



Junco hyemalis dorsalis, también llamado *red-backed junco* y vuelto a soltar tras las mediciones para el trabajo de campo.



Ejemplares de *Junco hyemalis dorsalis* pertenecientes a la colección del Museo de Zoología de la Universidad de California

Explorando el proceso evolutivo de la formación de nuevas especies de aves a través del género

Junco



Javier Sala-Garcia

¿Cómo aparecen nuevas especies de animales en la Tierra? Darwin y Wallace nos dieron varias pistas, pero son muchos los procesos que provocan que una especie evolucione en otras diferentes. En este artículo Javier Sala, del grupo de investigación de Borja Milá en el MNCN, nos explica su investigación en torno al proceso de formación de las especies que conforman un género de aves de América del Norte, el género *Junco*. Un proceso que, al producirse en los últimos 10.000 años, constituye uno de los casos de especiación más rápidos documentados en vertebrados.

La especiación, ese fascinante proceso evolutivo por el que dos especies emergen de un ancestro común, es un proceso clave en la generación de biodiversidad. El concepto biológico de especie, según el cual las especies son linajes evolutivos independientes y reproductivamente aislados, ha logrado establecer cierto consenso en la biología. La diversidad fenotípica observable en especies independientes es el resultado de presiones selectivas, como la adaptación local mediada por la selección natural o el desarrollo de rasgos ornamentales a través de la selección sexual. Para entender los mecanismos evolutivos que dan origen y mantienen esta biodiversidad, es imperativo explorar la interacción entre factores selectivos, históricos y neutros.

Para detectar la importancia de estos factores en el proceso de especiación, resulta particularmente útil estudiar casos en que la formación de especies a partir de un ancestro ha

sido muy reciente, de manera que las señales que dejan los eventos demográficos y la selección sean todavía detectables con las técnicas a nuestro alcance. Por este motivo, las radiaciones evolutivas recientes ofrecen una oportunidad única para abordar este desafío. Un gran ejemplo de ello lo encontramos en el género de aves *Junco* de Centro y Norteamérica, un caso notable de diversificación geográfica, que abarca desde poblaciones locales hasta especies, y desde el aislamiento completo hasta formas parapátricas o adyacentes que en algunos casos hibridizan al entrar en contacto.

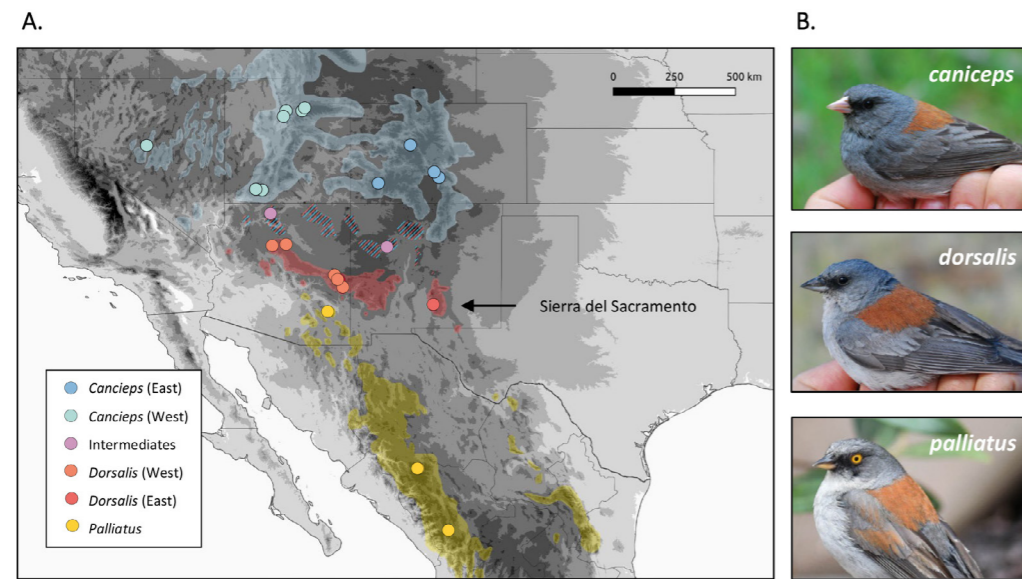
Al terminar el último máximo glacial, hace unos 18.000 años, cuando el hielo empezó a retroceder en el Holártico y los bosques se expandieron hacia el norte, el junco ojilumbre (*Junco phaeonotus*) de México colonizó Norteamérica. En un periodo excepcionalmente corto de 10.000 años, esta experimentó una rápida diversificación, dando lugar al junco

●●
Para comprender los mecanismos evolutivos que generan y mantienen la biodiversidad es necesario explorar la interacción entre factores selectivos (selección natural), históricos (demografía) y neutros (aislamiento y deriva génica)

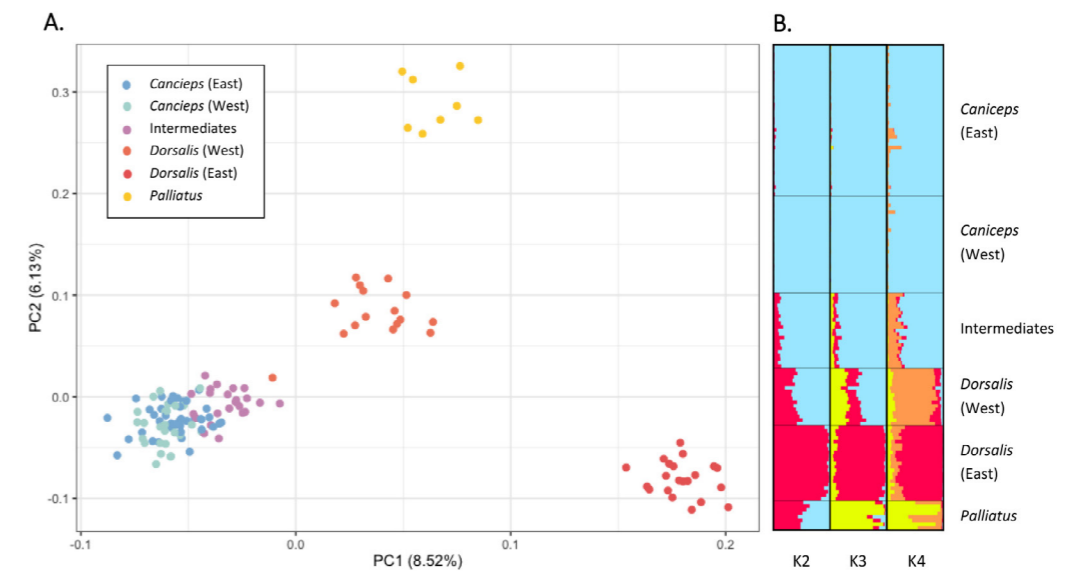
de ojos oscuros (*Junco hyemalis*), compuesto de 15 formas fenotípicas geográficamente estructuradas con distintos niveles de diferenciación entre ellas.

Para sumergirnos en el proceso de especiación y diversificación de esta especie, nos centramos en tres subespecies clave: *J. phaeonotus palliatus*, *J. hyemalis dorsalis* y *J. hyemalis caniceps*. La recolección de datos genómicos fue una tarea intensiva, con muestreos y expediciones por parte del grupo de Borja Milá utilizando redes ornitológicas para capturar las aves, recopilando información detallada sobre edad, patrón de muda, medidas morfométricas, muestras de sangre, plumas y fotografías.

En el laboratorio molecular, extrajimos el ADN de cientos de muestras de juncos, obteniendo millones de fragmentos cortos del genoma. La comparación de estas lecturas entre individuos nos permitió identificar de-



Fenotipo del junco canoso (*Junco hyemalis caniceps*), el junco de espalda roja (*Junco hyemalis dorsalis*) y el junco ojilumbre (*Junco phaeonotus palliatus*). A. Mapa de distribución de las tres subespecies realizado a partir de los avistamientos registrados en eBird entre junio y agosto. Las áreas coloreadas corresponden a la distribución de cría. El área rayada corresponde a la distribución de cría de los individuos fenotípicamente intermedios entre *caniceps* y *dorsalis*. B. Fotografías de las tres subespecies de juncos. / Foto del junco ojo de lumbre: Mike Charest, www.audubon.org. Resto de fotos: Borja Milá



Estructura genética neutra del junco canoso (*Junco hyemalis caniceps*), el junco de espalda roja (*Junco hyemalis dorsalis*) y el junco ojo de lumbre (*Junco phaeonotus palliatus*). A. Representación de los dos primeros componentes principales de un ACP de los distintos grupos de juncos. B. Análisis de la estructura genética para 2, 3 y 4 grupos genéticos (K). Cada barra horizontal representa un individuo y cada color representa la probabilidad de cada individuo de ser asignado a un grupo genético u otro. La presencia de colores mixtos en una barra indica mezcla genética, mientras que barras de un solo color sugieren ascendencia más homogénea.

cenos de miles de marcadores de nucleótido simple (SNP) distribuidos en todo el genoma. Esta riqueza de datos genómicos nos permitió obtener una visión detallada de la historia evolutiva de las subespecies estudiadas.

Estructura de las poblaciones

Los análisis de la estructura poblacional, que se centran en entender la distribución de la variación genética dentro y entre poblaciones, revelaron una sorpresa: en lugar de los tres grupos genéticos esperados, surgieron cuatro. La subespecie *dorsalis* mostraba dos grupos genéticos distintos, uno en el oeste y otro en el este, en las montañas de Sacramento, en el estado de Nuevo México, EEUU. La población aislada del este presentaba una alta diferenciación genética, mientras que la población del oeste mostraba un genotipo intermedio con mezcla de otros taxones. Este hallazgo nos impulsó a realizar análisis de los caracteres físicos, comparando medidas morfológicas y colorimétricas. Curiosamente, la

●●
La subespecie dorsalis presentaba dos grupos genéticos distintos, el del este y el del oeste. La aislada población del este mostraba un alto grado de diferenciación genética, mientras que la otra mostraba un genotipo intermedio con mezcla del resto de especies

única diferencia significativa encontrada entre las poblaciones este y oeste de *dorsalis* fue un ligero mayor tamaño del tarso en el primero. Estos resultados plantearon preguntas intrigantes sobre los eventos históricos, los procesos de cruzamiento y la dispersión en estas poblaciones. ¿Qué eventos históricos habían dado origen a estos patrones de estructura genética? ¿Era *dorsalis* resultado de un proceso de hibridación? ¿Por qué *dorsalis* del este estaba tan diferenciado del resto a nivel genético, pero no morfológico? ¿Cuáles eran los factores neutros y selectivos involucrados?

Historia demográfica

Abordamos la historia demográfica, un aspecto crucial en la comprensión de la evolución de las poblaciones, mediante métodos de análisis de la coalescencia. Concretamente, simulamos escenarios biológicamente plausibles, incluyendo migración entre grupos, eventos de hibridación y cuellos de botella poblacionales. El modelo estadístico más probable

sugirió que un ancestro de *palliatatus* se diferenció en *dorsalis* del este, que posteriormente dio origen a *dorsalis* del oeste a través de un evento de hibridación con *caniceps*. Estos eventos ocurrieron al principio de la radiación, mientras que *dorsalis* del este experimentó un cuello de botella genético mucho más reciente, aproximadamente mil años atrás. Esta narrativa demográfica explicó la diferenciación marcada de *dorsalis* del este y la mezcla genética observada en *dorsalis* del oeste.

Selección natural vs. deriva génica

Entender el papel relativo de factores selectivos y neutros en la formación de especies, como la selección natural, la selección sexual, la deriva génica o el aislamiento geográfico, es central en la investigación de la evolución. Aunque la selección natural ha sido tradicionalmente un foco importante de estudio, la deriva génica, caracterizada por fluctuaciones aleatorias en las frecuencias alélicas, ha recibido menos atención en comparación. Inves-

El ala desplegada de un ejemplar de *Junco hyemalis dorsalis*. En el centro dos ejemplares de *Junco hyemalis caniceps*. / Borja Milá





El estudio detallado del género Junco en América del Norte nos ofrece una valiosa "instantánea" en el continuo de especiación, destacando la complejidad de los procesos evolutivos que dan forma a la biodiversidad

tigaciones recientes, sin embargo, han desafiado la idea de que la deriva génica no es suficiente para originar nuevas especies, demostrando su papel significativo en la diferenciación de poblaciones pequeñas y aisladas.

En este estudio, abordamos el papel relativo de la selección natural y la deriva génica mediante un análisis de asociación del genotipo con el ambiente. Concretamente, usamos un modelo que usaba la estructura genética neutra como covariable, lo que nos permitía distinguir entre los efectos de la deriva génica y la selección natural. El resultado reveló que la población de *dorsalis* del este no mostraba correlación con ninguna de las variables ambientales utilizadas, a diferencia de las demás poblaciones. Este resultado reveló que la fuerte diferenciación genética en *dorsalis* del este era principalmente debida a factores neutros (deriva génica), mientras que la selección natural por medio de la adaptación local desempeñaba un papel menor.

En conclusión, este estudio proporciona una "instantánea" valiosa en el continuo de especiación del género *Junco* en América del Norte, destacando la complejidad de los procesos evolutivos que dan forma a la biodiversidad. La identificación de dos linajes distintos en *dorsalis* desafía las percepciones anteriores, y la historia demográfica propuesta ofrece una narrativa fascinante sobre la formación de este linaje intermedio en el continuo de especiación. Además, se destaca el papel cada vez menos ignorado de los factores neutros en la divergencia de linajes, ampliando nuestra comprensión de la diversidad biológica en la naturaleza. Este estudio no solo arroja luz sobre la evolución de los juncos de ojos oscuros, sino que también contribuye a la comprensión general de los procesos evolutivos que impulsan la riqueza biológica de nuestro planeta. ¡Queremos creer que Darwin y Wallace disfrutarían con estos avances! ●

Breves de investigación

Descubre algunos de los artículos científicos que han publicado diferentes equipos de investigación del MNCN



Identifican restos neandertales en la Cova Simanya de hace más de 50.000 años

Este mediodía se han presentado los restos neandertales procedentes del yacimiento de Cova Simanya (Sant Llorenç Savall, Barcelona) situado en el Parc Natural de Sant Llorenç del Munt i de l'Obac. El conjunto está formado por 54 restos neandertales correspondientes a, como mínimo, 3 individuos, lo que le convierte con el más importante de Catalunya y uno de los más relevantes de la península ibérica.

Leer más ...

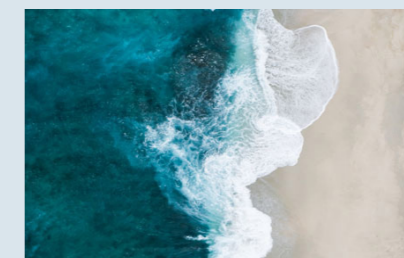
Morales, J. I., A. Cebrià, M. Soto, A. Rodríguez-Hidalgo, R. Hernando, E. Moreno-Ribas, D. Lombao, J. R. Rabuñal, D. M. Martín-Perea, A. García-Taberner, E. Allué, A. García-Basanta, E. Lizano, T. Marqués-Bonet, S. Talamo, L. Tassoni, C. Lalueza-Fox, J. M. Fullola and A. Rosas (2023). A new assemblage of late Neanderthal remains from Cova Simanya (NE Iberia). *Frontiers in Earth Science* 11: 1230707. <https://doi.org/10.3389/feart.2023.1230707>

Las olas de calor marinas duran más tiempo en aguas más profundas

La temperatura de los océanos ha alcanzado su nivel más alto registrado en 2023 y el pronóstico es que la intensidad, duración y frecuencia de olas de calor marinas, es decir, picos en la temperatura del agua del mar que duran al menos cinco días, continúe aumentando lo largo del siglo. En la investigación, que se publica hoy en la revista *Nature Climate Change*, los autores han descubierto que la mayor intensidad de las olas de calor marinas no se encuentra en la superficie, sino en la subsuperficie, entre 50 y 250 metros de profundidad. Este aumento continuado de la temperatura del agua del mar tiene efectos directos sobre la flora y la fauna y afecta a los recursos que obtenemos del mar.

Leer más ...

E. Fragkopoulou, A. Sen Gupta, M.J. Costello, T. Wernberg, M.B. Araújo, E.A. Serrão, O. De Clerck, J. Assis (2023) Marine biodiversity 1 exposed to prolonged and intense subsurface heatwaves. *Nature Climate Change*. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41558-023-01790-6>



Un nuevo sistema obtiene mapas más fiables del riesgo de las inundaciones fluviales

Cuando un río se desborda, inunda los terrenos que lo rodean provocando numerosos daños y situaciones de peligro. La Directiva Europea de Inundaciones regula, entre otras materias, qué se puede cultivar, edificar o programar en las vegas de los ríos con la intención de minimizar los efectos indeseados de un desbordamiento. Un equipo de investigadores del Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC) y la Universidad de Castilla La Mancha (UCLM) ha desarrollado un método basado en rangos de probabilidad que permite desarrollar mapas de riesgo de inundación más fiables.

Leer más ...

J.M. Bodoque, Á. Esteban-Muñoz y J.A. Ballesteros-Cánovas. (2023) Overlooking probabilistic mapping renders urban flood risk management inequitable. *Communications earth & environment*. DOI: <https://doi.org/10.1038/s43247-023-00940-0>