



Tesis Doctorales del MNCN

Biogeografía del tritón ibérico, *Lissotriton boscai*: factores implicados en la diversidad interpoplacional.

Miguel Peñalver Alcázar

Universidad Complutense de Madrid (UCM)

Director: Pedro Aragón

Septiembre 2019

El estudio de la variación intraespecífica en el espacio y en el tiempo constituye un tema de investigación clave en biogeografía, ecología y biología evolutiva. Los primeros naturalistas, biogeógrafos y biólogos evolutivos como Alexander Von Humboldt, Karl Bergmann, Alfred Russel Wallace y Charles Darwin entendieron claramente la importancia de este fenómeno. La investigación de la variación biogeográfica implica el reconocimiento y la descripción de patrones y, después, la dilucidación de los procesos subyacentes. Esto conlleva algunos retos, sobre todo porque dichos patrones pueden emerger como resultado de multitud de factores y mecanismos que pueden actuar juntos, simultánea o independientemente, a diferentes escalas espacio-temporales. El mejor enfoque para abordar esta cuestión consiste en combinar diferentes fuentes de información a diferentes escalas espacio-temporales, ecológicas y evolutivas con múltiples hipótesis. Actualmente existe un consenso cada vez mayor sobre la necesidad urgente de mejorar el conocimiento y la comprensión de la variación intraespecífica debido a sus implicaciones para las comunidades ecológicas y el funcionamiento de los ecosistemas. Además, el estudio de las causas y los mecanismos que determinan la variación intraespecífica es crucial en el marco del cambio global y la rápida y creciente pérdida de biodiversidad. De hecho, investigaciones recientes instan a que los esfuerzos de conservación presten especial atención a la variación intraespecífica ante el cambio climático, el cambio de usos del suelo, la contaminación y la introducción de especies. Un mejor conocimiento de la variación intraespecífica entre poblaciones no solo mejorará la comprensión de la biogeografía, la ecología y la evolución de las especies, sino que además ayudará al diseño de estrategias de conservación y a dirigir sus esfuerzos.

El objetivo general de esta tesis es ofrecer una perspectiva nueva, precisa e integral de los diferentes y complejos factores y mecanismos espacio-temporales que subyacen a la variación intraespecífica entre poblaciones. Para tal fin, examinamos patrones y procesos relacionados con la variación geográfica del tamaño corporal, el dimorfismo sexual en el tamaño corporal (DST) y el nicho ambiental en el tritón ibérico, *Lissotriton boscai*.



Portada de la tesis que presenta dos individuos de tritón ibérico, *Lissotriton boscai*



Los resultados de esta tesis revelan que varios mecanismos son responsables de la existencia de variación intraespecífica entre las poblaciones de *L. boscai*. Estos mecanismos son específicos del sexo y del linaje. La producción primaria, la densidad de conespecíficos y la competencia intraespecífica, junto con la estacionalidad, son relevantes para explicar la variación geográfica del tamaño corporal y el DST. La relación entre el DST y el tamaño corporal de los machos y las hembras sigue el patrón inverso de la regla de Rensch, siendo las hembras responsables de la alometría en el DST. Los resultados de los diferentes análisis respaldan la hipótesis de disponibilidad de recursos dependiente de la densidad y la hipótesis de plasticidad diferencial para explicar la variación geográfica en el tamaño corporal y el DST. Asimismo, se encontraron diferencias en la distribución potencial de los dos linajes de *L. boscai* y los factores ambientales subyacentes. Una contribución importante de esta tesis es la detección de diferencias intraespecíficas en la capacidad predictiva de los modelos de distribución empleados independientemente de la variabilidad existente entre las técnicas de modelización. La consideración de la variación intraespecífica observada llevó a una mejor predicción intraespecífica de los modelos de distribución a nivel de linaje. Por último, la producción primaria y su estacionalidad, así como la estacionalidad de la temperatura y la precipitación, determinaron las diferencias entre los linajes con respecto a su distribución geográfica y sus nichos ambientales, que no son idénticos.

Phylogenomics and comparative transcriptomics of West African cone snails

Samuel Abalde Lago
Universidad de Salamanca
Director: Rafael Zardoya
Septiembre 2019

La familia Conidae (Mollusca: Caenogastropoda) es uno de los grupos de animales marinos con más especies del mundo. Los conos, como se les conoce comúnmente, son de gran interés por diversos motivos, desde coleccionistas

de conchas interesados en la gran variedad de especies que existe, hasta fisiólogos que utilizan el potente veneno de estos caracoles para desarrollar mejores fármacos. Este veneno y cómo se estudia ya ha sido explicado en detalle anteriormente en esta revista (nº 14 y 23). Brevemente, se trata de un complejo cóctel formado por cientos de péptidos, llamados conotoxinas, cuya función es tan específica que cada uno tiene un efecto diferente en la presa. A pesar de que los conos han sido ampliamente estudiados durante años, estos estudios se han concentrado



El cono *Gastriidium geographus* alimentándose. Foto de Baldomero Olivera

principalmente en el Indo-Pacífico, donde habitan más de la mitad de las especies, dejando de lado otras regiones como el Caribe o África occidental. Esta tesis está centrada en el estudio de la evolución de las especies de África occidental, donde podemos encontrar casi un 15% de la diversidad mundial. Para ello, podemos dividir los objetivos en dos grandes bloques. Por un lado, inferir la historia evolutiva de estas especies a través de datos moleculares. Por otro, estudiar la composición del veneno de 13 especies para entender cómo evoluciona utilizando transcriptomas, es decir, el estudio del ARN mensajero.

Tras secuenciar el genoma mitocondrial completo de más de 100 individuos, pudimos reconstruir la filogenia de siete de los ocho géneros que habitan en esta región, confirmando la estrecha relación de cuatro de ellos: *Africonus*, *Lautoconus*, *Trovaoconus* y *Kalloconus*. Además, como en nuestros análisis incluimos representantes de casi todas las especies de conos descritas comprobamos que casi la mitad de estas especies no deberían ser consideradas como tales, ya que a pesar de las diferencias en la concha estos individuos eran molecularmente muy similares. La gran diversidad que tradicionalmente se ha reconocido en África occidental y, principalmente, en Cabo Verde, representa un artefacto taxonómico que deberá ser estudiado en más detalle. Esta situación no es un problema menor, ya que de confirmarse estos resultados se debería re-evaluar el estado de conservación de todas estas especies para poder desarrollar medidas de conservación más eficaces.

Los estudios comparados de los venenos entre especies nos han permitido extraer algunas conclusiones interesantes. Por ejemplo, tras estudiar el veneno de la especie piscívora *Chelyconus ermineus*, la única que vive en el Atlántico, confirmamos la importancia de la superfamilia A para cazar peces (las superfamilias son un grupo de conotoxinas con características y funciones similares), ya que este resultado es similar al publicado para otras especies piscívoras que habitan en el océano Pacífico. Sin embargo, aunque la superfamilia sea la misma las proteínas que la forman no lo son, apoyando la idea de que estos caracoles han desarrollado más de una vez la capacidad de cazar peces. Finalmente, tras comparar el veneno de diez especies cercanas evolutivamente confirmamos que su composición es más similar entre especies más próximas, algo que no se había podido demostrar hasta el momento.

En resumen, este trabajo estudia por primera vez en detalle las especies de África occidental, aportando nuevas pistas sobre la evolución de esta familia de caracoles.

Premio Cabrera

Como en años anteriores, el Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva convocó el Premio Cabrera 2017 al mejor estudiante predoctoral del departamento. En esta convocatoria, un grupo de tres revisores externos evaluó el CV de cada candidato, así como una breve memoria de un proyecto de investigación a desarrollar en caso de ser premiado. El ganador del premio ha sido Samuel Abalde Lago, que en una breve ceremonia celebrada en el Salón de Actos recibió la correspondiente Graellsia de plata de manos del jefe del departamento. El proyecto de investigación premiado tiene como objetivo principal esclarecer las relaciones filogenéticas de un grupo de moluscos extremadamente complejo, la familia Skeneidae.



A la izquierda, Samuel Abalde recibe el premio de manos del investigador del MNCN Íñigo Martínez-Solano.

