

# Tesis Doctorales del MNCN

**Evolutionary history and diversification mechanisms in the avian genus *Junco*: a multidisciplinary approach using phenotypic, ecological, phylogeographic and phylogenomic data**

**Guillermo Friss**

**Universidad Autónoma de Madrid**

**Director: Borja Milá**

Febrero 2018

Los sistemas recientemente diversificados son óptimos para estudiar el papel que juegan la selección, la deriva y el flujo genético en la determinación de los patrones de diversidad biológica y en la formación de nuevos linajes evolutivos. Durante las etapas tempranas del proceso de especiación, las correlaciones causales entre divergencia fenotípica, variabilidad genética adaptativa y factores selectivos específicos son recientes y detectables. En cambio, reconstruir la historia evolutiva de los linajes estrechamente relacionados presenta mayores dificultades debido a 'incomplete lineage sorting' y al potencial flujo genético entre ellos. El diseño experimental de la presente tesis combina análisis filogenético y filogeográfico con datos fenotípicos, ecológicos y genómicos con el objetivo de reconstruir la historia evolutiva y estudiar los mecanismos de divergencia entre los linajes recientes del género *Junco* (Aves: Emberizidae) de América del Norte



*Junco, Hyemalis hyemalis*. Ilustración original del libro: *A popular handbook of the birds of United States and Canada* / Thomas Nuttall (1903)

y Central. Análisis previos basados en marcadores mitocondriales revelaron baja diversidad haplotípica y signos de reciente expansión demográfica en los fenotípicamente diferenciados y geográficamente estructurados morfotipos boreales del junco de ojos negros. La escasa diferenciación y diversidad en estos morfotipos sugerían un proceso de diversificación rápida durante la recolonización de Norte América desde México después del último máximo glacial (LGM por sus siglas en inglés) 18,000 atrás, aproximadamente. El nuevo datado molecular que hemos llevado a cabo ha confirmado el origen postglacial de las formas boreales de junco, y los análisis filogenómicos basados en 'single nucleotide polymorphisms' (SNPs)

obtenidos mediante 'genotyping-by-sequencing' (GBS) han recuperado un patrón de monofilia recíproca entre los linajes recientemente diversificados de Norte América, lo que había resultado imposible hasta el momento usando marcadores mitocondriales y nucleares. Análisis basados en genomas completos también apoyaron el origen postglacial de los morfotipos boreales de *Junco*, y recuperaron una señal de expansión demográfica reciente y bajo flujo genético durante la diversificación, sugiriendo un escenario de rápida divergencia en alopatria. Mediante regresión lineal y análisis multivariante, también hemos encontrado signos de asociación entre variabilidad genómica adaptativa y variabilidad en caracteres sexuales secundarios y ecomorfológicos, lo que concuerda con el rol conjunto de la selección sexual y la adaptación local promoviendo diferenciación fenotípica y diversificación de linajes evolutivos en el junco de ojos negros. El estudio de la variabilidad basado en los SNPs ha revelado, además, 'genomic landscapes' de divergencia sin regiones obvias de alta diferenciación, encontrándose 'outliers' significativos a lo largo de todo el genoma. Estos resultados son consistentes con un proceso de diversificación dirigido por múltiples fuerzas selectivas actuando sobre muchos loci independientes. En conjunto, los análisis y resultados compendiados en esta disertación revelan el sistema *Junco* como una de las radiaciones más rápidas conocidas en los vertebrados, resultado de los efectos combinados de procesos históricos como expansiones demográficas y deriva en aislamiento geográfico, pero también de procesos selectivos que incluyen selección natural y selección sexual.

