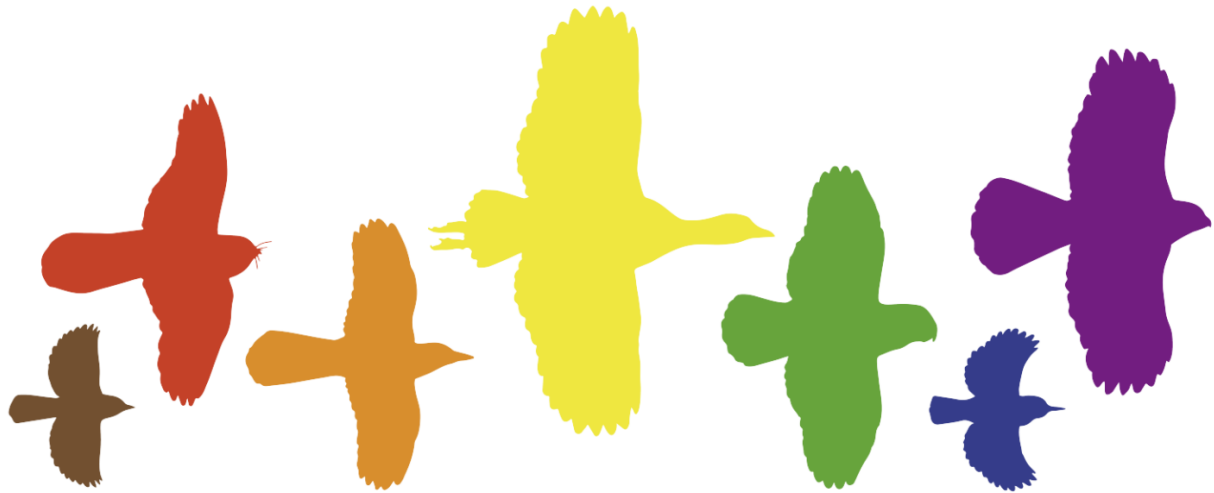


Symposia Presentation Abstracts
Resúmenes de Presentaciones de Simposios



AOS & BC

On the Wings of Recovery: Resilience & Action

2022 Ornithological Conference

27 JUNE - 2 JULY | SAN JUAN, PUERTO RICO

Listed alphabetically by last name of authors
Listado alfabéticamente por apellido de los autores

variaciones en sus estructuras genéticas. Aquí, evaluamos la estructura genética y la historia demográfica en pájaros del bosque boreal co-distribuidos utilizando millones de SNP generados por secuenciación de baja cobertura del genoma completo utilizando muestras que recolectamos en toda la región. También comparamos especies relacionadas para probar si la migración estacional afecta a la estructura genética y la historia demográfica. La distancia migratoria, que varía entre especies, pudiera afectar a los patrones de dispersión y la forma en que las poblaciones reaccionan al cambio climático, con consecuencias para la estructura genética y la historia demográfica. Debido a que la estructura genética es influenciada por la dispersión a largo plazo, una correlación entre la distancia migratoria y la estructura genética nos dejaría saber si la distancia migratoria afecta a la dispersión y de cuál forma. El bosque boreal es un sistema útil para investigar patrones genéticos relacionados con la variación de la dispersión entre especies porque hay pocas barreras que limiten la dispersión que puedan confundir los resultados, y esperamos que las especies que se reproducen allí compartan historias filogeográficas similares. Nuestros resultados aclararán la historia filogeográfica de las aves boreales de América del Norte e informarán nuestra comprensión del efecto de la migración en los procesos evolutivos mediados por la dispersión.

Speciation genomics in the Green-winged Teal (*Anas crecca*) complex

Genómica de la especiación en el complejo de *Anas crecca*

Jeffrey L. Peters, Irina V. Kulikova, Yuri N. Zhuravlev, Kevin Winker, and Kevin G. McCracken

Presenting author / Autor presentador: **Jeffrey L. Peters**, Wright State University, jeffrey.peters@wright.edu

Gene flow homogenizes genetic diversity between populations and hinders speciation, but divergent selection can promote speciation, even in the face of gene flow. Divergence with gene flow may be an important mode of speciation for Holarctic taxa that experienced opportunities for gene flow during cycles of range expansions and contractions throughout the Quaternary. The Green-winged Teal (*Anas crecca*) is a Holarctic duck comprising three subspecies—the Eurasian *A. c. crecca*, North American *A. c. carolinensis*, and Aleutian *A. c. nimia*. In this study, we used reduced-representation sequencing to examine genomic evidence of gene flow and selection during divergence. Confirming heterogeneous divergence between *A. c. crecca* and *A. c. carolinensis*, the genome was weakly differentiated overall but contained some strong differences. For example, the Z chromosome contained fixed differences and was 6.3-times more divergent than autosomes. In addition, we identified an admixed population on the Alaska Peninsula, consisting of 51%, 43%, and 6% of DNA derived from *A. c. carolinensis*, *A. c. nimia*, and *A. c. crecca*, respectively. Finally, inferences of population history suggested mostly unidirectional gene flow from *A. c. crecca* into *A. c. carolinensis* and from *A. c. carolinensis* into *A. c. nimia*. Overall, these results suggest a complex history of divergence and gene flow, including a prominent role of divergent selection, perhaps associated with sexual selection and/or co-adapted gene complexes. Fixed Z-linked differences and deep mitochondrial divergence support a late stage of speciation with gene flow between *A. c. crecca* and *A. c. carolinensis*. The admixed population on the Alaska Peninsula provides opportunities to examine genomic interactions that potentially contributed to this process.

El flujo de genes homogeniza la diversidad genética entre poblaciones y dificulta la especiación, sin embargo la selección divergente puede promover la especiación, incluso frente al flujo de genes. La divergencia con el flujo de genes puede ser un modo de especiación importante para los taxones holárticos que experimentaron oportunidades para el flujo de genes durante los ciclos de expansión y contracción a lo largo del Cuaternario. *Anas crecca* es un pato holártico que comprende tres subespecies: Euroasiática *A. c. crecca*, Norteamericana *A. c. carolinensis* y Aleutiana *A. c. nimia*. En este estudio, utilizamos secuenciación de representación reducida para examinar la evidencia genómica del flujo de genes y la selección durante la divergencia. Confirmando la divergencia heterogénea entre *crecca* y *carolinensis*, el genoma se diferenció débilmente en general, pero contenía algunas diferencias importantes. Por ejemplo, el cromosoma Z contenía diferencias fijas y era 6,3 veces más divergente que los autosomas. Además, identificamos una población mixta en la península de Alaska, que consta de 51 %, 43 % y 6 % de ADN derivado de *carolinensis*, *nimia* y *crecca*, respectivamente. Finalmente, las inferencias de la historia de la población sugirieron principalmente un flujo de genes unidireccional desde *crecca* a *carolinensis* y desde *carolinensis* a *nimia*. En general, estos resultados sugieren una historia compleja de divergencia y flujo de genes, incluyendo un importante papel de la selección divergente, quizás asociada con la selección sexual y/o complejos de genes co-adaptados. Las diferencias fijas ligadas a Z y la divergencia mitocondrial profunda respaldan una etapa tardía de especiación con flujo de genes entre *crecca* y *carolinensis*. La población mixta en la península de Alaska brinda oportunidades para examinar las interacciones genómicas que potencialmente contribuyeron a este proceso.