



Título: FILOGENIA, FILOGEOGRAFÍA Y BIOGEOGRAFÍA HISTÓRICA DE LAS ESPECIES MEDITERRÁNEAS DEL GÉNERO SQUALIUS BONAPARTE, 1837 (ACTINOPTERYGII, CYPRYNIDAE)

Nombre: Perea Aranda, Silvia

Universidad: Universidad Complutense de Madrid

Departamento: Universidad Complutense de Madrid

Fecha de lectura: 03/07/2017

Programa de doctorado: Programa Oficial de Doctorado en Biología

Dirección:

> **Director:** JOSE IGNACIO DOADRIO VILLAREJO

Tribunal:

> **presidente:** BENIGNO ELVIRA PAYAN

> **secretario:** ANA MARIA ALMODOVAR PEREZ

> **vocal:** JOANA ISABEL RÓBALO

> **vocal:** JOSÉ PRENDA MARIN

> **vocal:** RAFAEL ZARDOYA SAN SEBASTIAN

Descriptores:

> VERTEBRADOS

El fichero de tesis ya ha sido incorporado al sistema

> <https://eprints.ucm.es/id/eprint/49215/>

Localización: E-PRINTS COMPLUTENSE

Resumen: El género *Squalius* Bonaparte, 1837 es uno de los géneros más diversificados y ampliamente distribuidos en la región Mediterránea, además, es uno de los géneros de ciprínidos más antiguo de la península ibérica ya que se conocen fósiles desde el Oligoceno. Por tanto, su historia evolutiva debe estar fuertemente ligada a los procesos históricos y climáticos de la región Mediterránea durante la mayor parte del Terciario y Cuaternario. El género *Squalius* presenta dos linajes evolutivos desde un punto de vista genético. La presente tesis tiene como objetivo estudiar los distintos patrones de diversificación de las especies que pertenecen al linaje mediterráneo así como de los procesos que los originan y que han dado lugar a la alta diversidad que aparece actualmente en las penínsulas mediterráneas. De esta forma, se estudian las relaciones filogenéticas entre las distintas especies mediterráneas del género. Nuestros resultados sugieren que, a pesar de los estudios previos sobre estas especies, todavía quedan cuestiones evolutivas de gran interés por resolver, especialmente en la península ibérica, donde la diversidad de linajes evolutivos es más alta de lo que se consideraba previamente. A través del análisis filogenético de estas especies ibéricas del género, esta tesis también muestra que las aproximaciones bayesianas de delimitación de especies, que tienen en consideración



la coalescencia de las poblaciones, resuelven las relaciones filogenéticas entre las especies de forma más precisa que otros métodos filogenéticos, aunque estos últimos manifiestan de forma más evidente las incongruencias entre las topologías de los árboles. Así, cuando existen procesos de hibridación y especiación reticulada los árboles bayesianos de especies no pudieron ser generados como ocurrió en el caso de las especies griegas en las que existe una captura mitocondrial. Los resultados de esta tesis muestran además un patrón de especiación alopátrica reciente en las especies del género de la vertiente oriental del Adriático guiado por la finalización de la formación del karst Dinárico, indicando la influencia de procesos geomorfológicos en la historia evolutiva de los organismos vivos. En esta tesis también se evaluó la estructura geográfica y los patrones de diversidad genética de las especies ibéricas del género *Squalius* demostrando la importancia de los factores climáticos en la generación de estos patrones, siendo los dos factores climáticos más relevantes la estacionalidad del clima mediterráneo y las glaciaciones pleistocénicas. Así, se encuentra un patrón de diversidad genética en la península ibérica congruente con estudios previos de forma que las poblaciones del sur presentan mayor diversidad genética que las poblaciones del norte. En las poblaciones del sur pertenecientes a *S. pyrenaicus*, la estacionalidad mediterránea ha favorecido una estructura metapoblacional como consecuencia de continuos cuellos de botella y fragmentación de las poblaciones. En las poblaciones del norte adscritas a *S. carolitertii*, la pérdida de variabilidad genética puede ser una consecuencia de fuertes reducciones poblacionales e incluso extinción local de poblaciones provocada por el efecto de las glaciaciones. Un patrón de diversidad genética diferente se halla en las poblaciones del levante español de *S. valentinus*, donde la mayor diversidad genética aparece en los tramos bajos de los grandes ríos y en pequeños ríos que presentan manantiales de caudal y temperatura constantes. Estos ambientes proporcionan una mayor estabilidad ambiental para las poblaciones. Por tanto, en este caso, la variabilidad genética parece estar influenciada no solo por factores climáticos sino también por la estructura y geomorfología de los ríos donde habitan estas especies, como también se observa en el sur de la península ibérica donde la laguna de la Janda posiblemente actuó como un reservorio de variabilidad genética de la fauna de peces de agua dulce de esta región.