

XIII Seminario de



XIII SEMINARIO DE GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

**Parador Nacional Conde de Gondomar,
Baiona, 8-11 de Noviembre de 2000**

Organización:

Armando Caballero Rúa
Andrés Sanjuan López
Juan José Pasantes Ludeña
Emilio Rolán Alvarez
Pablo Presa Martínez
Paloma Morán Martínez
Angel Sebastián Comesaña Calvo
Jesús Fernández Martín
Diana Valverde Pérez
Marcos Pérez Losada

Estudiantes colaboradores: Blanca Fernández González, Mónica Carballo Vila, Fernando Cruz Rodríguez, Silvia Teresa Rodríguez Ramilo, Inés Trucco Cappa, Claudia Cárcamo Hernández, Montserrat Pérez Rodríguez, Rosa Isabel Figueroa Pérez y M^a Paz Abella Rodríguez.

Entidades colaboradoras: Vicerrectorado de Investigación (Universidade de Vigo), Secretaria Xeral de Investigación e Desenvolvemento (Xunta de Galicia) y Sociedad Española de Genética.

CONFERENCIAS

The high human mutation rate and its male component

J. F. Crow

Department of Genetics, University of Wisconsin

As early as 1912, Wilhelm Weinberg, that great idea man of early human genetics, noted that children with achondroplasia were often born late in their sibship. Later this was shown to be mainly a function of paternal, or in the case of X-linked traits, grandparental age. The increase mutation rate with age is greater than expected from the number of cell divisions in the male germ line. The early evidence came from a few classical dominant diseases. Recently a number of others have been added, making the argument stronger. In particular, it appears that base substitutions are strongly associated with paternal age whereas small duplications and deletions are not. Although these observations tell us the ratio of male to female mutation rates, they do not give any evidence on the absolute rate. What is needed is information on the total deleterious mutation rate. The *Drosophila* results are inconsistent, but we are beginning to get data from primate evolution. A comparison of protein evolution rates with neutral rates gives a way of assessing the deleterious rate. The estimates so far are high enough to offer support for the idea that one reason for sexual reproduction is efficient elimination of mutations.

Some thoughts on species and speciation in sexual organism prompted by genetic findings on an asexually transmitted molecule

J. C. Avise

Department of Genetics, University of Georgia

Phylogeographic studies employing the maternally-inherited mitochondrial (mt) DNA genome have revolutionized thought about the historical, non-equilibrium aspects of population genetic structure within many animal species. It also has prompted novel perspectives on the speciation process in sexual taxa. From the unique vantage afforded by asexually-transmitted genome, I will offer some unconventional thoughts on phylogenetic species concepts, species' realities and numbers, and temporal duration of the speciation process.

Cuando dos genomas se enfrentan: las zonas híbridas según *Chorthippus parallelus*

E. Torroja, C. López-Fernández, C. García de la Vega, J. L. Bella, J. de la Torre, P. L. Mason y J. Gosálvez

Departamento de Biología, Universidad Autónoma de Madrid

Las zonas híbridas se consideran como laboratorios naturales donde se pueden analizar procesos evolutivos. Una zona híbrida es una región geográfica discreta donde dos taxa diferenciados, se encuentran, se cruzan y generan descendencia con caracteres compartidos. *Chorthippus parallelus* (*Cp*) es un ortóptero de amplia distribución europea y está representado por dos subespecies: *Cp parallelus*, ocupa el continente europeo, excepto la península Iberica, donde queda reemplazado por el endemismo *Cp erythropus*. Ambas formas tienen diferentes zonas de contacto en la Cordillera Pirenaica donde conforman una compleja Zona Híbrida.

El análisis de diferentes marcadores de caracteres morfológicos, de comportamiento, cromosómicos y moleculares, muestran unos patrones de distribución similares en las distintas zonas de contacto. Sin embargo, la magnitud en la introgresión de los distintos elementos genéticos, confieren una estructura diferente y propia en cada zona de contacto, dando lugar a variaciones en la amplitud y concordancia, infiriendo diferencias en la intensidad de la selección. Se discute la posible relevancia de uno de los caracteres distintivos entre ambas subespecies, la presencia de los cistrones rDNA ligados al cromosoma sexual, como un fuerte modificador del comportamiento de los genomas cuando estos entran en contacto.

COMUNICACIONES

¿Los patrones de variabilidad nucleotídica permiten discernir entre factores históricos y selectivos? Datos de *Drosophila* y de *Arabidopsis*

M. Aguadé, G. Ribó, J. Rozas, C. Segarra, T. Gübitz, A. Munté, H. Quesada, S. Ramos-Onsins, D. Balaña y A. Sánchez-Gracia

Departament de Genètica, Facultat de Biologia, Universitat de Barcelona

La teoría neutralista de la evolución molecular hace predicciones concretas sobre los niveles y patrones de variación nucleotídica esperados en el caso de equilibrio deriva-mutación en poblaciones naturales panmíticas que se hallen en estado estacionario. Se han desarrollado diversos tests que, ya sea de forma analítica o mediante simulaciones por ordenador usando los métodos de coalescencia, permiten detectar desviaciones respecto a dicha hipótesis nula. La potencia de los distintos tests varía y en general es baja para muestras de pequeño tamaño y/o con un número reducido de polimorfismos. Incluso en aquellos casos en que se detecta una desviación significativa de las predicciones neutralistas puede ser difícil diferenciar si la desviación observada en una región determinada puede atribuirse de forma no ambigua a la selección. La razón principal es que a menudo desconocemos si las poblaciones de la especie estudiada se hallan en estado estacionario o si, por ejemplo, la especie presenta una fuerte subestructuración. Estos y otros factores de la historia de la especie pueden generar patrones de variabilidad similares a los que generarían distintos modelos de selección.

Al estudiar la variabilidad nucleotídica en diferentes regiones de *Drosophila* y de *Arabidopsis* se han detectado situaciones en las que hay un exceso de polimorfismos con variantes únicas así como otras en las que la variabilidad presenta una fuerte estructuración en haplotipos muy diferenciados. En ambos casos el patrón observado puede ser incompatible con una situación de equilibrio deriva-mutación. No obstante, el modo de reproducción (fecundación cruzada o autofecundación) repercute en los patrones de variabilidad esperados, por lo que este factor ha de tenerse en cuenta en el análisis e interpretación de los resultados.

Portal de análisis de polimorfismos nucleotídicos

A. Barbadilla, A. Blanco y M. Soldevila

Departament de Genètica i Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona

La genética está viviendo momentos únicos, y la genética de poblaciones no es ajena a esta situación. El proyecto de determinación de la mayor parte de las variantes polimórficas de base nucleotídica simple (SNP), aunque planteado inicialmente desde una perspectiva biomédica, tiene un valor extraordinario para la genética de poblaciones definida, *sensu* Dobzhansky, como la descripción y explicación de la variación genética de las poblaciones. En el proyecto SNP se produce una convergencia de líneas de investigación nunca antes alcanzada, donde la genética de poblaciones, las recientes técnicas moleculares de detección de la variación genética (matrices de DNA) y las nuevas herramientas bioinformáticas para el tratamiento y análisis de secuencias de DNA configuran una nueva disciplina integradora. El proyecto SNPs, que pretende encontrar y determinar los 300.000 SNPs más frecuentes de la especie humana, suministrará el mayor volumen de datos con los que nunca ha contado la genética de poblaciones, y supondrá la gran base de datos de referencia con la que probar muchas de las hipótesis que forman la estructura conceptual de esta ciencia.

El volumen de la información genética actual sólo puede representarse en formato de bases de datos electrónica, sin duda una de las características más definitorias de la genómica actual, y el tratamiento masivo de esta ingente información no podría gestionarse sin las nuevas herramientas de la bioinformática. Al compás de las perspectivas actuales, nos hemos propuesto la creación de un portal Web para el análisis de polimorfismos de DNA que sirva de referencia en el análisis de polimorfismos de nucleótidos individuales (SNPs). La estructura del portal contará de tres partes principales: las fuentes de datos conteniendo las secuencias polimórficas (de genes, microsátelites, SNPs,...), las herramientas de software *on line* para su análisis, y un amplio apartado de documentación y ayuda. El software tendrá dos módulos principales, uno para la inferencia en genética de poblaciones (estimaciones de diversidad, test de neutralidad,...) y otro para el análisis de QTLs. Implementaremos software ya existente para el análisis de secuencias, pero también estamos desarrollando nuevo software que extienda el ya disponible. Este es un proyecto de gran envergadura que se vería fuertemente impulsado si se coordinara dentro de un equipo multidisciplinar.

Como piedra de toque, hemos creado *Drosophila* DNAPol. Es una base de datos dedicada específicamente al polimorfismo de DNA en *Drosophila*. La base de datos recopila únicamente las secuencias nucleotídicas polimórficas publicadas para cualquier gen de cualquier especie del género *Drosophila*. La mayoría de las secuencias han sido obtenidas a partir de cruzar la información ofrecida por las bases de datos públicas FlyBase y GenBank. De Flybase obtuvimos listas de los genes con secuencias en GenBank, de donde las secuencias fueron obtenidas directamente. El proceso de búsqueda y obtención de secuencias se ha automatizado mediante *scripts* escritos Perl. Las secuencias obtenidas se sometieron una a una a revisión manual para descartar aquellas no aprovechables desde el punto de vista polimórfico. Adicionalmente se han reconstruido grupos de secuencias polimórficas no presentes en las bases de datos directamente a partir de la bibliografía. El porcentaje de este tipo de secuencias asciende a un 19% sobre el total. La base es accesible libremente en el sitio Web <http://dnapol.uab.es/dros/>

Los puntos de rotura de una inversión natural de *Drosophila* son “puntos calientes” inducidos por la inserción de elementos transponibles

M. Cáceres, M. Puig y A. Ruiz

Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona

La variación genética es un prerrequisito para el cambio evolutivo. Los elementos transponibles (TE) se encuentran en todos los organismos vivos y podrían desempeñar un papel evolutivo importante como fuente de nueva variación genética. Sin embargo, aunque muchas observaciones en el laboratorio avalan este punto de vista, el papel evolutivo de los TE en la naturaleza está todavía por dilucidar de forma incontrovertible. Hemos analizado la variabilidad estructural y nucleotídica de los puntos de rotura de la inversión 2j en las poblaciones naturales de *Drosophila buzzatii*. Esta inversión se originó mediante recombinación ectópica entre dos copias de un elemento transponible (denominado Galileo) orientadas en direcciones opuestas. Las regiones que rodean los dos puntos de rotura de la inversión se caracterizaron mediante hibridación de Southern, amplificación por PCR y secuenciación en 9 líneas con la ordenación ancestral 2st y 30 líneas con la inversión 2j. Hemos observado una extraordinaria cantidad de variación estructural causada por 22 inserciones correspondientes a 10 tipos distintos de TE, 12 deleciones y una inversión (aparte de la 2j). Esta variación se encuentra exclusivamente en los cromosomas con la inversión y está completamente ausente en los cromosomas con la ordenación 2st. Además, la baja variabilidad nucleotídica en los cromosomas con la inversión sugiere que la mayor parte de esta variación estructural se ha acumulado en los últimos 350 mil años. Parece por consiguiente que la inserción de Galileo indujo la aparición de “puntos calientes” de cambio cromosómico altamente inestables. El análisis de las distintas copias disponibles de Galileo indica que este elemento pertenece a la familia Foldback. El elemento Foldback de *D. melanogaster* es bien conocido por la producción con altas tasas de reordenaciones cromosómicas y de mutaciones inestables en el laboratorio. Nuestros resultados sugieren que los elementos de tipo Foldback pueden haber desempeñado un importante papel en la evolución cromosómica.

Aspectos genético-poblacionales de los haplotipos mitocondriales de *Drosophila subobscura* en las Islas Baleares

J. A. Castro¹, M. M. Ramon¹, A. Picornell¹, P. Oliver¹, J. Christie¹, B. Terrasa¹,
A. Latorre² y A. Moya²

¹ *Laboratori de Genètica, Departament de Biologia, Facultat de Ciències, Universitat de les Illes Balears*

² *Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva i Departament de Genètica, Universitat de València*

En la mayoría de poblaciones naturales de *Drosophila subobscura* estudiadas se han encontrado dos haplotipos mayoritarios del DNA mitocondrial, el I y el II, que se diferencian por un cambio sinónimo en una diana de restricción de la enzima *HaeIII*, así como una serie de haplotipos menos frecuentes (inferiores al 5%) que suelen ser diferentes en el tiempo y en el espacio entre las poblaciones. Los resultados obtenidos hasta el momento no han resuelto la dinámica poblacional de estos haplotipos en la naturaleza, pues si bien en unas primeras experiencias en cajas de poblaciones el haplotipo II se imponía al I, experiencias similares recientes no confirman tales resultados. Por otro lado, los análisis de desequilibrio citonuclear de los haplotipos con marcadores nucleares enzimáticos tampoco arrojan resultados significativos, pero sí las inversiones cromosómicas. En efecto, hemos detectado una asociación diferencial, concretamente del haplotipo I con la inversión J_{ST} y el II con la J_1 . De confirmarse tal asociación con nuevos datos, estaríamos muy posiblemente frente a un caso de arrastre selectivo transitorio, dado el probado valor adaptativo de las inversiones.

El estudio de los componentes de eficacia biológica, tales como viabilidad, tiempo de desarrollo, longevidad o resistencia a la desecación, parecen dar una ligera superioridad al haplotipo II sobre el I. Actualmente estamos llevando a cabo experimentos de apareamiento y de selección dependiente de las frecuencias.

Finalmente indicar que para poder tener una explicación adecuada de la distribución típica del DNA mitocondrial de esta especie en forma de dos haplotipos mayoritarios y múltiples haplotipos de baja frecuencia se necesitan aproximaciones integradas de tipo genético-poblacional, ecológica y molecular. Por tal motivo, los resultados indicados anteriormente se complementan con las investigación en curso de estos otros: 1.- Dinámica anual de los haplotipos mitocondriales de una población natural de *Drosophila subobscura*. 2.- Impacto del ambiente sobre la distribución de haplotipos. 3.- Estudio de las componentes de eficacia de los haplotipos menos comunes. 4.- Norma de reacción de las cajas de poblaciones con la temperatura. 5.- Nuevo estudio de la asociación de haplotipos mitocondriales a inversiones. 6.- Asociación de los haplotipos mitocondriales con marcadores nucleares tipo STRs. 7.- Análisis de la secuencia nucleotídica de una región de la subunidad 5 de la NADH deshidrogenasa.

Viabilidad competitiva en *Drosophila melanogaster*: Tasa de mutación y efectos mutacionales en homocigosis y heterocigosis

D. Chavarrías, C. López-Fanjul y A. García-Dorado

Facultad de Biología, Universidad Complutense, Madrid

Los resultados de diversos experimentos de acumulación de mutaciones realizados en los años 60-70 parecían indicar que las mutaciones deletéreas de efecto tenue (digamos $s < 0.05$) ocurrían con una tasa inquietantemente alta, cerca de una mutación por cigoto y generación. Sin embargo, nuevos experimentos y el reanálisis de los anteriores sugieren que tales mutaciones son relativamente raras, y la magnitud de la tasa de mutación deletérea tenue está actualmente en tela de juicio. En favor de tasas bajas está el conjunto de estimas obtenidas en las líneas consanguíneas de acumulación de mutaciones de López-Fanjul y col. Sin embargo, estos valores pueden subestimar la auténtica tasa de mutación tenue, debido a que la viabilidad se midió en condiciones de baja competición y a que la evaluación del control no fue contemporánea a la de las líneas. En esta ponencia presentamos resultados experimentales que invalidan las objeciones mencionadas y apoyan la validez de las estimas previamente obtenidas en dicho conjunto de líneas.

Se ha analizado el efecto de la acumulación de mutaciones sobre la viabilidad competitiva del cromosoma II de *D. melanogaster*, en homocigosis y heterocigosis. Para ello se utilizaron una población control de censo grande, que no mostró un deterioro significativo de la viabilidad durante el experimento, y 93 líneas hermano x hermana. Tanto las líneas como el control se derivaron de una misma cepa isogénica hace 250 generaciones. En dichas líneas la selección natural debe haber eliminado la mayoría de las mutaciones con efectos severos sobre viabilidad y muchas con efecto moderado, pero habrá sido ineficaz contra las mutaciones de efecto tenue. Aún así, la tasa de declive por generación observada en homocigosis fue muy baja ($\square M \square 0.1\%$), mientras que la varianza genética aumentó al ritmo habitualmente observado en este tipo de experimentos cuando se excluyen las mutaciones de efectos severos ($\square V \square 0.8 \times 10^{-5}$). Tanto estos valores como las estimas Bateman-Mukai que se derivan de ellos (tasa de mutación por cromosoma II y generación $\square \geq 0.01$, efecto deletéreo medio $E(s) \square 0.08$) están cualitativamente de acuerdo con las estimas obtenidas para viabilidad no competitiva en estas mismas líneas tras 105 generaciones de acumulación de mutaciones. Los resultados indican que, en nuestras líneas, la mutación deletérea tenue es suficientemente rara como para no comprometer la supervivencia de poblaciones pequeñas a medio plazo.

Cuando se midió el efecto en heterocigosis de las mutaciones acumuladas, no se detectó declive de viabilidad ni varianza genética significativa. La estima del grado de dominancia, obtenida de la regresión de la viabilidad de los heterocigotos sobre los homocigotos, fue $\square 0.3$, lo cual sugiere que el grado de dominancia medio de las nuevas mutaciones sería aún menor si la selección natural no hubiera eliminado las mutaciones con efectos deletéreos grandes.

Evolución de elementos móviles de tipo retroviral: el retrotransposón *blood* de *Drosophila* y el retrovirus endógeno humano *ERV9*

J. Costas¹, E. Valadé¹ y H. Naveira²

1 *Departamento de Biología Fundamental, Universidade de Santiago de Compostela*

2 *Departamento de Biología Celular e Molecular, Universidade de A Coruña*

La línea de trabajo que presentamos analiza la dinámica evolutiva de los elementos móviles de tipo retroviral (ampliamente distribuidos en todos los eucariotas), centrándose en el estudio del retrotransposón *blood* en el complejo *melanogaster* de *Drosophila* y del retrovirus endógeno ERV9 en humanos.

El análisis de la evolución de *blood* comienza con su detección, tanto mediante PCR como mediante hibridación, en todas las especies del subgrupo *melanogaster* excepto *D. orena* y *D. erecta*, siendo su modo más probable de evolución la transmisión vertical desde el ancestro del subgrupo y su pérdida en el linaje que conduce a estas dos especies. Empleando tanto PCR y clonación como búsqueda de secuencias en el GenBank, muestreamos parte de la región reguladora de diversas inserciones de *blood* a partir de las cuatro especies del complejo *melanogaster*. El análisis filogenético de estos elementos reveló que podían ser divididos en dos subfamilias, presentes desde el ancestro del complejo. La principal característica distintiva de las dos subfamilias es la ausencia de dos pequeños ORFs en una de ellas que están presentes tanto en la otra como en los retrotransposones más próximos: *mdg1*, *412* y *Stalker*. Diversos indicios sugieren que la subfamilia que carece de estos ORFs es la más activa, al menos en *D. melanogaster*, donde ha sufrido un proceso de expansión.

El estudio de ERV9 comenzó con la identificación de 156 inserciones en el genoma humano mediante la búsqueda de secuencias similares a las primeras 676 bp de la LTR de ERV9 en el Genbank. Estos elementos fueron agrupados en 14 subfamilias basados en diversas diferencias nucleotídicas características. La edad de cada subfamilia fue estimada de forma aproximada mediante la divergencia promedio entre la secuencia consenso de la subfamilia y cada uno de los elementos que la integran. La determinación del orden secuencial de las diferencias características permitió la identificación de 4 linajes distintos, que retuvieron su capacidad de transposición durante largos periodos de tiempo. La posibilidad de que de que ERV9 siga estando activo en el genoma humano no puede ser descartada. Finalmente, se presentan evidencias de evolución en mosaico de uno de estos linajes.

Desarrollo de marcadores moleculares y citogenéticos para su aplicación en especies acuícolas

I. Cross, L. Vega y L. Rebordinos

Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias del Mar, Universidad de Cádiz

La importancia de la variabilidad genética y su detección está sobradamente reconocida en Genética de Poblaciones, tanto naturales como en Acuicultura. Los marcadores moleculares más ampliamente utilizados han sido las isoenzimas porque, aún presentando algunos inconvenientes, representan un método fiable y que permite estudiar un alto número de loci y de individuos en poco tiempo. Sin embargo, desde el desarrollo de la PCR se está implantando el análisis de loci de microsatélites.

El Laboratorio de Genética de la UCA está estudiando la variabilidad genética en dos especies de moluscos y en la de lenguado *Solea senegalensis*, mediante estos marcadores para conseguir distintos objetivos.

Crassostrea angulata es una especie de ostra localizada únicamente en las costas suratlánticas de la Península Ibérica, aunque está relacionada con las especies *gigas* y *virginica* y clarificar la relación taxonómica entre ellas es un objetivo importante. Además, es una especie cultivada, en muchos casos a partir de reproductores o de semilla recogida de bancos naturales, por lo que existe una estrecha relación entre poblaciones silvestres y cultivadas. La detección de marcadores relacionados con caracteres económicamente importantes, como la tasa de crecimiento, es otro objetivo prioritario en Acuicultura, en este sentido hemos realizado algunos trabajos preliminares, dedicados fundamentalmente a la puesta a punto de métodos y diseño de experimentos que permitan abordar estos aspectos aplicados.

Por otra parte, España es el principal productor de lenguado en la CEE y la importancia comercial de este pescado va en aumento por lo que se hace necesaria una caracterización genética del mismo.

Los resultados obtenidos hasta el momento mediante la utilización de alozimas nos han permitido caracterizar más de 20 poblaciones naturales de *C. angulata* y detectar loci diagnóstico en *O. Stentina*.

Sin embargo, una diferencia fundamental entre peces y moluscos es la poca variabilidad, en general, de los loci alozímicos de peces. En nuestro trabajo intentamos además obtener loci polimórficos en tejidos no invasivos de lenguado, como sangre y mucus, para poder aplicarlos a la caracterización del stock de reproductores de piscifactorías. Por ello, también se están desarrollando microsatélites, que son más polimórficos.

Una parte importante de nuestro trabajo está dedicada a la obtención de marcadores citogenéticos en las especies mencionadas, porque la aplicación de programas de mejora por manipulación cromosómica, implica una caracterización citogenética de la especie a mejorar. Esta caracterización comienza con la obtención del cariotipo y posterior análisis de los cromosomas. Para ello hemos puesto a punto sistemas de cultivo en el laboratorio que nos han permitido obtener los cariotipos y estamos desarrollando marcadores mediante bandeo de los cromosomas, tratamiento con enzimas de restricción, localización de los NOR y caracterización de heterocromatina.

Mantenimiento del polimorfismo en una zona híbrida de *Littorina saxatilis* y otros estudios sobre caracteres cuantitativos

F. Cruz, M. Carballo, B. Fernández, J. Fernández, E. Rolán-Alvarez y A. Caballero

Departamento de Bioquímica, Xenética e Inmunoloxía, Facultade de Ciencias, Universidade de Vigo

Se han llevado a cabo estudios experimentales y teóricos sobre la zona híbrida de *Littorina saxatilis* en las costas de Galicia. El objetivo es la comprensión del mecanismo de aislamiento reproductivo incipiente observado entre dos ecotipos de la especie que coexisten en simpatria. Los trabajos experimentales se centraron en la determinación del nivel de variabilidad genética existente para diferentes caracteres cuantitativos utilizando hembras tomadas de la naturaleza y sus correspondientes embriones. Los análisis de regresión madre-hijo y correlación entre hermanos mostraron valores de heredabilidad entre 0,04 y 0,16 (regresión) y 0,38 y 1 (correlación). Desde el punto de vista teórico se llevaron a cabo simulaciones por ordenador con objeto de evaluar el papel de los diferentes factores evolutivos (migración, selección dependiente del hábitat y apareamiento asociativo) en la evolución de la zona híbrida. Los resultados indican que el polimorfismo observado en la naturaleza se explica mediante elevada migración entre subpoblaciones, valores intermedios del aislamiento reproductivo y eficacia biológica de los híbridos igual o inferior, pero nunca superior, a la de los dos ecotipos.

También se han llevado a cabo trabajos teóricos para analizar los efectos de la acumulación de mutaciones y la depresión consanguínea en programas de conservación. Para ello se utilizaron modelos realistas de mutación deletérea con diferentes parámetros mutacionales y demográficos. Se compararon programas en los que no se llevan a cabo procedimientos de manejo de la variabilidad genética frente a otros en los que se optimizan las contribuciones de los individuos reproductores y el sistema de apareamiento para obtener la máxima diversidad genética en los descendientes. La conclusión de estos estudios es que el desarrollo de procedimientos de control de la variabilidad genética en programas de conservación implica una cierta acumulación de mutaciones deletéreas, pero que no es particularmente grave, al menos a corto plazo.

Finalmente, se han llevado a cabo estudios teóricos de simulación por ordenador acerca de un modelo pleyotrópico de variación genética cuantitativa en el que las mutaciones tienen efecto sobre un carácter cuantitativo y sobre eficacia biológica. La aplicación de selección artificial sobre el carácter cuantitativo induce un cambio en las frecuencias génicas de los genes, en muchos casos aumentando la de aquellos con efecto deletéreo sobre eficacia. El resultado más llamativo es el comportamiento de los genes letales recesivos con efecto sobre el carácter seleccionado. Estos genes pueden aumentar de frecuencia hasta convertirse en los responsables de la inmensa mayoría de la variabilidad genética observada en los límites a la selección.

Análisis de componentes de fitness en una zona híbrida de *Littorina saxatilis*

R. Cruz y C. García

Departamento de Biología Fundamental, Facultad de Biología, Universidad de Santiago de Compostela

Hemos estudiado la actuación de la selección natural en el mantenimiento de la zona híbrida del gasterópodo intermareal *Littorina saxatilis* en las costas gallegas. Usando regresión múltiple hemos analizado la relación entre dos componentes de fitness (fecundidad en hembras y selección sexual en machos) y una combinación de variables que caracterizan la diferenciación fenotípica que existe entre las formas puras de esta zona híbrida. Del mismo modo hemos analizado el grupo de los híbridos y su situación en la superficie general.

Analizando el conjunto de la zona híbrida hemos encontrado selección divergente (en fecundidad y selección sexual en machos) sobre caracteres fenotípicos que diferencian las formas puras, indicando así una contribución de ambos componentes de selección natural al mantenimiento de la zona híbrida y su posible evolución. Los híbridos no mostraron una inferioridad promedio en ningún caso y su análisis detallado reveló diferencias en fitness en función de su fenotipo (depresión en fitness para aquellos individuos fenotípicamente intermedios, superioridad en fitness para aquellos fenotípicamente similares a cada una de las formas puras). La relación de estas diferencias en fitness de los híbridos con la situación ambiental no está clara ya que parece depender del componente de fitness analizado. En el análisis de fecundidad la depresión fue prácticamente independiente del ambiente, sugiriendo así una inferioridad intrínseca de esos híbridos y, por tanto, indicando un posible papel de la selección endógena en esta zona híbrida. En cambio, en el estudio de selección sexual en machos encontramos alguna evidencia de una asociación entre el tipo de fenotipo favorecido por selección sexual y la posición de los individuos en la zona media. Éste y otros resultados que indican la existencia, también en las formas puras, de valores de fitness dependientes del ambiente, indican una actuación exógena de la selección natural. Tomados en conjunto, nuestros resultados sugieren que el mantenimiento de esta zona híbrida no puede ser explicado por una acción puramente exógena o endógena de la selección natural, sino más bien por una acción combinada de ambos tipos de mecanismos.

El coste y la especificidad de la adaptación durante la radiación de los virus de RNA a nuevos huéspedes

S. F. Elena, P. E. Turner, J. M. Cuevas y A. Moya

Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva, Universitat de València

La aparición y rápida propagación de una nueva epidemia es una consecuencia de la habilidad de un parásito para colonizar nuevos huéspedes. Así pues, la “radiación de huésped” será beneficiosa para un linaje parasítico, ya que estos individuos tendrán acceso a una mayor variedad de recursos. No obstante, los caracteres que confieren la capacidad para infectar más de un tipo de huésped podrían ser costosos si un parásito generalista debiera competir contra uno especialista por infectar un huésped específico. Las razones para esto van desde una replicación menos eficaz, debida a material genético suplementario o modificaciones genómicas, hasta compromisos en la eficacia biológica en los distintos huéspedes. Este coste debe ser más importante en parásitos con genomas cortos, como los virus, cuyo genoma está constituido por relativamente pocos genes. Recientemente hemos comprobado el coste que supone la radiación del virus de la estomatitis vesicular (VSV) a nuevos huéspedes celulares. Múltiples poblacionales de VSV fueron evolucionadas durante 100 generaciones en su huésped habitual o en dos nuevos huéspedes, bien mantenidos constantes o bien fluctuando entre ellos. Cada población experimental mostró aumentos de su eficacia biológica en sus respectivos huéspedes, pero esta adaptación siempre redujo su eficacia en el huésped original. La magnitud del coste de la adaptación en el caso de huéspedes fluctuantes fue tan grande como la observada para el huésped constante más costoso. Para virus adaptado a un nuevo huésped constante, la eficacia correlacionó negativamente con la que presentaban en los huéspedes en los que nunca habían evolucionado. Los virus evolucionados en huéspedes fluctuantes mostraron un grado de adaptación a cada posible huésped equivalente al observado para un virus evolucionados en ambos ambientes por separado. Por último, y para obtener algún conocimiento sobre las bases moleculares de esta adaptación, secuenciamos dos porciones del genoma de VSV implicadas en el reconocimiento del huésped y en la replicación.

Evolución de la compensación de dosis génica en Dípteros: Aspectos comparativos entre *Drosophila* y *Sciara*

M. Fernanda Ruiz, M. R. Esteban, C. Doñoro, C. Goday y L. Sánchez

Centro de Investigaciones Biológicas, Madrid

En *Drosophila melanogaster* (Suborden Brachycera) y en *Sciara ocellaris* (Suborden Nematocera) la compensación de dosis génica tiene lugar por hipertranscripción del cromosoma X de los machos. Hemos aislado el gen de *S. ocellaris* que es homólogo del gen *maleless (mle)* de *D. melanogaster*, el cual está involucrado en el control de la compensación de dosis génica en esta especie. El gen *mle* de *S. ocellaris* produce un único transcrito presente en machos y hembras, en todos los estadios del desarrollo y en los adultos. Se expresa, además, en los testículos y en los ovarios. Codifica para una RNA-helicasa altamente conservada con la proteína Mle de *D. melanogaster*. El anticuerpo purificado por afinidad contra la proteína Mle de *D. melanogaster* (anti-Mle) reconoce específicamente la proteína Mle de *S. ocellaris*. Este anticuerpo ha sido utilizado para analizar la distribución de la proteína Mle en los cromosomas politénicos y en embriones de *S. ocellaris*. Contrario a lo que sucede en *D. melanogaster*, donde la proteína Mle se localiza específicamente en el cromosoma X de los machos, en *S. ocellaris* Mle se encuentra asociada con todos los cromosomas, tanto en los machos como en las hembras. En el caso de los embriones, la proteína Mle no se localiza en el núcleo de los embriones de *D. melanogaster* en el estadio de preblastodermo, y se localiza en el cromosoma X de los machos en los embriones después del blastodermo. Por el contrario, la proteína Mle de *S. ocellaris* se localiza en todos los cromosomas en los núcleos en el estadio de preblastodermo, cuando aún no existe compensación de dosis génica, y en los estadios posteriores del desarrollo, tanto en los machos como en las hembras. Estos resultados indican que en *S. ocellaris*, el gen *mle* no está involucrado en compensación de dosis génica, sino que ejerce una función general. Por lo tanto, en el linaje evolutivo de los drosofilidos se ha reclutado el gen *mle* para su función específica en compensación de dosis génica. Los anticuerpos purificados por afinidad contra las otras proteínas Msl-1, Msl-3 and Mof de *D. melanogaster* involucradas en compensación de dosis génica marcan, también, todos los cromosomas de los machos y hembras de *S. ocellaris*.

Este trabajo ha sido desarrollado con los proyectos de la D.G.I.C.Y.T. del Ministerio de Educación y Cultura PB95-1236 a L. Sánchez y PB96-0810 a C. Goday.

Asimetría de barreras interespecíficas en salmónidos

E. García-Vazquez¹, P. Moran², J. Perez¹, J. L. Martinez¹, J. I. Izquierdo¹,
B. De Gaudemar³, E. Beall³

1 Departamento de Biología Funcional, Universidad de Oviedo

2 Departamento de Bioquímica, Xenética e Inmunoloxía, Universidad de Vigo

3 Ecologie des Poissons, INRA St Pée sur Nivelle, France

En ríos sureuropeos se encuentran híbridos de salmón atlántico (*Salmo salar* L) y trucha común (*Salmo trutta* L.), en ocasiones con frecuencias muy elevadas. Los muestreos de híbridos interespecíficos en poblaciones naturales de ríos franceses y españoles revelan que la especie materna es siempre salmón. En condiciones experimentales, ambas especies presentan patrones de cortejo similares. Las hembras de salmón aceptan a menudo el cortejo de machos de trucha y sus híbridos presentan una buena supervivencia, maduran sexualmente y pueden llegar a reproducirse en condiciones naturales. Las hembras de trucha pueden también reproducirse naturalmente con machos de salmón, pero sus descendientes híbridos tienen una supervivencia muy escasa. Las barreras pre- y post-apareamiento son asimétricas entre ambas especies. Las posibles razones para la asimetría de barreras interespecíficas en salmónidos son discutidas en términos del respectivo status de conservación de cada especie en los ríos del sur de Europa.

FHX y KIAA1041, dos factores de transcripción de la familia fork head con un origen evolutivo común

B. Granadino y J. Rey Campos

Centro de Investigaciones Biológicas, CSIC, Madrid

La familia fork head es una familia de factores de transcripción, de la que se han descrito numerosos miembros desde levaduras hasta el hombre, sin haberse encontrado ningún factor en organismos procarióticos. Como en todas las familias multigénicas, los factores fork head se han originado por duplicaciones sucesivas de un gen ancestral.

FHX y KIAA1041 son dos factores de transcripción de esta familia con una homología estructural muy alta. Nos planteamos en qué momento de la escala animal aparecieron estos genes. Mediante PCR-Genómica hemos visto que FHX no está en *Drosophila*, ni en la trucha y sí está en el genoma de *Xenopus laevis*. Por tanto este gen apareció hace unos 405-425 millones de años en la transición de los linajes de teleósteos y tetrápodos. KIAA1041 sin embargo aparece ya en la trucha lo que nos indica que tuvo origen antes en la evolución. Mapeamos FHX mediante híbridos de radiación y vimos que mapea en el cromosoma 12 humano ligado a los genes: Glut3, Eno1 y TNFR1, en una región sinténica al cromosoma 1 donde mapea KIAA1041 que está ligado a Glut1, Eno2 y TNFR2. Estos datos nos sugerían que estos dos genes estaban muy próximos evolutivamente y procedían de un ancestro común, a través de una duplicación genómica completa. Construimos un árbol filogenético de los factores fork head más cercanos estructuralmente a FHX y vimos cómo FHX y KIAA1041 comparten un origen evolutivo común.

Estructura genética de la trucha común (*Salmo trutta* L.): implicaciones para la conservación de recursos genéticos

P. Martínez¹, C. Bouza¹, P. Presa², B. G. Pardo¹, J. Castro¹ y L. Sánchez¹

1 Departamento de Biología Fundamental, Facultad de Veterinaria, Universidad de Santiago de Compostela, Lugo

2 Departamento Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de Ciencias-Biología, Universidad de Vigo

Aspectos micro y macrogeográficos de la estructura genética de la trucha común fueron analizados a partir del estudio alozímico (34 loci) de 50 poblaciones del Noroeste de España, y del análisis de secuencias de los ITS1 e ITS2 de los genes ribosómicos en 86 poblaciones representativas de toda el área de distribución de esta especie en Europa. Ambos estudios pusieron de manifiesto la enorme estructuración genética de esta especie tanto en áreas geográficas restringidas como en todo el área de distribución. A nivel microgeográfico se analizaron los factores responsables de la distribución de la diversidad ($G_{ST}=27\%$; $G_{SC}=22\%$; $G_{CT}=5\%$) y se estudió el modelo de estructura genética en esta especie mediante el análisis de flujo génico y de correlaciones entre distancias genéticas y geográficas en los distintos niveles jerárquicos de estructuración. El estudio macrogeográfico a partir de los ITSs de los genes ribosómicos se realizó en poblaciones de las que se disponía información previa de secuencias de la región D-loop mitocondrial. El análisis de ambos tipos de secuencias puso de manifiesto importantes concordancias, como la ancestralidad del linaje Atlántico y la existencia de 5 linajes principales con una antigüedad entre 1 y 2 millones de años, originados probablemente en la transición Plioceno/Pleistoceno. Adicionalmente, el análisis de las secuencias ribosómicas evidenció una importante hibridación entre los distintos linajes no detectada a partir del análisis del ADN mitocondrial. Evidencias de aislamiento reproductivo, especialmente entre los de la región Mediterránea oriental y mares Negro, Caspio y Aral, y los del Mediterráneo occidental y Atlántico surgieron por la existencia de zonas híbridas, puestas de manifiesto por la heterogeneidad intraindividual, en correspondencia con inestabilidad cariotípica. La información obtenida en los dos niveles de análisis se discute en relación con la conservación de recursos genéticos en esta especie.

Análisis de la estructura poblacional de la especie *Limonium narbonense* (*Plumbaginaceae*) mediante marcadores microsatélites

M. L. Palop y F. González-Candelas

Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Departamento de Genética, Universidad de Valencia

Nuestro grupo plantea un trabajo de investigación en la genética poblacional de especies del género *Limonium*. El proyecto pretende integrar los conocimientos básicos de la Genética de Poblaciones en su aplicación a la conservación de especies vegetales endémicas.

El género *Limonium* es uno de los géneros de plantas con mayor número de endemismos raros o amenazados en la Península Ibérica. En las especies del género hay dos grandes grupos de especies caracterizados por diferentes sistemas reproductores (especies poliploides con reproducción asexual por apomixis y especies diploides con reproducción sexual).

Así pues, nos proponemos estudiar la variación genética y su partición dentro de y entre poblaciones de las especies *L. dufourii*, *L. furfuraceum* y *L. narbonense*, las dos primeras con reproducción apomíctica, siendo sexual la tercera.

Para llevar a cabo el análisis de la estructura poblacional en dichas especies utilizamos el marcador genético basado en secuencias microsatélites. Los microsatélites nucleares son marcadores de herencia mendeliana y codominantes, de alta variabilidad y muy abundantes en los genomas de eucariotas, en general, y de plantas, en particular.

Hemos identificado 10 marcadores microsatélites polimórficos en la especie *L. narbonense* y hemos testado estos marcadores en 136 individuos pertenecientes a las cinco poblaciones de la misma especie localizadas en la Comunidad Valenciana. El testado se llevó a cabo mediante la técnica de PCR multiplex basada en la utilización de marcadores cromogénicos en los cebadores de las reacciones que pueden ser detectados en el secuenciador automático PE-ABI 377 mediante la incorporación a los mismos de los programas y hardware GeneScan[®].

En nuestra comunicación presentamos el resultado de los análisis de los datos obtenidos. Así pues, mostramos el polimorfismo genético de las distintas poblaciones, la estructuración poblacional, las distancias genéticas entre poblaciones y las implicaciones evolutivas que se infieren de dichos análisis, junto con las posibles repercusiones para el diseño de estrategias de conservación, especialmente para las otras dos especies a estudiar, *L. dufourii* y *L. furfuraceum*.

Filogeografía del rebeco (*Rupicapra ssp.*) basada en microsatélites

T. Pérez, J. Albornoz y A. Domínguez

Departamento de Biología Funcional, Universidad de Oviedo

El rebeco muestra una distribución discontinua ocupando las cumbres de los distintos sistemas montañosos europeos desde el Cáucaso hasta la Cordillera Cantábrica. Las poblaciones que ocupan los distintos sistemas montañosos están bien diferenciadas a nivel morfológico y se agrupan en dos especies, *R. rupicapra* y *R. pyrenaica*, cada una de las cuales comprende varias subespecies. Hemos probado 30 microsatélites heterólogos (15 caprinos y 15 bovinos) en rebeco. Veinticinco de ellos dieron productos específicos, aunque dos loci difirieron ampliamente del equilibrio de Hardy-Weinberg debido en un caso a la presencia de alelos no amplificables y en otro a ligamiento con el sexo. Se estudiaron un total de 141 individuos procedentes de 8 poblaciones para analizar la evolución histórica del género.

Modelos de sustitución nucleotídica y la influencia de la recombinación en la inferencia de filogenias moleculares

D. Posada

Department of Zoology, Brigham Young University

A pesar del papel relevante de los modelos de sustitución nucleotídica en filogenia, la selección de un modelo apropiado para un conjunto particular de datos todavía sigue siendo un problema. Aunque se han propuesto diferentes métodos para la selección del modelo que, dentro de un conjunto de modelos alternativos, más se ajusta a los datos a analizar, la funcionalidad absoluta y relativa de estas estrategias es todavía una incógnita. Para intentar responder a esta cuestión se realizó un estudio de simulación en computadora donde diferentes métodos de selección de modelos de sustitución fueron aplicados a múltiples muestras de secuencias de DNA generadas mediante modelos de sustitución conocidos. Basándose en los resultados obtenidos, la aplicación de jerarquías específicas de las razones de verosimilitud como la incluida en el programa Modeltest parece más apropiada que el uso de jerarquías dinámicas, o que la utilización del criterio de información de Akaike, o del criterio de información bayesiano.

En la segunda parte de la charla se hablará del impacto de la recombinación en la estimación filogenética, y de los métodos disponibles para su detección. Las técnicas tradicionales de estimación filogenética, como máxima parsimonia, mínima evolución, y máxima verosimilitud, asumen que una única historia evolutiva dio lugar a las secuencias de DNA analizadas. Sin embargo, diferentes procesos evolutivos como hibridación, introgresión, transferencia génica horizontal, conversión génica y recombinación (a partir de aquí denominados comúnmente recombinación), pueden generar secuencias de DNA que son mosaicos de diferentes historias evolutivas. Para caracterizar el efecto de la recombinación en la estimación filogenética, secuencias de DNA mosaicos fueron generadas en la computadora para la posterior estimación de árboles filogenéticos. Se concluye que, aunque la recombinación puede confundir la estimación filogenética cuando el entrecruzamiento ocurre hacia el centro del alineamiento—especialmente cuando ocurre entre taxones divergentes—en general la recombinación no afecta tanto como se podría suponer en principio. Resultados preliminares sobre el funcionamiento relativo de varios métodos para la detección de recombinación en secuencias de DNA se discuten al final.

Herencia doblemente uniparental del DNA mitocondrial: mecanismos de evolución molecular

H. Quesada

Departament de Genètica, Universitat de Barcelona

Los mejillones del género *Mytilus* poseen un modo excepcional de herencia del DNA mitocondrial (mtDNA) en el que dos moléculas altamente divergentes en secuencia nucleotídica (10-20%) son transmitidas separadamente por vía materna y paterna. Los machos suelen ser heteroplásmicos para ambos genomas mitocondriales, mientras que las hembras son habitualmente homoplásmicas para el genoma que es transmitido por la vía materna. Análisis basados en la proporción de sustituciones nucleotídicas sinónimas y no sinónimas indican que estos genomas mitocondriales evolucionan de un modo no neutral y complejo. En Europa, las distintas especies de mejillones muestran un marcado exceso de polimorfismos no sinónimos respecto a lo esperado en un modelo de evolución neutral. Esta situación contrasta con lo observado en las poblaciones Americanas, donde estudios previos indican la ocurrencia de un exceso de fijaciones no sinónimas. Esta pauta de variación se acopla con una marcada diferenciación intraespecífica y niveles extensivos de introgresión para ambos genomas mitocondriales en las poblaciones Europeas pero no en las Americanas. Los niveles de diversidad, divergencia y tasa de mutación son más elevados en el mtDNA que es transmitido por vía paterna que materna. Asimismo, el genoma mitocondrial que es heredado por vía paterna puede ser rápidamente reemplazado en ciertas poblaciones Europeas por moléculas de un origen materno y que han experimentado una reciente reversión en su ruta de transmisión. Estos patrones de variación son discutidos en el marco de un modelo de evolución casi neutralista para el mtDNA y una reciente relajación de la selección en las poblaciones Europeas de mejillones, en especial para el genoma paterno.

Primeros resultados sobre la filogenia molecular de 14 especies de Pleuronectiformes (peces planos) del Atlántico Norte mediante secuenciación directa de productos de PCR de un segmento del citocromo *b*

A. Sanjuan y A. S. Comesaña

Xenética Evolutiva Molecular, Facultade de Ciencias-Biología, Universidade de Vigo

El orden Pleuronectiformes (peces planos) se considera actualmente monofilético y constituido por 11 familias, a partir del estudio de caracteres morfológicos. Las relaciones filogenéticas entre la mayoría de las familias y entre las especies permanece sin clarificar. Se compararán las secuencias del segmento 5' del citocromo *b* de 14 especies de peces planos con el fin de establecer sus relaciones filogenéticas.

Se recolectaron muestras de 14 especies de peces planos de diferentes familias y procedentes del Atlántico norte: De la familia Citharidae, *Citharus linguatula* (solleta); de la familia Scophthalmidae, *Lepidorhombus boscii* (gallo), *L. whiffiagonis* (gallo), *Scophthalmus maximus* (rodaballo) and *S. rhombus* (rombo); de la familia Pleuronectidae (Subfamilia Pleuronectinae), *Hippoglossus hippoglossus* (halibut) y *Reinhardtius hippoglossoides* (fletán negro) de la tribu Hippoglossini, y *Glyptocephalus cynoglossus* (mendo), *Platichthys flesus* (platija) y *Pleuronectes platessa* (platija) de la tribu Pleuronectini; y de la familia Soleidae, *Buglossideum luteum* (acedia), *Dicologlossa cuneata* (lenguadillo), *Microchirus variegatus* (golleta), y *Solea solea* (lenguado). El DNA se extrajo de porciones de músculo. Se amplificó mediante PCR (reacción en cadena de la polimerasa) un segmento homólogo del citocromo *b* de unas 486 bp para cada especie, empleando cebadores universales. Los productos de la PCR de al menos 2 individuos de cada especie se secuenciaron directamente, para ambas cadenas de DNA, en el secuenciador automático de electroforesis capilar CEQ2000 (Beckman).

Las secuencias obtenidas del citocromo *b* se alinearon y se compararon entre si y con otras secuencias incluidas en las bases de datos internacionales. Los análisis filogenéticos se realizaron con los métodos de matrices de distintas distancias genéticas, de verosimilitud máxima y de parsimonia, empleando distintos programas informáticos. Se discuten los resultados y se comparan con distintas filogenias previamente propuestas a partir de caracteres morfológicos.

***Drosophila subobscura* en América: persistencia de genes letales y análisis de microsatélites**

L. Serra, F. Mestres, J. Balanyà, M. Pascual y E. Solé

Departament de Genètica, Facultat de Biologia, Universitat de Barcelona

Hace unos 20 años, la especie paleártica *D. subobscura* colonizó el continente americano. En las poblaciones colonizadoras, debido al efecto fundador, la distribución de genes letales en los cromosomas no se ajusta a una distribución de Poisson, sino que dichos genes se hallan asociados total o parcialmente con distintas ordenaciones cromosómicas. Hemos analizado la persistencia de un gen letal completamente asociado a la inversión O_5 en 6 poblaciones sudamericanas y 5 poblaciones norteamericanas y también la persistencia de un gen letal parcialmente asociado con la ordenación O_{3+4+7} en una población norteamericana. También hemos realizado un análisis global de la persistencia del gen letal asociado a la inversión O_5 tanto en Norteamérica como en Sudamérica. La frecuencia observada de este gen letal es significativamente mayor a la esperada en todas las poblaciones sudamericanas y en el global de Sudamérica y Norteamérica. En las poblaciones norteamericanas, la frecuencia observada es también mayor o igual a la esperada en todos los casos, aunque la diferencia no es significativa. Parece pues que el gen se mantiene en estas poblaciones por selección a favor de los heterocariotipos O_5/O_x . En el caso del gen letal parcialmente asociado a la ordenación O_{3+4+7} , la frecuencia observada es también significativamente mayor a la esperada.

Hemos realizado también un estudio comparativo utilizando 10 loci microsatélites de 5 poblaciones europeas y 2 poblaciones colonizadoras de Norteamérica. No se ha detectado diferenciación genética en Europa lo que indica que existe un elevado flujo genético y que los loci microsatélites son neutros. En las poblaciones colonizadoras se ha detectado una reducción significativa del número de alelos y una disminución significativa de la heterocigosis, ambos explicables por el efecto fundador seguido de una rápida expansión no infinita de las poblaciones. Suponiendo que todos los alelos presentes en el área colonizada se encontraban en la muestra de colonizadores, hemos estimado que dicha muestra contendría entre 4 y 11 individuos. Nuestros resultados demuestran que la mayoría de alelos son generados mediante la ganancia o pérdida de una unidad repetitiva mientras que algunos alelos se generan por procesos mutacionales más complejos (TPM).

Análisis poblacionales en varias especies animales autóctonas españolas

M.T. Tejedor¹, M.V. Arruga¹, L.V. Monteagudo¹, N. Ferran², I. Pascual³, J. Saz¹ y R. Barrao¹

1 *Laboratorio de Citogenética y Genética Molecular, Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza*

2 *Unidade de Genética Animal e Conservação do Centro de Estudos de Ciência Animal, Porto (Portugal)*

3 *Servicio de Ganadería de la Diputación Foral de Bizkaia, Lehendakari Aguirre etorbidea, Bilbao*

Con subvención de la Diputación General de Aragón, se han analizado diversos microsatélites en la Raza Ovina Rasa Aragonesa, para realizar controles de parentesco, básicos en mejora por selección. Para el microsatélite MAF 50 se han detectado 4 alelos, con un número de alelos efectivos de 2,55 y un PIC de 0,58. Para el microsatélite MAF 18, se han observado 5 alelos, con 2,29 alelos efectivos y un PIC de 0,51. Para el microsatélite OarFCB 20, se han identificado 10 alelos, con 6,06 alelos efectivos y un PIC de 0,81. Al estudiar dichos microsatélites, junto con la transferrina, se alcanza una probabilidad de detección de paternidades erróneas del 94,43%.

En colaboración con la Diputación Foral de Vizcaya, se han analizado en el Poni Vasco-Pottoka cuatro loci de proteínas séricas (*AL*, *A1B*, *TF* y *GC*), ocho loci enzimáticos (*PGD*, *GPI*, *PGM*, *MDH*, *SOD*, *LDHA*, *LDHB* y *ME1*) y tres microsatélites (*VHL20*, *HMS7* y *AHT5*). Se analizaron 72 individuos de 4 poblaciones en localizaciones geográficas diferentes. Los valores medios de F_{IS} , F_{IT} and F_{ST} fueron significativos ($F_{IS}=0,06772\pm0,08594$, $p<0,05$; $F_{IT}=0,16105\pm0,11791$, $p<0,01$; $F_{ST}=0,10011\pm0,05757$, $p<0,01$). Sólo la Población 1 mostró un valor global de F_{IS} significativo ($F_{IS}=0,17647\pm0,15475$, $p<0,01$). Los valores globales de F_{ST} para parejas de poblaciones fueron significativos, excepto para las Poblaciones 1 y 2. Es posible el flujo genético entre ambas poblaciones, dada su proximidad geográfica. El valor de consanguinidad significativo encontrado en la Población 1 puede ser debido a un pequeño tamaño efectivo o a un particular esquema reproductivo.

Para continuar la caracterización genética de la Perdiz Roja española, con subvención de la CICYT, se están analizando diversas peptidasas y proteínas séricas de interés potencial en la diferenciación entre la perdiz roja (*Alectoris rufa*) y la perdiz griega (*A. graeca*), con vistas a identificar posibles híbridos. Igualmente, se están aplicando los estudios de RAPDs, con 10 cebadores distintos, para obtener patrones específicos de cada una de las dos especies estudiadas.

Utilización de marcadores moleculares en programas de conservación

M.A. Toro¹, L. Silió¹, C. Rodríguez¹, J. Rodrigañez¹, C. Óvilo¹, J. Fernández², C. Castellanos¹, C. Barragán¹ y E. F. Alves¹

1 Departamento de Mejora Genética y Biotecnología, INIA, Madrid

2 Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de Ciencias, Universidad de Vigo

Se presentan resultados experimentales (RAPDs, AFLPs y microsatélites), teóricos y de simulación relacionados con la conservación del cerdo ibérico. En primer lugar se han identificado marcadores diagnóstico (RAPDs y AFLPs) que permiten identificar cerdos ibéricos frente a sus cruces con cerdos Duroc. En segundo lugar se ha estudiado la variabilidad genética y las distancias genéticas entre seis estirpes de cerdos ibéricos utilizando 19 microsatélites incluidos en el panel propuesto por la FAO. En tercer lugar se han calculado distintos estimadores del parentesco entre 63 cerdos ibéricos utilizando la información de 32 microsatélites y se han comparado dichas estimaciones con el parentesco genealógico. Y por último se han realizado estudios de simulación sobre la utilización de marcadores para minimizar la pérdida de variabilidad en núcleos cerrados de conservación mostrando que la minimización del parentesco condicional en la información del parentesco resulta ser el criterio óptimo para la elección de los reproductores.