

Comité Organizador

Valeria Carreira
Juan José Fanara
Alexandra Gottlieb
Esteban Hasson
Nicolás Lavagnino
Julian Mensch
Marcela Rodriguero
Eduardo M. Soto
Ignacio M. Soto
Ana Tropea

Colaboradores

Ángeles Arena Pía Pacheco
Valeria Arencibia Alejandra L. Pérez
Lautaro Bennardo Martina Pernigotti
Martín Fasanelli M. Alejandra Petino Zappala
Sofía Fabiano Gonzalo Rodriguez Rizk
Nicolas Flaibani Johnma J. Rondón
Lucas E. Kreiman Mariana C. Sabio
M. Soledad Llanes Mónica Zelarayán
Victoria Ortiz



Conferencias

¿Río Paraná representa una barrera geográfica para las aves?

Kopuchian C.¹, Campagna L.^{2,3}, Lijtmaer D.A.⁴, Cabanne G.S.⁴, García N.C.^{2,4}, Lavinia P.D.⁴, Tubaro P.L.⁴, Lovette I.^{2,3}, Di Giacomo A.S.¹

¹ Laboratorio de Biología de la Conservación, CECOAL (Centro de Ecología Aplicada del Litoral) CONICET, Ruta Prov 5, km 2.5, Corrientes (3400), Argentina.

² Fuller Evolutionary Biology Program, Cornell Lab of Ornithology, 159 Sapsucker Woods Road, Ithaca, NY 14850, USA.

³ Department of Ecology and Evolutionary Biology, Cornell University, 215 Tower Road, Ithaca, NY 14853, USA.

⁴ División Ornitología, Museo Argentino de Ciencias Naturales “Bernardino Rivadavia” MACN- CONICET, Avenida Ángel Gallardo 470, Ciudad Autónoma de Buenos Aires (C1405DJR), Argentina

La hipótesis de barreras ribereñas propone que los grandes ríos tropicales representan una barrera geográfica para dispersión de los organismos, conduciendo a la diferenciación entre poblaciones y, eventualmente, a la especiación. Esta hipótesis fue planteada en un primer momento en relación a la cuenca del Río Amazonas, que incluye los ríos más grandes del Neotrópico. En este trabajo evaluamos si el eje de los ríos Paraná-Paraguay en la cuenca Del Plata, la segunda en importancia en Sudamérica, actúa como una barrera para el flujo génico y la dispersión este-oeste en algunas especies de aves. Para ello, analizamos muestras de 160 ejemplares pertenecientes a siete especies de aves que tienen subespecies descritas a cada lado del eje de estos ríos, definidas en base a diferencias morfológicas. Utilizamos una aproximación genómica (ddRadSeq) y analizamos un marcador de ADN mitocondrial (COI), con el fin de evaluar la diferenciación genética en estas especies. Solamente una de las especies analizadas (*Thamnophilus caeruleus*) mostró una diferenciación genética concordante con el curso actual de los ríos Paraná-Paraguay. Por otro lado, otras cinco especies (*Cyclarhis gujanensis*, *Cyanocopsa brissonii*, *Colaptes melanochloros*, *Thraupis sayaca* y *Lepidocolaptes angustirostris*) mostraron una estructura poblacional con una separación este-oeste que no es concordante con la ubicación actual del eje de los ríos Paraná-Paraguay, pero que coincide con su paleo-cauce, sugiriendo un rol de estos ríos en la estructura genética observada. Por último, encontramos una estructura poblacional débil en *Coryphospingus cucullatus*, sin una asociación clara con este sistema de ríos. Finalmente, la datación de los tiempos de divergencia para las diferentes poblaciones de cada especie sugiere que los eventos que promovieron la diferenciación genética no fueron concordantes en el tiempo, indicando que el sistema de ríos no actuó como una barrera vicariante que haya afectado a todas las especies de la misma forma. Se discuten los resultados obtenidos en el contexto de la historia geológica de la región, las diferencias entre las ecorregiones en el área de estudio, y las características particulares de la biología de las especies analizadas; apoyando la idea de que las respuestas a las barreras geográficas pueden ser especie-específicas.