

MARSPEC

Genomics and the origin of marine species

Our understanding of the origin of species comes largely from studies conducted on land or in freshwaters. Considering that a significant proportion of global biodiversity dwells in the oceans, surprisingly little is known about the origin of species in the sea. In this project we address this knowledge gap using the hamlets, brightly colored reef fishes from the wider Caribbean, as a model system. The hamlets have undergone a remarkable radiation, providing a marine equivalent to classic terrestrial and freshwater radiations such as Darwin's finches, East African cichlids or *Heliconius* butterflies.

In particular, the hamlets encapsulate the entire spectrum of genomic divergence, from genomic similarity to well-diverged species, providing a rare marine window into the evolutionary sequence between interbreeding populations and reproductively isolated species. We leverage natural diversity in the hamlets to characterize the patterns and processes underlying genomic divergence during speciation.

Specifically, we address the following questions: (i) What is the genomic architecture of speciation? (ii) How does it evolve as species diverge?

KEY FACTS

ZMT Contacts: Oscar Puebla, Kosmas Hench (WG Fish Ecology and Evolution)

Department: Ecology

Cooperation Partner: Smithsonian Institution

Partner Country: Panama, USA

Research Locations: Panama, Belize, USA

Project Duration: 15 September 2020 – 14 September 2023

Funding: DFG

Status: ZMT is project coordinator

ZMT Programme Area: PA1 - Aquatic resource use and protection

(iii) What are the genomic elements underlying species differences? and (iv) Does speciation proceed in the presence of gene flow?

We address these four questions using a combination of *de novo* genome assembly and whole-genome resequencing.

This project builds on eight years of previous work on the hamlets, involves six international and national collaborators, and is part of a larger research program aimed at integrating hamlet genomics with the ecological and behavioral drivers of reproductive isolation.

MARSPEC

Genomforschung und die Entstehung von Arten im Meer

Unser Verständnis des Prozesses der Artbildung, stammt hauptsächlich von Studien im Süßwasser- und terrestrischen Bereich. Vor dem Hintergrund, dass ein signifikanter Anteil der biologischen Vielfalt im Meer entstanden ist, wissen wir erstaunlich wenig über Artbildung in den Meeren.

Mit diesem Projekt möchten wir diese Wissenslücke schließen, indem wir der Gattung *Hypoplectrus* spp, bunt gefärbte Riffische des Nord-West-Atlantiks als Modellsystem entwickeln.

Hypoplectrus-Arten sind durch eine bemerkenswerte Radiation in der Karibik und dem Golf von Mexiko hervorgegangen und scheinen ein marines Äquivalent zu den spektakulären klassischen Radiationen wie beispielsweise den Darwinfinken, den Buntbarschen Ostafrikas und den Schmetterlingen der Gattung *Heliconius* zu sein. Studien an *Hypoplectrus* könnten somit entscheidend zum Verständnis von Artbildungsprozessen im Meer beitragen.

Als wichtige Voraussetzung umfasst diese Fischgruppe das gesamte Spektrum genomischer Divergenz, von hoher genomischer Ähnlichkeit

SCHLÜSSELDATEN

ZMT-Kontakte: Oscar Puebla, Kosmas Hench (AG Fischökologie und -evolution)

Abteilung: Ökologie

Kooperationspartner: Smithsonian Institution

Partnerländer: Panama, USA

Forschungsstandorte: Panama, Belize, USA

Projektdauer: 14. September 2020 – 15. September 2023

Förderung: DFG

Status: ZMT koordiniert das Projekt

ZMT-Programmbereich: PB1 - Nutzung und Schutz aquatischer Ressourcen

bis hin zu klar abgegrenzten Arten, und bieten so eine seltene Möglichkeit, die evolutive Abfolge von sich austauschenden Populationen bis hin zu kompletter reproduktiver Isolation zu studieren.

Das Projekt ist Teil eines umfassenden Forschungsprogrammes, welches die Genomik von *Hypoplectrus* mit ökologischen und verhaltensbiologischen Ursachen reproduktiver Isolation in Beziehung setzt.