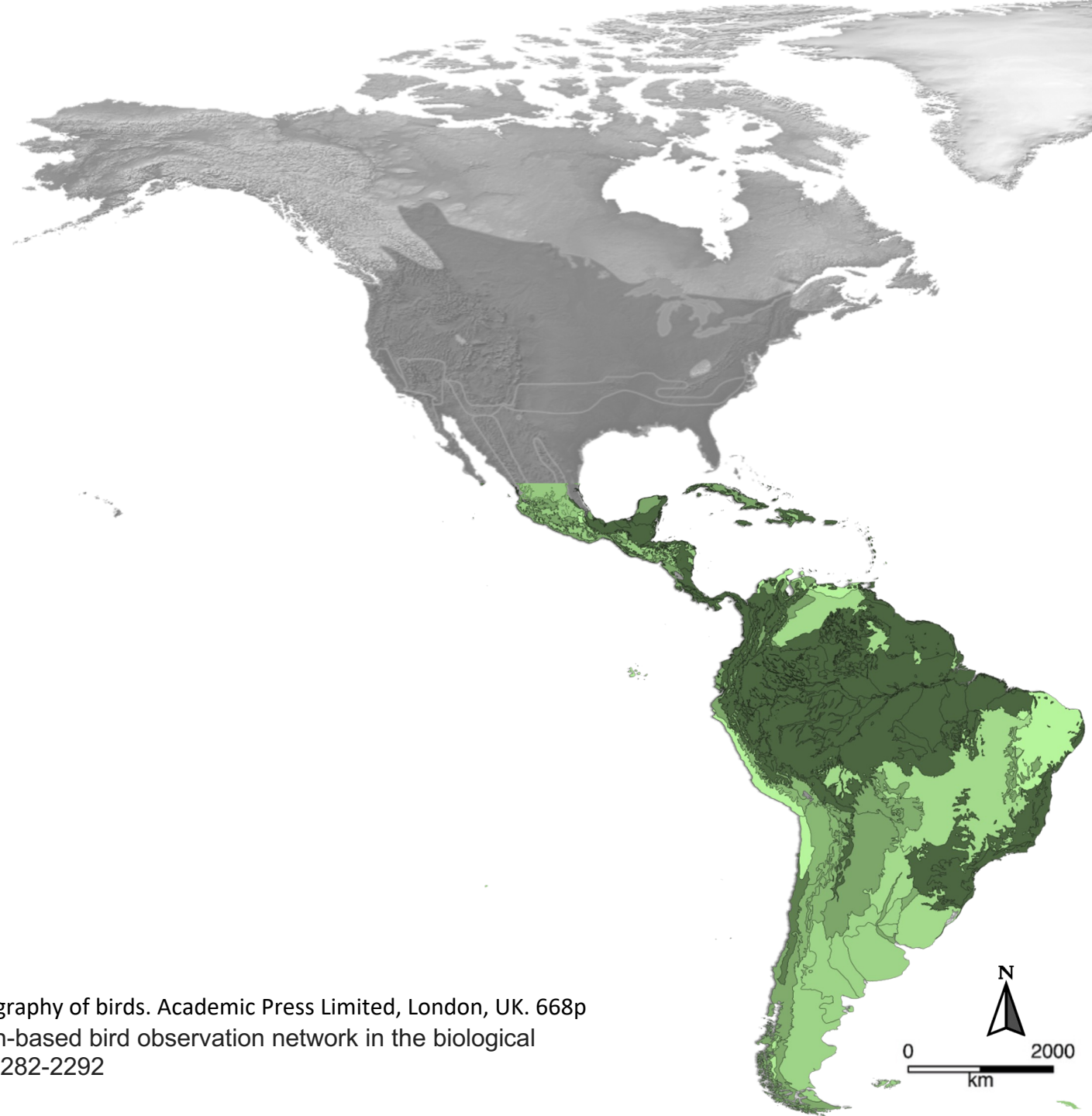
- Es la región **más biodiversa**.
- **>3000 especies de aves** (Newton 2003).



<https://ebird.org/hotspots>



Newton, I. 2003. The speciation and biogeography of birds. Academic Press Limited, London, UK. 668p
Sullivan, B.L., *et al.* 2009. eBird: a citizen-based bird observation network in the biological sciences. *Biological Conservation* 142: 2282-2292



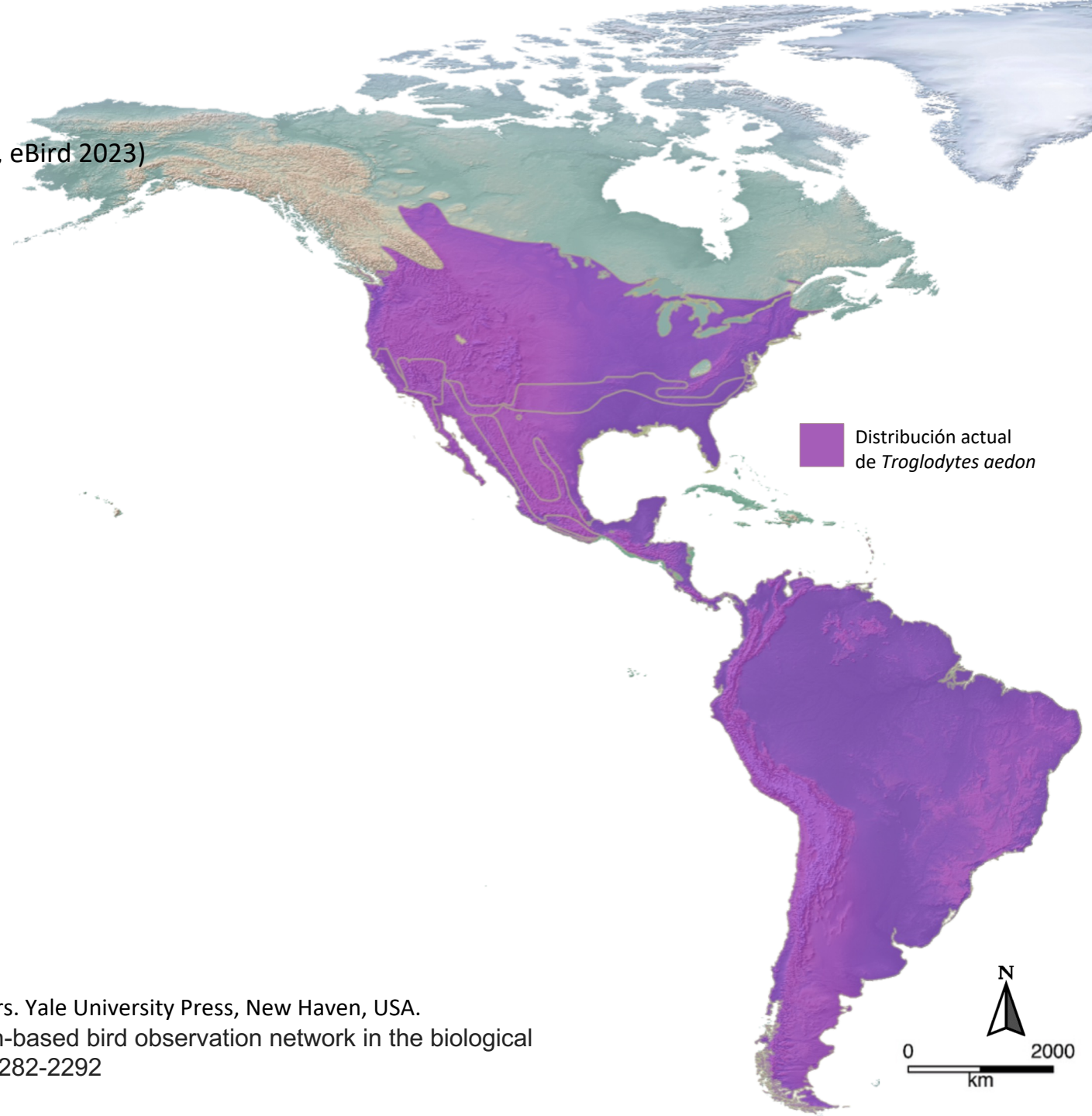
El Neotrópico

- Es la región **más biodiversa**.
- **>3000 especies de aves** (Newton 2003).
- Múltiples factores de **especiación alopátrica**: cordillera de los Andes, ríos amazónicos, etc.
- Múltiples especies de amplia distribución, donde poblaciones tienen **distintas historias evolutivas**.



La ratona (*Troglodytes aedon*)

- Distribución transcontinental continua (Brewer 2001, eBird 2023)

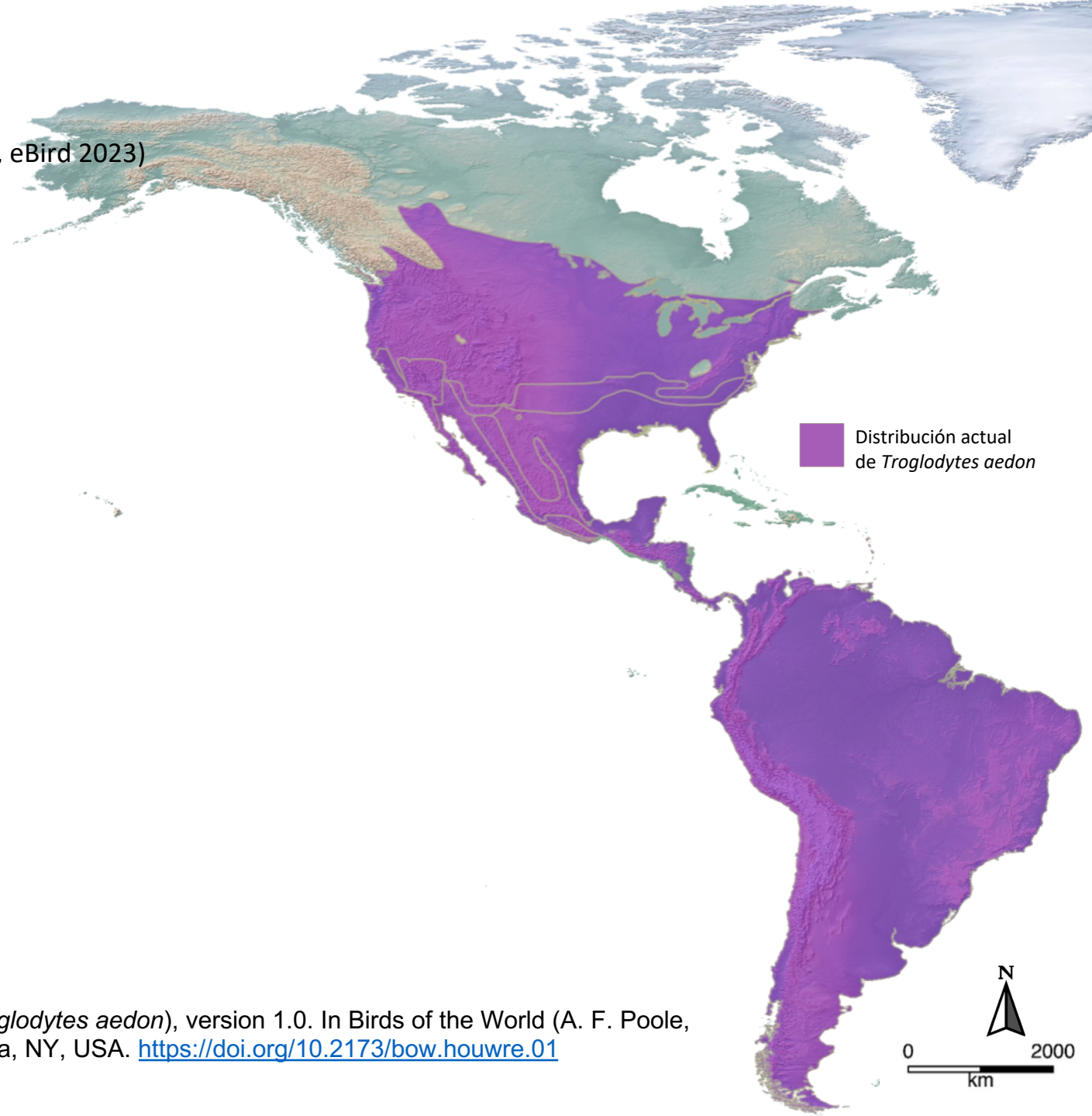


Brewer D. 2001 Wrens, dippers and thrashers. Yale University Press, New Haven, USA.

Sullivan, B.L., *et al.* 2009. eBird: a citizen-based bird observation network in the biological sciences. *Biological Conservation* 142: 2282-2292

La ratona (*Troglodytes aedon*)

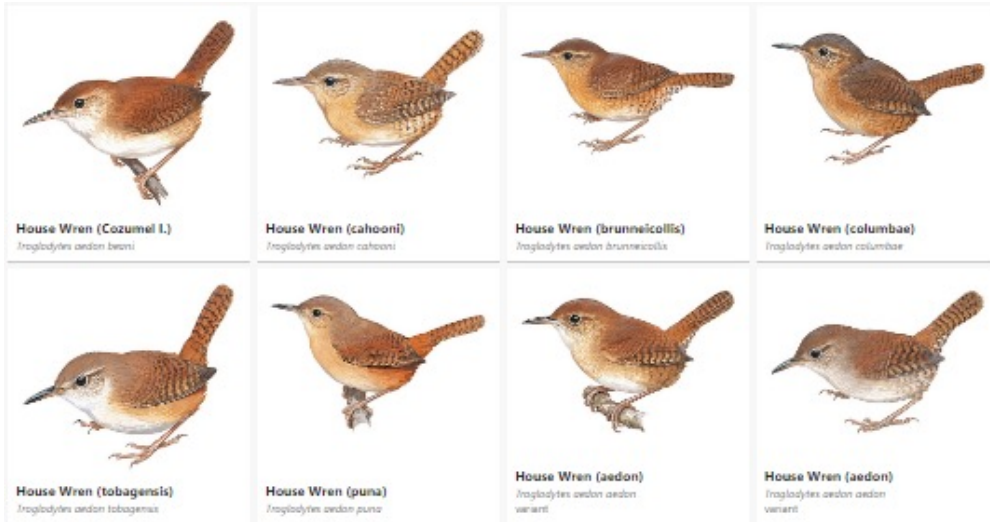
- Distribución transcontinental continua (Brewer 2001, eBird 2023)
- >30 subespecies (Johnson 2020)



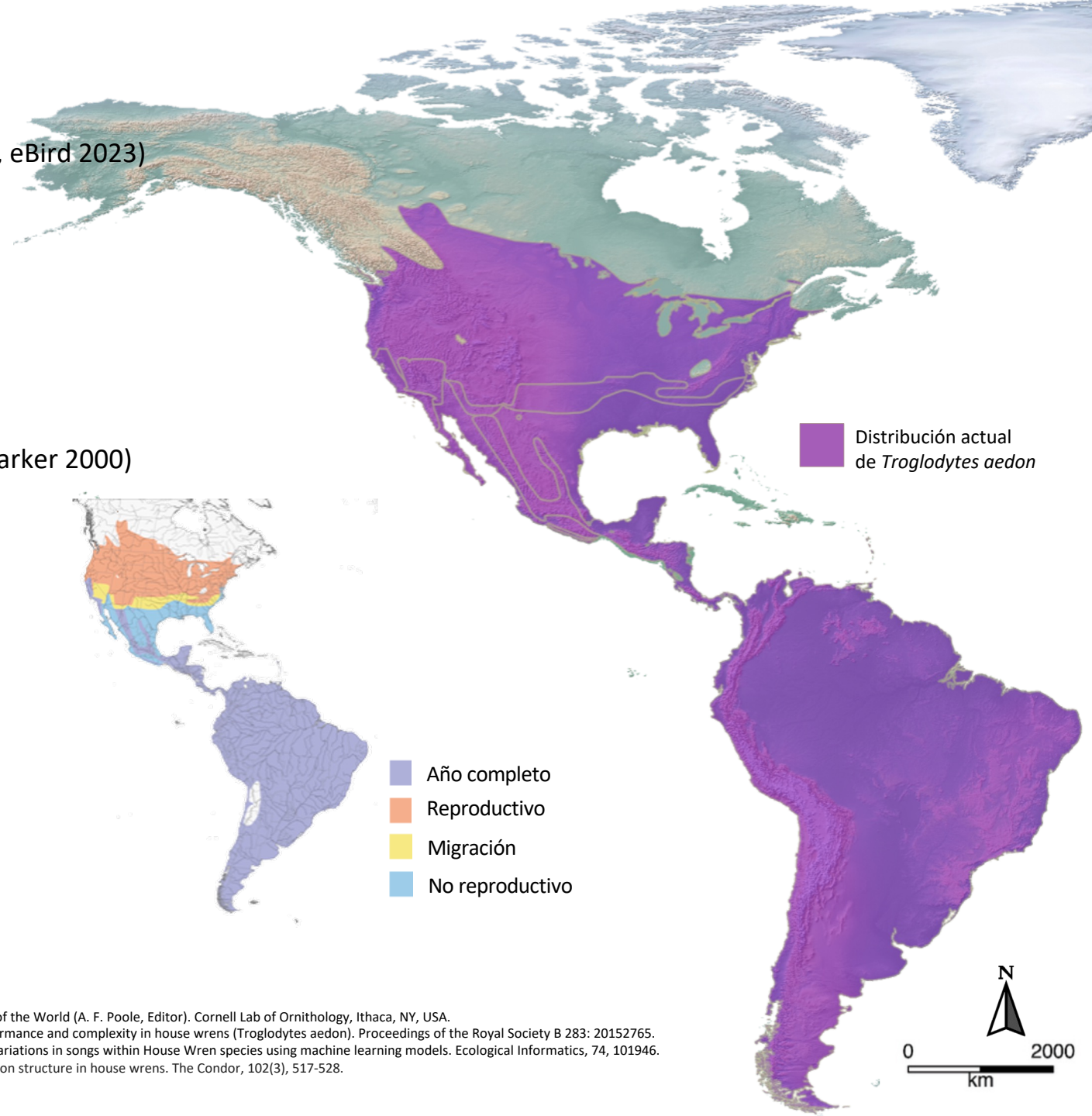
Johnson, L. S. (2020). House Wren (*Troglodytes aedon*), version 1.0. In Birds of the World (A. F. Poole, Editor). Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, NY, USA. <https://doi.org/10.2173/bow.houwre.01>

La ratona (*Troglodytes aedon*)

- Distribución transcontinental continua (Brewer 2001, eBird 2023)
- >30 subespecies (Johnson 2020)
- Variación morfológica y comportamental:
 - Coloración (Johnson 2020)
 - Cantos (Kaluthota *et al.* 2016, Ghani *et al.* 2023)
 - Diferentes movimientos estacionales (Arguedas & Parker 2000)



Johnson, L. S. (2020). House Wren (*Troglodytes aedon*), version 1.0. In Birds of the World (A. F. Poole, Editor). Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, NY, USA.
Kaluthota C, et al. (2016). Transcontinental latitudinal variation in song performance and complexity in house wrens (*Troglodytes aedon*). Proceedings of the Royal Society B 283: 20152765.
Ghani, B., Klinck, H., & Hallerberg, S. (2023). Classification of group-specific variations in songs within House Wren species using machine learning models. Ecological Informatics, 74, 101946.
Arguedas, N., & Parker, P. G. (2000). Seasonal migration and genetic population structure in house wrens. The Condor, 102(3), 517-528.

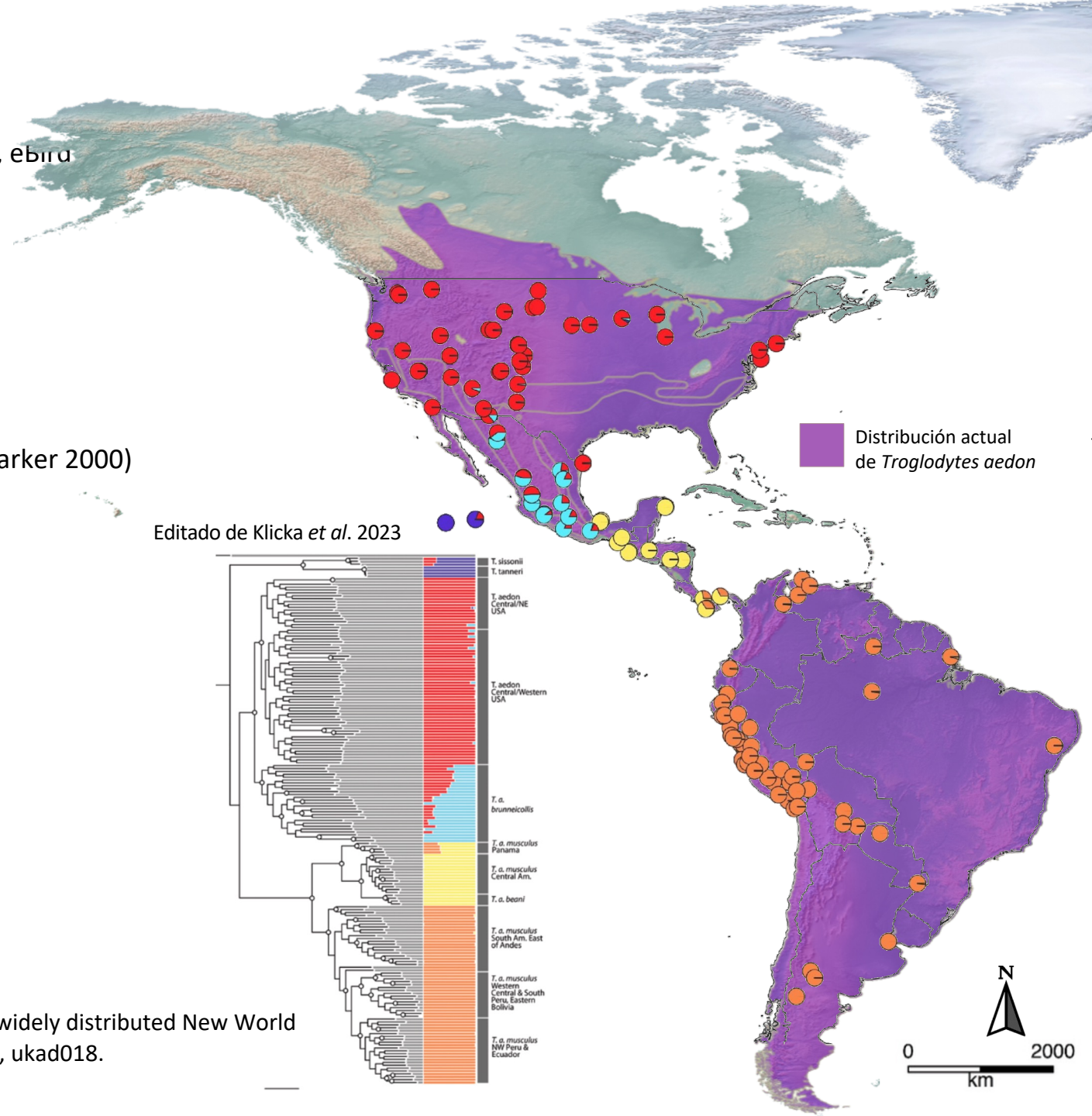


La ratona (*Troglodytes aedon*)

- Distribución transcontinental continua (Brewer 2001, eBird)
- >30 subespecies (Johnson 2020)
- Variación morfológica y comportamental:
 - Coloración (Johnson 2020)
 - Cantos (Kaluthota *et al.* 2016, Ghani *et al.* 2023)
 - Diferentes movimientos estacionales (Arguedas & Parker 2000)
- Múltiples linajes genéticos:
 - e.g.: Klicka *et al.* 2023.

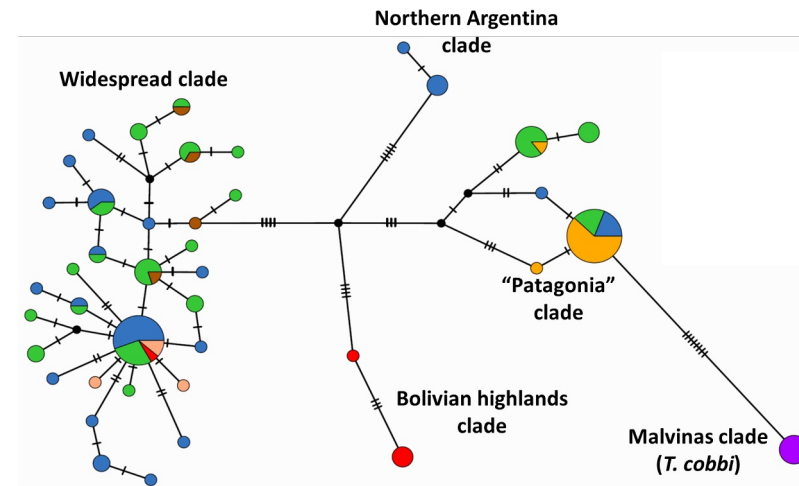


Klicka, J., *et al.* (2023). Lineage diversity in a widely distributed New World passerine bird, the House Wren. *Ornithology*, ukad018.

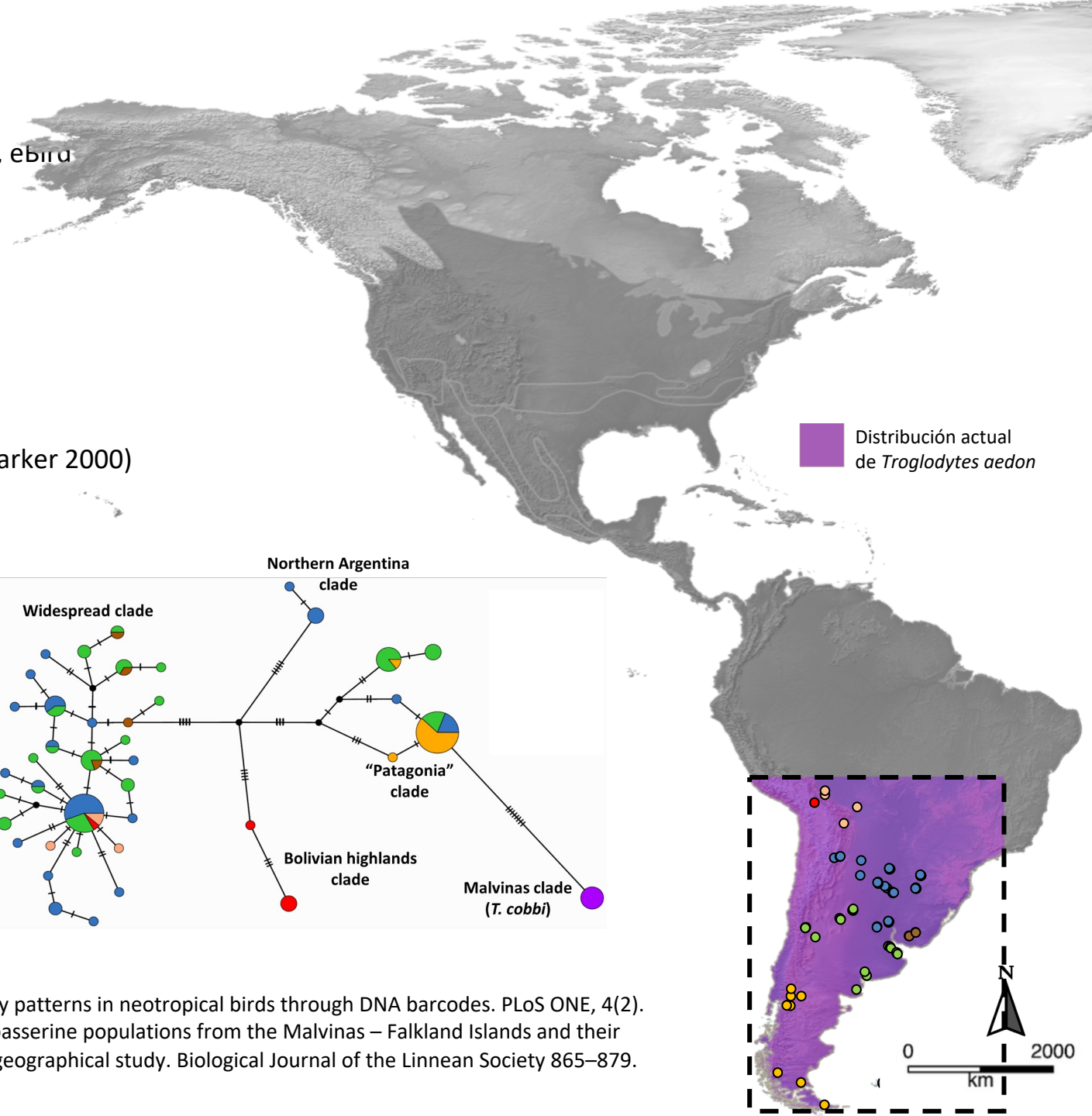


La ratona (*Troglodytes aedon*)

- Distribución transcontinental continua (Brewer 2001, ebird)
- >30 subespecies (Johnson 2020)
- Variación morfológica y comportamental:
 - Coloración (Johnson 2020)
 - Cantos (Kaluthota *et al.* 2016, Ghani *et al.* 2023)
 - Diferentes movimientos estacionales (Arguedas & Parker 2000)
- Múltiples linajes genéticos:
 - e.g.: Klicka *et al.* 2023.
 - Específicamente en Sudamérica:
 - Kerr *et al.* 2009, Campagna *et al.* 2012,
 - Galen *et al.* 2015, Lijtmaer *et al.* in prep.



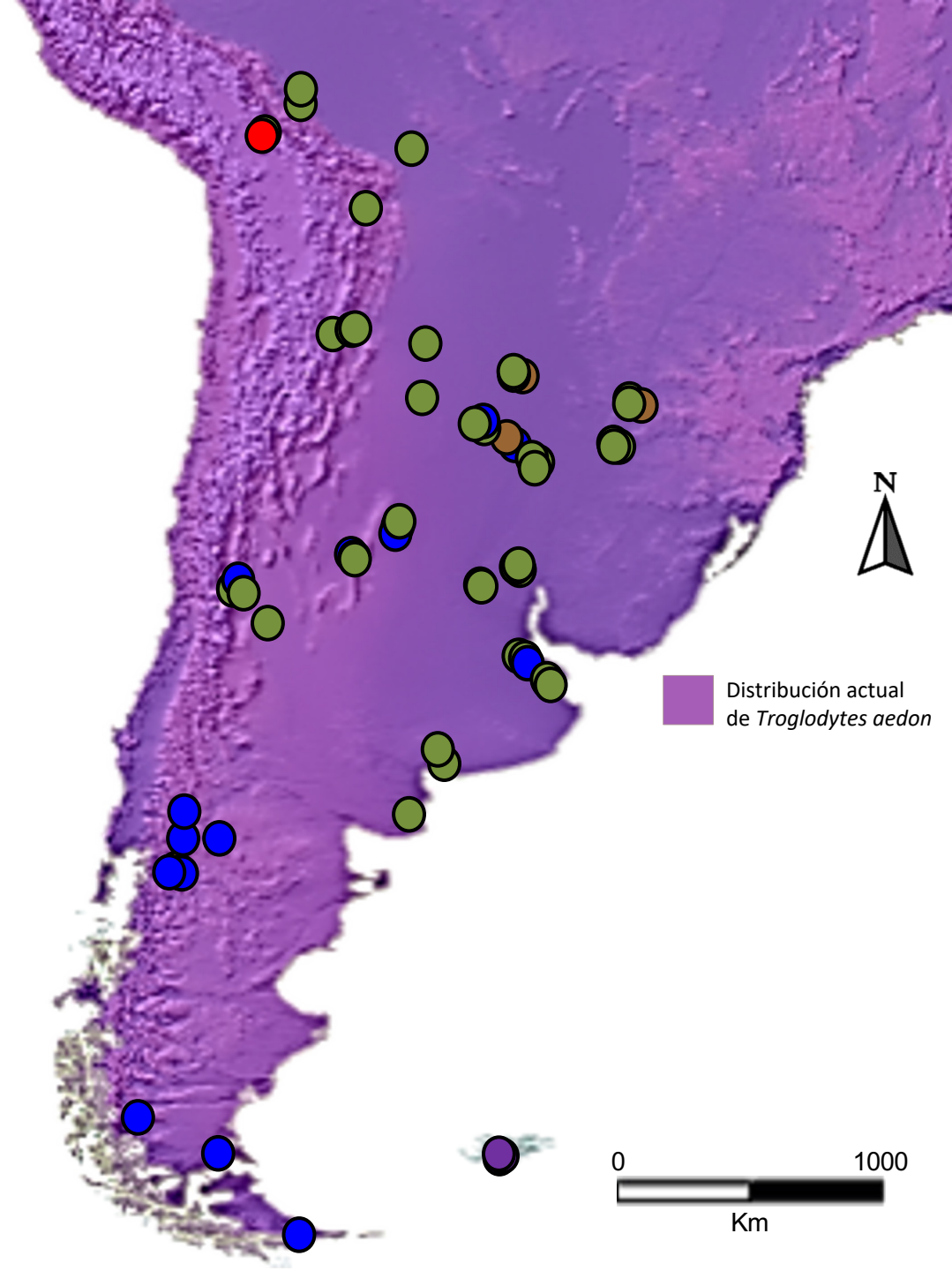
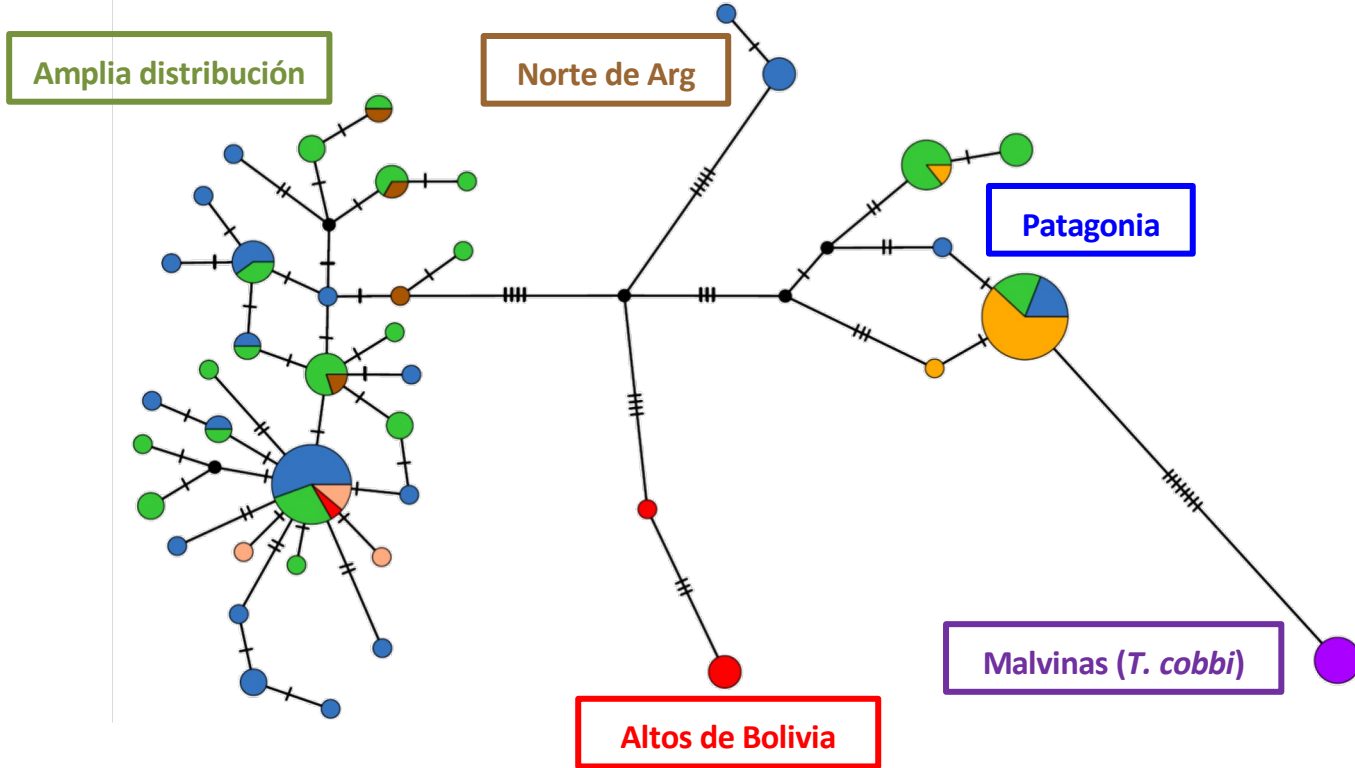
Kerr, K. C. R., et al. (2009). Probing evolutionary patterns in neotropical birds through DNA barcodes. PLoS ONE, 4(2).
Campagna et al. (2012). Divergence between passerine populations from the Malvinas – Falkland Islands and their continental counterparts: a comparative phylogeographical study. Biological Journal of the Linnean Society 865–879.



La zona de contacto

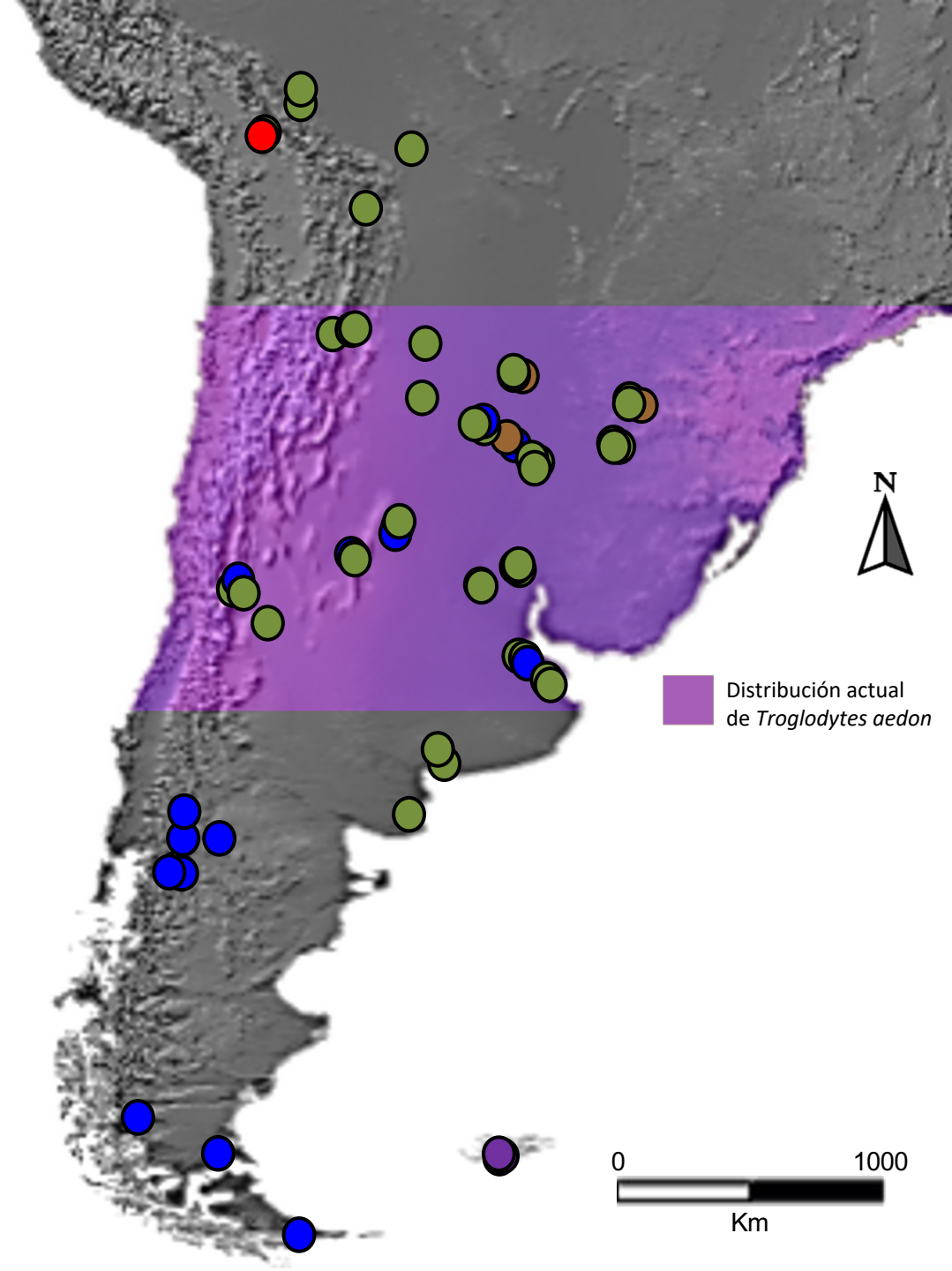
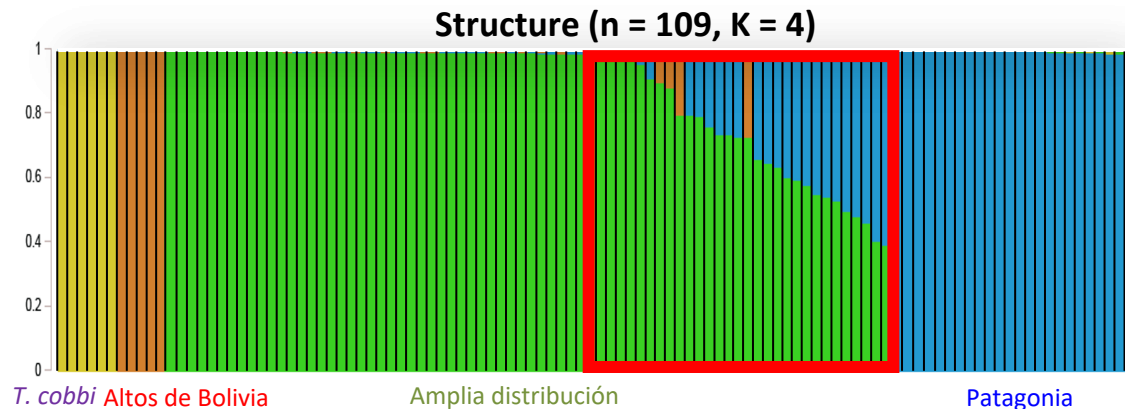
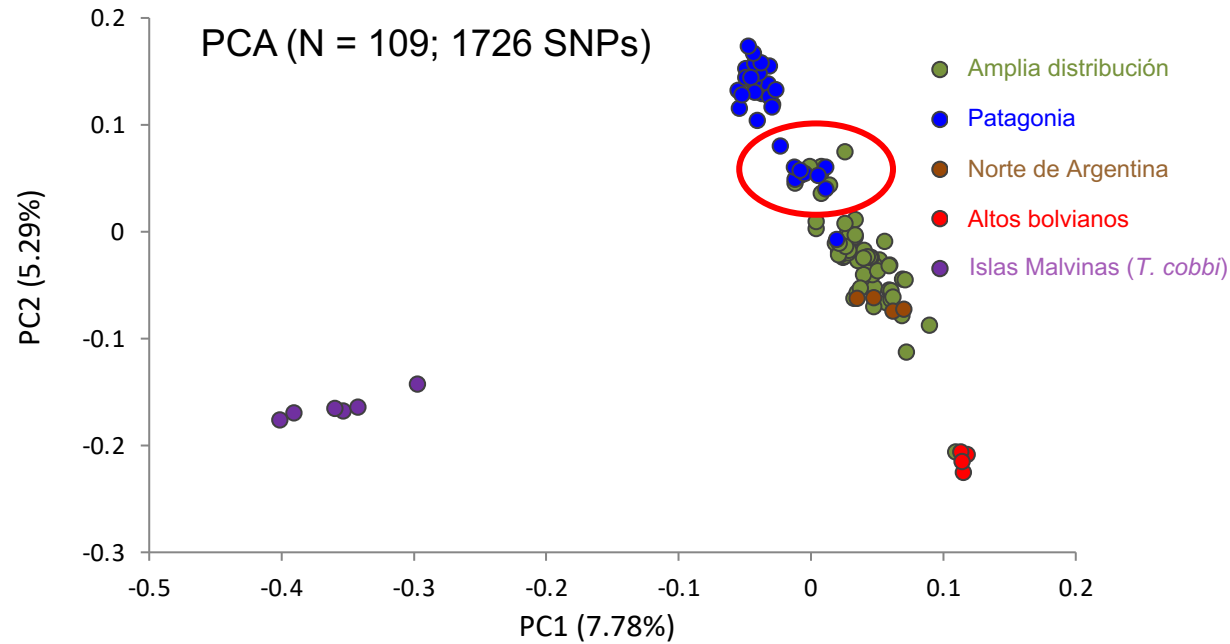
- 5 linajes mitocondriales en el sur de Sudamérica (hasta un 5% de divergencia – separación hace 2 millones de años).

Red de haplotipos de parsimonia estadística (COI; n = 112)



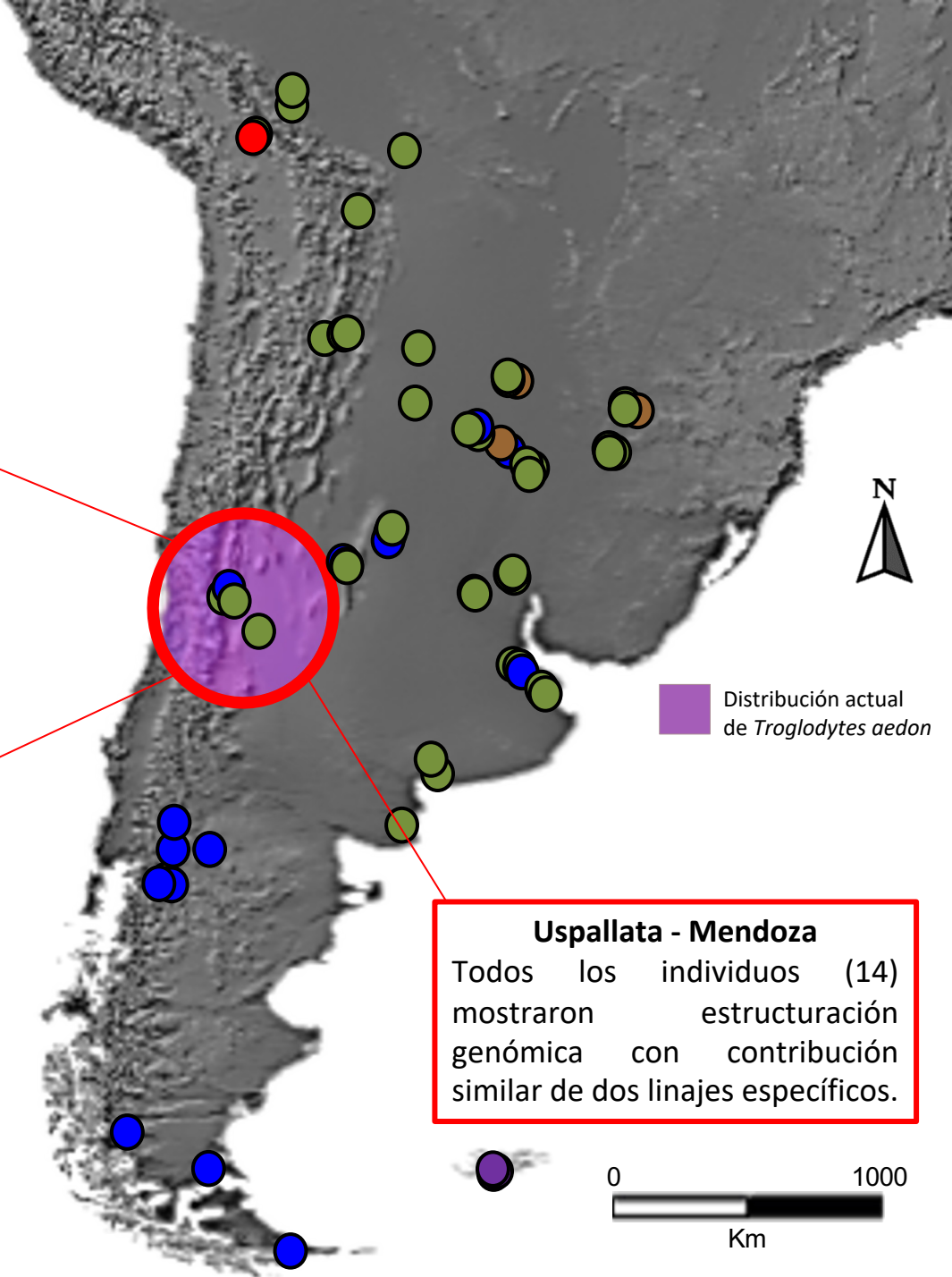
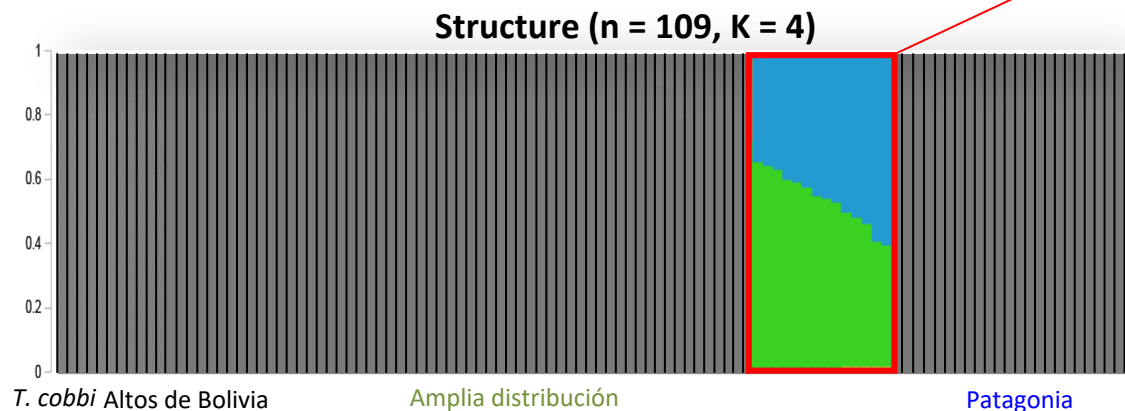
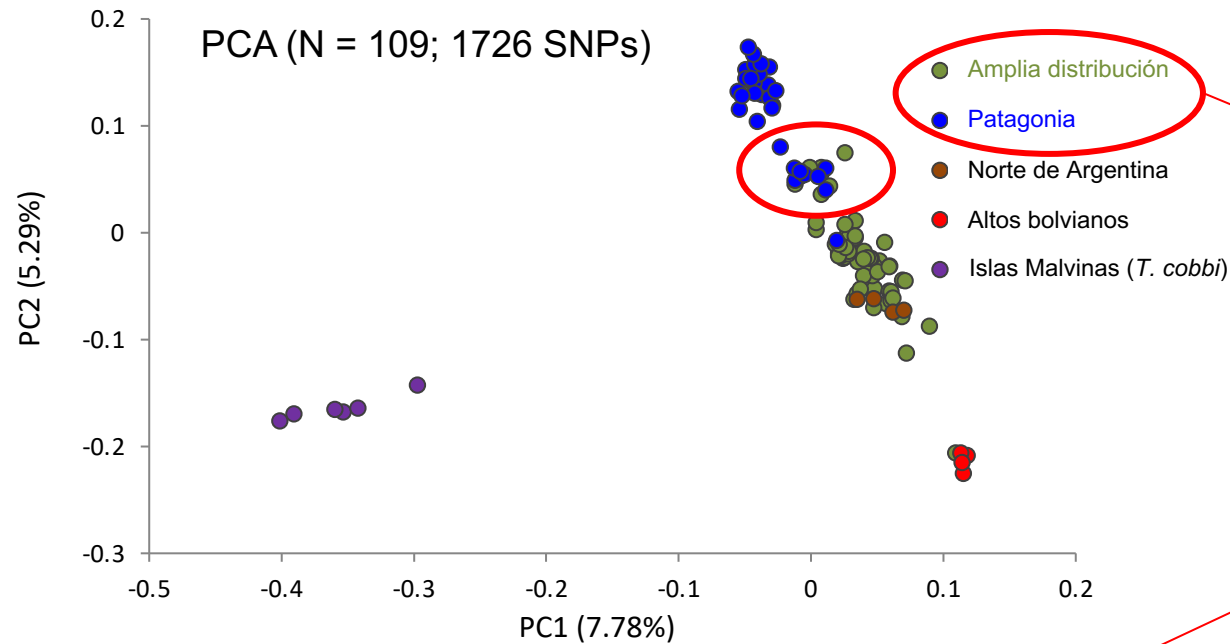
La zona de contacto

- **5 linajes mitocondriales** en el sur de Sudamérica (hasta un 5% de divergencia – **separación hace 2 millones de años**).
- Presencia de flujo génico entre linajes y **contenido genómico “mezclado y estructurado”** en el centro de Argentina.



La zona de contacto

- **5 linajes mitocondriales** en el sur de Sudamérica (hasta un 5% de divergencia – **separación hace 2 millones de años**).
- Presencia de flujo génico entre linajes y **contenido genómico “mezclado y estructurado”** en el centro de Argentina.



Objetivos



Objetivos

1. Estudiar si existe apareamiento selectivo entre los linajes de ratona en la zona de contacto de Uspallata.

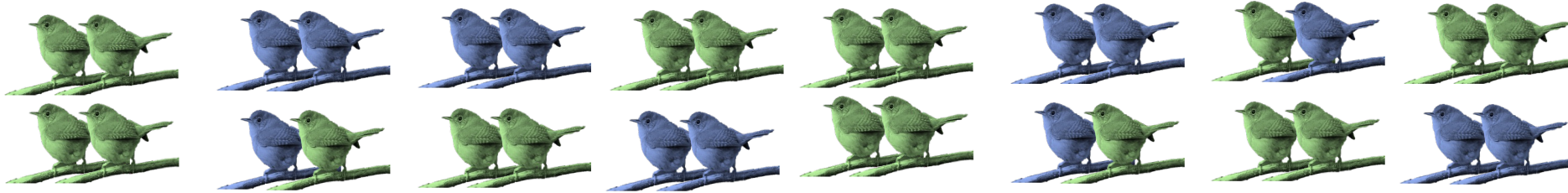


Objetivos

1. Estudiar si existe apareamiento selectivo entre los linajes de ratona en la zona de contacto de Uspallata.

H: las ratonas en la zona de contacto se aparean de manera selectiva con individuos de su mismo linaje.

P: > número de parejas del mismo linaje que lo esperado por azar.

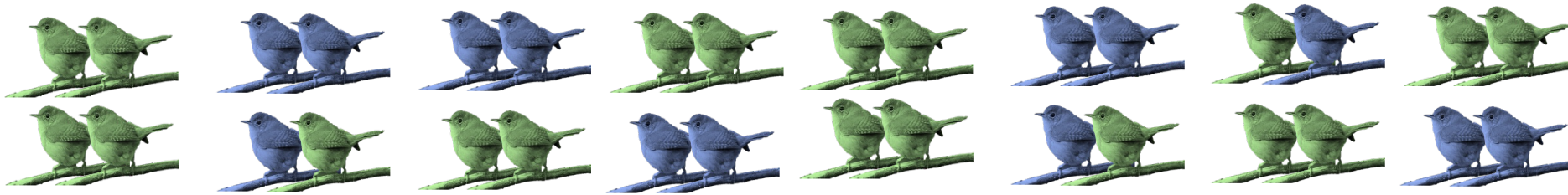


Objetivos

1. Estudiar si existe apareamiento selectivo entre los linajes de ratona en la zona de contacto de Uspallata.

H: las ratonas en la zona de contacto se aparean de manera selectiva con individuos de su mismo linaje.

P: > número de parejas del mismo linaje que lo esperado por azar.



2. Estudiar si la divergencia genética entre los integrantes de la pareja afecta la viabilidad de la progenie.

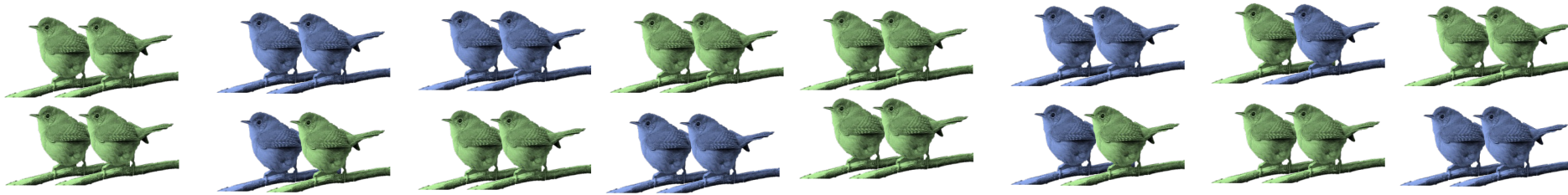


Objetivos

1. Estudiar si existe apareamiento selectivo entre los linajes de ratona en la zona de contacto de Uspallata.

H: las ratonas en la zona de contacto se aparean de manera selectiva con individuos de su mismo linaje.

P: > número de parejas del mismo linaje que lo esperado por azar.



2. Estudiar si la divergencia genética entre los integrantes de la pareja afecta la viabilidad de la progenie.

H: la divergencia genética entre los integrantes de la pareja tiene un efecto sobre la producción de pichones en alguna de las etapas de nidificación.

P: las variables asociadas a la nidificación presentarán una asociación negativa con la distancia genética entre los integrantes de la pareja.



Área de estudio:

- **Uspallata**, Mendoza, Argentina ($32^{\circ}34'00''\text{S}$ $69^{\circ}19'00''\text{O}$, alt: 2039).
- Forestación (400 x 400 m) de *Populus* con ≈ 50 cajas nido.



Foto: Paulo Llambías



Muestreo

- 2 temporadas reproductivas (2015 - 2016).
- Anillado y muestreo de sangre de parejas y pichones.
- Vars. de nidificación: Número de huevos, pichones y volantones.
- Viabilidad de los pichones:
 - Éxito de eclosión (pichones eclosionados / huevos);
 - Éxito de volantoneo (volantones / pichones eclosionados);
 - Éxito general (volantones / huevos).



Fotos: Paulo Llambías

Ubicación de las Cajas nido.



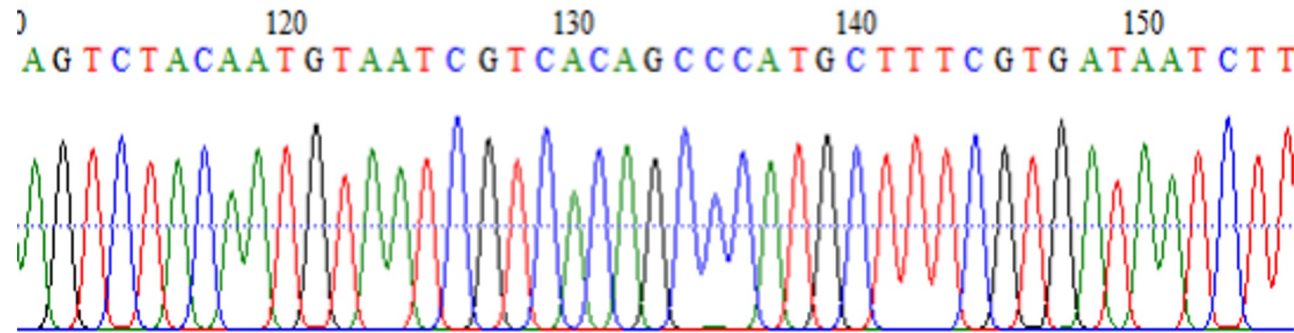
Ratona anillada ocupando caja.



Nido y huevos de Ratona.

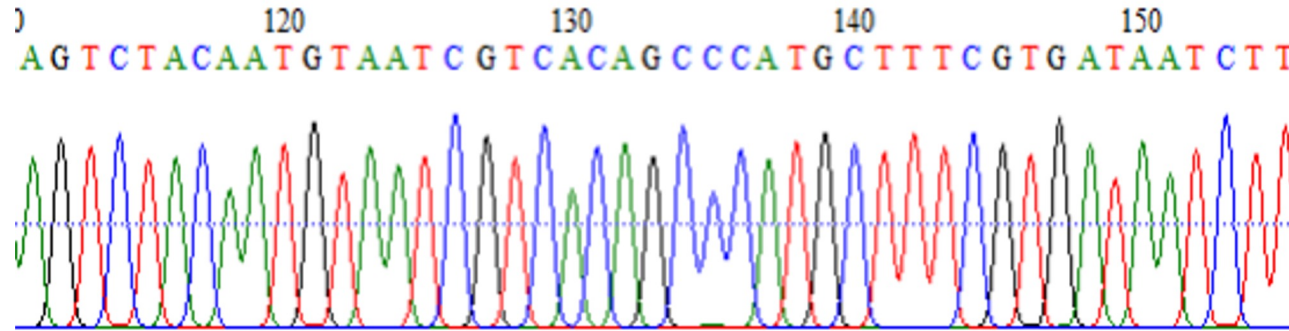
Asignación al linaje correspondiente

Amplificación (PCR) y secuenciación Sanger de fragmento de COI.

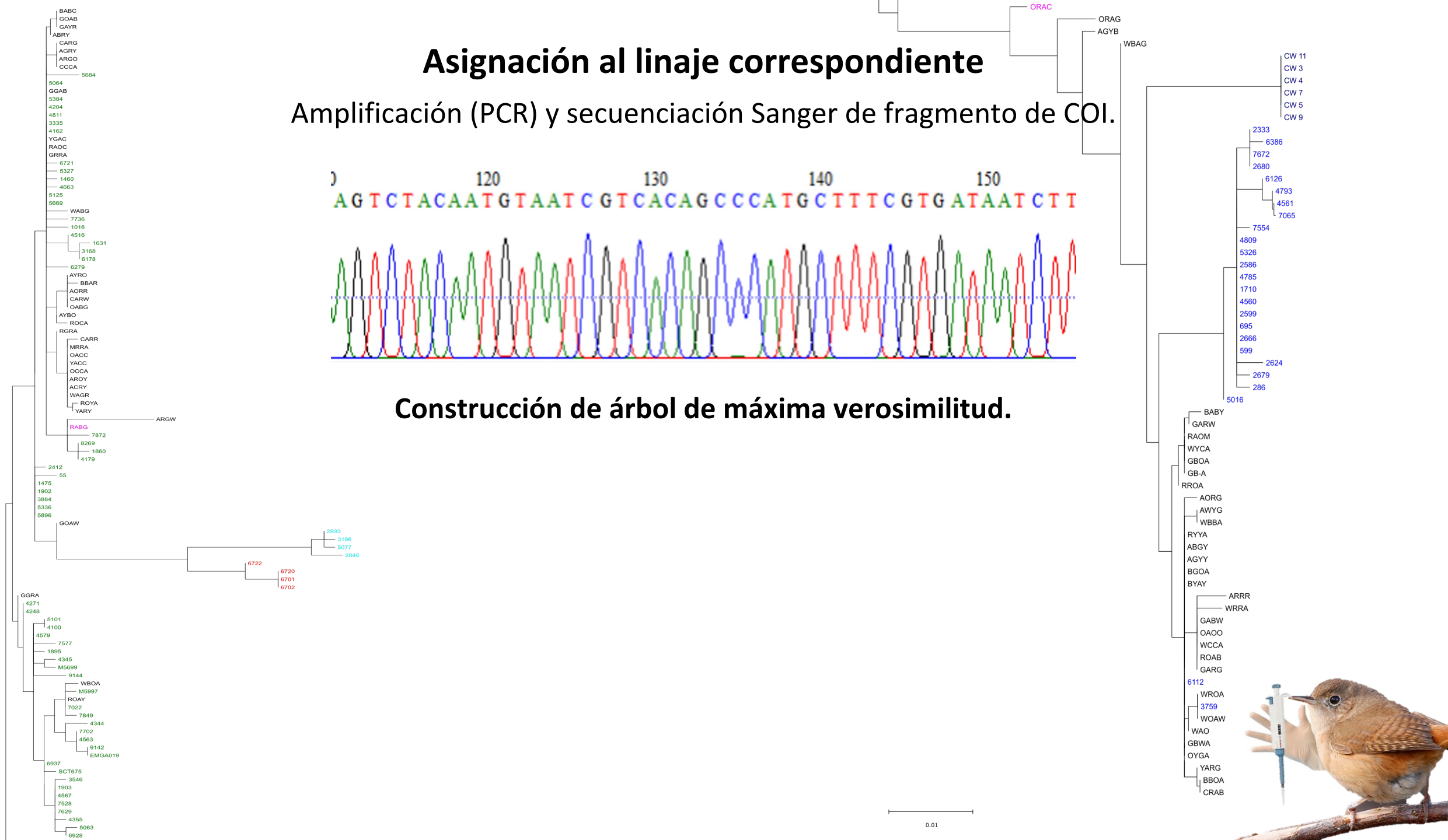


Asignación al linaje correspondiente

Amplificación (PCR) y secuenciación Sanger de fragmento de COI.

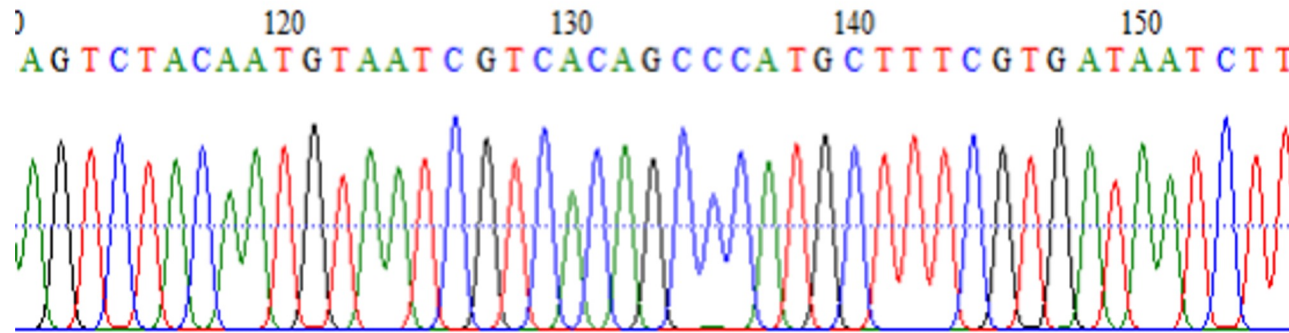


Construcción de árbol de máxima verosimilitud.



Asignación al linaje correspondiente

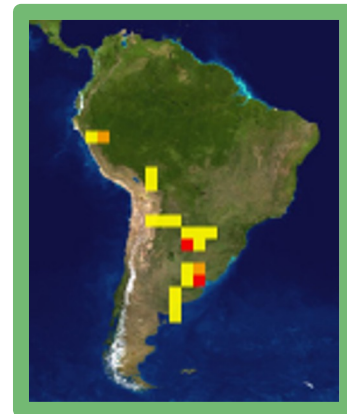
Amplificación (PCR) y secuenciación Sanger de fragmento de COI.



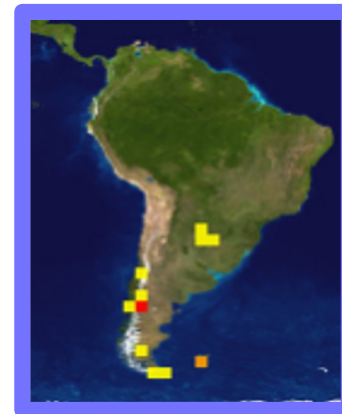
Construcción de árbol de máxima verosimilitud.

Asignación por similitud.

Amplia distribución



Patagonia



0.01



Análisis de datos

¿Apareamiento selectivo?

Viabilidad de progenie ~ distancia genética en COI?



Análisis de datos

¿Apareamiento selectivo?

Pruebas de independencia en parejas de distinto y mismo linaje.

`chisq.test()`

`fisher.test()`



Viabilidad de progenie ~ distancia genética en COI?

MLGMs y MAGUSs entre variables de viabilidad y la distancia genética mitocondrial entre miembros de la pareja.

`glmmTMB()` – package (glmmTMB)

`gamlss()` – package (gamlss)



v. 4.2.1

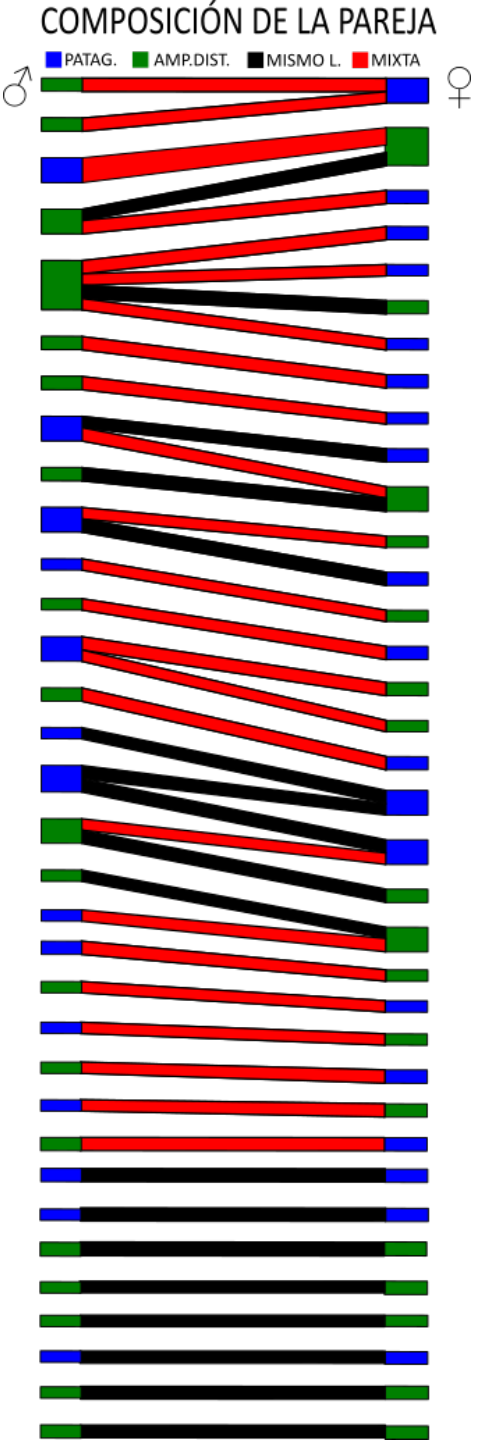
$p = 0,05$

R Core Team (2022). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL: <https://www.R-project.org/>.
Mollie E. Brooks, *et al.* (2017). glmmTMB Balances Speed and Flexibility Among Packages for Zero-inflated Generalized Linear Mixed Modeling. The R Journal, 9(2), 378-400. doi: 10.32614/RJ-2017-066.

Rigby R.A. and Stasinopoulos D.M. (2005). Generalized additive models for location, scale and shape,(with discussion), Appl. Statist., 54, part 3, pp 507-554.



Resultados

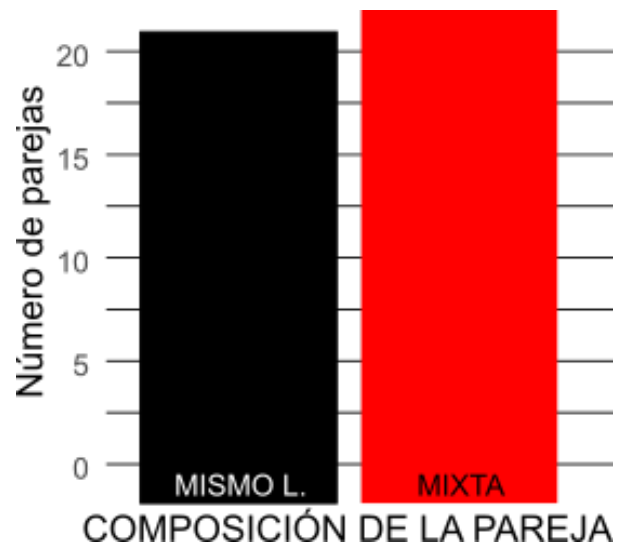
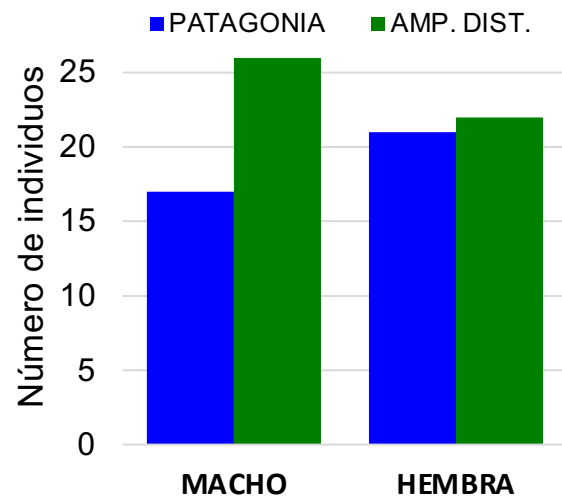
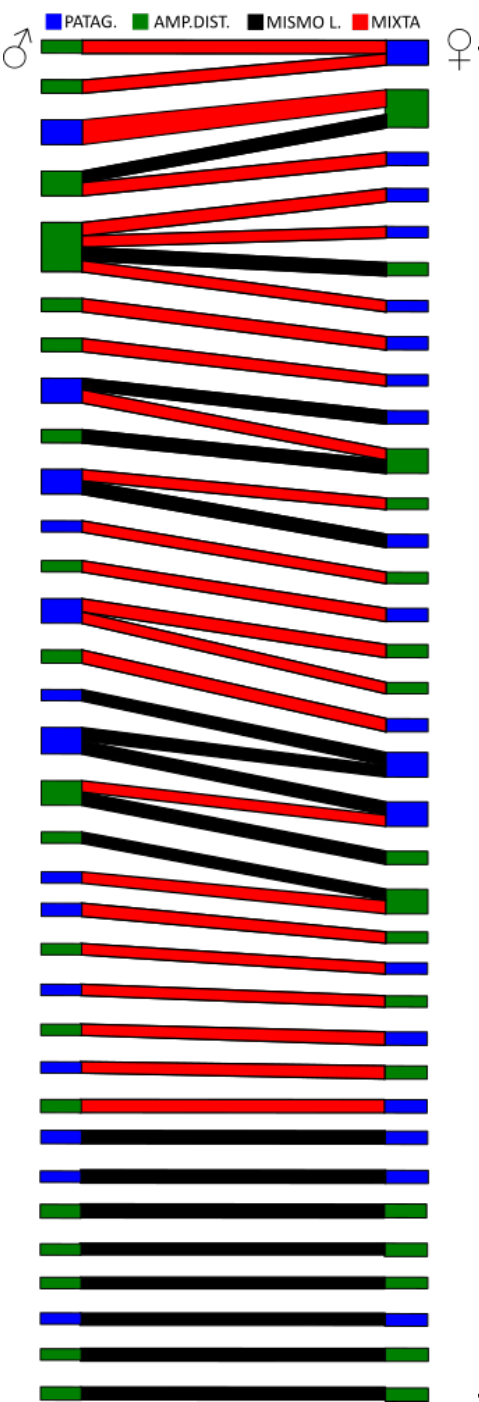


¿Apareamiento selectivo?

- n = 43 parejas.



COMPOSICIÓN DE LA PAREJA

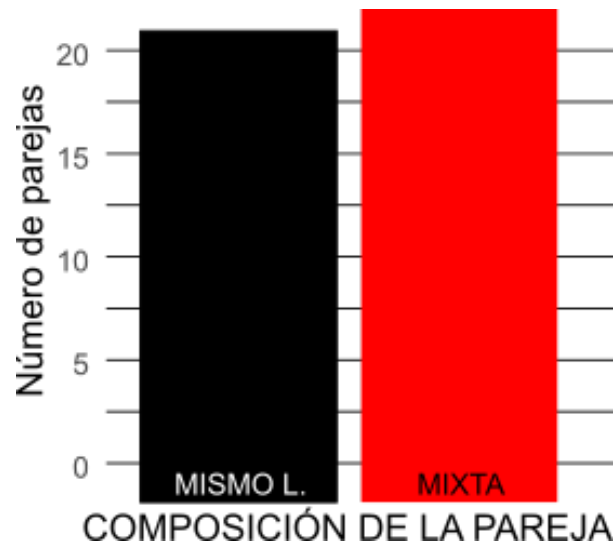
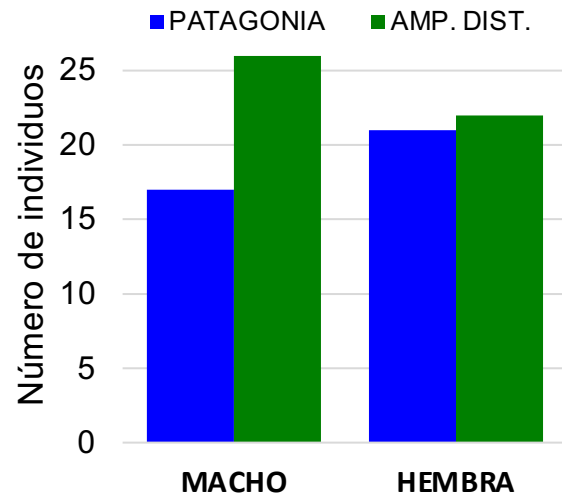
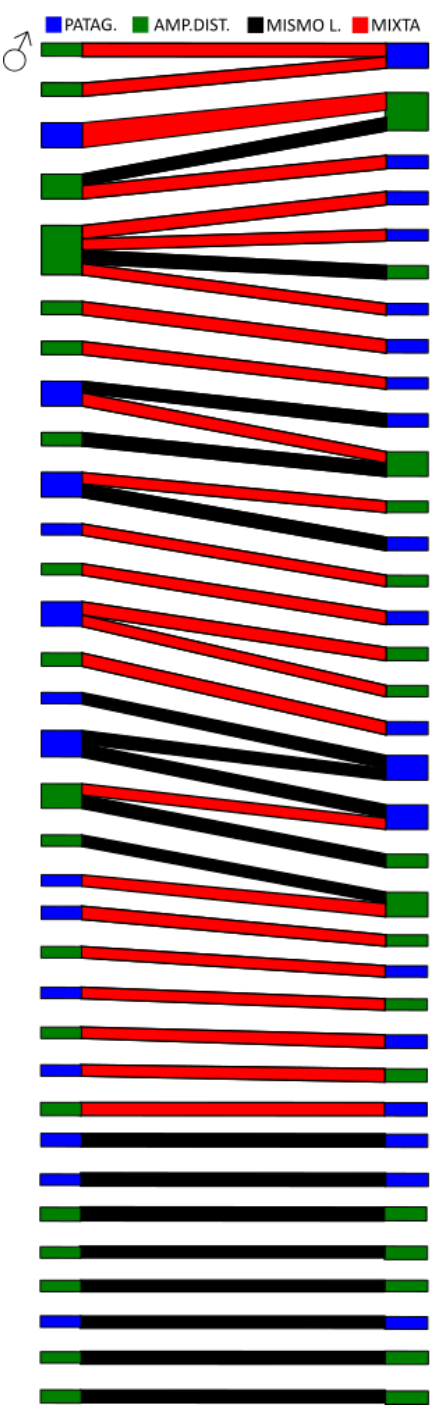


¿Apareamiento selectivo?

- n = 43 parejas.
- Buena representación de ambos linajes.
- Ningún patrón de preferencia aparente.



COMPOSICIÓN DE LA PAREJA



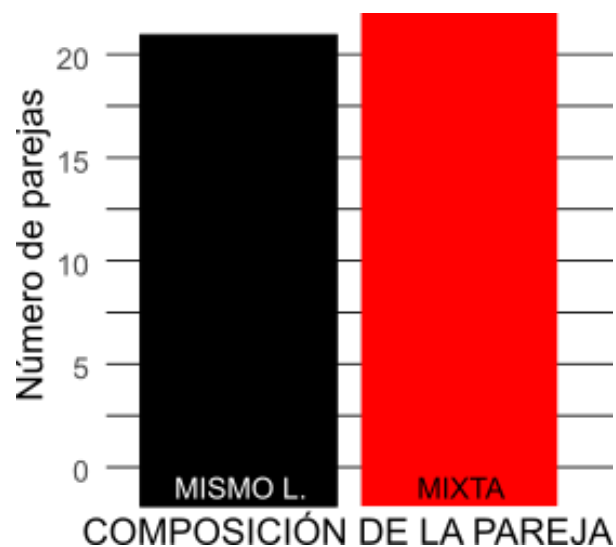
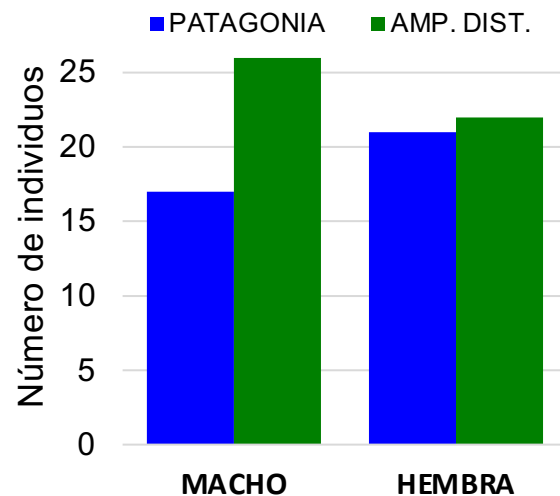
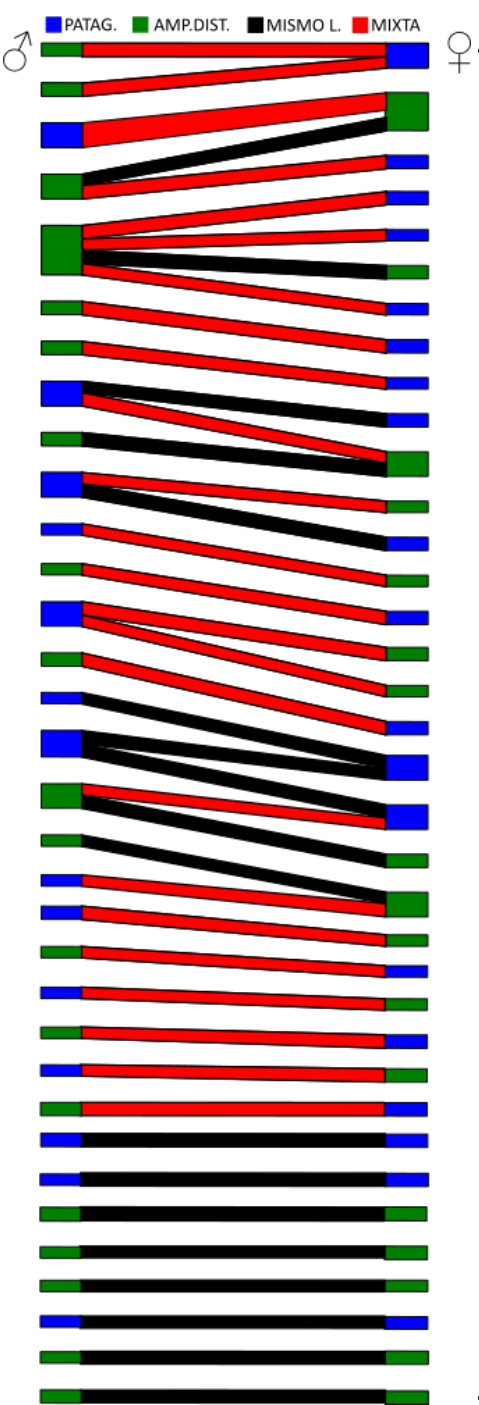
¿Apareamiento selectivo?

- n = 43 parejas.
- Buena representación de ambos linajes.
- Ningún patrón de preferencia aparente.
- La probabilidad de que una pareja esté compuesta por individuos del mismo o distinto linaje no fue distinta de lo esperado por azar.

Temporada reprod.	2015		2016	
Test de independencia	χ^2	Test de Fisher	χ^2	Test de Fisher
Estimador	0.04	0.93	0.04	0.81
Valor de T	≈1	≈1	≈1	≈1
Grados de libertad	1	-	1	-
Significancia	NS	NS	NS	NS



COMPOSICIÓN DE LA PAREJA



¿Apareamiento selectivo?

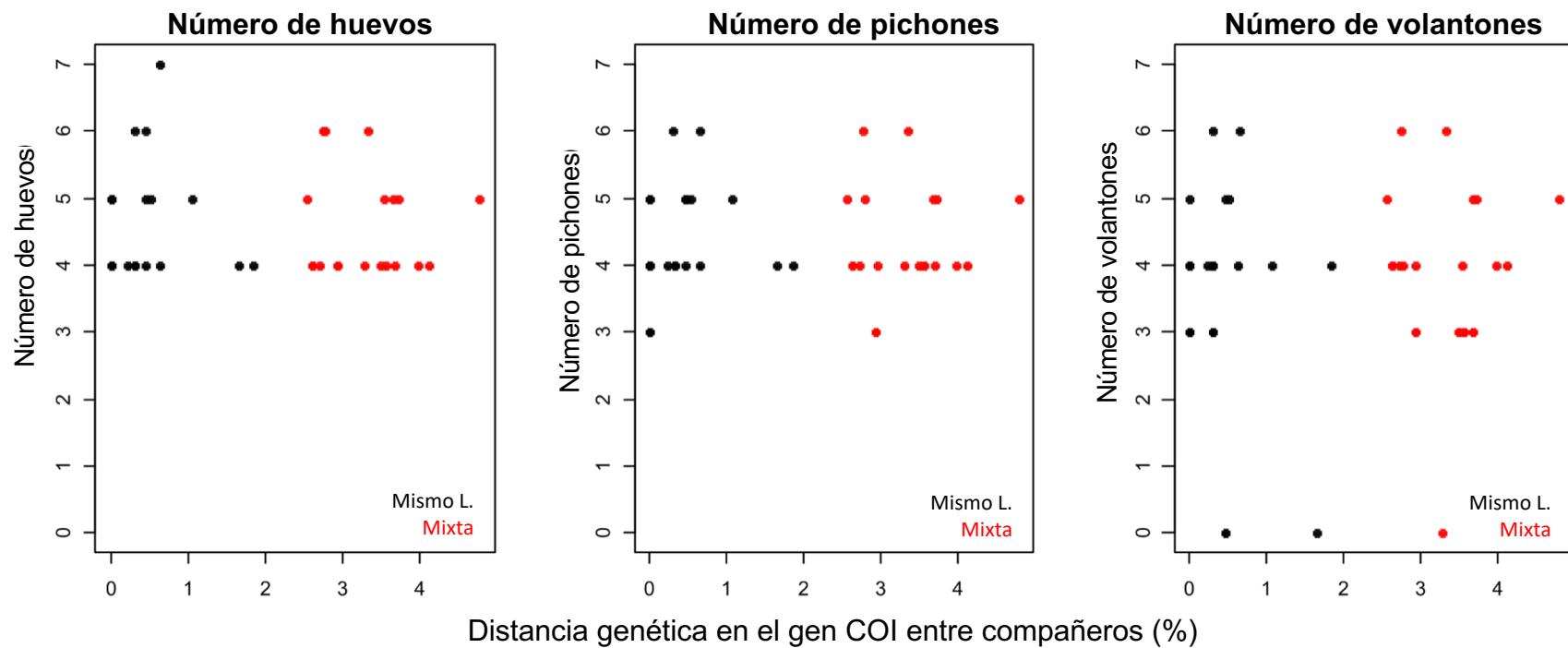
- n = 43 parejas.
- Buena representación de ambos linajes.
- Ningún patrón de preferencia aparente.
- La probabilidad de que una pareja esté compuesta por individuos del mismo o distinto linaje no fue distinta de lo esperado por azar.

Temporada reprod.	2015		2016	
Test de independencia	χ^2	Test de Fisher	χ^2	Test de Fisher
Estimador	0.04	0.93	0.04	0.81
Valor de T	≈ 1	≈ 1	≈ 1	≈ 1
Grados de libertad	1	-	1	-
Significancia	NS	NS	NS	NS

NO HAY APAREAMIENTO SELECTIVO

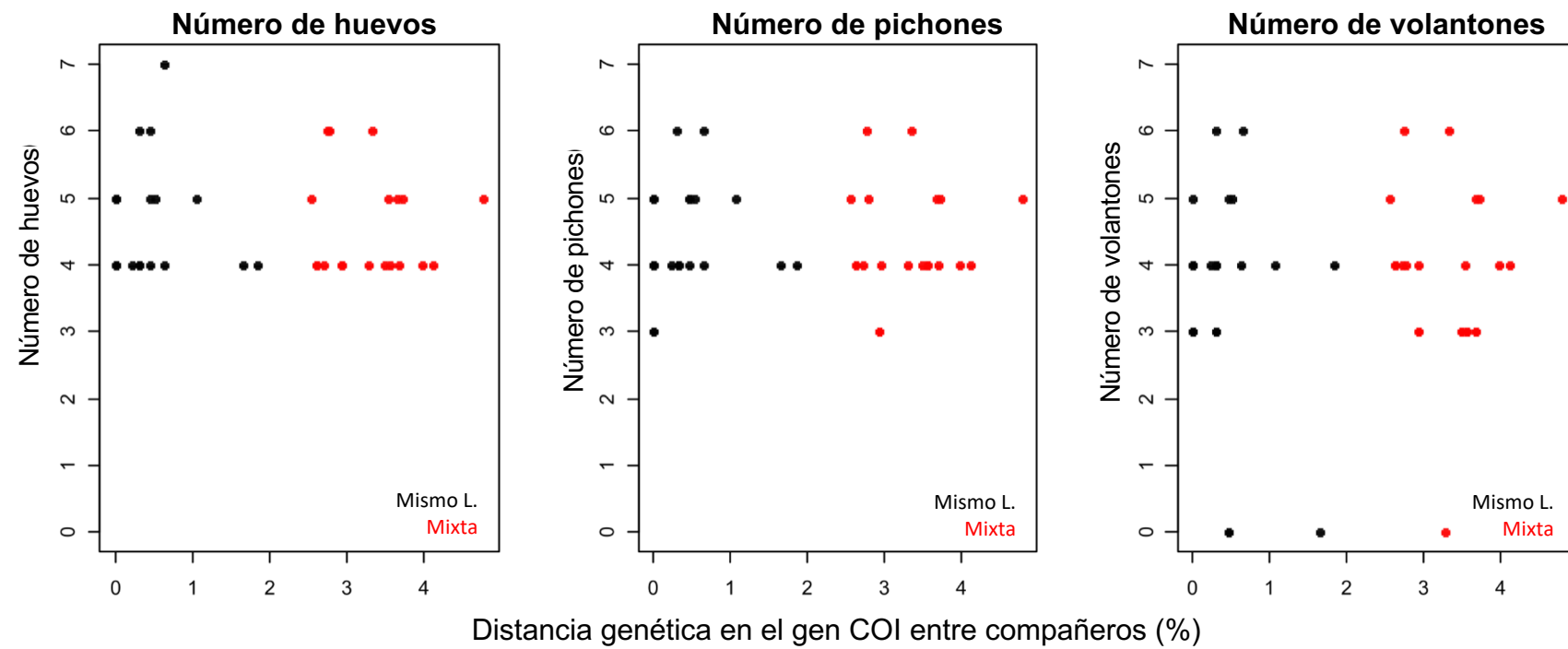


Variables de nidificación



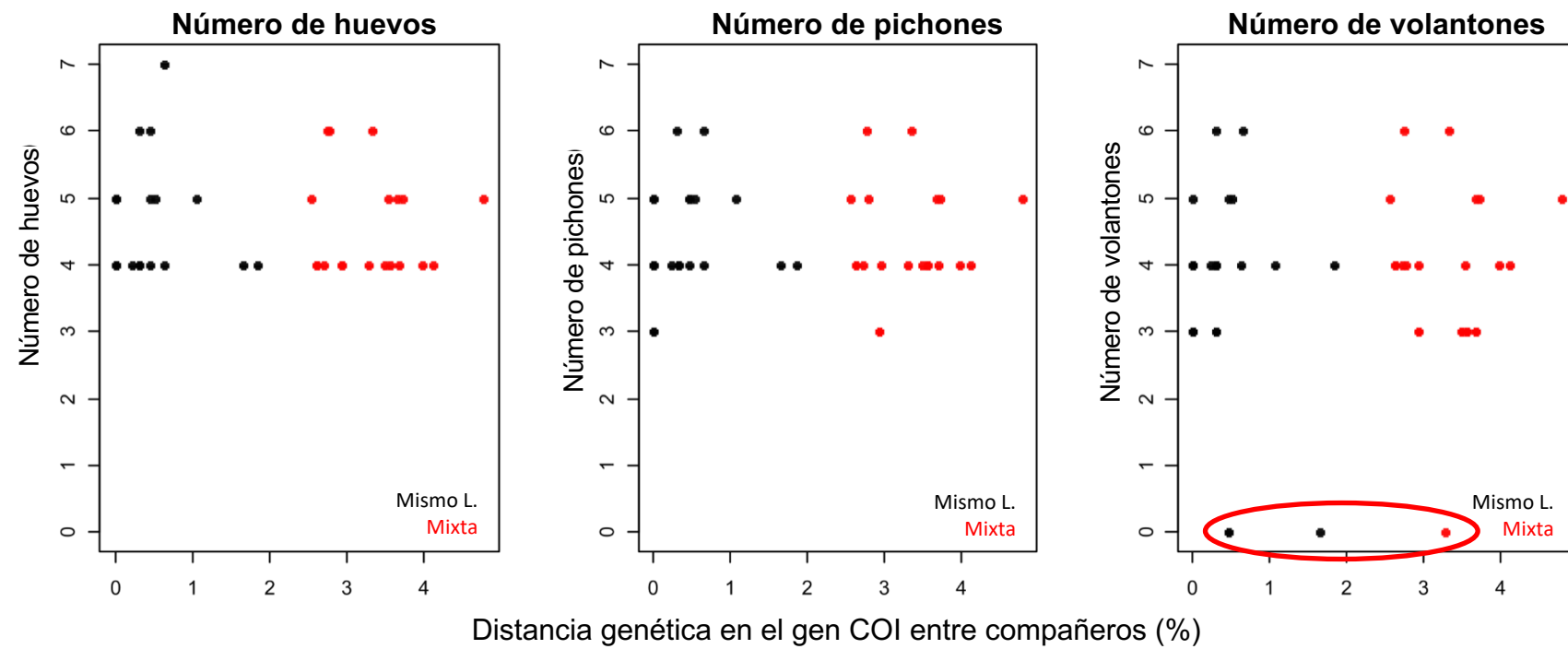
Variables de nidificación

- Las parejas de ambas composiciones sufrieron pérdidas entre etapas.
- Fallas completas en etapa de pichones por predación.
- No hubo asociación significativa con la distancia genética mitocondrial entre



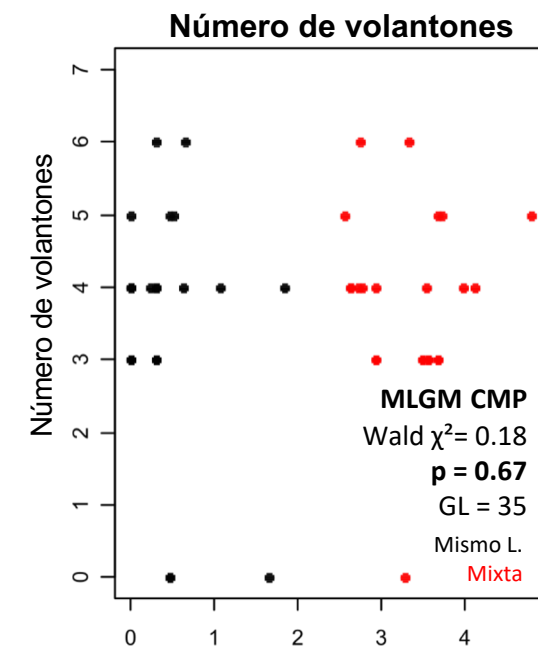
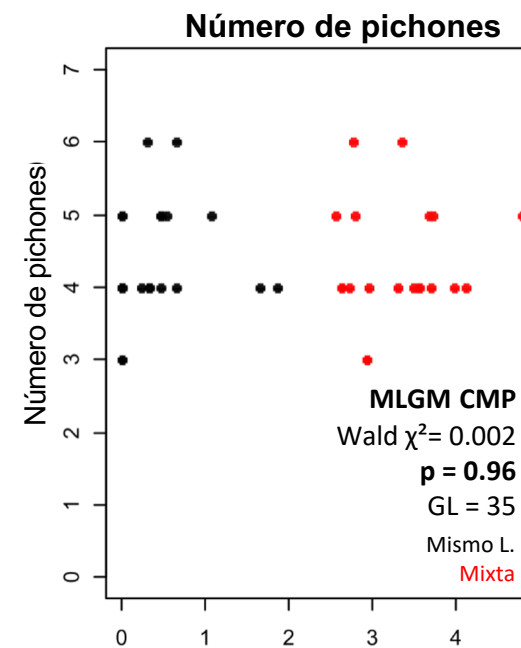
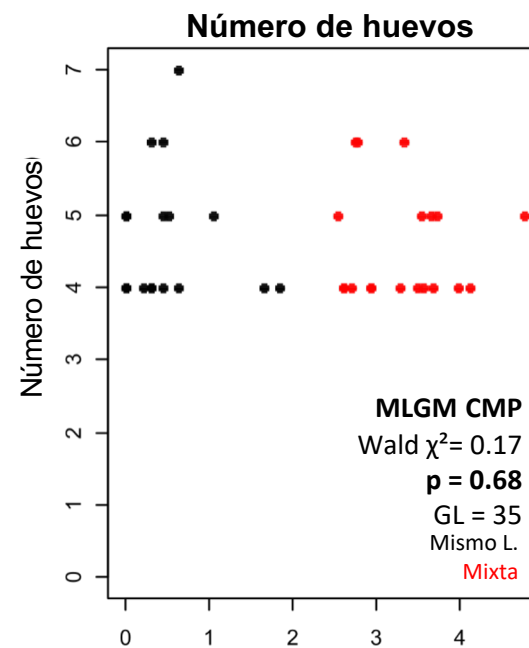
Variables de nidificación

- Las parejas de ambas composiciones sufrieron pérdidas entre etapas.
- Fallas completas en etapa de pichones por predación.**
- No hubo asociación significativa con la distancia genética mitocondrial entre



Variables de nidificación

- Las parejas de ambas composiciones sufrieron pérdidas entre etapas.
- Fallas completas en etapa de pichones por predación.
- No hubo asociación significativa con la distancia genética mitocondrial entre miembros de la pareja.**

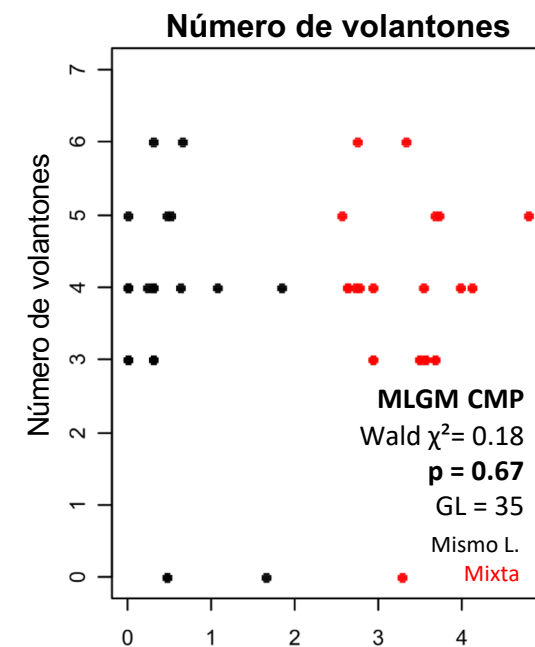
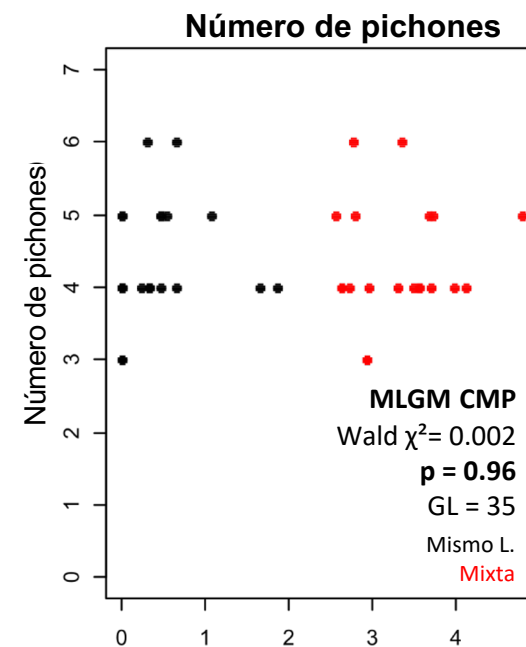
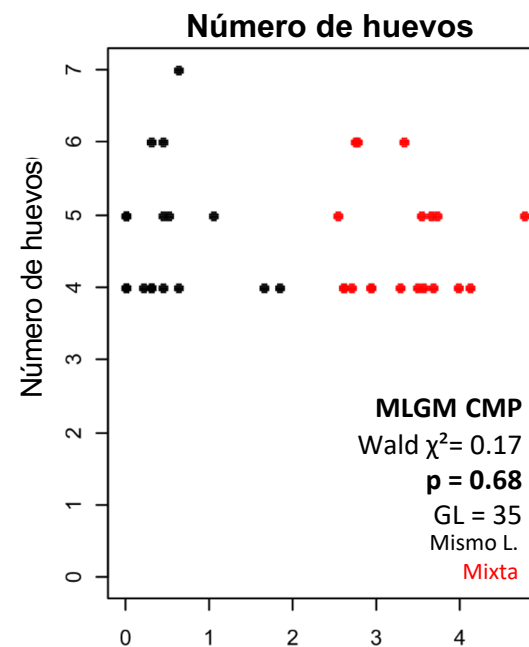


Distancia genética en el gen COI entre compañeros (%)



Variables de nidificación

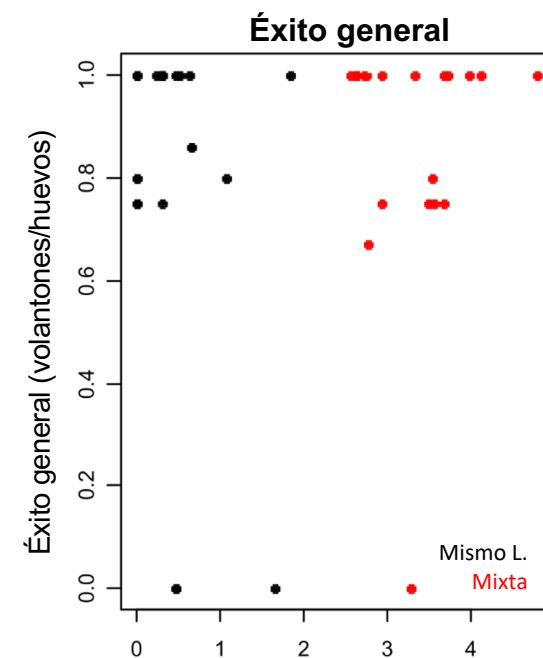
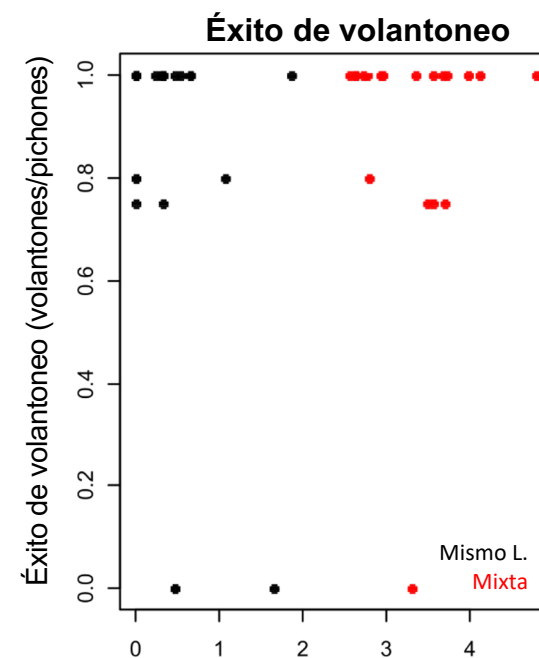
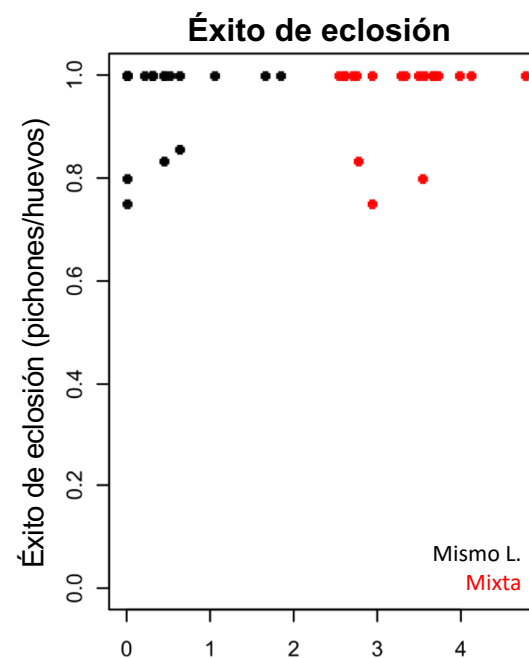
- Las parejas de ambas composiciones sufrieron pérdidas entre etapas.
- Fallas completas en etapa de pichones por predación.
- No hubo asociación significativa con la distancia genética mitocondrial entre miembros de la pareja.



Distancia genética en el gen COI entre compañeros (%)

Viabilidad de la progenie

- Parejas completamente exitosas:

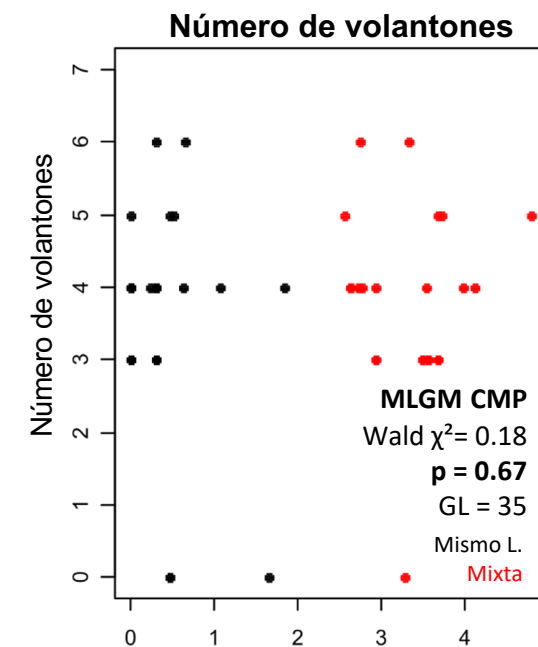
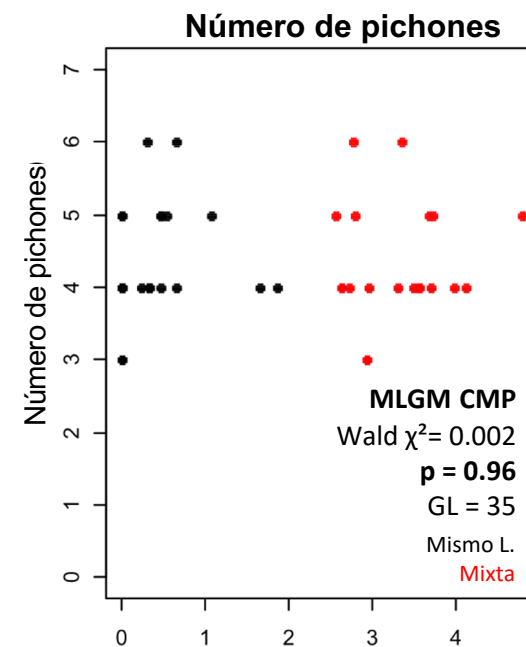
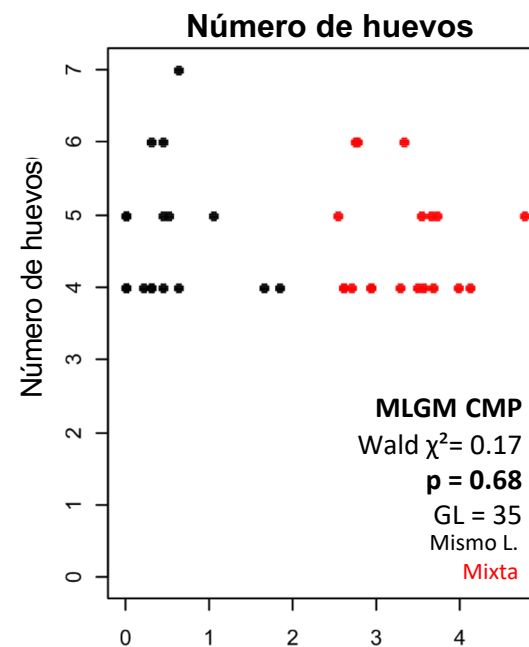


Distancia genética en el gen COI entre compañeros (%)



Variables de nidificación

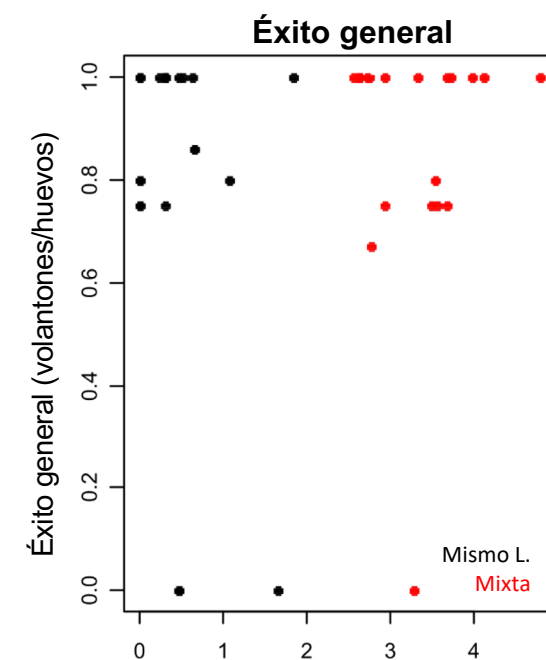
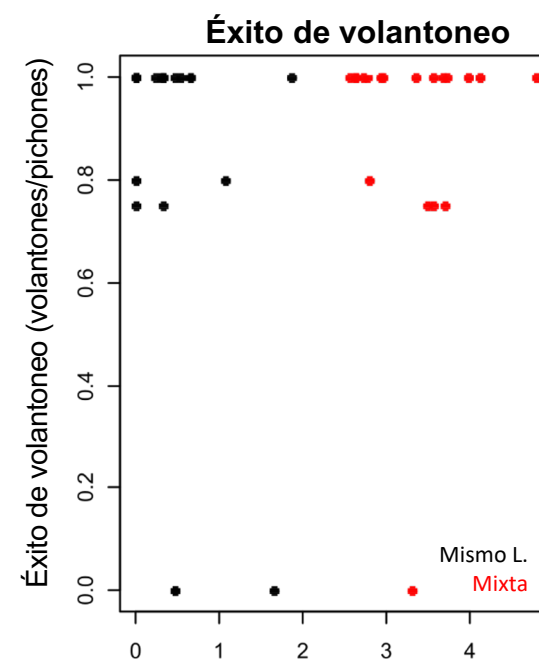
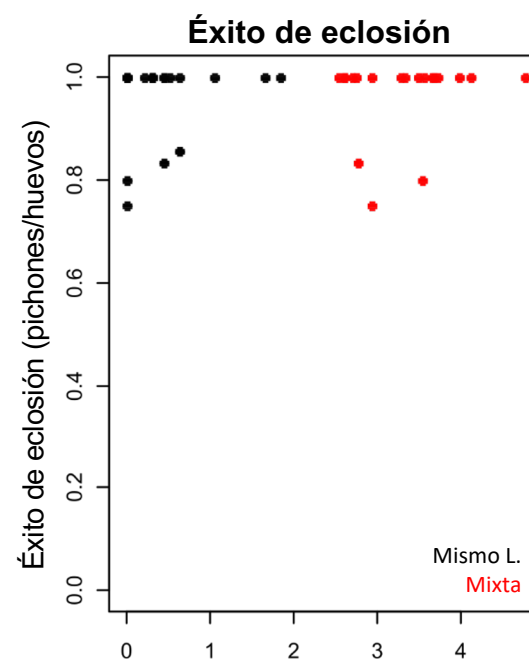
- Las parejas de ambas composiciones sufrieron pérdidas entre etapas.
- Fallas completas en etapa de pichones por predación.
- No hubo asociación significativa con la distancia genética mitocondrial entre miembros de la pareja.



Distancia genética en el gen COI entre compañeros (%)

Viabilidad de la progenie

- Parejas completamente exitosas:
50% mismo linaje;
63% mixtas.

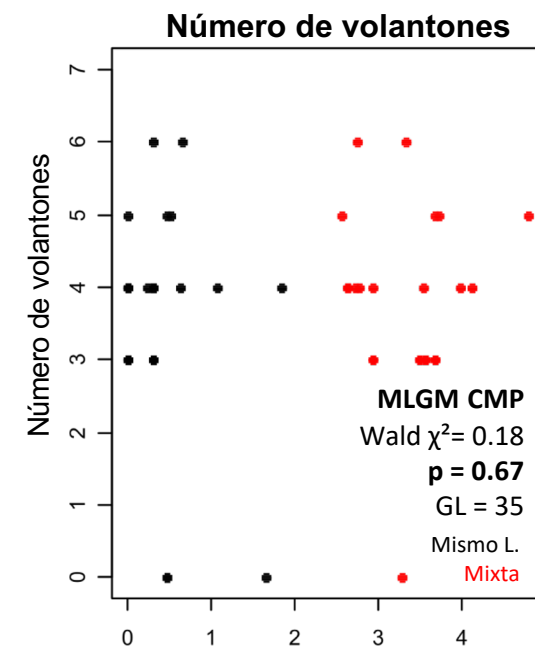
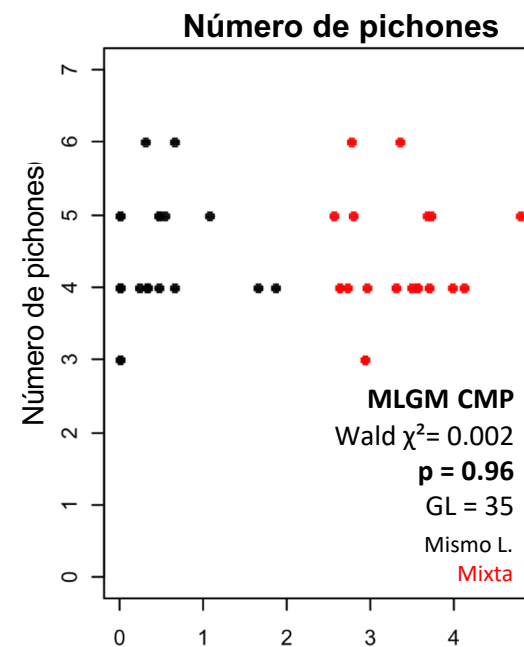
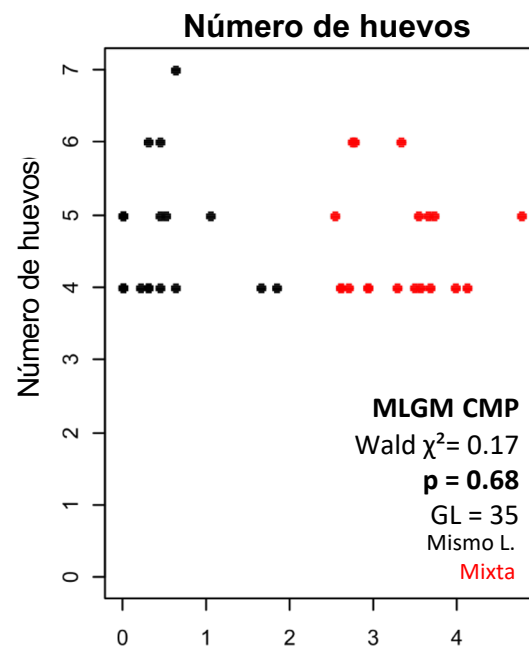


Distancia genética en el gen COI entre compañeros (%)



Variables de nidificación

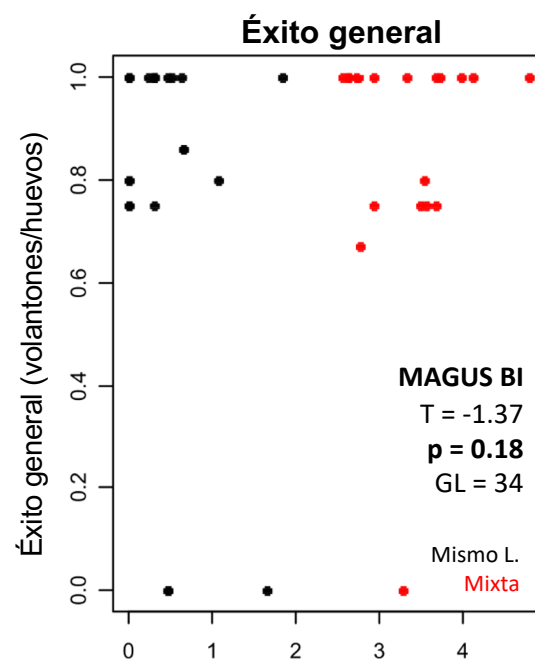
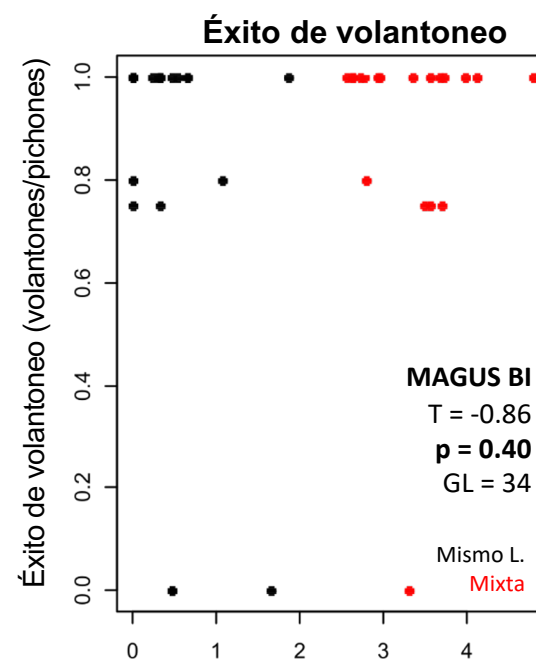
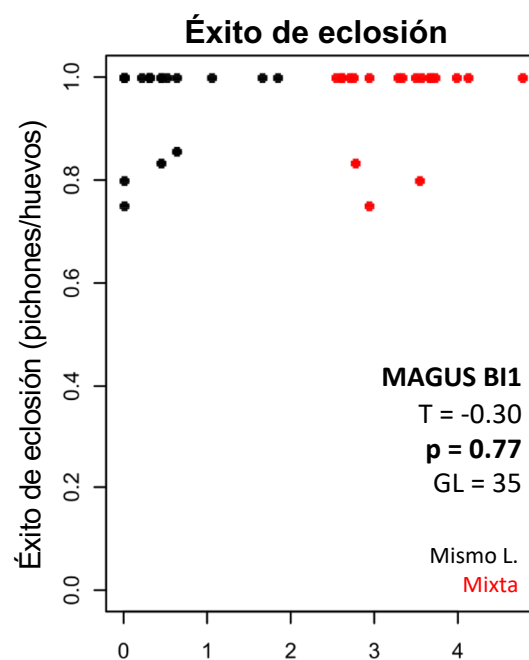
- Las parejas de ambas composiciones sufrieron pérdidas entre etapas.
- Fallas completas en etapa de pichones por predación.
- No hubo asociación significativa con la distancia genética mitocondrial entre miembros de la pareja.



Distancia genética en el gen COI entre compañeros (%)

Viabilidad de la progenie

- Parejas completamente exitosas:
50% mismo linaje;
63% mixtas.
- No hubo asociación significativa con la distancia genética mitocondrial entre miembros de la pareja.



Distancia genética en el gen COI entre compañeros (%)



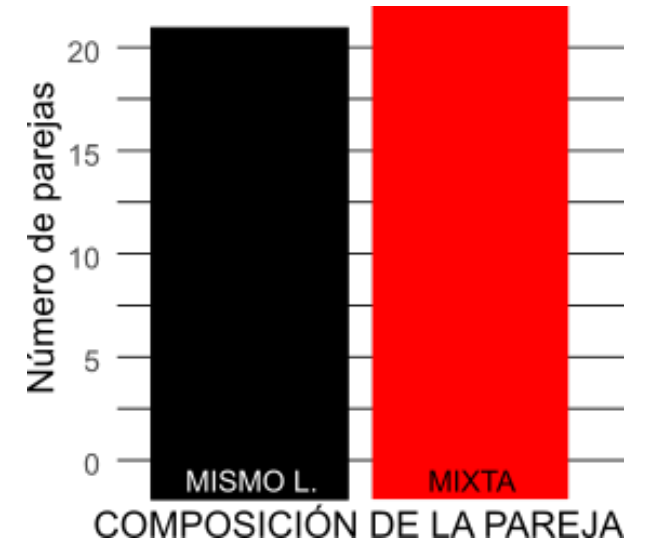
Discusión



Discusión

Buena representación de ambos linajes.

La falla en la nidificación dependió exclusivamente de la predación.



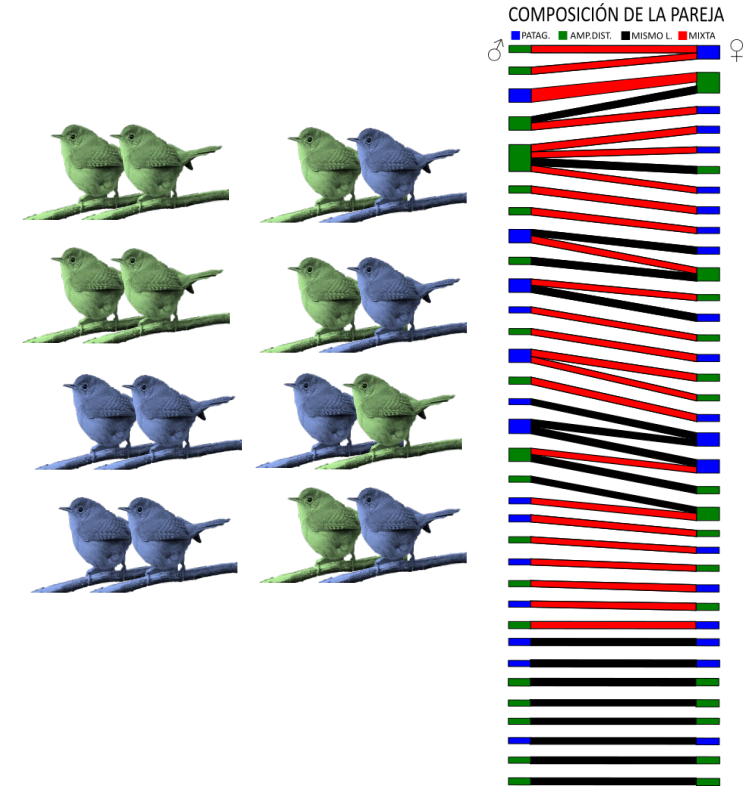
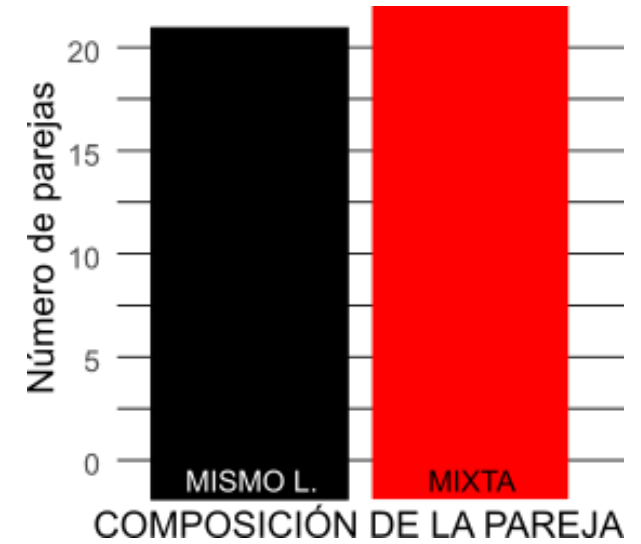
Discusión

Buena representación de ambos linajes.

La falla en la nidificación dependió exclusivamente de la predación.

1. No se encontró apareamiento selectivo:

- A pesar de la separación ~ 2 millones de años, no hay patrón de preferencia por aparearse con individuos del mismo o distinto linaje.
- No habría barreras precigóticas al flujo génico como las diferencias en los cantos o en la coloración en acción.



Discusión

Buena representación de ambos linajes.

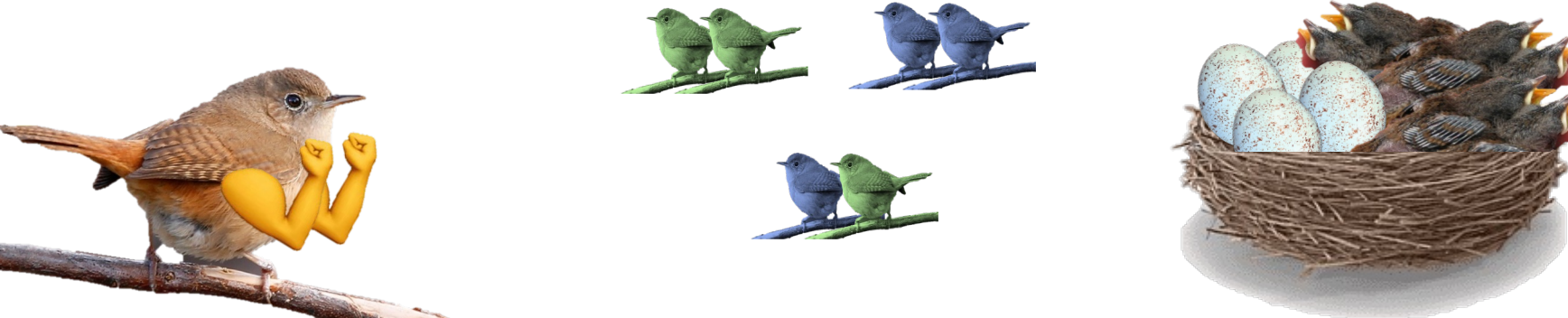
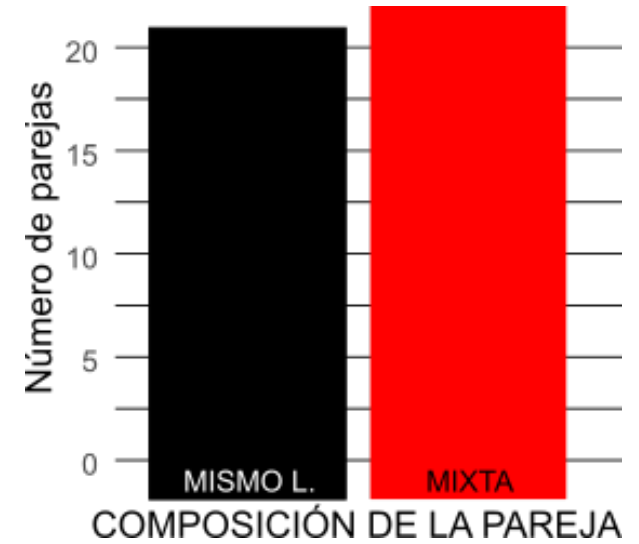
La falla en la nidificación dependió exclusivamente de la predación.

1. No se encontró apareamiento selectivo:

- A pesar de la separación ~ 2 millones de años, no hay patrón de preferencia por aparearse con individuos del mismo o distinto linaje.
- No habría barreras precigóticas al flujo génico como las diferencias en los cantos o en la coloración en acción.

2. No hay asociación entre las variables de viabilidad de la progenie y la distancia genética mitocondrial:

- A pesar del $\sim 5\%$ de divergencia entre linajes en el gen COI, no encontramos evidencia de un efecto en la viabilidad de los huevos o pichones (i.e., no hay evidencia de aislamiento reproductivo postcigótico).



¿Cómo seguimos?

Análisis genómico de datos de radseq de los adultos y sus pichones:

- ¿Cópula extra pareja?
- ¿Regla de Haldane?
- Estudio del mecanismo mediante el cual los genes nucleares pueden interactuar con los productos mitocondriales sin importar el linaje.



¿Cómo seguimos?

Análisis genómico de datos de radseq de los adultos y sus pichones:

- ¿Cópula extra pareja?
- ¿Regla de Haldane?
- Estudio del mecanismo mediante el cual los genes nucleares pueden interactuar con los productos mitocondriales sin importar el linaje.

Análisis de los cantos en la zona de contacto vs. las áreas en alopatría de cada linaje.



Colaboradores



Darío Lijmaer



Pablo Tubaro



Belén Bukowski



Paulo Llambías



Ramiro Arrieta



Leonardo Campagna



Pablo Lavinia



Financiamiento



Permisos

