9 - 12

Noviembre

2004

XV Seminario Genética de Poblaciones y Evolución

XV SEMINARIO DE GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

Parador Nacional Castillo de Sigüenza

Sigüenza, Guadalajara

9-12 Noviembre, 2004

Organización: Rafael Zardoya San Sebastián
Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)

Con la colaboración de: Federico Abascal, Eva Albert, Pilar Flores, Cristina Grande, Elena G. González, Lukas Rüber, Diego San Mauro

Pagina Web: http://www.sgpe.mncn.csic.es (diseñada por Soraya Villalba)

Patrocinadores:

Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)

Ministerio de Educación y Ciencia

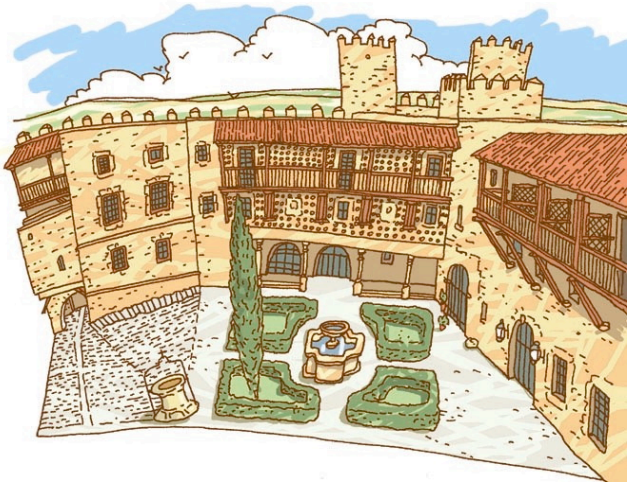
Sociedad Española de Genética

Applied Biosystems

Hucoa- Erlöss

Laboratorios Conda

PROGRAMA



XV SEMINARIO DE GÉNETICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

Sigüenza, 9-12 de Noviembre de 2004

PROGRAMA CIENTÍFICO Y ACTIVIDADES:

Martes 9 Noviembre 2004

11:00-14:00 Bienvenida y entrega de documentación

14:00-16:00 Comida

Moderador: Armando Caballero

16:00-16:25 Island radiations as models for species diversification and community assemblage: insights from the spider world
M.A. Arnedo
Universidad de Barcelona

16:25-16:50 Análisis filogeográfico cladístico anidado en el estudio de coleópteros endémicos de las Islas Canarias
O. Moya, H.G. Contreras-Díaz, P. Oromí y C. Juan
Universidad de las Islas Baleares

16:50-17:15 The Pillars of Hercules: using DNA sequence and current and previous marine barriers to reconstruct historical biogeography and evolution of reptiles and amphibians around the westernmost Mediterranean
S. Carranza
Universidad de Barcelona

17:15-17.45 Pausa

Moderador: Montserrat Aguadé

17:45-18:30 Functional evolution of a cis-regulatory module
M. Kreitman
University of Chicago

18:30-18:55 Análisis multilocus de variabilidad nucleotídica y detección de procesos demográficos en poblaciones naturales
S.E. Ramos-Onsins, W. Stephan y T. Mitchell-Olds
Max Planck Institute of Chemical Ecology, Jena (Alemania)

18:55-19:20 Estructura de la diversidad genética humana: de la historia local al genoma global
F. Calafell, A.González-Neira, E.Bosch, A. Navarro, J. Bertranpetit, **D. Comas**
Universitat Pompeu Fabra

19:20-19:50 Detección del efecto de la selección natural: aproximación multilocus, o genómica
Universidad de Barcelona

J. Rozas, M. Aguadé, C. Segarra, M. Papaceit, A. Munté, D. Orengo, H. Quesada*, B. Stranger, C. Arboleda, D. Balañà, À. Blanco-García, S. Guirao, C. Nobrega, I. Pires, U. E. M. Ramírez, A. Sánchez-Gracia, A. J. Vilella

21:00 Cena

Miércoles 10 Noviembre 2004

Moderador: Andrés Moya

09:00-09:25 Evolución experimental de virus de plantas: proyectos en marcha y perspectivas
S.F. Elena, P. Agudelo, P. Carrasco, F. M. Codoñer y J. A. Daròs
Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (CSIC-UPV)

09:25-09:50 Componentes de eficacia en clones biológicos de virus de RNA
J.M. Cuevas, A. Moya, R. Sanjuán
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad de Valencia

09:50-10:15 Evolución de la región promotora de la chalcon-sintasa en el género *Arabidopsis*
J. de Meaux, U.I. Goebel, A. Pop y T. Mitchell-Olds
Max Planck Institute of Chemical Ecology, Jena (Alemania)

10:15-10:40 Dinámica genómica: interacciones entre la evolución cromosómica, nucleotídica y de expresión
T. Marquès-Bonet, J. Bertranpetit, A. Navarro, **E. Bosch**
Universitat Pompeu Fabra

10:40-11:10 Pausa

Moderador: Jaume Bertranpetit

11:10-11:35 Model selection and averaging in phylogenetics
D. Posada
Universidad de Vigo

11:35-12:00 Rapid species delimitation for DNA based taxonomy
J. Pons, A. Cardoso, D. Duran, J. Gómez-Zurita, S. Sumlin, T. Barraclough, A. Vogler
The Natural History Museum, UK

12:00-12:25 Búsqueda de nuevos marcadores moleculares para resolver la filogenia de los metazoos
M. Riutort, J. Paps, I. Ruiz-Trillo y J. Baguñá
Universidad de Barcelona

12:25-12:50 Molecular evolution of novel genes
J. Castresana
Instituto de Biología Molecular (CSIC), Barcelona

12:50-13:35 Statistical Arguments in Phylogenetic Systematics
James. S. Farris
Naturhistoriska riksmuseet (Suecia)

14:00-16:00 Comida

Moderador: Mauro Santos

16:00-16:25 Relajación de la selección natural en programas de conservación: Experimentación con *Drosophila melanogaster*
S.T. Rodríguez Ramilo, P. Morán y **A. Caballero**
Universidad de Vigo

16:25-16:50 Aceleración y frenado del deterioro mutacional
V. Ávila, D. Chavarrías, A. García-Dorado y C. López-Fanjul
Universidad Complutense de Madrid

16:50-17:15 Cambios relacionados con la temperatura, en el polimorfismo cromosómico y en la morfometría del ala en una población experimental de *Drosophila subobscura*
M. Santos, W. Céspedes, J. Balanya, A. Fontdevila, y L. Serra
Universidad Autónoma de Barcelona

17:15-17.45 Pausa

Moderador: Gonzalo Nieto

17:45-18:30 Causes of diversification in the Cape floristic biodiversity hotspot
T. Barraclough
Imperial College, Londres

18:30-18:55 Reticulación y filogeografía en una angiosperma perenne alógama: *Armeria* (Plumbaginaceae)
G. Nieto Feliner, J. Fuertes Aguilar, B. Gutiérrez Larena, A. Costa, R. Piñeiro
Real Jardín Botánico (CSIC), Madrid

18:55-19:20 Gene flow and fin-scale genetic structure in Iberian species of *Pinus* and *Quercus*
S.C. González-Martínez, J.J. Robledo-Arnuncio, M. Valbuena-Carabaña, J. Ciriza, A. Soto, Z. Lorenzo, C. Collada, R. Alía, P.G. Goicoechea, L. Gil
Centro de Investigación Forestal, INIA

19:20-19:45 Sistemática molecular de metazoos III
R. Zardoya, L. Rüber, C. Grande, E. G. González, D. San Mauro, R. Cunha, E. Albert, M. T. Cabria, y J. Rubines
Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC), Madrid

19:45-20:30 Reunión de la Red Española de Diversidad Biológica, Evolución y Sistemática Moleculares

21:00 Cena

Jueves 11 Noviembre 2004

Moderador: Lluís Serra

09:00-09:25 Asociación entre inversiones, genes letales y secuencias nucleotídicas en poblaciones colonizadoras de *Drosophila subobscura*
F. Mestres, J. Balanyà, M. Pascual, L. Gómez-Baldó y L. Serra
Universidad de Barcelona

09:25-09:50 Inversiones cromosómicas, marcadores moleculares y elementos transponibles en el grupo de especies *D. Virilis*
R. Morales-Hojas, S. Päällysaho, C.P. Vieira, A. Hoikkala y J.B. Vieira
Instituto de Biología Molecular e Celular, Porto (Portugal)

09:50-10:15 Contrasting patterns of sequence turnover of LTR retrotransposons in humans, flies and mosquitoes
López-Sánchez[1], P., J. M. C. Tubío[3], J. C. Costas[2], E. Valadé[3] and **H. F. Naveira[1]**
Universidade de A Coruña

10:15-10:40 Cambios tras cuellos de botella de los componentes de la varianza/covarianza genética generada por sistemas epistáticos complejos
C. López-Fanjul, A. Fernández y M. A. Toro
Universidad Complutense de Madrid

10:40-11:10 Pausa

Moderador: Carlos López-Fanjul

11:10-11:35 Métodos para estimar relaciones genealógicas a partir de marcadores moleculares
J. Fernández y M. A. Toro
Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria

11:35-12:00 Sobre el crecimiento y la forma: el cromosoma 4 porcino
A. Mercadé, J. Estellé, J.L. Noguera, JM Folch, L. Silió, A. Sánchez, L. Varona, y **M. Pérez-Enciso**
Universidad Autónoma de Barcelona

12:00-12:25 Estructura genética de caracteres cuantitativos en poblaciones naturales de un caracol marino
P. Conde-Padín, J. Galindo, A. Carvajal-Rodríguez, **E. Rolán-Álvarez**
Universidad de Vigo

12:25-12:50 Comparación de distintos estadísticos utilizados para analizar datos de microsatélites

T. Pérez, J. Albornoz y **A. Domínguez**
Universidad de Oviedo

12:50-13:35 Methods for assessing levels of adaptive divergence from whole genome scans
Mark Beaumont
University of Reading

14:00-16:00 Comida

Moderador: Alfredo Ruiz

16:00-16:30 Caracterización genómica de las reordenaciones del complejo de genes Hox en *Drosophil*a
A. Ruiz, B. Negre, J. Gonz·lez, S. Casillas, A. Barbadilla, F. Casals, A. Delprat, O. Calvete, M. Nefedov, P. de Jong, I. Bosdet, J.E. Schein, R.A. Hoskins
Universidad Autónoma de Barcelona

16:30-16:55 Genómica evolutiva de levaduras híbridas interespecíficas naturales del género *Saccharomyces*
E. Barrio, S.S. González y A. Querol
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad de Valencia

16:55-17:20 Pérdida de DNA no funcional y evolución del orden génico durante la adaptación de los genomas bacterianos a la simbiosis con insectos
L. Gómez-Valero, E. Belda, A. Latorre y F. Silva
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad de Valencia

17:20-17:50 Pausa

Moderador: María Teresa Tejedor

17:50-18:35 A molecular view of the domestication of mammals
Carles Vilá
University of Uppsala (Suecia)

18:35-19:00 Análisis de microsatélites en poblaciones de perdiz roja española
M.V. Arruga, C.B. García, L.V. Monteagudo y **M.T. Tejedor**
Universidad de Zaragoza

19:00-19:25 Relaciones evolutivas en peces teleósteos
M. Crous, **S. Heras** y M. I. Roldán
Universitat de Girona

19:25-19:50 Filogeografía y variabilidad genética del molusco gasterópodo marino *Dendropoma petraeum* en el Mediterráneo
M. Calvo, A. Machordom and J. Templado
Museo Nacional Ciencias Naturales (CSIC), Madrid

19:50-20:30 Reunión de la Sección de Genética de Poblaciones y Evolución

21:00 Cena

Viernes 12 Noviembre 2004

Moderador: Antonio Fontdevila

09:00-09:25 ¿Interviene *Wolbachia* en la zona híbrida de *Chorthippus parallelus*?
J.L. Bella, F. Arroyo, C. López-Fernández y M. Zabal-Aguirre
Universidad Autónoma de Madrid

09:25-09:50 Origen evolutivo de la reproducción asexual en el género *Calligrapha* (Coleoptera, Chrysomelidae)
J. Gómez-Zurita
Universidad de Murcia

09:50-10:15 Filogenia y evolución molecular del subgrupo *Drosophila hydei* (grupo *Drosophila repleta*) inferida a partir del gen Xantín deshidrogenasa
T. Morán y A. Fontdevila
Universidad Autónoma de Barcelona

10:15-10:40 A new conservation unit among the NW Iberian *Erebia triaria* (Lepidoptera: Satyrinae) as revealed from comparison between nuclear and mitochondrial markers
M. Vila, A. Cassel, K.A. Thuman y M. Björklund
Universidad de A Coruña

10:40-11:10 Pausa

Moderador: Benjamín Gómez Moliner

11:10-11:35 Genetic characterization and identification of wild and domestic brown trout (*Salmo trutta*): an approach using microsatellite DNA análisis
M.J. Madeira, A. Machordom, B.J. Gómez-Moliner y R. Guyomard
Universidad del Pais Vasco

11:35-12:00 Caracterización genética y análisis de la variabilidad en poblaciones españolas de perdiz roja *Alectoris rufa*
M. Martínez-Fresno, E. Junco, A. Blank, J. Nadal, P. Arana y N. Henriques-Gil
Universidad San Pablo CEU

12:00-12:25 Variabilidad de la región de control del ADN mitocondrial en las poblaciones de trucha común (*Salmo trutta*) de la cuenca del río Duero
M. Vera, M. Cortey y J.L. García Marín
Universidad de Girona

12:25-12:50 Estructura genética de poblaciones naturales de *Solea senegalensis*
E. Diaz-Ferguson, M. Barrios, I. Cross, M.A. Merlo, **L. Rebordinos**

Universidad de Cádiz

12:50-13:15 Genetica aplicada a la conservacion de especies: algunos ejemplos

J. L. García-Garitagoitia, F. Alda, S. Perea, S. Schonhuth, O. Domínguez e I. Doadrio

Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC), Madrid

13:15-14:00 Evolutionary Processes, the Past and Future of a Rainforest Fauna

C. Moritz

University of California at Berkeley (USA)

RESÚMENES

XV SEMINARIO DE GÉNETICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

Sigüenza, 9-12 de Noviembre de 2004

Martes 9 Noviembre 2004

Island radiations as models for species diversification and community assemblage: insights from the spider world

M. A. Arnedo
Departament de Biologia Animal, Facultat de Biología, Universitat de Barcelona, Av. Diagonal 645, 08028 Barcelona

"An island may demonstrate certain biological phenomena almost with the clarity of a test-tube experiment". This sentence by Ernst Mayr elegantly illustrates the importance of island for the study of evolution. In addition to the experimental conditions found in most island systems, hot spot oceanic archipelagos provide with replicates of the evolutionary process and snapshots of this process along a timeline.

Species radiations are species-rich assemblages of closely related species evolved within a relatively short amount of time in a specific geographic area. A very interesting feature of some island radiations is that they are relatively young, which increases the probability that species differences were casually associated with lineage branching or speciation.

Spiders are a mega diverse order of arthropods that plays a key role in terrestrial ecosystems as one of the main predatory groups. Many spiders have excellent dispersal capabilities and have managed to colonize even the most remote archipelagos.

Ongoing research in our group focuses on the patterns of species formation and accumulation, using molecular phylogenetic techniques. In the presentation, I will report results from several studies on spider genera that have undergone species radiation processes in the oceanic islands of Hawaii and the Canaries.

Análisis filogeográfico cladístico anidado en el estudio de coleópteros endémicos de las Islas Canarias.

O. Moya[1*], H. G. Contreras-Díaz[1,2], P. Oromí[2] y C. Juan[1]
[1] *Universitat de les Illes Balears, Palma de Mallorca 07122, España*
[2] *Universidad de La Laguna, La Laguna 38205, España*

El análisis cladístico filogeográfico anidado (NCPA – *Nested Clade Phylogeographic Analysis)* ha adquirido un papel relevante en los estudios de filogeografía. Esta técnica permite obtener inferencias de eventos histórico-evolutivos en poblaciones basándose en información genética, geográfica y genealógica. Se presentan dos estudios basados en análisis NCPA aplicado a la filogeografía de coleópteros endémicos de Canarias, que

por su condición de islas oceánicas es de esperar muestren patrones recurrentes de colonización, y donde el vulcanismo debe haber afectado a la distribución de los organismos. Se obtuvieron secuencias de DNA mitocondrial de dos especies próximas del género *Eutrichopus* (Col., Carabidae), endémico de la isla de Tenerife. Estas dos especies son alopátricas y se encuentran estrechamente ligadas a la laurisilva, un hábitat (forestal) en recesión fragmentado como consecuencia de erupciones volcánicas históricas y, en la actualidad, también por causas antrópicas. Se presentan además los resultados del análisis de secuencias mitocondriales de especies endémicas del género *Pimelia* (Col., Tenebrionidae) que habitan zonas áridas de las islas de Tenerife, La Gomera, La Palma y El Hierro. Presumiblemente, eventos de colonihzación de larga distancia y posteriores expansiones de rango geográfico en las islas colonizadas explicarían la distribución actual del género. En la isla de Tenerife se encuentran tres especies: *P. canariensis*, *P. ascendens* y *P. radula,* mientras que cada una de las otras tres está habitada por una subespecie propia de *P. laevigata*: *P. l. validipes* en La Gomera, *P. l. laevigata* en La Palma *chy P. l. costipennis* en El Hierro. Ambos análisis muestran resultados razonablemente coherentes con la historia geológica, hábitat, patrones conocidos de dispersión de otros coleópteros en el archipiélago canario y distribuci4 n de las especies estudiadas.

The Pillars of Hercules: using DNA sequence and current and previous marine barriers to reconstruct historical biogeography and evolution of reptiles and amphibians around the westernmost Mediterranean

S. Carranza
Departament de Biologia Animal, Facultat de Biología, Universitat de Barcelona, Av. Diagonal 645, 08028 Barcelona

Without a fossil record, the geographical history of taxa can only be established by indirect means. One approach for terrestrial groups is to combine estimates of population differentiation with knowledge of datable marine barriers (both present and past). If the differentiation is approximately time-related, as it often is with DNA sequences, this provides a potent means of testing hypotheses about the historical biogeography of clades that span the barriers concerned. A previously existing barrier may show similar trends except that taxa with little differentiation are more likely to have spread across its site naturally, while clades that pre-date it may exhibit 'suture' zones in its vicinity in which there are differentiated parapatric or narrowly allopatric units. These again suggest presence of taxa in the area before the barrier was formed and are testimony to the persistence and geographical stasis of such suture zones. Once approximate datings of separation across such marine barriers have been established, rates of divergent morphological evolution can also be assessed. We have used these methods of inference, combining molecular estimates of differentiation and knowledge of marine barriers, to investigate the history of most of the reptiles and amphibians that occur on each side of the Strait of Gibraltar. This region is ideal as a number of marine barriers have occurred in it and the reptile and amphibian fauna is

rich, with many clades spanning current and previous barriers and showing different degrees of taxonomic differentiation. The results of this study show that marine barriers can have very complex effects on local faunas and that simple vicariance or dispersal approaches fail to unravel the intricacies of these. However a combination of molecular phylogenies and molecular clocks enables many of the events involved to be unraveled. In some cases results are potentially subject to further test using fossils and archaeological material.

Functional evolution of a cis-regulatory module

M. Kreitman
Department of Ecology and Evolution, University of Chicago, 1101 E. 57th Street, Chicago, IL 6063, USA

Lack of knowledge about how regulatory regions evolve in relation to their structure-function may limit the utility of comparative sequence analysis in deciphering cis-regulatory sequences. To address this we applied reverse genetics to carry out the first functional genetic complementation analysis of a eukaryotic cis-regulatory module - the even-skipped stripe 2 enhancer - from four Drosophila species. The evolution of this enhancer is non-clocklike, with large functional differences between closely related species and functional convergence between distantly related species. This divergence is attributable to differences in activation levels rather than spatio-temporal control of gene expression. Our findings have important implications for understanding enhancer structure-function, mechanisms of speciation, and computational identification of regulatory modules.

Análisis multilocus de variabilidad nucleotídica y detección de procesos demográficos en poblaciones naturales

S. E. Ramos-Onsins, W. Stephan y T. Mitchell-Olds
Deparment of Genetics and Evolution, Max Planck Institute of Chemical Ecology, Hans Knoll str, 8; 07745 Jena (Alemania)

Los estudios de variabilidad nucleotídica en poblaciones naturales son cada dia mas ambiciosos y ya no solo comprenden un sólo locus, sino que se extienden a un grupo mas numeroso de loci. Dos diferentes estrategias son actualmente utilizadas en este campo: en primer lugar, el estudio de loci "independientes" (o con muy poco ligamiento), con el cual se podrian estudiar los principales procesos que modulan la variabilidad a nivel genómico (como por ejemplo, el efecto de procesos demográficos). En segundo lugar, el estudio de multiples loci en regiones físicamente cercanas (y con un cierto grado de ligamiento entre ellas) permitiría conocer los efectos de fuerzas que actuan a nivel local, como lo son ciertos procesos selectivos.

Pretendemos conocer cuales son las principales fuerzas que modulan la variabilidad en poblaciones naturales. Por lo tanto, necesitamos de datos

empíricos y de herramientas de analisis efectivas para la identificacion de los procesos evolutivos. La combinación de estadisticos sumarios y de metodos de máxima verosimilitud son a nuestro parecer efectivos en la comprensión de los datos por una banda y la estimación de modelos alternativos por la otra.

En cuanto al estudio de procesos que afectan a todo el genoma, hemos estudiado la potencia de diversos estadísticos sumarios en diferentes hipótesis demográficas alternativas cuando incrementamos el numero de loci (independientes). Ejemplos con datos empíricos muestran la eficacia en el rechazo de la hipotesis nula. Finalmente, hemos estudiado métodos de análisis de máxima verosimilitud, útiles en la estimación de parámetros bajo algunas condiciones alternativas.

Estructura de la diversidad genética humana: de la historia local al genoma global

F. Calafell, A.González-Neira, E.Bosch, A. Navarro, J. Bertranpetit, D. Comas

Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciències Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra, Dr. Aiguader 80, 08003 Barcelona

Diferentes escalas de análisis en genética de poblaciones humanas se pueden conjugar con ámbitos geográficos distintos para abordar cuestiones en dos ejes casi ortogonales: la dinámica del genoma y la historia de las poblaciones humanas. En esta comunicación presentamos dos de estos abordajes que se pueden construir como extremos de un continuo: la estructura del desequilibrio de ligamiento a escala global y la reconstrucción de la historia de una población particular, los aromunes.

En dos estudios, hemos analizado i) un conjunto preliminar de 12 SNPs en una región de alto LD del cromosoma 22 en 39 poblaciones de un panel de diversidad global, y ii) 150 SNPs a una densidad de uno por 7 Kb, en el cromosoma 22, en las 39 poblaciones anteriores más ~15 poblaciones europeas. Varios parámetros presentan estructura continental: frecuencias haplotípica, LD a corto y largo alcance, la caída de LD con la distancia física, y la existencia de bloques de LD. Además de los africanos, poblaciones como los oceánicos y los nativos americanos muestran estructuras de LD particulares. Esto sugiere que cabría ampliar el número de poblaciones que actualmente se usan en los proyectos de descripción sistemática de LD en el genoma humano.

A una escala local, presentamos el ejemplo de un conjunto de poblaciones balcánicas, los aromunes. Constituyen un aislado lingüístico románico dentro de un entorno eslavo, de origen incierto. Hemos analizado marcadores autosómicos (inserciones Alu polimórficas), ADN mitocondrial (secuencias de la región de control y SNPs en la región codificante) y cromosoma Y (18 STRs y diversos SNPs) en cinco poblaciones aromunes y cinco poblaciones no aromunes. Los aromunes presentan una diversidad genética (excepto para el cromosoma Y) y unos haplotipos uniparentales similares a los encontrados en otras poblaciones balcánicas. No obstante, hemos detectado una considerable heterogeneidad en las poblaciones

aromunes que puede ser explicada por deriva genética en el momento de su formación.

Estos dos estudios son ejemplos que ponen de manifiesto que el estudio de la diversidad genética humana permite profundizar no sólo en la historia de las poblaciones humanas sino también en los procesos genómicos que han forjado esta diversidad.

Detección del efecto de la selección natural: aproximación multilocus, o genómica

J. Rozas, M. Aguadé, C. Segarra, M. Papaceit, A. Munté, D. Orengo, H. Quesada*, B. Stranger, C. Arboleda, D. Balañà, À. Blanco-García, S. Guirao, C. Nobrega, I. Pires, U. E. M. Ramírez, A. Sánchez-Gracia, A. J. Vilella
Departament de Genètica; Universitat de Barcelona, Barcelona.
** Afiliación actual: Departamento de Bioquímica, Xenética e Inmunoloxía; Universidade de Vigo, Vigo.*

El análisis del nivel y patrón de la variabilidad genética a nivel genómico (multilocus) está proporcionando información relevante tanto sobre la historia evolutiva de las poblaciones/especies como de las fuerzas evolutivas subyacentes. Uno de los aspectos más atractivos es el de la detección de la selección natural positiva. En este contexto, la aproximación multilocus (o genómica) es crucial, ya que diferentes procesos demográficos pueden mimetizar la huella de la selección natural.
Con el objetivo general de determinar el impacto de la selección natural sobre las secuencias de DNA, se están realizando varios estudios entre los que cabe citar: 1) Análisis de una región genómica (unas 90 kb) de alta recombinación en *Drosophila simulans* para intentar localizar la zona donde ha actuado la selección natural direccional, así como determinar la extensión de la misma. 2) Análisis de múltiples regiones en un fragmento de 3.5 Mb de *D. subobscura* afectado por una inversión cromosómica con el objetivo de establecer cómo el efecto supresor de la recombinación provocado por las inversiones influye en el patrón y nivel de la variación nucleotídica. Para poder analizar los datos obtenidos en estos estudios multilocus, se están desarrollando métodos estadísticos y herramientas bioinformáticas que permitan su procesamiento.

Miércoles 10 Noviembre 2004

Evolución experimental de virus de plantas: proyectos en marcha y perspectivas

S.F. Elena, S.P. Agudelo, M.P. Carrasco, F.M. Codoñer y J.A. Daròs
Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (CSIC-UPV), 46022 Valencia

Recientemente hemos iniciado una línea de evolución experimental empleando como organismo modelo el potyvirus del grabado del tabaco

(TEV). Como paso previo, hemos puesto a punto un protocolo, basado en RT-qPCR TaqMan, para cuantificar la eficacia biológica mediante experimentos de competencia *in planta* entre virus de interés y su ancestro no evolucionado. Hemos ya iniciado los siguientes experimentos: (1) Caracterización de procesos de adaptación de TEV a su hospedero natural, *Nicotiana tabacum*, a un hospedero herbáceo artificial, *Arabidopsis thaliana* y a condiciones de cultivos celulares (células BY-2). A lo largo del proceso adaptativo estamos cuantificando cambios en eficacia biológica, infectividad, virulencia y velocidad de movimiento sistémico. Estamos particularmente interesados en la especificidad de la adaptación a cada ambiente y en los compromisos adaptativos entre los distintos componentes de eficacia medidos. (2) Caracterización del efecto de mutaciones puntuales sobre la eficacia y la virulencia de TEV. (3) Competencia entre variantes hipo e hipervirulentas en condiciones de transmisión mecánica (sin cuello de botella) y de transmisión mediada por vector (cuello de botella). (4) Ventaja evolutiva de la segmentación genómica. Para abordar este punto hemos creado un genoma bipartito a partir del genoma monopartito de TEV y exploraremos en qué situaciones el bipartito se impone al monopartito. (5) Empleando un hospedero en el que TEV produce lesiones localizadas, *Chenopodium quinoa*, estamos evaluando la resistencia de un genoma de RNA a la extinción por fusión mutacional. (5) Evolución de la robustez genómica ante el efecto de la acumulación de mutaciones. Este proyecto se está abordando con dos sistemas virales distintos y dos aproximaciones diferentes. En primer lugar, evolucionando TEV en condiciones en las que teóricamente se deberían seleccionar genomas robustos. En segundo lugar, compitiendo dos viroides (CChMoVd y CSVd) cuya tolerancia a mutaciones es inversamente proporcional a su capacidad de replicación. Estos dos viroides se compiten en condiciones ambientales normales y mutagénicas con el fin de comprobar si las predicciones del modelo de *survival of the flattest* se cumplen en un sistema biológico. (6) Evolución compensatoria de la función de supresión del silenciamiento génico.

Componentes de eficacia en clones biológicos de virus de RNA

J.M. Cuevas, A. Moya, R. Sanjuán.
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universitat de València, C.P. 22085, 46071 Valencia, España

Los virus de RNA presentan una enorme diversidad genética debido a tres factores fundamentales: altas tasas de mutación, elevados tamaños poblacionales y rápidas tasas de replicación. En base a estas características, el término cuasiespecies ha sido empleado para referirse a las poblaciones virales, concebidas como una nube de mutantes interconectados más que como partículas virales con dinámicas individualizadas. Sin embargo, no existen claras evidencias experimentales que demuestren esta teoría. Para ahondar en esta cuestión, se ha empleado como modelo el virus de la estomatitis vesicular (VSV), un virus de RNA, y se han llevado a cabo infecciones con diluciones limitantes con objeto de seguir la dinámica de crecimiento de partículas virales individuales. Durante el proceso de

infección de los clones biológicos, se han tomado muestras a las 4, 4,5, 5, 5,5, 6, 6,5, 7, 7,5, 8, 9, 10 y 11 horas post-infección. De las curvas "clonales" obtenidas mediante esta metodología, se han extraído una serie de parámetros de eficacia (tasa de crecimiento intracelular para la primera y segunda ronda de infección, rendimiento viral por célula y tiempo de transmisión entre células), cuya combinación permite estimar la eficacia de partículas individuales. Se ha observado un compromiso entre la tasa de crecimiento y el rendimiento viral, es decir, los virus que se replican antes producen una menor carga viral. Además, hemos visto que predomina la selección *r*, la eficacia biológica viene determinada fundamentalmente por la capacidad de replicación, más que por la producción viral; aparentemente, la carga viral es un parámetro con una limitada relevancia evolutiva en el contexto de los experimentos de evolución con virus de RNA. Finalmente, es interesante el hecho de que los clones iniciales presentaban eficacias superiores a las de las poblaciones derivadas de ellos. Esto puede ser consecuencia de la acumulación de mutaciones deletéreas en los primeros ciclos de replicación, ya que la aparición de mutaciones beneficiosas es muy poco probable en tan corto período de tiempo.

Evolución de la región promotora de la chalcon-syntasa en el género *Arabidopsis*

J. de Meaux, U. Goebel, A. Pop y T. Mitchell-Olds.
Deparment of Genetics and Evolution, Max Planck Institute of Chemical Ecology; Hans Knoll Str 8 – 07745 Jena (Germany)

Las regiones promotoras pueden evolucionar rapidamente debido a sus numerosos binding sites, los cuales son cortos y a menudo redundantes. Pero el papel que desarrollan en cuanto a la adaptación de las especies a corto plazo no se conoce. El promotor de la chalcon-syntasa (CHS), la primera enzima en la vía metabólica de los flavonoides, ofrece una interesante oportunidad de estudiar este asunto porque ha sido ampliamente caracterizado. Entre otros, regiones evolutivamente conservadas fueron identificadas por footprinting filogenético. Se demostró que estas regiones permiten expresión de la CHS como respuesta a la luz.

Caracterizamos la diversidad nucleotídica del promotor de la CHS dentro y entre 5 especies del género *Arabidopsis*. Usando típicos métodos de genética molecular de poblaciones, la variabilidad observada no se aleja de las expectaciones neutrales. Por lo tanto, el patrón de diversidad indica que la dinámica evolutiva del promotor no ha sido la misma en la distintas especies estudiadas. Para poder entender mejor estas diferencias, analizamos la diversidad nucleotídica a la luz de modelos alternativos no basados en alineamientos nucleotídicos. Analizamos el patrón de constricción geométrica del DNA en esta zona. También, por medio de híbridos e heterocígotos, analizamos *in vivo* la divergencia funcional específicamente debida a la actividad del promotor. Discutimos en que medida la evolución del promotor de la CHS a lo largo del proceso de especiación se acompanió de innovaciones adaptativas.

Dinámica genómica: interacciones entre la evolución cromosómica, nucleotídica y de expresión.

T. Marquès-Bonet, J. Bertranpetit, A. Navarro, E. Bosch.
Departament de Ciències Experimentals i de la Salut. Universitat Pompeu Fabra. Doctor Aiguader, 80. 08003 Barcelona. Catalonia. Spain.

Recientemente se han descrito una serie de interacciones entre los distintos niveles de evolución en el genoma: la evolución cromosómica, la evolución de la secuencia nucleotídica y la evolución de la expresión génica. Hemos abordado estas cuestiones desde diversos ángulos, siempre centrándonos en las causas y consecuencias de las reorganizaciones cromosómicas.

En la primera parte de esta comunicación, describiremos dos reordenaciones cromosómicas concretas: la deleción y la duplicación de la región *AZFa* en Yq, relacionada con infertilidad masculina humana y flanqueada por dos copias de un elemento retroviral endógeno humano (HERVs). En este contexto utilizaremos la naturaleza haploide del cromosoma Y para comprender la dinámica de la conversión génica entre las copias HERV proximal y distal en *AZFa* en humanos, chimpancés y gorilas, estableciendo relaciones entre duplicaciones, reorganizaciones y la evolución de la secuencia nucleotídica.

En la segunda parte exploraremos los efectos de las duplicaciones y las reorganizaciones cromosómicas sobre la expresión génica mediante el estudio de la distribución genómica de las diferencias de expresión entre humanos y chimpancés. Además de confirmar predicciones clásicas y modernas de la evolución de los cromosomas sexuales y de las duplicaciones segmentales, hemos podido ver que las reorganizaciones cromosómicas están asociadas a un incremento de las diferencias en expresión génica en el cerebro. Nuestros resultados indican que las reorganizaciones cromosómicas podrían haber tenido efectos directos o indirectos sobre las expresiones de los genes implicados así como un importante papel en el proceso de especiación que llevó a la separación de los linajes humanos y del chimpancé.

Model selection and averaging in phylogenetics

D. Posada
Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de Ciencias, Universidad de Vigo, 36200 Vigo, Spain

Model selection affects many, if not all, stages of phylogenetic inference. I will discuss different aspects of the selection of substitution models in phylogenetics from a theoretical, philosophical and practical point of view. I will argue that the most common model selection approach, the hierarchical likelihood ratio tests, is a suboptimal strategy, and that approaches like the Akaike Information Criterion and Bayesian methods offer important advantages. In particular, the latter two are able to simultaneously compare multiple nested or nonnested models, asses model selection uncertainty, and, very importantly, allow for the estimation of phylogenies and model

parameters using all available models (*model-averaged* or *multi-model inference*). I will also describe a new approach to depict the relative importance of the different parameters included in substitution models. To illustrate some of these points, I will describe some examples from real data sets and introduce some bioinformatic tools to implement these approaches in DNA (jModeltest) and protein (Prottest) alignments.

Rapid species delimitation for DNA based taxonomy

J. Pons, A. Cardoso, D. Duran, J. Gomez-Zurita, S. Sumlin, T. Barraclough, A. Vogler
The Natural History Museum, Cromwell Road SW7 5BD London, UK

The rate of conventional species description continues to be low, but could be expedited by DNA based approaches providing a universal reference system for species recognition. "Species barcodes" (i.e. using a DNA sequence, usually COI, as a tag for a described species) have already been successfully applied for species identification in several groups. However, DNA taxonomy has been criticised heavily for its perceived insufficiencies for species delimitation and poor grounding in evolutionary theory. Here we present a hypothesis driven DNA taxonomy approach for diagnosis and description of 'new' species. Using a poorly known group of tiger beetles of the genus *Rivacindela* endemic to Australia, we sequenced three mtDNA fragments (COI, cytB, and 16S and the adjacent tRNAleu, and NADH1) from 468 individuals from 65 localities. Our procedures for aggregating of samples (populations) consistently identified geographically delimited groups that largely coincided with recognisable 'morphospecies'. The dynamics of clade diversification within and between such DNA based 'species' using lineage-through-time plots is characterised by a sudden shift in rate (from 0.7 to 4.3 apparent cladogenetic events per mya), presumably marking the species boundary. The analysis raises hope for a universal method of species recognition using DNA sequences that could greatly change current taxonomic practice, increasing the rate of species description.

Búsqueda de nuevos marcadores moleculares para resolver la filogenia de los Metazoos

M. Riutort, Jordi Paps, I. Ruiz-Trillo y J. Baguñà
Departamento de Genètica, Facultat de Biologia, Universitat de Barcelona. Avda Diagonal, 645. 08028 Barcelona.

Hace más de 150 años que se investigan las relaciones de parentesco de los animales a la luz de la teoría de la evolución por selección natural. Los datos morfológicos (la paleontología, la embriología y la anatomía) han definido varias agrupaciones dentro de los Metazoos (animales pluricelulares). A pesar de ello, la falta de indicios morfológicos que aclaren les relaciones entre *phyla* y la aparición repentina de todos ellos en el registro fósil (explosión cámbrica) ha dejado sin respuesta algunas cuestiones de la

evolución animal. La filogenia molecular ha respondido algunas de estas preguntas, pero también ha generado nuevas cuestiones. El estudio de los datos moleculares (principalmente el gen del RNA de la subunidad pequeña del ribosoma, o 18S) ha confirmado la separación Diblásticos-Triblásticos y propone la división de los Bilaterales en 3 superclados: Lofotrochozoa, Ecdisozoa y Deuterostomia. El 18S, sin embargo, no ha sido capaz de determinar cuales son los vínculos entre los tres superclados ni todas las relaciones entre los *phyla*, probablemente por que los acontecimientos evolutivos que definieron estas relaciones fueron relativamente rápidos y son muy antiguos. Para resolver las incertidumbres que persisten en esta región del árbol de los Metazoos y dadas las características de los nodos que se quiere resolver (muy antiguos y temporalmente muy seguidos) se hace necesario: 1) buscar genes que aporten información filogenética a este nivel; 2) desarrollar métodos que permitan detectar la información y separarla del ”ruido”, debido al largo tiempo transcurrido, contenido en dichas moléculas. En este trabajo se evalúa la utilidad filogenética de varios marcadores moleculares nuevos y se analiza el efecto de eliminar las posiciones más variables en la resolución del árbol de los metazoos

Molecular evolution of novel genes

J. Castresana
Department of Physiology and Molecular Biodiversity. Institut de Biologia Molecular de Barcelona, CSIC, Jordi Girona 18, 08034 Barcelona

A large proportion of genes is shared by all living organisms while many others are unique to some specific lineages, indicating their different times of origin. The availability of a growing number of eukaryotic genomes allows us to estimate which mammalian genes are novel genes and, approximately, when they arose. In this work we classify human genes in different age groups and estimate evolutionary rates in human and mouse orthologues. We show that new genes tend to evolve faster than old ones, that is, proteins that arose recently in evolution seem to have a smaller proportion of sites subjected to negative selection. We also show that sequence database searches are not affecting this conclusion since slow or fast proteins are similarly detected in the range of evolutionary rates that we are considering. These results help explain the variability of the molecular clock in different parts of a tree and suggest that, during evolution, there is a tendency towards an increase in a protein’s selective constraint.

Statistical Arguments in Phylogenetic Systematics

J. S. Farris
Molekylärsystematiska laboratoriet, Naturhistoriska riksmuseet; Box 50007 SE-104 05 Stockholm, Sweden

The study of phylogeny is often presented as a statistical subject, and that point of view forms the basis of criticisms of non-statistical phylogenetic

methods. But the arguments and methods employed in statistical studies quite often turn out to be statistically questionable themselves. Some examples include the interpretation of bootstrap frequencies, the idea that third codon positions are unreliable as evidence on phylogeny, some of the significance tests that have been proposed for evaluation of phylogenetic structure, and even the view that likelihood should be preferred to parsimony.

Relajación de la selección natural en programas de conservación: experimentación con *Drosophila melanogaster*

S.T. Rodríguez-Ramilo, P. Morán y A. Caballero
Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de Ciencias, Universidade de Vigo, 36200 Vigo

Los procedimientos que se sugieren para la conservación de especies en peligro de extinción tienen como objetivo el mantener la variabilidad genética, reducir los niveles de consanguinidad y evitar la adaptación de la población a las condiciones en cautividad. No obstante, estos métodos también inducen una reducción de la intensidad de la selección, al forzar la contribución igualitaria entre individuos. Debido a esta relajación de la selección es posible que las mutaciones deletéreas se acumulen más fácilmente en la población, contribuyendo a su posible extinción por causas genéticas. Con objeto de comprobar o refutar esta teoría se han creado dos tipos de líneas a partir de una población natural recién capturada de *Drosophila melanogaster*: (1) líneas sin manejo, en las que los apareamientos y las contribuciones no están controlados; (2) líneas con manejo, en las que los apareamientos están controlados y las contribuciones de los individuos están uniformizadas. Para cada tratamiento se han evaluado dos censos poblacionales de 20 y 100 individuos, replicados 5 y 2 veces, respectivamente. En cada tratamiento y réplica se han evaluado la viabilidad huevo-adulto (porcentaje de adultos emergidos de un total de 30 huevos), el éxito en el apareamiento, una medida global de eficacia biológica y la variabilidad genética neutra (variación en quetas esternopleurales y 4 loci microsatélites). Los resultados indican que no hay diferencias significativas en eficacia biológica entre ambos tipos de tratamientos, por lo que el riesgo potencial en la acumulación de mutaciones deletéreas en las líneas con manejo no parece ser superior al de las líneas sin manejo. Por el contrario, las líneas con manejo mantienen una diversidad genética significativamente mayor que las líneas sin manejo, lo que confirma la utilidad práctica de su aplicación en programas de conservación.

Aceleración y frenado del deterioro mutacional.

V. Ávila, D. Chavarrías, C. López-Fanjul y A. García-Dorado.
Departamento de Genética de la Universidad Complutense, 28040 Madrid.

Con el objetivo prioritario estimar el grado de dominancia de las mutaciones espontáneas deletéreas, se derivaron, a partir de una de las líneas de un

experimento previo de acumulación de mutaciones en *Drosophila melanogaster*, un conjunto de 150 líneas que se mantuvieron mediante apareamiento entre hermanos, y dos controles. Éstos se mantuvieron en 25 botellas, uno (C) a la misma temperatura que las líneas (25ºC) y otro (F) a 16ºC, con el fin de reducir el número de generaciones transcurridas por unidad de tiempo. La estima del grado medio de dominancia es 0.141 0.076, lo que implica efectos considerablemente recesivos. Se ha detectado un notable incremento en la tasa de mutación deletérea (l=0.065) con respecto de la estimada en el experimento anterior (l=0.013) que, al cabo de unas 100 generaciones de acumulación de mutaciones, desencadenó un deterioro brusco de la eficacia y drásticos efectos de selección entre líneas. Al final del proceso, las poblaciones control tenían viabilidades similares en panmíxia, pero la C (generación 108) mostraba una tasa de depresión consanguínea alta mientras que en la F (generación 69) dicha tasa era nula. Estos resultados sugieren que el reducido número de hembras fértiles por botella que se obtenía a 16ºC ha incrementado la tasa de apareamientos consanguíneos en el control F, permitiendo una purga selectiva eficaz de la mutación deletérea. Nuestro propósito inmediato es evaluar experimentalmente las posibilidades de dicho sistema de purga sobre la mutación acumulada en el control C.

Evolución térmica en poblaciones experimentales de *Drosophila subobscura*

M. Santos[1], W. Céspedes[1], J. Balanyà[2], A. Fontdevila[1] y L. Serra[2]
[1]*Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra (Barcelona)*
[2]*Universitat de Barcelona, Diagonal 645, 08071 Barcelona*

El establecimiento en poblaciones colonizadoras recientes de clinas latitudinales paralelas a las existentes en el área original de distribución de una especie es un indicio inequívoco de adaptación a condiciones ambientales análogas. Esto es lo que ha ocurrido para el polimorfismo de inversiones y caracteres morfológicos en *Drosophila subobscura*, especie originariamente Paleártica que colonizó América hace unos 25 años. El factor climático que invariablemente cambia con la latitud es la temperatura, por lo que se suele asumir que es el agente causal en la formación de clinas latitudinales. A partir de una población base derivada del epicentro de la colonización de América (Puerto Montt, Chile, 41º 28' S) se fundaron tres poblaciones experimentales de *Drosophila subobscura* en cada uno de los tres regímenes térmicos incluidos en el experimento: frío (13 ºC), óptimo (18 ºC) y cálido (22 ºC). Los resultados indican que el polimorfismo de inversiones ha respondido rápida y consistentemente a la temperatura, pero los cambios observados en las frecuencias de muchas ordenaciones cromosómicas no son consistentes con las predicciones basadas en las clinas latitudinales o con las tendencias observadas en diversas poblaciones Europeas en los últimos 25-30 años. Además, la evolución térmica observada para el carácter tamaño corporal tampoco es consistente con la observación común en *Drosophila* de que los individuos derivados de

latitudes superiores suelen ser más grandes que los derivados de latitudes inferiores cuando se crían a la misma temperatura. Se concluye que la temperatura *per se* no es el agente causal en muchas clinas latitudinales. Asimismo, discutiremos los problemas asociados con la mayoría de experimentos realizados hasta ahora con *Drosophila*. En dichos experimentos se ha obviado el precepto 'Fisheriano' básico que ha de contemplar cualquier diseño experimental: la aleatorización de causas.

Causes of diversification in the Cape floristic biodiversity hotspot

T. Barraclough
Department of Biological Sciences, Imperial College London; Silwood Park Campus; Ascot, Berkshire SL5 7PY (UK)

The Cape region of South Africa is a major hotspot of flowering plant diversity and endemism. We use DNA phylogenetic trees for members of the family Proteaceae to test alternative hypotheses for the causes of diversification in the Cape, in particular the idea that the onset of Mediterranean-type climate triggered fast speciation via its effects on fire regime. We use the results to illustrate the strengths and weaknesses of phylogenetic analyses of speciation and extinction.

Reticulación y filogeografía en una angiosperma perenne alógama: *Armeria* (Plumbaginaceae)

G. Nieto Feliner, J. Fuertes Aguilar, B. Gutiérrez Larena, Andrea Costa, Rosalía Piñeiro
Real Jardín Botánico (CSIC), Plaza de Murillo 2, 28014 Madrid.

El programa de investigación que se sintetiza en esta charla está encaminado a entender cómo la hibridación, frecuente en el género *Armeria,* coexiste con una diversidad aparente, que es máxima en la Península Ibérica. La detección de patrones de variación eco-morfo-geográfica atribuibles a hibridación dio paso a un programa de hibridación experimental que confirmó la debilidad de las barreras reproductivas y puso de manifiesto la utilidad de los caracteres morfométricos para detectar introgresión. La búsqueda de evidencia molecular en estos años ha resultado poco concluyente para documentar casos concretos de presunta hibridogenia. En cambio, las secuencias de las regiones ITS del ADN ribosómico nuclear sugieren poderosamente hibridación extensiva entre congéneres. La variabilidad de este marcador muestra una estructura geográfica llamativa e independiente de las especies, tanto a nivel mundial como a una escala fina en un macizo como Sierra Nevada. El modelo que propusimos para explicar este patrón incluye dosis elevadas de flujo génico entre especies y una homogenización rápida y sesgada de las copias dentro de estas regiones multicopia; fenómeno éste que pudimos demostrar en híbridos artificiales. En análisis de individuos, los marcadores fingerprinting (RAPD) acumulan ruido debido a su naturaleza dominante combinada con flujo génico elevado. Pero un análisis de los fenotipos a nivel poblacional reconstruye la historia

evolutiva de algún taxon muy en consonancia con otras fuentes de evidencia. Las secuencias no codificantes cloroplásticas y de genes nucleares de bajo número de copias, por su baja tasa de mutación, proporcionan un patrón de variación que, en gran medida, es consecuencia de la ordenación en tiempo y espacio de variabilidad antigua. Además de prospectar otras regiones del genoma, el reto futuro es rescatar información, entre marcadores con este perfil, que sí revele parentesco entre poblaciones a nivel filogeográfico. Otros subproductos del programa incluyen el hallazgo de señal filogenética sustancial en una matriz de secuencias parcialmente moldeada por fuerzas disruptivas que deberían alterar la estructura jerárquica en los datos; la documentación del modelo de *compiloespecie*; o la evidencia en apoyo de movimientos migratorios altitudinales probablemente acaecidos como consecuencia de las oscilaciones climáticas del Cuaternario.

Gene flow and fine-scale genetic structure in Iberian species of *Pinus* and *Quercus*

[1]González-Martínez SC, [1,2]Robledo-Arnuncio JJ, [2]Valbuena-Carabaña M, [3]Ciriza J, [1]Soto A, [1,2]Lorenzo Z, [4]Collada C, [1]Alía R, [3]Goicoechea PG, [2]Gil L

[1] *Unidad de Genética Forestal, CIFOR-INIA, Ctra. de la Coruña km 7,5, 28040 Madrid, Spain.*

[2] *Unidad de Anatomía, Fisiología y Genética Forestal, ETSI de Montes, Ciudad Universitaria s/n, 28040 Madrid, Spain.*

[3] *NEIKER-Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario, Granja Modelo de Arkaute, 01080 Vitoria, Spain.*

[4] *Departamento de Biotecnología, ETSI de Montes, Ciudad Universitaria s/n, 28040 Madrid, Spain.*

Gene flow represents the main evolutionary force counteracting the divergent effects of genetic drift and selection in heterogeneous landscapes. Restricted gene flow generally produces a fine-scale genetic structure and promotes adaptation to local environments. Measuring the extent of gene movement is thus central to both evolutionary and conservation genetics of tree species, especially in those areas, such as the Mediterranean, where the deep human imprint has resulted in a fragmented landscape. We present here the results of microsatellite marker based studies on contemporary gene flow in continuous and fragmented populations of seven Iberian tree species of the genera *Pinus* (*P. pinaster*, *P. sylvestris*) and *Quercus* (*Q. petraea, Q. robur, Q. pyrenaica, Q. ilex, Q. suber*). Paternity and parentage (based on dispersed progeny) analyses showed that long-distance immigration (above ten kilometres) accounted for a substantial portion (4-10%) of a single-year effective pollen in small island populations of *P. sylvestris* and *Q. robur*. In continuous populations, effective movement of seed and pollen of both *Pinus* and *Quercus* species was detected at significant frequencies (>30%) beyond 200 m distances. The estimation of dispersal kernel parameters within the *Pinus* populations showed a marked leptokurtic pattern (shape parameter *b*=0.5-0.7 for an exponential-power law) for both seed and pollen dispersal,

but somewhat less (*b*=1) for successfully established saplings. Overall, results show extensive gene flow and weak fine-scale genetic structure in both fragmented and continuous populations of Iberian trees, the differences among species being explained by their diverse mating systems and physical population structure (density and aggregation pattern).

Sistemática molecular de Metazoos III

R. Zardoya[1], L. Rüber[1], C. Grande[1], E. G. González[1], D. San Mauro[1], R. Cunha[1], E. Albert[1], M. T. Cabria[1,2], y J. Rubines[1,2].
[1]*Museo Nacional Ciencias Naturales (CSIC), José Gutiérrez Abascal 2. 28006 Madrid. España.*
[2]*Universidad del País Vasco. Facultad de Farmacia. Departamento de Zoología y Dinámica Celular Animal. Departamento de Zoología y Dinámica Celular Animal. C/ Paseo de la Universidad, 7. 01006 Vitoria. Spain*

Los avances en biología molecular permiten en la actualidad utilizar información genómica para el estudio de las relaciones filogenéticas. En particular nuestro grupo está interesado en la sistemática molecular de los grandes grupos de vertebrados utilizando genomas mitocondriales completos. Los proyectos actuales del grupo relacionados con este tema son: 1) filogenia de los peces del suborden Labroidei, 2) filogenia de los anfibios, 3) filogenia de Squamata y 4) posición filogenética del desmán. Además tenemos en marcha varios proyectos genómicos en moluscos.

Jueves 11 Noviembre 2004

Asociación entre inversiones, genes letales y secuencias nucleotídicas en poblaciones colonizadoras de *Drosophila subobscura*

F. Mestres, J. Balanyà, M. Pascual, L. Gómez-Baldó y L. Serra
Departamento de Genètica. Facultat de Biologia. Universitat de Barcelona.

La especie *Drosophila subobscura* fue detectada en Chile por primera vez en 1978. Desde el inicio de la colonización se realizaron estudios genético-evolutivos para analizar el fenómeno colonizador. En Noviembre de 1999 se volvieron a tomar muestras de dos poblaciones (Santiago de Chile y Puerto Montt) para estudiar la evolución de las asociaciones entre ordenaciones cromosómicas, genes letales y secuencias nucleotídicas del gen *Odh*. La frecuencia de los genes letales es similar a la observada en estudios previos, aunque Puerto Montt presenta unos valores algo superiores (25,2 %). En las muestras analizadas se mantiene la asociación completa entre la inversión cromosómica O_5 y un gen letal. También se mantiene la asociación parcial entre un gen letal y la ordenación $O_{\underline{3+4}+\underline{7}}$, pero aparece una nueva asociación parcial entre otro gen letal y la misma ordenación. El hecho de que en una ordenación O_7 se haya detectado un gen letal específico de la ordenación $O_{\underline{3+4}+\underline{7}}$ refuerza la hipótesis de que dicha ordenación, que se halla en baja frecuencia en las poblaciones naturales, se generaría por recombinación entre las ordenaciones $O_{\underline{3+4}+\underline{7}}$ y O_{st}. El estudio de la distribución de

haplotipos para la secuencia nucleotídica del gen *Odh* en las diferentes ordenaciones cromosómicas muestra las mismas asociaciones que las descritas en poblaciones de Norteamérica. En la ordenación O_{3+4+7} se han detectado 2 haplotipos, que no se encuentran en otras ordenaciones y no presentan asociación con los genes letales específicos de dicha ordenación. También se aprecia una progresiva rotura de la asociación entre un haplotipo y la ordenación O_{3+4+2}. Por primera vez se ha visualizado un haplotipo híbrido, formado probablemente por una recombinación intragénica entre dos preexistentes.

Chromosome Inversions, Molecular Markers and Transposable Elements in the *D. virilis* group of species

R. Morales-Hojas[1], S. Päällysaho[1,2], C.P. Vieira[1], A. Hoikkala[2,3] and J. B. Vieira[1]

[1]*Instituto de Biologia Molecular e Celular, Universidade do Porto, Rua do Campo Alegre 823, Porto 4150-180, Portugal*

[2]*Department of Biology, University of Oulu, P.O. Box 3000, FIN-90401 Oulu, Finland*

[3]*Department of Biological and Environmental Sciences, P.O. Box 35, 40014 University of Jyväskylä, Jyväskylä, Finland*

Species belonging to the *D. virilis* group are distinguished by fixed chromosomal inversions. Nevertheless, there are also other inversions found in polymorphic conditions and which fluctuate in percentage and presence between populations of the same species. In the present work, 14 polymorphic inversions of *D. montana* from Finland are presented, five of which have already being found in the Alaskan-Canadian population but not in the American standard form of the species. The development of molecular markers for these inversions is useful not only for practical reasons such as detecting the presence or absence of inversions in wild-caught flies without the need for crossings and cytological analyses, but also for estimation of the age of the inversions. Transposable elements lie central in the hypotheses for the occurrence of inversions. Location of *Penelope*, a TE only present in *D. virilis* group, has been shown to correlate with inversion breakpoints and has been suggested to be intimately correlated with speciation processes. Thus, it is plausible to suppose that its phylogeny may reflect that of the species. We present a phylogenetic analysis of *Penelope* and discuss the evolution of this element in relation to that of the D. virilis species group.

Contrasting patterns of sequence turnover of LTR retrotransposons in humans, flies and mosquitoes

López-Sánchez[1], P., J. M. C. Tubío[3], J. C. Costas[2], E. Valadé[3] and H. F. Naveira[1]

[1] *Departamento de Bioloxía Celular e Molecular, Universidade de A Coruña*

[2] *Unidade de Mediciña Molecular, INGO, Complexo Hospitalario Universitario de Santiago de Compostela*

[3] *Departamento de Xenética, Universidade de Santiago de Compostela*

The recent availability of the genomes of different species of higher eukaryotes offers an extraordinary opportunity for comparative studies of transposable elements (TEs) diversity and evolutionary dynamics. To this goal, we have screened the genome of *Anopheles gambiae* for elements belonging to the *Ty3/gypsy* group of long terminal repeat (LTR) retrotransposons. We have characterized in detail 41 families, belonging to five of the nine main lineages of this group. Quite unexpectedly, the *Mag* lineage, which is absent from *D. melanogaster*, is the most diverse and abundant. Comparison of structural characteristics of different families led to the identification of several lineage-specific features, affecting primer binding sites, *gag-pol* translational recoding signals, or specific aminoacid motifs. Although roughly 75% of the families appear to be active, almost all of them have a high proportion of degenerate insertions and solitary LTRs (solo-LTRs), indicative of a turnover rate that may lie in between humans and *D. melanogaster.* All humans share virtually the same array of TE insertions, which date back to the distant past of our evolutionary lineage. Contrary to Drosophila, which shows very short coalescence times for TE sequences, our genome is plagued with true "fossil" remnants of mobilization periods that ceased long ago. In this communication we offer some hints of the mechanisms that led to the extinction of ERV9, a class I family that was repeatedly mobilized during primate evolution, until the split of gorillas, bringing their copy number in the human haploid genome to approximately 120 members distributed on most chromosomes, as well as at least 4,000 solitary LTRs. Then, this high transpositional activity ceased for unknown reasons. We have now made a detailed reconstruction of the evolutionary history of subfamily XII of ERV9, the last to be transpositionally active, by analyzing 102 independent insertions (solo-LTRs) retrieved from the sequenced human genome.. Our analyses indicate that the extinction of this TE must have taken place "abruptly", and not as a consequence of a more or less slow progressive reduction of its transposition rate. Possible explanations and consequences of these findings are discussed.

Cambios tras cuellos de botella de los componentes de la varianza/covarianza genetica generada por sistemas epistaticos complejos

C. López-Fanjul[1], A. Fernández[2] y M. A. Toro[2]
Departamentos de Genética[1] (Facultad de Biología, Universidad Complutense, 28040 Madrid) y Mejora Genética[2] (SGIT-INIA, Carretera de La Coruña km 7, 28040 Madrid)

Presentamos la descripción matemática del efecto de la reducción del censo poblacional (cuello de botella) sobre la contribución a los componentes de la varianza/covarianza genética de un carácter cuantitativo de sistemas de *n* loci bialélicos con efectos epistáticos aditivos x aditivos a todos los niveles.

Después de *t* cuellos de botella de censo *N*, el componente derivado de la varianza genética $V_{A(m)t}$ debido a epistasias de orden *m* puede expresarse en

función de su valor ancestral $V_{A(m)}$ y el coeficiente de consanguinidad F_t pertinente, como

$$V_{A(m)t} = (1 - F_t)^m \sum_m^n \binom{x}{m} 2^{x-m} F_t^{x-m} V_{A(x)} \cdot$$

Esta ecuación indica que el componente epistático de la varianza de orden superior $V_{A(n)t}$ disminuye continuamente hasta anularse, pero para cualquier otro componente ($m<n$) la condición $V_{A(m)t} > V_{A(m)}$ puede cumplirse para determinados valores de las frecuencias alélicas y los efectos epistáticos. En general, dicho cumplimiento es más fácil a medida que el valor de F_t aumenta y las frecuencias se aproximan a 1/2. En particular, el componente aditivo derivado de la varianza siempre excede a su valor ancestral ($V_{A(1)t} > V_{A(1)}$) a menos que las frecuencias sean bajas (<0,1) y F_t alto (>3/4). Comparando sistemas regidos por distinto número de loci ($a>b$) pero con iguales componentes aditivo y no aditivo de la varianza genética ancestral, es posible que el sistema menos complejo produzca un mayor aumento del componente aditivo de la varianza tras cuellos de botella ($V_{A(1)t}^{(b)} > V_{A(1)t}^{(a)}$), especialmente si F_t es bajo. Con epistasia "pura" (q_i =1/2), $V_{A(1)t} > V_{A(1)}$ si $F_t^{a-2}(1 - F_t)>(s/ak_a)^2$, siendo k_a el efecto epistático de orden superior y s el efecto en homocigosis por locus, y $V_{A(1)t}^{(b)} > V_{A(1)t}^{(a)}$ si $F_t^{a-b}<b/a2^{a-b}$.

Con la misma acción génica, el cambio de los componentes de la covarianza genética entre dos caracteres generada por un sistema pleyotrópico de n loci puede expresarse substituyendo, respectivamente, $V_{A(m)t}$ y $V_{A(m)}$ por $cov_{A(m)t}$ y $cov_{A(m)}$ en las ecuaciones anteriores.

Métodos para reconstruir genealogías a partir de marcadores moleculares

J. Fernández y M. A. Toro
Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Ctra. Coruña Km. 7,5, 28040 Madrid.

Tres son los problemas principales que afectan a la eficiencia de los métodos desarrollados para estimar las relaciones genealógicas entre individuos a partir de la información de marcadores moleculares: (i) dependen del conocimiento de las frecuencias alélicas reales que había en la población que se toma como base; (ii) asumen tanto equilibrio de Hardy-Weinberg como equilibrio gamético; (iii) los métodos que calculan los parentescos pareja a pareja pueden producir incongruencias, ya que sólo tienen en cuenta la información de dos individuos a la vez; (iv) suelen estar diseñados para casos particulares de poblaciones estructuradas (asumen que hay un número reducido de tipos de relación posible, por ejemplo: sólo hermanos o no relacionados).

En el presente trabajo se realiza una revisión crítica de los diferentes métodos propuestos para el cálculo de relaciones a partir de la información molecular. También se presenta una nueva estrategia desarrollada para estimar parentescos que está libre de los problemas comentados

anteriormente. El método usa un "algoritmo de búsqueda ciega" (en concreto simulated annealing) para encontrar la genealogía que produce la máxima correlación entre la matriz de parentescos calculada a partir de dicha genealogía y la matriz de parentescos moleculares. Las simulaciones por ordenador realizadas han demostrado que la precisión de esta nueva estrategia es comparable con la que presentan otros métodos propuestos en las situaciones para los que estos últimos fueron diseñados, pero es más flexible y puede utilizarse en situaciones más complejas.

On growth, fatness and form in porcine's chromosome 4

A. Mercadé[1], J. Estellé[1], J.L. Noguera[2], JM Folch[1], L. Silió[3], A. Sánchez[1], L. Varona[2],
M. Pérez-Enciso[1,4]
[1] *Departament de Ciencia Animal i dels Aliments, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra*
[2] *Area de Producció Animal, IRTA, 08198 Lleida*
[3] *Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias, 28040 Madrid*
[4] *Institut Català de Recerca i Estudis Avançats, Barcelona*

Artificial selection has not only affected the performance of the animals, but also their shape. This is evident by simply comparing pictures of the different domestic breeds. We have analyzed the effect of loci on chromosome 4 on fatness, shape and liveweight using a F2, F3 and backcross population between Iberian and Landrace pig breeds. The dataset contained 321 F2, 87 F3 and 85 backcross pigs of both sexes and 14 markers, mostly microsatellites. This chromosome is controversial because some authors have found an effect on growth but not on fatness or viceversa. Here we show, using multivariate techniques, that the most likely explanation is that there exist two distinct loci, the largest effect by far being on fatness rather than on growth. The second locus would affect only growth but not fatness. But the most remarkable result is that the shape traits (carcass length and shoulder weight corrected by either age or weight) were affected by both loci. In fact, it seems that the primary effect is on the shape whereas the effect on growth would be a secondary, pleiotropic effect. We did not find any effect on ham's weights. Thus, it can be hypothesized that artificial selection on fatness resulted in a hitchhiking effect that changed the shape of the animals, increasing the length of the animal and the relative weights of the shoulders compared to the total body weight. Ham weight remained approximately constant.

Estructura genética de caracteres cuantitativos en poblaciones naturales de un caracol marino

P. Conde-Padín, J. Galindo, A. Carvajal-Rodríguez, E. Rolán-Alvarez
Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de Biología, Universidade de Vigo, 36200 Vigo

En las costas gallegas expuestas existe un caso de especiación incipiente en *Littorina saxatilis*. La variación en tamaño y forma de la concha se estudió en hembras y sus embriones para varias localidades, niveles de la costa y transectos. Los especimenes (60 adultos y 2274 embriones procedentes de 758 familias) se fotografiaron y midieron para 12 landmarks, obteniéndose mediante morfometría geométrica descriptores del tamaño (centroid size, *CS*), la variación uniforme (U_1; desviaciones en el eje X y U_2; desviaciones en el eje Y) y los 18 componentes de variación local (relative warps; RW_1 – RW_{18}). El estudio sobre los adultos detectó diferencias significativas entre ecotipos para tamaño (RB > SU), U_1 (SU > RB) y RW_1 (tamaño relativo de la abertura de la concha, mayor en SU). Por otra parte, dos de los caracteres anteriores (U_1 y RW_1) presentaron diferencias significativas entre ecotipos en las poblaciones de embriones estudiadas. La partición de la variación fenotípica entre y dentro de familias de embriones permitió estimar la heredabilidad de los caracteres. Dicho análisis asume (Ho) que los 3 embriones de cada familia son hermanos (sólo en 2 familias de 16 pudo rechazarse dicha H_o usando tres *loci* polimórficos microsatélites) y que el sesgo debido a dominancia, ambiente común o efectos maternos es pequeño. La heredabilidad encontrada fue, para el conjunto de caracteres estudiado, significativamente diferente entre SU (0.457) y RB (0.609). Las estimas de heredabilidad de 14 familias de hermanos (RB) criadas en laboratorio fueron de 0.742, confirmando los valores de las estimas de campo. Además utilizando diferentes particiones de las familias pudimos descomponer la variación genética entre poblaciones (Q_{st}) en diferentes niveles jerárquicos (entre ecotipos a nivel geográfico y microgeográfico, entre localidades a nivel geográfico y microgeográfico). Todas las particiones anteriores resultaron significativas, si bien las diferencias entre ecotipos, especialmente a nivel microgeográfico, presentaron los valores más altos. Esta partición se comparó con análisis similares realizados para variación molecular neutra (ADNm, alozimas y microsatélites), confirmando la acción de la selección natural sobre los caracteres de forma de la concha (U_1 y RW_1), así como su origen adaptativo.

Comparación de distintos estadísticos utilizados paranalizar datos de microsatelites

T. Pérez*, J. Albornoz y A. Domínguez
*Universidad de Oviedo, *Universidad de Cardiff, UK*

Se ha analizado la utilidad de distintos estadisticos para estudiar la variabilidad genética de las poblaciones basada en loci microsatélites, utilizando un juego de datos que incluye 9 grupos de rebecos (137 individuos) y 20 loci microsatélites (173 slelos). Las relaciones entre grupos van desde distintas áreas dentro de subespecies a especies gemelas. La heterocigosidad depende más de los loci que de los individuos muestreados, lo que implica que para reducir la varianza es más importante aumentar el número de loci que el número de individuos. Al contrario de lo esperado, los loci con mayor número de alelos no contribuyen más a las diferencias entre

grupos. Los árboles individuales basados en las distancias Dc, Da, Dkf y Dps agruparon bien a los individuos según su origen. Todos los árboles obtenidos de distancias genéticas así como el análisis de componentes principales de variación en frecuencia o en tamaño resolvieron las relaciones entre las dos especies gemelas. Las asociaciones entre subespecies varían dependiendo de que el análisis se base en frecuencia o en tamaño de los alelos más que en el método particular utilizado. Todas las distancias genéticas excepto Dkf mostraron una regresión positiva sobre la distancia geográfica. La linearidad de esta relación se mantiene a mayores distancias para Ds y $(\partial\mu)^2$. Las distancias Dc, Da y Dps presentaron coeficientes de variación relativamente bajos (alrededor de un 10%) mientras que los estadísticos Ds y $(\partial\mu)^2$, que son apropiados para estimar tiempos evolutivos, presentaron coeficientes de variación del 20% y el 36% respectivamente. Esto implica que para obtener estimas fiables se ha de utilizar un número de loci considerable.

Methods for assessing levels of adaptive divergence from whole genome scans

M. A. Beaumont
School of Animal and Microbial Sciences; University of Reading; Whiteknights, P.O. Box 228,
Reading RG6 6AJ (UK)

This talk will concentrate on recent methods for identifying signatures of local adaptation in genomic surveys from structured populations. Typically, one is considering parapatric populations, each in distinct environments, linked by gene flow. I will describe the results of simulations from a structured population of many unlinked, diallelic loci that are predominantly neutral but with some loci subject to adaptive or balancing selection. Such data sets can then be used to compare the power of recently developed methods. Methods are strongest if many populations are analysed simulataneously using multiallelic markers.

Caracterización genómica de las reordenaciones del complejo de genes Hox en Drosophila

A. Ruiz[1], B. Negre[1], J. González[1], S. Casillas[1], A. Barbadilla[1], F. Casals[1], A. Delprat[1], O. Calvete[1], M. Nefedov[2], P. de Jong[2], I. Bosdet[3], J. E. Schein[3], R. A. Hoskins[4]
[1] Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra (Barcelona)
[2] Children's Hospital Oakland Research Institute, Oakland, California 94609, USA
[3] Genome Sciences Centre, B.C. Cancer Research Centre, Vancouver, Canada V5Z-4E6
[4] Lawrence Berkeley National Laboratory, Berkeley, California 94720, USA.

La genómica comparada arroja información crucial sobre el origen y consecuencias de las reordenaciones cromosómicas. Con la finalidad de caracterizar las reordenaciones del complejo de genes Hox que han tenido

lugar durante la evolución del género Drosophila, hemos obtenido una genoteca genómica de *D. buzzatii* (grupo *repleta*, subgénero *Drosophila*) utilizando el vector pTARBAC2.1. Un segmento de la genoteca que comprende 18.353 clones con un tamaño medio del inserto de 152.6 kb (redundancia ~18x) se ha ordenado en placas de 384 pocillos. Hemos construido también un mapa físico del genoma de *D. buzzatii* mediante *fingerprinting* de 9.574 clones e hibridación en los cromosomas politénicos de una muestra de clones representativos para anclar los *contigs* resultantes. La genoteca de BACs se ha rastreado además con sondas de los genes *labial* (*lab*), *proboscipedia* (*pb*) y *abdominal*-A (*abd-A*) recuperándose numerosos clones positivos. Un clon de la región *lab* (124 kb) y otro clon de la región *pb* (133 kb) se han subclonado al azar en plásmidos y secuenciado completamente. La comparación de la secuencia de estos clones con las regiones homólogas de *D. melanogaster* y *D. pseudoobscura* revela: (1) que la rotura *lab-pb* fijada en el grupo *repleta* tuvo lugar ~40 kb 5' de *lab*, entre el cluster de genes *Ccp* y el extremo 3' de *pb*; (2) la rotura *Ultrabithorax-abd-A* fijada en el subgénero Drosophila tuvo lugar ~9 kb 3' de *abd-A*; (3) en *D. buzzatii,* el gen *lab* se encuentra a ~75 kb de *abd-A*, separado por el cluster de genes *Ccp* y el gen *CG31363*; y (4) los tres genes homeóticos, *lab, pb* y *abd-A,* se encuentran rodeados de numerosas secuencias no codificantes conservadas que son probablemente elementos reguladores que se han conservado a pesar de las reordenaciones del complejo.

Genómica evolutiva de levaduras híbridas interespecíficas naturales del género *Saccharomyces*

E. Barrio[1], S. S. González[1,2] y A. Querol[2]
[1]*Institut 'Cavanilles' de Biodiversitat i Biologia Evolutiva, Universitat de València.*
[2]*Instituto de Agroquímica y Tecnología de los Alimentos, CSIC, Valencia.*

Saccharomyces cerevisiae es la principal levadura responsable de la fermentación alcohólica. Otras especies del género comparten su mismo nicho ecológico y pueden formar híbridos interespecíficos viables, aunque estériles, por conjugación entre células haploides o entre ascosporas. La esterilidad de los híbridos es principalmente debida a incompatibilidad genómica por divergencia nucleotídica o por la presencia de reordenaciones cromosómicas [1] y, aunque sean estériles, estos híbridos se pueden mantener mediante reproducción asexual (gemación), o dar lugar a individuos alotetraploides o homoploides que recuperan su fertilidad [2].

En los últimos años, se ha demostrado que la presencia de híbridos naturales es relativamente frecuente en procesos de fermentación. Por ejemplo, S. *pastorianus* (antes *S. carlsbergensis*), responsable de la producción de cerveza 'lager', es un alotetraploide parcial proveniente de la hibridación entre *S. cerevisiae* y *S. bayanus*. Otras levaduras híbridas se han descrito también en vinos y sidra [3, 4]. Nosotros mismos hemos demostrado la presencia en vinos centroeuropeos de híbridos entre *S. cerevisiae* y *S.*

kudriavzevii, una especie descrita originalmente a partir de dos cepas aisladas en ambientes naturales del Japón.

La presencia de estos híbridos naturales en procesos de fermentación resulta de interés ya que, aunque son menos eficaces que las levaduras parentales en condiciones ambientales específicas, están mejor adaptados a las condiciones fluctuantes o intermedias [2]. En el presente estudio, presentamos los resultados de la caracterización genómica comparada de híbridos naturales con la finalidad de determinar los mecanismos implicados en su origen y evolución.

[1] Grieg, D., Borts, R.H., Louis, E.J., Travisano, M. Proc. R. Soc. Lond. B 269: 1167-1171. 2002.
[2] Grieg, D., Louis, E.J., Borts, R.H., Travisano, M. Science 298: 1773-1775. 2002.
[3] Masneuf, I., Hansen, J., Groth, C., Pi_kur, J., Dubourdieu, D. Appl. Environ. Microbiol. 64: 3887-3892.1998.
[4] Groth, C., Hansen, J., Pi_kur, J. Int. J. Syst. Bacteriol. 49: 1933-1938. 1999.

Pérdida de DNA no funcional y evolución del orden génico durante la adaptación de los genomas bacterianos a la simbiosis con insectos

L. Gómez-Valero, E. Belda, A. Latorre y F. J. Silva
Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva y Departament de Genètica, Universitat de València

La adaptación de la bacteria *Buchnera aphidicola* a la simbiosis con pulgones provocó la pérdida inicial de un gran número de genes y la reducción drástica del tamaño de su genoma. La comparación de los genomas de tres cepas de esta especie, de las que se conoce sus tiempos de divergencia y que se inició hace 100-150 millones de años, mostró que la pérdida de genes continúa a menor ritmo. Se analizó el destino del DNA de estos genes determinando que la vida media de un pseudogen es de 23,9 millones. Este valor es del mismo orden que el estimado para *Drosophila melanogaster*, pero mucho menor que el calculado para mamíferos. Estos resultados mostraron que son suficientes 40-60 millones de años para que un pseudogen quede completamente desintegrado. La naturaleza de las pérdidas génicas puede ser específica de linaje o mostrar convergencias. Otra característica del genoma de *B. aphidicola* es la casi total ausencia de reordenaciones cromosómicas durante los últimos 100-150 millones de años de evolución. Se estimaron las distancias de reordenaciones cromosómicas (distancia de puntos de rotura y de inversiones) para los genomas de las gamma Proteobacterias. Estos valores mostraron que, tras la divergencia del linaje de las enterobacterias, *B. aphidicola* experimentó una elevada tasa de reordenaciones cromosómicas que probablemente coincidió con su adaptación a la vida intracelular. El linaje de *Wigglesworthia glossinidia*, endosimbionte bacteriano de la mosca tse-tse, también mostró un elevado número de reordenaciones. Por el contrario, el número de reordenaciones en el linaje de *Blochmannia floridanus*, endosimbionte de la hormiga carpintero, es similar al de otras enterobacterias. Estos resultados indican que la adaptación a la endosimbiosis provocó, junto a la pérdida de genes y la

reducción del genoma, un gran número de reordenaciones cromosómicas, al menos en algunas especies de endosimbiontes. Se detectó que las inversiones son el principal tipo de reordenaciones cromosómicas que ocurren en las gamma Proteobacterias. Una filogenia de estas especies basada en estos dos tipos de distancias fue reconstruida. La topología obtenida mostró que los tres endosimbiontes bacterianos no forman un grupo monofilético como se había propuesto en base a datos de secuencia.

A molecular view of the domestication of mammals

C. Vilà
Department of Evolutionary Biology, Uppsala University (Sweden)

The domestication of plants and animals is considered the most important event in the last 13,000 years of human history. During the last decade molecular studies have contributed in a decisive way to the understanding of the domestication process. For mammals, most of the studies have been based on mitochondrial DNA phylogenies. However, since this marker is maternally inherited, the emerging view has been highly biased and often too simplified. A review of the available information for MHC loci in multiple species offers a dramatically different perspective. The study of MHC reveals that the contribution from the wild ancestors to the diversity in domestic species may have been much more extensive than previously assumed. Also, wild and domestic lineages may not have been clearly separated since the time when humans started to control the reproduction of the wild species. On the other hand, analysis of diversity on the Y chromosome within breeds can help us understand the contribution of each sex to the origin of the breeds. The comparison of diversity in the mitochondrial DNA and on the Y chromosome in dog breeds and in populations of wild wolves reveals that there has been a strong bias in the contribution of the sexes to define the characteristics of many breeds.

Análisis de microsatélites en poblaciones de Perdiz Roja Española.

M.V. Arruga; C.B. García ; L.V. Monteagudo y M.T. Tejedor
Laboratorio de Citogenética & Genética Molecular, Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, C/Miguel Servet 177, 50.013 Zaragoza (España).

Alrededor de 200 perdices rojas de diversas procedencias se han analizado para siete loci microsatélites. Las muestras individuales de ADN, tras la correspondiente amplificación por PCR con cebadores específicos, se sometieron a electroforesis en gel de poliacrilamida desnaturalizante para identificar los alelos correspondientes a los loci considerados. La tinción con nitrato de plata permitió la visualización de las correspondientes bandas, prescindiendo del uso de marcaje radiactivo. Se calcularon diversos parámetros de variabilidad para las diversas poblaciones analizadas (número de alelos efectivos, heterocigosidad observada y esperada, etc..) y se establecieron comparaciones entre ellas.

Relaciones evolutivas en peces teleósteos

M. Crous, S. Heras y M. I. Roldán
Laboratori d'Ictiologia Genètica. Universitat de Girona. Campus Montilivi, E-17071 Girona, Spain.

En los últimos 20 años, dentro de la biología evolutiva, ha emergido con fuerza el estudio de los árboles filogenéticos con los cuales se obtiene una reconstrucción de la historia evolutiva de los organismos y de sus relaciones durante estos procesos históricos.
La información acumulada ha ido aumentando en los últimos años con el desarrollo de las técnicas de análisis de datos genéticos, no obstante, existen aún muchas lagunas como es el caso de los peces Teleosteos. En concreto hay un conflicto taxonómico con las famílias Mugilidae y Atherinidae (estudio 1); además de una filogenia no resuelta por parte del orden Gadiformes (estudio 2).
Estudio 1: Análisis filogenético de las familias Mugilidae y Atherinidae (Acanthopterygii) mediante el gen 12S rRNA.

A menudo, la sistemática, basada tradicionalmente en caracteres morfológicos, no se corresponde con los procesos evolutivos relacionados con la aparición de los grupos de organismos. La alta similitud morfológica presentada por los miembros de la Familia Mugilidae implica una clasificación ardua, complicada y discutida. Además, tres propuestas taxonómicas diferentes se discuten en la actualidad para la Familia Atherinidae respecto a la Familia Mugilidae. Con el objetivo de reconstruir su historia evolutiva y relacionarla con la actual clasificación se ha estimado tanto la divergencia genética intrafamiliar como interfamiliar.
Estudio 2: Caracterización de la Región Control del DNA mitocondrial en Gadiformes: variación de secuencias e implicaciones filogenéticas

La región control ha sido un marcador mitocondrial muy utilizado para resolver las relaciones filogenéticas entre especies, especialmente en casos donde la diferenciación entre éstas es mínima. Con el objetivo de resolver las relaciones filogenéticas entre especies del orden gadiformes, concretamente en el caso de las familias Merluciidae y Gadidae, se ha caracterizado parte de esta región a nivel estructural. Así mismo se han realizado análisis filogenéticos basados en diferentes algoritmos para reconstruir la historia evolutiva de estos grupos de peces.

Filogeografía y variabilidad genética del molusco gasterópodo marino *Dendropoma petraeum* en el Mediterráneo.

M. Calvo, A. Machordom and J. Templado
Museo Nacional Ciencias Naturales (CSIC), José Gutiérrez Abascal 2. 28006 Madrid. España.

El gasterópodo gregario *Dendropoma petraeum*, endémico del Mediterráneo, da lugar a formaciones microrrecifales en el infralitoral inferior de las zonas

más cálidas de este mar. Estos conglomerados orgánicos son excelentes indicadores paleoclimáticos y están incluidos en diversas listas de "especies a proteger". El desarrollo larvario de esta especie carece de una fase planctónica, por lo que su capacidad de dispersión es, *a priori*, muy limitada. A fin de evaluar el intercambio genético entre distintas poblaciones de este gasterópodo se han estudiado ejemplares de 14 localidades del Mediterráneo occidental (Levante español, Estrecho de Gibraltar, Ceuta, isla de Alborán e islas Chafarinas) y de su cuenca oriental (Israel, Líbano y Creta). Se han analizado secuencias de ADN de los genes ARNr 16S (539 pb), CoI (658 pb) e ITS (1093 pb). Como resultado, se ha obtenido una gran homogeneidad genética entre todas las poblaciones del Mediterráneo occidental, incluidas las de ambas vertientes (africana y europea) del mar de Alborán, y una notable divergencia de éstas con respecto a las de la cuenca oriental (Creta, Líbano e Israel). De hecho, la divergencia encontrada entre los distintos grupos alcanzan valores altos (16% para el CoI y 10% para el 16S), con respecto a los usuales intraespecíficos. Esto sería indicativo de la existencia de especies crípticas, ya que estas divergencias moleculares no se corresponden con variación morfológica aparente. Destaca también la baja variabilidad en un marcador supuestamente de alta tasa de cambio, frente a los valores de divergencia previamente indicados, los ITS, aún representando el fragmento más largo de los secuenciados, no ha pasado de valores de 1,6 % (esto es, hasta 10 veces menos que lo encontrado para el CoI). En cuanto a las poblaciones orientales, también se ha encontrado una clara diferenciación entre las poblaciones de Creta con respecto a las de Líbano e Israel. Esto indicaría, por tanto, la existencia de, al menos, dos barreras en el Mediterráneo, que habrían dado lugar a 3 especies crípticas, cuyas características morfológicas y reproductoras deberían ser objeto de un profundo estudio.

Viernes 12 Noviembre 2004

¿Interviene Wolbachia en la zona híbrida de Chorthippus parallelus?

J.L. Bella, F. Arroyo, C. López-Fernández y M. Zabal-Aguirre
Departamento de Biología (Unidad de Genética), Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Madrid, 28049, Madrid

La zona híbrida pirenaica de Chorthippus parallelus parallelus y Chorthippus parallelus erythropus ha sido intensamente estudiada durante los últimos años, lo que ha puesto de manifiesto múltiples diferencias entre ambas subespecies relacionadas con caracteres morfológicos, etológicos, cromosómicos, etc., así como con diversos componentes ecológicos de dicha zona híbrida.

El estudio poblacional de algunos de estos marcadores ha servido para estudiar su dinámica y para proponer el origen de esta zona híbrida en los avances y retrocesos que sufrieron las poblaciones ancestrales de esta especie en Europa, a causa de las últimas glaciaciones. Los machos F1 híbridos entre ambas subespecies son estériles, lo que parece indicativo de selección en contra de los híbridos. Todo ello lleva a catalogar esta zona

híbrida como “zona de tensión originada por contacto secundario”, con diversos agentes involucrados en su origen y mantenimiento.

Recientemente hemos detectado diferencias considerables en los niveles de infección por *Wolbachia* en distintas poblaciones de C. parallelus dentro y fuera de la zona híbrida, lo que nos ha conducido a realizar diversos estudios y cruzamientos con objeto de valorar el posible papel que puede desempeñar esta bacteria endosimbionte, como mediadora del aislamiento reproductivo, en la dinámica presente y pasada de la zona híbrida pirenaica.

The evolutionary origin of asexual reproduction in the genus *Calligrapha* (Coleoptera, Chrysomelidae)

J. Gómez-Zurita
Department of Entomology, The Natural History Museum, London SW7 5BD, U.K.
Department of Biological Sciences, Imperial College London, Silwood Park, Ascot SL5 7PY, U.K.
Biología Animal, Universidad de Murcia, 30100 Murcia, Spain.

Parthenogenesis is a relatively common reproductive strategy among invertebrates. Within the highly speciose Coleoptera, asexual reproduction takes place in many families with well known examples in Micromalthidae and Curculionidae, and using several distinct mechanisms, including apomixis (eggs omitting meiosis and producing clonal offspring), generative parthenogenesis (embryonic development of a female pronucleus without achieving diploidy), or pseudogamy (male fertilization required, but without sperm contribution to the zygote genetic constitution). Asexuality has also been reported in leaf-beetles (Chrysomelidae). In this family, it occurs in single parthenogenetic species scattered through several genera, except maybe in the case of the chrysomeline genus *Calligrapha*, where several asexual taxa have been described.

Calligrapha is a Nearctic and Neotropical leaf beetle genus currently recognized to include about 80 species. In its North Eastern range of distribution, the genus has seven identified female-only tetraploid taxa with thelytokous reproduction, i.e. obligatory apomictic parthenogenesis. We have recently studied a representative sample of 23 taxa in the genus, including four parthenogenetic species, using phylogenetic reconstruction based on five molecular markers, three mitochondrial (mtDNA; CO1, CO2 and 16S rDNA) and two nuclear (elongation factor 1-alfa and ITS2 rDNA). The goal of the study was to investigate the origins of asexuality and discover the potential mechanism responsible for the appearance of this alternative mode of reproduction in the genus.

The results of the phylogenetic analyses of the genetic markers separately suggest that parthenogenesis arose independently for each extant thelytokous taxon in the genus, in conflict with the idea of an old asexual lineage having experienced further diversification. Significant incongruence among the phylogenetic signals provided by mtDNA and nuclear markers,

mainly localized in the branches leading to parthenogenetic taxa, is indicative of a reticulated origin for these species. Interspecific hybridisation, a well-known process behind the genesis of many parthenogenetic species in animals and plants, thus seems the most likely explanation for the asexual *Calligrapha* lineages.

Hybridogenesis and independent phylogenetic origins of asexuality in *Calligrapha* pose a problem to explaining the geographical concordance of all known parthenogenetic taxa in the genus, restricted to a relatively small area of its total range. Several possible explanations, including phylogeographic, demographical or physiological, will be discussed.

Filogenia y evolución molecular del subgrupo *Drosophila hydei* (grupo *Drosophila repleta*) inferida a partir del gen *Xantín deshidrogenasa*

T. Morán y A. Fontdevila
Grupo de Biología Evolutiva, Departament de Genética i de Microbiologia, Universitat Autónoma de Barcelona, España.

El subgrupo *hydei* (grupo *Drosophila repleta*) está conformado por 7 especies divididas en dos complejos: *hydei* (*D. hydei, D. eohydei* y *D. neohydei*) y *bifurca* (*D. bifurca, D. nigrohydei, D. novemaristata* y *D. guayllabambae*), cuyas relaciones filogenéticas son poco conocidas. Con el propósito de evaluar la filogenia molecular del subgrupo, nosotros analizamos 2085 nucleótidos codificantes del gen *Xantín deshidrogenasa* en seis especies disponibles del subgrupo, y utilizamos como grupo externo a *D. buzzatii* y *D. mulleri*. Para la reconstrucción filogenética adoptamos un marco de trabajo máximo verosímil, basado en el ajuste de modelos del proceso de substitución nucleotídica a los datos observados. Adicionalmente, empleamos criterios de distancias genéticas y máxima parsimonia para construir topologías candidatas. En todos los casos obtuvimos un único árbol totalmente resuelto, con gran soporte estadístico para cada uno de sus nodos, que indica que los dos complejos son parafiléticos. Éste y otros resultados están parcialmente en desacuerdo con la sistemática clásica del subgrupo (propuesta en base al conocimiento de la morfología y la conformación cromosómica), lo cual debería ser corroborado con el estudio de otros marcadores filogenéticos.

A new conservation unit among the NW Iberian *Erebia triaria* (Lepidoptera: Satyrinae) as revealed from comparison between nuclear and mitochondrial markers

M. Vila[1,2], A. Cassel[3,4], K.A. Thuman[1] & M. Björklund[1]
[1]*Animal Ecology, Uppsala University, Norbyv. 18D, 75236, Sweden*
[2]*IUX, University of A Coruña, Campus de Elviña, 15071, Spain*
[3]*Conservation Genetics, Uppsala University, Norbyv. 18D, 75236, Sweden*
[4]*Swedish Uni. of Agricultural Sciences, Ullsv. 16, 75007, Uppsala, Sweden*

Priorities for conservation of biological units should ideally combine ecology

and genetics. We assessed the genetic diversity in some Iberian populations of the European butterfly *Erebia triaria* (Nymphalidae: Satyrinae), as some populations of the species have gone extinct during the 20th century. We screened four nuclear microsatellite markers in five NW Iberian populations, using a Pyrenean population as an outgroup (*n* =105). We also presented a new polymorphic locus. One particular population (Xistral, NW Iberia) was significantly differentiated from all the others. The nuclear results fully agreed with the pattern previously found using mitochondrial DNA sequences of the control region and the cytochrome oxidase I gene. The hypothesis of incipient speciation of this population, due to an ancient isolation event, gained additional support. We argue, by combining the genetic findings with morpho- and ecological data, that this population be a distinct unit for conservation.

Genetic characterization and identification of wild and domestic brown trout (Salmo trutta): an approach using microsatellite DNA analysis

*Madeira Mª.J., **Machordom, A., Gómez-Moliner, B.J and ***Guyomard, R.

* *Universidad del País Vasco. Facultad de Farmacia. Departamento de Zoología y Dinámica Celular Animal. Departamento de Zoología y Dinámica Celular Animal. C/ Paseo de la Universidad, 7. 01006 Vitoria. Spain*

** *Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC). Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva. Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva. C/ José Gutiérrez Abascal, 2. 28006. Madrid. Spain*

****Institut National de la Recherche Agronomique-France (INRA). Département de Génétique des Poissons. Domaine de Vilvert. 78352 Jouy-en-Josas Cedex*.

Biodiversity conservation has become a priority for management of natural resources. In this context, a good knowledge of the extent and pattern of population structure at microgeographical scale is important for conservation and management of the Evolutionary Significant Units (ESUs) of native brown trout populations in the Iberian Peninsula. But this principle is more difficult to be applied to those species under exploitation due mainly to economic interests. In this work we assessed structural gene variation of 30 brown trout populations located in several streams from the north of Iberian peninsula, including populations from different drainages: Atlantic (Cantabrian and Duero basins) and Mediterranean. We have analyzed allele frequency variation at 10 microsatellite loci with the aim to evaluate the genetic variability among and within these populations and the possibility of introgression by alien genomes due to the stocking activities employing non-indigenous hatchery specimens. The study includes populations that have never been restocked, populations that have not been restocked during the last decade and populations that have been regularly restocked up to the sampling years. The results reflect the existence of distinct gene pools according with the geographical distribution of the populations, mainly distinguishing the two slopes. Samples from two local hatcheries have also been included in the analysis to compare the results and in order to quantify

the contribution of the domesticated brown trout into the indigenous gene pool.

Caracterización genética y análisis de la variabilidad en poblaciones españolas de perdiz roja *Alectoris rufa*

M. Martínez-Fresno[1], E. Junco[2], A. Blank[1], J. Nadal[3], P. Arana[4] y N. Henriques-Gil[1]
[1]*Laboratorio de Genética, Universidad San Pablo CEU*
[2]*Junta de Castilla-León, Servicio Territorial de Medio Ambiente, Palencia; 3 Departamento de Producción Animal, Universidad de Lérida; 4Departamento de Genética, Facultad de Biología UCM*

Siguiendo el proyecto iniciado en años anteriores para el desarrollo de marcadores genéticos en la perdiz roja, hemos analizado varias poblaciones españolas de diferentes orígenes y áreas geográficas. Se ha utilizado el marcador previamente descrito en la región control del DNA mitocondrial para estudiar muestras de plumas procedentes de poblaciones de Palencia, Huesca, Toledo, Jaén y Valencia. Algunas de estas poblaciones se encuentran en áreas protegidas o con muy baja presión cinegética y, por tanto, sin introducción artificial de individuos; en cambio, en otros casos, los animales proceden de áreas con alta presión cinegética donde la suelta de individuos de granja es masiva y periódica. Asimismo, se han analizado dos muestras procedentes de granjas de la zona de Palencia-Burgos, para comparar con las poblaciones silvestres del área.

La técnica utilizada para la caracterización de las poblaciones con este marcador ha sido el análisis de SSCP (Single Strand Conformation Polymorphism) que proporciona patrones electroforéticos que se corresponden de una manera muy precisa con las variaciones en la secuencia.

Paralelamente se ha analizado, mediante amplificación por PCR de los intrones CHD1 de los cromosomas sexuales, la proporción de sexos en cada una de las muestras para detectar posibles alteraciones en la estructura de las poblaciones debidas a la intervención humana.

Asimismo, se han desarrollado sistemas de amplificación de varios intrones de genes nucleares, susceptibles de ser empleados en futuros análisis poblacionales.

Variabilidad de la región de control del ADN mitocondrial en las poblaciones de trucha común (*Salmo trutta*) de la cuenca del río Duero

M. Vera, M. Cortey y J. L. García Marín
Facultad de Ciencias, Universitat de Girona, Campus Montilivi, s/n ; 17071 Girona

La secuenciación completa de la región de control del ADN mitocondrial en 342 ejemplares de trucha común (*Salmo trutta*) procedentes de la cuenca del río Duero, ha detectado un total de 27 haplotipos nativos (23 de los cuales

son definidos por primera vez) y 4 haplotipos que habían sido previamente observados en los centros piscícolas.

Los análisis filogenéticos de máxima verosimilitud, árbol de Neighbor Joining y máxima parsimonia, mostraron una topología muy similar en la que se definían dos grupos de haplotipos. La divergencia nucleotídica media observada entre los grupos en base al modelo de sustitución de Tamura-Nei (0.008060) permite considerar a los dos grupos como linajes evolutivos diferenciados, a los que nombramos linaje DU y linaje AT. Los haplotipos observados para el linaje AT se encuentran relacionados con los haplotipos presentes en las poblaciones nordeuropeas, mientras que los del linaje DU se encuentran aparentemente restringidos a la cuenca del río Duero. La mayor proximidad del linaje DU al linaje mediterráneo AD y al outgroup *Salmo salar* indican su mayor antigüedad. El linaje AT se separó del anterior hace unos 420000 años.

La distribución de los dos linajes se ajusta al patrón ictiológico descrito en la cuenca del Duero. El linaje AT se extiende en las poblaciones del macizo Hespérico, generalmente afluentes portugueses y en donde son abundantes especies anádromas como la anguila (*Anguilla anguilla*) y el sábalo (*Alosa alosa*). Por su parte el linaje DU domina en las poblaciones más interiores de la cuenca que ocupan la zona de la depresión del Duero. La distribución actual de los haplotipos parece obedecer a expansiones de rango repetidas en diferentes momentos evolutivos, aunque las poblaciones del linaje AT estarían también afectadas por restricciones del flujo génico en el período post-glaciar. La distribución de linajes detectada mediante el análisis de su ADN mitocondrial no concuerda con la propuesta mediante estudios alozímicos. La discrepancia puede ser interpretada en base a la selección térmica del ADN mitocondrial descrita en otros procesos de contacto secundario entre especies de peces.

Estructura Genética de Poblaciones Naturales de *Solea senegalensis*

E. Díaz-Ferguson, M. Barrios, I.Cross, M. Merlo y L. Rebordinos
Laboratorio de Genética. Facultad de Ciencias del Mar y Ambientales. Universidad de Cádiz. Polígono del río San Pedro. 11510 Puerto Real Cádiz.

Se ha analizado la estructura genética de poblaciones salvajes de *Solea senegalensis* mediante 9 loci microsatélites (*AF441389, AY426693, AF441390, AF4413887, AF441392, AF441385, AF173849, AF441391 y AF441388*). Las poblaciones analizadas fueron Punta Umbría, Chipiona, Valdelagrana, Río San Pedro, Bahía de Cádiz y Barbate, localizadas en el Golfo de Cádiz. Los resultados de diversidad genética muestran valores medios de diversidad genética de 12.03 alelos por locus y población. Con respecto a los valores de heterocigosidad observada por locus y población estos valores fueron mayores del 58%. Los valores de heterocigosidad esperada estuvieron alrededor de 85% para todas las poblaciones estudiadas. No obstante, no se encontraron diferencias significativas en el número de alelos y en las heterocigosidades entre las poblaciones estudiadas ($p>0.05$ Kruskall-Wallis). Por otra parte, casi todas las poblaciones y loci no se encontraron en equilibrio *H-W*. Esta ausencia de

equilibrio es apoyada por la existencia de valores positivos y significativos de F_{is}.
Aún en poblaciones geográficamente cercanas, fue posible encontrar diferenciación genética por locus y población F_{st} ($p<0.01^{**}$). Por otra parte, posterior al análisis de distancias genéticas, la topología del árbol Neighbor-Joining mostró que la mayoría de las poblaciones se agruparon en una tendencia Norte a Sur (valores de bootstrap superiores al 34%). Los valores de diversidad genética, estructura y flujo genético nos han permitido identificar al menos 4 stocks o unidades reproductivas y concluir que en el Golfo de Cádiz las subpoblaciones están cerca de ser panmícticas pero no lo son. Por otro lado, la existencia de aislamiento por distancia fue rechazada (r^2=-0.154 $p>0.05$ (test de Mantel).

Genetica aplicada a la conservacion de especies: algunos ejemplos

J. L. García-Garitagoitia, F. Alda, S. Perea, S. Schonhuth, O. Domínguez e I. Doadrio
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva. Museo Nacional de Ciencias Naturales, CSIC; José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid

Con la utilización de los microsatélites como marcadores moleculares, junto con el rápido avance de las técnicas de extracción a partir de material degradado, la Genética de Poblaciones ha experimentado un auge importante en el manejo y la conservación de poblaciones naturales, especialmente en aquellas con tamaño poblacional bajo o con bajas tasas de reproductividad.

Con estas técnicas, nuestro equipo de trabajo ha desarrollado diversos proyectos enfocados, principalmente, al estudio del tamaño poblacional y de la variabilidad genética de especies, algunas catalogadas “En Peligro de Extinción”, con el fin de determinar el grado de viabilidad de las poblaciones. Estas especies son:
Urogallo cantábrico (*Tetrao urogallus cantabricus*), con una población estimada de 280 machos, se encuentra en una situación crítica. La fragmentación de la población en dos núcleos aumenta el riesgo de extinción.
Lince ibérico (*Lynx pardinus*), el felino más amenazado de Mundo, cuenta con una población de 600-800 individuos según las estimas más optimistas.
Conejo silvestre (*Oryctolagus cuniculus*), una especie que ha sufrido un retroceso alarmante en los últimos años debido, principalmente, a dos enfermedades: la mixomatosis y la enfermedad hemorrágica vírica. La importancia del estudio de esta especie reside en las graves repercusiones de la disminución de las poblaciones de conejos sobre determinados predadores (lince, águila imperial, etc.).
Godeidos (Goodeidae, Ciprinodontiformes), con 42 especies de agua dulce endémicas de México y suroeste de Estados Unidos. Las zonas en las que se encuentran están sometidas a importantes procesos de desecación, contaminación y extracción para su venta en acuarios.
Salinete (*Aphanius baeticus*). Endemismo español con menos de 10 poblaciones situadas en arroyos y lagunas del litoral atlántico de Andalucía,

ha sufrido un gran retroceso por modificación de su hábitat para la agricultura y campos de golf (desecación, canalización, pesticidas, etc.).
Oso pardo (*Ursus arctos*), al igual que el urogallo, fragmentado en dos núcleos en la Cordillera Cantábrica, uno de los cuales (oriental) con tan solo 20-25 ejemplares, lo que complica su supervivencia. Debido a la ausencia de dimorfismo sexual, a las características del terreno y a la precariedad de su situación (entre otros factores), la utilización de métodos no intrusivos parece la elección más adecuada para realizar un estudio genético de esta especie.

Evolutionary Processes, the Past and Future of a Rainforest Fauna

C. C. Moritz
Department of Integrative Biology, University of California, Berkeley; 3060 Valley Life Sciences Building #3140; Berkeley, CA 94720-3140; USA

Diverse evolutionary and ecological processes underpin the extraordinary diversity of rainforests, and are best comprehended through integrated analyses of specific systems that combine historical biogeography, speciation processes and current ecological factors. In this context molecular analyses can provide insights that are especially valuable. The "Wet Tropics" rainforests of north-eastern Australia are among the best known in terms of environmental variation, paleo-ecology and the distributions and identity of species, and the fauna has been studied intensively for the past decade. Molecular phylogenies show that most described species are old (Pliocene or earlier) and both macro-ecological and phylogeographic studies indicate that the main consequence of late Quaternary climate fluctuations was to cause substantial changes in range of rainforest-dependent fauna, often resulting in local extinctions. Recent attention has been devoted to identifying the location and diversity of historical refugia and to the interactions among lineages in a major suture zone. The overall impression is one of morphological conservatism and gradual divergence among long-isolated populations, though a recent study of one species in the suture zone suggests rapid evolution of prezygotic isolation via reinforcement. These rainforests are relatively well protected from habitat destruction, but there are dire predictions about consequences of climate change for the highly endemic montane rainforests, especially the evolutionary ancient refugia on the coast. Priorities for conservation and further research will be discussed in the context of these observations and predictions.

ASISTENTES

LISTADO DE LOS ASISTENTES AL XV SGPE

Aguadé Porres, Montserrat
Departamento de Genética, Facultad de Biología
Universidad de Barcelona, Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021493
93 4110969
aguade@porthos.bio.ub.es

Albert Blasco, Eva María
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
eva@mncn.csic.es

Albornoz Pons, Jesús
Departamento de Biología Funcional, Área de Genética, Facultad de Medicina
Universidad de Oviedo; 33071 Oviedo
985 103598
985 103534
jalbornoz@uniovi.es

Alda Pons, Fernando
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
alda@mncn.csic.es

Arana Montes, Pilar
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense de Madrid
José Antonio Novais, 2; 28040 Madrid
91 3944855
91 3944844
pilara@bio.ucm.es

Arboleda Bustos, Carlos E.
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021632
93 4110969
arboleda@bio.ub.es

Arnedo Lombarte, Miquel A.
Departamento de Biología Animal, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4034808
93 4035740
marnedo@ub.edu

Ávila Regidor, Victoria
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense de Madrid
José Antonio Novais, 2; 28040 Madrid
91 3944840
91 3644844
vavila@bio.ucm.es

Balanyá Maymò, Joan
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021496
93 4110969
jbalanya@ub.edu

Barraclough, Timothy G.
Department of Biological Sciences, Imperial College
Silwood Park Campus, Ascot, Berkshire SL5 7PY; UK
44 207 594 2247
44 207 594 2339
t.barraclough@imperial.ac.uk

Barrio Esparducer, Eladio
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad de Valencia
Campus de Paterna, Apdo. 22085; 46071 Valencia
963 543667
963 543670
eladio.barrio@uv.es

Barrios Galán, María del Mar
Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias del Mar y Ambientales, Universidad de Cádiz
Polígono Rio San Pedro, s/n; 11510 Puerto Real (Cádiz)
956 016448
956 016448
mariamar.barriosgalan@alum.uca.es

Beaumont, Mark A.
School of Animal and Microbial Sciences, University of Reading
Whiteknights, P.O. Box 228; Reading, RG6 6AJ, UK
44 118 987 5123
44 118 931 0180
m.a.beaumont@reading.ac.uk

Belda Cuesta, Eugeni
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad de Valencia
Polígono de La Coma, s/n; 46980 Paterna (Valencia)
963 543651
963 543670
eugenio.belda@uv.es

Bella Sombría, José L.
Departamento de Biología (Unidad de Genética), Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Madrid
Darwin, 2; 28049 Madrid
91 4978204
91 4978344
bella@uam.es

Berniell Lee, Gemma
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
gemma.berniell@upf.edu

Bertranpetit Busquets, Jaume
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
jaume.bertranpetit@upf.edu

Bosch, Elena
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
elena.bosch@upf.edu

Boto López, Luis
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
mcnb119@mncn.csic.es

Caballero Rúa, Armando
Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de Ciencias, Universidad de Vigo
Campus Lagoas-Marcosende; 36200 Vigo (Pontevedra)
986 812568
986 812556
armando@uvigo.es

Cabria Garrido, Maite
Departamento de Zoología, Facultad de Farmacia, Universidad del País Vasco
Paseo de la Universidad, 7; 01006 Vitoria Gasteiz
—
945 013043
maitec79@yahoo.es

Calafell Majó, Francesc
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
francesc.calafell@upf.edu

Callejas Hervás, Carmen
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense de Madrid
José Antonio Novais, 2; 28040 Madrid
91 3944830
91 3944842
carmenca@bio.ucm.es

Calvo Revuelta, Marta
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
mcalvo@mncn.csic.es

Canovas García, Fernando
Departamento de Zoología y Antropología Física, Facultad de Veterinaria, Universidad de Murcia
Campus de Espinardo; 30100 Murcia
968 364908
968 364906
fcanovas@um.es

Cardoso, Anabela
Departamento de Zoología y Antropología Física, Facultad de Veterinaria, Universidad de Murcia
Campus de Espinardo; 30100 Murcia
968 364907
968 364906
anabela@um.es

Carranza Salvador
Departamento de Biología Animal, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
669283140
93 4035740
scarranza@ub.edu

Casals López, Ferran
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
ferran.casals@upf.edu

Castilho, Rita
CCMAR, Universidade do Algarve
Campus de Gambelas, Faro (Portugal)
351 918397282
351 289818353
rcastil@ualg

Castresana Villamor, José
Instituto de Biología Molecular de Barcelona (CSIC)
Jordi Girona, 18; 08028 Barcelona
93 4006176
93 2045904
jcvagr@ibmb.csic.es

Castro Alberto, Jaime
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Santiago de Compostela
Avda. Alfonso X El Sabio s/n; 27002 Lugo
982 254681
982 254681
jcastro@lugo.usc.es

Céspedes Vigoya, Walkiria
Departamento de Genética y Miicrobiología, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Barcelona
Edificio C; 08193 Bellaterra (Barcelona)
93 5812725
93 5812387
wcispedes@einstein.uab.es

Comas Martínez, David
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
david.comas@upf.edu

Conde Padín, Paula
Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de Ciencias, Universidad de Vigo
Campus Lagoas-Marcosende; 36200 Vigo (Pontevedra)
986 813827
986 812556
paulavig@uvigo.es

Crous Bou, Marta
Universitat de Girona
Campus Montilivi, s/n ; 17071 Girona
972 418168
972 418277
marta.crous@udg.es

Cuevas Torrijos, José Manuel
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad de Valencia
Polígono de La Coma, s/n; 46980 Paterna (Valencia)
963 543 686
963 543670
cuevast@uv.es

Cunha, Regina
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
mcnrc660@mncn.csic.es

de Meaux, Juliette
Max Planck Institute of Chemical Ecology
Hans Knoll str, 8; 07745 Jena (Alemania)
49 3641571415
49 3641571402
jdemeaux@ice.mpg.de

Díaz Alcázar, Eduardo
Universidad de Murcia. Facultad de Veterinaria. Departamento de ZoologÌa y AntropologÌa FÌsisca.
Campus de Espinardo; 30100 Murcia
968 364908
968 364906
ediaz@um.es

Domínguez Sanjurjo, Ana
Departamento de Biología Funcional (Área de Genética), Facultad de Medicina
Universidad de Oviedo; 33071 Oviedo
985 104194
985 103534
sanjurjo@uniovi.es

Elejalde Caravaca, Arantza
Departamento de Zoología, Facultad de Farmacia, Universidad del País Vasco
Paseo de la Universidad, 7; 01006 Vitoria Gasteiz
945 013043
—
zobelcaa@vc.ehu.es

Elena, Santiago F.
IBMCP (CSIC-UPV)
Campus UPV, Avenida de los naranjos s/n; Valencia
963 877895
963 877859
sfelena@ibmcp.upv.es

Farris, James S.
Molecular systematics laboratory, Naturhistoriska riksmuseet
Box 50007; SE-104 05 Stockholm, Sweden
46 8 5195 5162
46 8 5195 5181
msl-farr@nrm.se

Fernández Martín, Jesús
Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria
Ctra. Coruña, Km 7,5; 28040 Madrid
91 3471487
91 3572293
jmj@inia.es

Ferrer Ametlla, Anna
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
anna.ferrer@upf.edu

Flores Romero, María del Pilar
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
mcnfr540@mncn.csic.es

Fontdevila Vivanco, Antonio
Departamento de Genética y Microbiología, Facultad de Ciencias, Univ. Autónoma de Barcelona
Edificio C; 08193 Bellaterra (Barcelona)
935 811083
93 5812726
antonio.fontdevila@uab.es

Freitas Alves, Maria Estefânia
Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria
Ctra. Coruña, Km 7,5; 28040 Madrid
91 34714 92
91 3572293
esalves@inia.es

Galián Albadalejo, José
Departamento de Zoología y Antropología Física, Facultad de Veterinaria, Universidad de Murcia
Campus de Espinardo; 30100 Murcia
968 364907
968 364906
jgalian@um.es

García Dorado, Aurora
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense de Madrid
Ciudad Universitaria; 28040 Madrid
91 3944975
91 3944844
augardo@bio.ucm.es

García Garitagoitia, José Luis
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
gary@mncn.csic.es
García París, Mario
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
mcnp505@mncn.csic.es

García-Valdecasas Huelin, Antonio
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
valdeca@mncn.csic.es

Gardner, Michelle
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
michelle.gardner@upf.edu

Gazave, Elodie
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
elodie.gazave@upf.edu

Godoy López, José Antonio
Estacion Biológica de Doñana (CSIC)
Avda. Maria Luisa, s/n; 41080 Sevilla
954 232340
954 621125
godoy@ebd.csic.es

Gómez Valero, Laura
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad de Valencia
Polígono de la coma, s/n; 46980 Valencia
963 543651
963 543670
laura.gomez@uv.es

Gómez-Moliner, Benjamín
Departamento de Zoología, Facultad de Farmacia, Universidad del País Vasco
Paseo de la Universidad, 7; 01006 Vitoria Gasteiz
—
945 013014
ggpgomob@vc.ehu.es

Gómez-Zurita Frau, Jesús
Departamento de Zoología y Antropología Física, Facultad de Veterinaria, Universidad de Murcia
Campus de Espinardo; 30100 Murcia
968 364908
968 364906
jgzurita@um.es

González Candelas, Fernando
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad de Valencia
Universidad de Valencia
963 543653
963 543670
fernando.gonzalez@uv.es

González Jiménez, Elena Guacimara
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
elenag@mncn.csic.es

González Martínez, Santiago César
Centro de Investigación Forestal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria
Ctra. Coruña, Km 7,5; 28040 Madrid
91 3474161
91 3572293
santiago@inia.es

González Perez, Josefa
Departamento de Genética y Miicrobiología, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Barcelona
Edificio C; 08193 Bellaterra (Barcelona)
93 5812729
93 5812387
Josefa.Gonzalez@uab.es

Gonzalez Wanguemert, Mercedes
Departamento de Ecología, Facultad de Biología, Universidad de Murcia
Campus de Espinardo; 30100 Murcia
968 364326
968 363963
mergonza@um.es

Grande Pardo, Cristina
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
cristina@mncn.csic.es

Guirao Rico, Sara
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021632
93 4110969
sguirao@ub.edu

Henriques Gil, Nuno
Universidad San Pablo CEU
Montepríncipe; 28668 Madrid
91 3724721
91 3510496
nhengil@ceu.es

Heras Mena, Sandra
Laboratori d'Ictiologia Genética, Universitat de Girona
Campus Montilivi, s/n 17071 Girona
972 418168
972 418277
sandra.heras@udg.es

Juste Ballesta, Javier
Estacion Biológica de Doñana (CSIC)
Avda. Maria Luisa, s/n; 41080 Sevilla
954 232340
954 621125
juste@ebd.csic.es

Kreitman, Martin
Department of Ecology and Evolution, University of Chicago
Chicago IL 60637
1 773 702 1222
1 773 702 9740
mkre@uchicago.edu

Leonard, Jennifer
Department of Evolutionary Biology, Uppsala University
Norbyvägen 18D; S-752 36 Uppsala (Sweden)
46 184 716 464
46 184 716 310
Jennifer.Leonard@ebc.uu.se

López-Fanjul de Argüelles, Carlos
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense de Madrid
Ciudad Universitaria; 28040 Madrid
91 3944852
91 3944844
clfanjul@bio.ucm.es

Loukota lloreda, Mercé
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021446
—
merce_loukota@ub.edu

Machordom Barbé, Annie
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
annie@mncn.csic.es

Madeira García, María José
Departamento de Zoología, Facultad de Farmacia, Universidad del País Vasco
Paseo de la Universidad, 7; 01006 Vitoria Gasteiz
945 013849

zobmagam@vc.ehu.es

Malo Valenzuela, Aurelio
Departamento de Ecología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
malo@mncn.csic.es

Marqués Bonet, Tomás
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
tomas.marques@upf.edu

Martínez-Fresno, María
Universidad San Pablo CEU
Montepríncipe; 28668 Madrid
91 3724768
91 3510496
mariamfr@hotmail.com

Martínez Portela, Paulino
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Santiago de Compostela
Avda. Alfonso X El Sabio s/n; 27002 Lugo
982 254681
982 254681
paumarpo@lugo.usc.es

Martínez-Solano González, Iñigo
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
mcnim548@mncn.csic.es

Merlo Torres, Manuel Alejandro
Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias del Mar y Ambientales, Universidad de Cádiz
Polígono Rio San Pedro, s/n; 11510 Puerto Real (Cádiz)
956 016181
956 016448
alejandro.merlo@uca.es

Mestres Naval, Francesc
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021499
93 4110969
fmestres@ub.edu

Morales Hojas, Ramiro
Instituto de Biologia Molecular e Celular
Rua do Campo Alegre, 823; 4150-180 Porto (Portugal)
351 226074900
—
rmhojas@ibmc.up.pt

Morán Iturralde, Tomás
Departamento de Genética y Miicrobiología, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Barcelona
Edificio C; 08193 Bellaterra (Barcelona)
93 5812724
93 5812387
tmoran@einstein.uab.es

Morán Martínez, Paloma
Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de Ciencias, Universidad de Vigo
Campus Lagoas-Marcosende; 36200 Vigo (Pontevedra)
986 813899
—
Paloma@uvigo.es

Moreno, Andrés
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
andres.moreno@upf.edu

Moritz, Craig C.
Department of Integrative Biology, University of California, Berkeley
3060 Valley Life Sciences Building #3140; Berkeley, CA 94720-3140; USA
1 510 643-7711
1 510 643-6264
cmoritz@socrates.berkeley.edu

Moya Mesa Óscar
Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de las Islas Baleares
Carretera de Valldemossa, Km 7.5: 07122 Palma de Mallorca
971 173332
97 1173184
omoya@uib.es

Moya Simarro, Andrés
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y BiologÌa Evolutiva. Universidad de Valencia
Campus de Paterna, Apartado de Correos 22085; 46071 Valencia
96 3543480
96 3543670
andres.moya@uv.es

Navarro Cuartiellas, Arcadi
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422841
93 5422802
arcadi.navarro@upf.edu

Naveira, Horacio F.
Departamento de Biología Celular y Molecular, Universidad A Coruña
Campus de Zapateira, s/n; 15071 A Coruña
981 167000
981 167065
horaci@udc.es

Negre de Bofarull, Bárbara
Departamento de Genética y Miicrobiología, Facultad de Ciencias,
Universidad Autónoma de Barcelona
Edificio C; 08193 Bellaterra (Barcelona)
93 5812729
93 5812387
barbara.negre@uab.es

Nieto Feliner, Gonzalo
Real Jardín Botánico (CSIC)
Plaza de Murillo, 2; 28014 Madrid
91 4203017
91 4200157
nieto@ma-rjb.csic.es

Orengo Ferriz, Dorcas
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021632
93 4110969
dorcas@bio.ub.es

Paps Montserrat, Jordi
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021500
93 4110969
jordipaps@ub.edu

Pascual Berniola, Marta
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021495
93 4110969
martapascual@ub.edu

Perea Aranda, Silvia
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de
Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
sperea@mncn.csic.es

Pérez Enciso, Miguel
Departamento de Ciencia Animal y de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad Autónoma de Barcelona
Edificio C; 08193 Bellaterra (Barcelona)
93 5814225

miguel.perez@uab.es

Pérez Serra, Alexandra
Laboratori d'Ictiologia Genética, Universitat de Girona
Campus Montilivi, s/n; 17071 Girona
97 2418168
972 418277
alexandra.perez@udg.es

Pires Carreira, Ines
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021632
93 4110969
ispiresc@bio.ub.es

Pons Pons, Joan
Department of Entomology, The Natural History Museum
Cromwell Road; SW7 5BD London (UK)
44 2079425048
44 2079425229
joap@nhm.ac.uk

Posada González, David
Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de Ciencias, Universidad de Vigo
Campus Lagoas-Marcosende; 36200 Vigo (Pontevedra)
986 812038
985 812556
dposada@uvigo.es

Ramírez Escobar, Ursula
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021632
93 4110969
ursularamireze@ub.edu

Ramírez Soriano, Anna
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
anna.ramirez@upf.edu

Ramos Onsins, Sebastián E.
Max Planck Institute of Chemical Ecology
Hans Knoll str, 8; 07745 Jena (Alemania)
49 3641571467
49 3641571402
sramosonsins@ice.mpg.de

Rebordinos González, Laureana
Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias del Mar y Ambientales, Universidad de Cádiz
Polígono Rio San Pedro, s/n; 11510 Puerto Real (Cádiz)
956 016181
956 016448
laureana.rebordinos@uca.es

Ribera Galán, Ignacio
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
i.ribera@mncn.csic.es

Riutort León, Marta
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4037070
93 41 0969

Rodríguez Ramilo, Silvia Teresa
Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de Ciencias, Universidad de Vigo
Campus Lagoas-Marcosende; 36200 Vigo (Pontevedra)
986 813828
986 812556
silviat@uvigo.es

Rolán Alvarez, Emilio
Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de Ciencias, Universidad de Vigo
Campus Lagoas-Marcosende; 36200 Vigo (Pontevedra)
986 812578
986 812556
rolan@uvigo.es

Rozas Liras, Julio
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021495
93 4110969
jrozas@ub.edu

Rüber, Lukas
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
ruber@mncn.csic.es

Rubines García, Jonathan
Departamento de Zoología, Facultad de Farmacia, Universidad del País Vasco
Paseo de la Universidad, 7; 01006 Vitoria Gasteiz
945 013043
—
kayult@yahoo.es

Ruiz López, María José
Departamento de Ecología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
mcnmr703@mncn.csic.es

Ruiz Panadero, Alfredo
Departamento de Genética y Miicrobiología, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Barcelona
Edificio C; 08193 Bellaterra (Barcelona)
93 5812729
93 5812387
Alfredo.Ruiz@uab.es

Sampietro, Lourdes
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
lourdes.sampietro@upf.edu

Sanchez-Gracia, Alejandro
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021632
93 4110969
elsanchez@ub.edu

Sandoval Mendoza, Karla
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
karlasm@animail.net

Santa Soler, Cristina
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
cristina.santa@upf.edu

Santos, Mauro
Departament de Genética i de Microbiologia, Universitat Autónoma de Barcelona
Edificio C; 08193 Bellaterra (Barcelona)
93 5812725
93 5812387
mauro.santos@uab.es

Schonhüth Meyer, Susana
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
mcns137@mncn.csic.es

Segarra Robert, Carmen
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021493
93 4110969
carme@bio.ub.es

Serra Camó, Luis
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
93 4021499
93 4110969
lserra@ub.edu

Soldevila Trepat, Marta
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
marta.soldevila@upf.edu

Tejedor Hernandez, M. Teresa
Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza
Miguel Servet, 177; 50013 Zaragoza
976 761542
976 761662
ttejedor@unizar.es

Toro Ibañez, Miguel Ángel
Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria
Ctra. Coruña, Km 7,5; 28040 Madrid
91 3476807
91 3572293
toro@inia.es

Valbuena Carabaña, María
UPM- ETSI Montes
Ciudad Universitaria, s/n; 28040 Madrid
91 3473904
—
valbuena@inia.es

Vargas Gómez, Pablo
Real Jardín Botánico (CSIC)
Plaza de Murillo, 2; 28014 Madrid
91 4203017
91 4200157
vargas@ma-rjb.csic.es

Vera RodrÌguez, Manuel
Facultad de Ciencias, Universitat de Girona
Campus Montilivi, s/n ; 17071 Girona
972 418168
972 418277
manuel.verar@udg.es

Vilá, Carles
Department of Evolutionary Biology, Uppsala University
Norbyvägen 18D; S-752 36 Uppsala (Sweden)
46 184 716 464
46 184 716 310
carles.vila@ebc.uu.se

Vila Taboada, Marta
Universidad de A Coruña
IUX-Edificio de Servicios Centrais de Investigación, Campus de Elviña;
15071 A Coruña
699 625309
981 167172
mvila@udc.es

Zabal Aguirre, Mario
Departamento de Biología (Unidad de Genética), Facultad de Ciencias,
Universidad Autónoma de Madrid
Darwin, 2; 28049 Madrid
91 4978204
91 4978344
mario.zabal@uam.es

Zardoya San Sebastián Rafael
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de
Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
91 4111328
91 5645078
rafaz@mncn.csic.es