

SEGUNDA JORNADA DEL DEPARTAMENTO DE BIODIVERSIDAD Y BIOLOGÍA EVOLUTIVA

DEL MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES

Madrid, 5 de noviembre de 2009
Salón de Actos del MNCN



**SEGUNDA JORNADA DEL DEPARTAMENTO DE BIODIVERSIDAD Y
BIOLOGIA EVOLUTIVA DEL MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS
NATURALES**

Organizadas por Luis Boto, Paloma Caudevilla e Ignacio Doadrio.
Diseño Cartel: Miguel Vela

JUEVES 5 DE NOVIEMBRE DE 2009

**SALON DE ACTOS DEL MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS
NATURALES**

PROGRAMA

Mañana

9.00 h. Presentación de la Jornada

9.15 h. **Borja Mila y Patrick Fitze:** “Filogeografía y diferenciación genética en poblaciones europeas de *Lacerta vivipara* utilizando marcadores genómicos”

9.45 h. **Patricia Ornelas-García, Marcus Bastir e Ignacio Doadrio:** “Caracterización morfométrica y molecular de dos géneros de characidos en la selva tropical de los Tuxlas (México)”.

10.15 h. **Fernando Alda, Pablo Sastre, Pedro J. de la Cruz-Cardiel, Ignacio Doadrio:** “Estructura genética espacial del urogallo cantábrico (*Tetrao urogallus cantabricus* Castroviejo, 1967)

10.45 h. **Carlos Pedraza-Lara, Fernando Alda, Salvador Carranza, Ignacio Doadrio:** “Estructura genética del cangrejo de río *Austropotamobius italicus* en La Península Ibérica”

11.15 h. Descanso

11.45 h. **Diana Delicado, M^a Ángeles Ramos y Annie Machordom:** “Sistemática del género *Pseudamnicola* (Caenogastropoda: Hydrobiidae) en la Península Ibérica e Islas Baleares: estudios morfológicos y moleculares”.

12.15 h. **Enrique Medianero Segundo y Jose Luis Nieves Aldrey:** “Sistemática y diversidad de los Cnipedos inductores de agallas (Cynipidae:Cynipini) y sus inquilinos (Cynipidae:Synergini) en *Quercus* de Panamá”

12.45 h. **Federico Abascal:** “Investigando la diversificación de funciones a lo largo de la evolución de las proteínas”

13.15 h. **Luis M. San José García:** “Señales visuales en *Lacerta vivipara*: Efectos de la corticosterona y la condición corporal sobre la coloración”

13.45 h. **Mehrez Gammoudi:** “Desarrollo embrionario de Policladidos mediterráneos”

Tarde

16.00 h. **Ío Almagro Padilla, Carolina Noreña y Miquel Vilá:** “Nuevas citas y nuevas especies del Orden Tricladida (Platyhelmintha) en el Sureste Mediterráneo de la Península Ibérica”

16.30 h. **Isaac Pozo:** “Añadiendo mapas en tus estudios, en tres pasos sencillos”

17.00 h. **Antonio G. Valdecasas, Marian Ramos e Isabel Morón:** “Biodiversity Heritage Library-Europe”

17.30 h. **Marian Ramos:** “SYNTHESYS: Pasado, presente y futuro de una gran Infraestructura Europea de Investigación”.



**Museo Nacional de
Ciencias Naturales**



**SEGUNDA JORNADA DEL DEPARTAMENTO DE BIODIVERSIDAD Y
BIOLOGIA EVOLUTIVA DEL MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS
NATURALES**

JUEVES 5 DE NOVIEMBRE DE 2009

RESUMENES

Borja Mila y Patrick Fitze: "Filogeografía y diferenciación genética en poblaciones europeas de *Lacerta vivipara* utilizando marcadores genómicos"

Utilizamos secuencias mitocondriales y marcadores genómicos AFLP para caracterizar la variación genética de *Lacerta vivipara* en Europa con el fin de inferir procesos de especiación y la evolución de estrategias reproductivas. En particular examinamos dos zonas de contacto entre poblaciones vivíparas y ovovivíparas en los Alpes, una zona de contacto entre dos poblaciones ovovivíparas en los Pirineos, y diversas poblaciones fenotípicamente diferenciadas a lo largo de la Cordillera Cantábrica. Resultados preliminares indican una marcada estructura genética congruente en marcadores del mtDNA y AFLP, aunque estos últimos permiten una mayor resolución espacial y así como la detección de híbridos en zonas de contacto.

Patricia Ornelas-García, Marcus Bastir M. e Ignacio Doadrio: "Caracterización morfométrica y molecular de dos géneros de characidos en la selva tropical de los Tuxtlas México"

El género *Astyanax* se caracteriza por presentar una alta plasticidad morfológica, la cual ha despertado el interés de muchos investigadores en el afán de describir dichos patrones. En este sentido, ha sido mediante el establecimiento de las relaciones filogenéticas que se ha podido conocer que la especiación ecológica, y la presencia de caracteres homoplásicos dentro del género es más común de lo que se ha propuesto. Con la finalidad de describir los patrones de variación morfológica y su posible correspondencia genética a nivel de poblaciones, en el presente estudio hemos llevado a cabo un análisis morfométrico y molecular entre los géneros *Astyanax* y *Bramocharax*, utilizando marcadores mitocondriales (*Cytb*) y nucleares (12 loci microsatélites), de dos morfotipos simpátricos en la zona los Tuxtlas México.

Fernando Alda, Pablo Sastre, Pedro J. de la Cruz-Cardiel, Ignacio Doadrio
Estructura genética espacial del urogallo cantábrico (*Tetrao urogallus cantabricus* Castroviejo, 1967)

Endangered species often suffer from the fragmentation of their habitat and the consequent isolation of their populations, usually to the detriment of their genetic variability. The endangered Cantabrian capercaillie *Tetrao urogallus cantabricus* is an example of an isolated subspecies occupying a small but continuous area. In this study we examine the effects of habitat reduction on the genetic structure of the Cantabrian capercaillie, based on eight microsatellite loci in non-invasive samples collected across its entire distribution range. We used landscape connectivity analyses and compared the performance of Bayesian clustering methods to classic population genetic analyses based on predefined groups. We found low genetic diversity and significant genetic differentiation across the subspecies distribution range. We hypothesized that connectivity among forests fragments might be shaping the genetic structure of Cantabrian capercaillie, and responsible for the low connectivity and inbreeding of some areas. All the Bayesian methods inferred three genetic clusters, and found that the gaps among the small but abundant forest patches on the northern slope of the

Cantabrian range do not represent a barrier to gene flow, whereas the much larger but more distant forests in the southern area do. However, the classic population genetics analyses failed to find this structure, thus rejecting previous hypotheses of fragmentation at the centre of the mountain range, or into a northern and southern population.

Carlos Pedraza-Lara, Fernando Alda, Salvador Carranza, Ignacio Doadrio
"Estructura genética del cangrejo de río *Austropotamobius italicus* en La Península Ibérica"

El cangrejo de río *Austropotamobius italicus* Lereboullet, 1858 es posiblemente el invertebrado de agua dulce a cuya conservación se han encausado más esfuerzos. Los estudios genéticos no son la excepción, y han sido también el objeto de un intenso debate principalmente derivado de la hipótesis de su origen por introducción desde Italia en puntos de su distribución como la Península Ibérica (PI). Este proyecto planteó sus objetivos en: 1) la caracterización de la variación genética del cangrejo de río en la PI en el entorno del resto de Europa; 2) el estudio filogeográfico y demográfico de las poblaciones de la especie que aclare los posibles patrones asociados en una base temporal. Para ello se reunió la información genética disponible para la especie en Europa en un contexto filogenético y filogeográfico utilizando dos genes mitocondriales (COI y 16S). Se encontraron entre otras evidencias genéticas el hallazgo de un linaje divergente no encontrado hasta ahora en la región y una estructura geográfica en la PI que además sustenta un proceso de expansión repentino a inicio del holoceno (tiempo promedio desde la expansión=10.328 años). Dado que estos patrones se corresponden con una presencia histórica del cangrejo de río en la PI se plantea la hipótesis de una distribución continua de las poblaciones de *A. italicus* que incluía hasta el noroeste de Italia seguida de una disrupción entre ambas regiones coincidente con un periodo previo al último máximo glacial (t=35.061 años), si bien los sucesos recientes de intervención humana (reducción drástica de las poblaciones y planes de repoblación) pueden haber sido determinantes en la estructura genética observada actualmente.

Diana Delicado, M^a Ángeles Ramos y Annie Machordom. "Sistemática del género *Pseudamnicola* (Caenogastropoda: Hydrobiidae) en la Península Ibérica e Islas Baleares: estudios morfológicos y moleculares"

El género *Pseudamnicola* (Paulucci, 1878) es un grupo de moluscos gasterópodos de agua dulce pertenecientes a la familia Hydrobiidae (Troschel, 1857). Se distribuye principalmente por la cuenca mediterránea aunque también se ha localizado en Asia y norte de África. Debido a su pequeño tamaño (de 3 a 5mm) y a la simplicidad de sus estructuras, son escasos los trabajos que incluyen descripciones morfológicas completas y muchos se limitan únicamente a realizar estudios conquiológicos (Paladilhe 1869, Fagot 1907, Boeters 1970–1999, Glöer & Zettler 2007, Altaba 2007). Además de la falta de un estudio anatómico completo, existen pocos trabajos publicados hasta el momento que emplean técnicas moleculares. La mayoría de ellos utilizan genes mitocondriales (Wilke & Davis 2000, Wilke et al. 2001, Wilke & Falniowski 2001, Szarowska 2006), principalmente COI, y otros genes nucleares como ITS-1 y 18S (Wilke et al. 2000, Wilke et al. 2001). Uno de los trabajos moleculares más relevantes

por su repercusión, demuestra la monofilia de la familia Hydrobiidae empleando los genes COI y 18S (Wilke et al. 2001).

Actualmente son reconocidas en la región ibero-baleár 11 especies del género *Pseudamnicola*. Para realizar un estudio sistemático completo del género en esta región se emplean tres tipos de técnicas: 1) un estudio morfológico comparativo (concha y anatomía) intra- e interespecífico, diseccionando 5 machos y 5 hembras colectados en las localidades tipo y algunos ejemplares de otras localidades para confirmar su adscripción específica y estudiar variabilidad; 2) un estudio morfométrico, a través de morfometría tradicional (realizando medidas de conchas y de estructuras internas) y geométrica (conchas), y 3) estudios moleculares para estudiar relaciones filogenéticas entre las especies empleando genes mitocondriales (16S y COI). Con este trabajo se pretende demostrar la validez de las especies hasta ahora descritas, re-describir las especies ampliando el número de caracteres diagnósticos estudiados, el alto grado de endemismo (con un área de distribución, generalmente, muy restringida). Por el momento, ya se ha confirmado la existencia de tres especies nuevas para la ciencia al sur de la Península Ibérica. Además se ha podido comprobar que las diferencias morfológicas entre estas especies son constantes, pero las diferencias moleculares (índice de distancia) son mayores entre las peninsulares que entre las insulares, lo que parece indicar una diversificación más reciente en las islas, estudio que abordaremos próximamente.

Enrique Medianero Segundo y Jose Luis Nieves Aldrey: "Sistemática y diversidad de los Cinípidos inductores de agallas (Cynipidae:Cynipini) y sus inquilinos(Cynipidae:Synergini) en *Quercus* de Panamá"

La familia Cynipidae, con alrededor de 1400 especies descritas, es un grupo de himenópteros que inducen agallas o viven como inquilinos dentro de las mismas. La mayoría de los cinípidos están distribuidas en zonas templadas del Hemisferio Norte y son casi desconocidos en el Neotrópico, aunque evidencias recientes indican que el grupo puede tener también una alta riqueza específica y diversidad filogenética en esta región zoogeográfica. Hasta la fecha sólo se han citado unas 150 especies del neotrópico, en su mayor parte de sur de Méjico y Guatemala. El objetivo de la investigación en marcha es estudiar la riqueza de cinípidos en especies de *Quercus* en Panamá, donde previamente se conocía solo una especie. Se han realizado muestreos entre diciembre de 2007 y mayo de 2009 en dieciocho localidades de las montañas de Panamá con presencia de poblaciones de *Quercus*. Se han muestreado ocho de las nueve especies del género *Quercus* presentes en este país, dando como resultado la identificación preliminar de 10 géneros de cinípidos inductores y dos de cinípidos inquilinos. Dos de los géneros encontrados, uno de inquilino y otro de inductor son nuevos para la ciencia. Se determinaron 63 morfotipos de agallas inducidos por cinípidos y 10 especies de cinípidos inquilinos asociados a ellas. La relación de especies por género es la siguiente: *Amphibolips* (3 especies), *Andricus* (12 especies), *Trigonaspis* (8 especies), *Cynips* (4 especies), *Callirhytis* (2 especie), *Neuroterus* (8 especies), *Disholcaspis* (2 especies), *Loxaulus* (1 especie), *Odontocynips* (2 especies) y *Synergus* (10 especies). Se estima que cerca del 90% de las especies encontradas no han sido aún descritas. *Quercus bumelioides* con 30 morfotipos es el hospedador que registra mayor número de agallas, seguido de *Q. lancifolia* con 16, *Q. salicifolia* con 15, y *Quercus insignis* con tres. No encontramos agallas de Cynipidae sobre *Q. gulielmi-treleasei* y *Q. humboldti*, mientras que en *Q. cortesii* y *Q. benthamii* la presencia de

agallas debe ser confirmada. Los resultados preliminares apuntan a una alta riqueza de especies (pero en bajas densidades) de Cynipidae, concentrada en algunas especies de *Quercus* del extremo occidental del país, al tiempo que se constata la escasa o nula presencia de cinípidos en otras especies de *Quercus* de distribución más local o restringida.

Federico Abascal: "Investigando la diversificación de funciones a lo largo de la evolución de las proteínas"

En el proyecto en el que estamos trabajando pretendemos hacer un software que ayude a analizar la evolución de familias de proteínas que, siendo homólogas, han adquirido funciones diferentes. Tratamos de determinar qué posiciones son distintas a las que supuestamente había en el ancestro, y también qué posiciones han visto alterada su tasa de mutación (bien se ha acelerado o relajado, o bien se ha frenado o constreñido). Todo esto no sólo podría ayudarnos a comprender qué ocurre tras las duplicaciones génicas y cómo surgen nuevas funciones de proteínas, sino que además posiblemente nos ayudará a comprender cómo se ingenia una proteína para llevar a cabo su cometido.

Luis M. San José García: "Señales visuales en *Lacerta vivipara*: Efectos de la corticosterona y la condición corporal sobre la coloración"

Las señales que los animales utilizan para comunicarse constituyen un tema de estudio recurrente en biología evolutiva. Aunque mucho se ha estudiado sobre su forma, función y evolución ciertas lagunas quedan aun por abarcar. Por qué los animales utilizan múltiples señales?, ¿Son redundantes o aportan nueva información Aunque existen diversas teorías que explican la evolución de múltiples señales, son poco los casos de estudio.

Lacerta vivipara, como modelo animal, ofrece la oportunidad de explicar la existencia de múltiples señales dentro del reino animal. Los machos de esta especie poseen dos tipos de coloraciones, una coloración conspicua basada en carotenoides y que está salpicada de manchas de melanina. El objeto de nuestro estudio se centró explicar si estos dos tipos de señales visuales ofrecen al receptor la misma información ('back-up signaling hypothesis') o distinta información ('multiple-message hypothesis').

Con este fin, se manipularon los niveles de corticosterona y los niveles de calorías aportados en la dieta. Nuestros resultados muestran que en el caso de *Lacerta vivipara* dos señales distintas aportan el mismo mensaje al receptor, pero que dentro de este complejo de múltiples señales existe la posibilidad de matizar diferentes mensajes acerca de la condición de los individuos.

Mehrez Gammoudi: "Desarrollo embrionario de Polycladidos mediterráneos".

Polycladidos pertenecen al Phylum Platyhelmintha y son de vida libre, así como hermafroditas simultáneos. Algunas especies pueden tener desarrollo directo, mientras que otras se desarrollan indirectamente vía larva. Existen en la actualidad poca información sobre el desarrollo embrionario de las especies mediterráneas. Para ello se ha realizado el estudio de cuatro especies representativas de las dos superfamilias (Acotylea y Cotylea) que conforman este Orden. Las especies seleccionadas por su representatividad dentro de las costas mediterráneas fueron: *Echinoplana celerrima* Haswell, 1907 y *Notoplana vitrea* Lang, 1884 (Bock, 1913), pertenecientes a la superfamilia Acotylea, así como *Thysanozoon brochii* (Risso, 1818) Grube, 1840 y *Prosthlostomum siphunculus* (Delle Chiaje, 1828) Lang, 1884, dentro de la superfamilia Cotylea. Además, se describen y comparan las diferencias entre embriones recién eclosionados.

Ío Almagro Padilla, Carolina Noreña y Miquel Vilá: "Nuevas citas y nuevas especies del Orden Tricladida (Platyhelmintha) en el Sureste Mediterráneo de la Península Ibérica"

El grupo de los Tricladidos constituye uno de los órdenes más representativos dentro del phylum Platyhelminthes. Vulgarmente conocidos como "planarias" son depredadores voraces, y cuentan con representantes tanto en ambientes dulceacuícolas, como marinos o terrestres.

Pero además de presentar una distribución cosmopolita, poseen un increíble poder de regeneración; siendo calificados por muchos autores como "inmortales"; esto es debido a unas células madres características, llamadas neoblastos, que mantienen sus propiedades regenerativas en individuos adultos.

Otra característica es que cuentan con estrategias reproductivas que pueden alternar la reproducción sexual con la asexual dentro de una misma especie.

La Península Ibérica posee ecosistemas ideales para muchas especies de este orden; aunque existen zonas poco estudiadas aún, como el sur de la Península, donde se están encontrando especies pertenecientes a géneros cuya distribución, hasta ahora, se limitaba a la mitad Norte.

Isaac Pozo: "Añadiendo mapas en tus estudios, en tres pasos sencillos"

Multitud de investigaciones que se realizan en el museo tienen una componente geográfica. En esta sesión demostraremos como con tres pasos sencillos, y software de uso común, podemos añadir información geográfica a cualquier estudio. Se tratarán los casos típicos desde mapeos de los lugares de colecta, a presentación de mapas finales y análisis de estos.

Antonio G. Valdecasas, Marian Ramos e Isabel Morón: "Biodiversity Heritage Library-Europe"

Lo mismo que los funcionarios con manguitos han desaparecido prácticamente, las bibliotecas tal y como las conocemos también *'se perderán en el tiempo como lágrimas en la lluvia'* (Nexus 6 en Blade Runner). En esta exposición haré una revisión rápida de las bibliotecas digitales y presentaré el proyecto Biodiversity Heritage Library- Europe (<http://www.bhl-europe.eu/>) que es primo hermano de BHL (<http://www.biodiversitylibrary.org/>). Esta iniciativa pretende permitir el acceso a toda la literatura de Biodiversidad desde, por lo menos, los tiempos de Linneo.

Marian Ramos: "SYNTHESYS: Pasado, presente y futuro de una gran Infraestructura Europea de Investigación"

Entre 2002 y 2004 el MNCN junto al RJB consiguieron el proyecto BIODIBERIA como una Gran Infraestructura Europea de Investigación bajo el 5º Programa Marco (5PM) de la Comisión Europea. Se unía así a los museos de Londres, París, Copenhague, Estocolmo, Bruselas y al Senkenberg de Frankfurt.

El 6PM incluía la posibilidad de que estas instituciones se presentaran de manera independiente (como lo eran con BIODIBERIA) o formando una red. CETAF (el Consorcio Europeo de Infraestructuras Taxonómicas) se decantó por la segunda opción para reforzar la colaboración y mutuo beneficio entre las museos de Historia Natural y Jardines Botánicos Europeos. De esta forma nació SYNTHESYS (SYHEsis of SYStematic resources), como una Infraestructura Integrada de Investigación (I3). Incluía 20 instituciones agrupadas en 11 consorcios nacionales. Se constituyó así la mayor red de instituciones taxonómicas en el mundo. El proyecto aprobado por cinco años (2004-2009) incluía Actividades de Red (basadas en diferentes aspectos de las colecciones científicas) y el sistema de becas transnacionales para estancias cortas (entre 5 días y 3 meses), que financia todos los gastos de los visitantes (viaje, estancia y dietas), así como los gastos ocasionados a los servicios que utilizan (colecciones o laboratorios). Las solicitudes presentadas se evaluaron por un panel de expertos, con un 50% de investigadores externos a la institución receptora. Los resultados del proyecto han sido excelentes, tanto en términos de revitalización de la actividad científica de las instituciones como de *outputs* (artículos científicos, congresos, tesis doctorales, libros y monografías, etc.).

En 2008, una vez publicado el 7PM, CETAF decidió presentar un nuevo proyecto, SYNTHESYS 2, que también fue aprobado por la Unión Europea. En este caso por cuatro años puesto que el presupuesto de la Comisión Europea era menor y debía integrar tres componentes: los dos anteriores (Acceso y Actividades de Red) más un proyecto de investigación, cuyo objetivo debería ser mejorar la oferta de la infraestructura. Se decidió que el proyecto tendría 5 subproyectos que abordarían distintos problemas relacionados con la extracción de ADN de los ejemplares de colección (animales, plantas, fósiles). SYNTHESYS 2 (<http://www.synthesys.info>) ha comenzado en septiembre de 2009 y esperamos que alcance, al menos, los buenos resultados que su predecesor. El Museo participa de forma muy activa en los tres componentes.