



Quintas jornadas del departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva del Museo Nacional de Ciencias Naturales.

Lunes 5 de Noviembre

Martes 6 de Noviembre de 2012



**QUINTAS JORNADAS DEL DEPARTAMENTO DE BIODIVERSIDAD Y
BIOLOGIA EVOLUTIVA DEL MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS
NATURALES**

Organizadas por Luis Boto y Carolina Noreña.

Diseño Cartel: Miguel Vela y Jesús Juez

LUNES 5-MARTES 6 DE NOVIEMBRE DE 2012

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

Día 5 de Noviembre de 2012

9.15 h. Presentación de las Jornadas

9.30-9.50 h. **DAVID BUCKLEY:** "Patrones filogeográficos de la salamandra común (*Salamandra salamandra*) en la Península Ibérica".

9.55-10.15 h. **SOFIA ALVAREZ NORDSTROM:** "Phylogeography of an irruptive migrant bird (*Spinus pinus*): recent continent-wide expansion, incipient speciation, and potential introgression with the black-capped siskin (*Spinus atriceps*)"

10.20-10.40 h. **MARTA COBO-SIMON:** "Efecto de las transgresiones marinas en la ictiofauna continental: el caso del Género *Squalius* (Actinopterygii, Cyprinidae) (Bonaparte 1837) en el sur de España"

10.45-11.05 h. **MIRIAM CASAL:** "Filogeografía y evolución del barbo gitano (Günther 1868) (Actinopterygii, Cyprinidae): modelos y procesos de diversificación en la cuenca del Mediterráneo occidental."

11.05-11.30 Descanso

11.30-11.50 h. **IKER IRISARRI:** "El origen de los Anuros modernos (Neobatrachia) estuvo asociado a una aceleración de las tasas de sustitución mitocondriales y nucleares"

11.55-12.15 h. **JAVIER ABALOS:** "La evolución del viviparismo en Vertebrados"

12.20-12.40 h. **IRENE COBO-SIMON:** "El origen de los perros macromorfos en la Península Ibérica"

Tarde

15.30-15.50 h. **MANU ESTEVE**: “Salmónidos y la filogenia del comportamiento”

15.55-16.15 h. **PALOMA MAS-PEINADO**: “Análisis de las relaciones filogenéticas entre especies de la Cuenca Mediterránea del Género *Pimelia* (Coleoptera, Tenebrionidae)”

16.20-16.40 h. **CRISTINA ROMERO DIAZ**: “Costly female choice in Corticosterone mediated sexual conflict: An experiment with lizzards”

Día 6 de Noviembre de 2012

9.15-9.35 h. **CARLO POLIDORI**: “Rompiendo muros, abriendo puertas: incorporación de metales en las mandíbulas y los ovipositores de las avispas de las agallas (Hymenoptera, Cynipidae) con relación al sustrato vegetal y tipo de biología reproductiva”

9.40-10.00 h. **DOLORES MARTÍNEZ**: “Divergencias y convergencias morfológicas entre los géneros de la Familia Planariidae”.

10.05-10.25 h. **PATRICIA LATTIG**: “El género *Haplosyllis* (Polychaeta: Syllidae), un ejemplo de diversidad biológica y variabilidad morfológica entre especies crípticas”

10.30-10.50 h. **NOEMI GUIL**: “La importancia de llamarse *Milnesium tardigradum*. Resultados preliminares sobre la variabilidad morfológica y molecular entre individuos de apariencia *tardigradum*”

11.00 h. Clausura



**QUINTAS JORNADAS DEL DEPARTAMENTO DE BIODIVERSIDAD Y BIOLOGIA
EVOLUTIVA DEL MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES**

LUNES 5 DE NOVIEMBRE- MARTES 6 DE NOVIEMBRE DE 2012

RESUMENES

Patrones filogeográficos de la salamandra común (*Salamandra salamandra*) en la Península Ibérica.

David Buckley

La salamandra común, *Salamandra salamandra* (Caudata: Salamandridae), se distribuye ampliamente por Europa, desde el sur de la Península Ibérica hasta Ucrania, siendo, además, relativamente abundante en las áreas que ocupa. De especial interés son sus poblaciones ibéricas, ya que en este área geográfica la especie presenta sus mayores niveles de variabilidad morfológica y en su biología, incluyendo variabilidad en modos de reproducción (ovoviviparismo y viviparismo). Estos patrones de variabilidad tan elevados estarían asociados a la complejidad de la historia evolutiva de la especie en la región. Para analizar esta asociación, discutimos aquí los patrones filogeográficos de la especie en la Península Ibérica a partir del análisis de la variabilidad genética de 31 loci nucleares (aloenzimas) en más de 400 individuos distribuidos en todo su rango de distribución peninsular. En este trabajo, nos centramos en (i) delimitar los linajes históricos de la especie en la península, (ii) delimitar y analizar las áreas potenciales de contacto secundario entre los diferentes linajes históricos, (iii) relacionar los patrones filogeográficos observados con la variabilidad morfológica y en modos de reproducción, además de (iv) discutir la relación entre las unidades taxonómicas (subespecies) descritas para la especie en la Península Ibérica y estos linajes históricos. Asimismo, discutiremos las diferentes metodologías existentes para tratar los datos aloenzimáticos en filogeografía.

Phylogeography of an irruptive migrant bird, the pine siskin (*Spinus pinus*): recent continent-wide expansion, incipient speciation, and potential introgression with the black-capped siskin (*Spinus atriceps*)

Sofía Alvarez Nordstrom and Borja Milá

High dispersal capacity and foraging tactics involving irruptive vagrancy at large geographic scales are expected to result in high levels of gene flow and low intraspecific population divergence. Consistent with this prediction, the pine siskin of North America, a widespread and irruptive conifer-forest specialist, shows relative phenotypic uniformity across the continent. One exception is the isolated subspecies (*S. pinus perplexus*) found in the highlands of northern Central America, where in contrast to their widespread brown-streaked relatives, birds are pale gray, mostly unstreaked, and often show a dark crown. These last two traits are shared with a local endemic, the little studied black-capped siskin (*S. atriceps*), suggesting either potential introgression or even the possibility of a hybrid origin of *perplexus*. Here we use mtDNA and nuclear intron sequences to infer the demographic and evolutionary history of the complex, and test the potential hybrid origin of Central American pine siskins. Phylogenetic analysis reveals two distinct lineages within pine siskins, one corresponding to birds found

across North America from Mexico to Canada (*S. p. pinus* and *S. p. macropterus*), and one including all individuals from the Guatemalan highlands (*S. p. perplexus*). Consistent with their vagrant behavior, pine siskins across North America show evidence of a recent, postglacial population expansion and extremely low levels of diversity and structure, even in mountainous regions of southern Mexico. In contrast, the population in the Guatemalan highlands shows evidence of demographic stasis, reflecting long-term isolation and restricted dispersal. *S. p. perplexus* and *S. atriceps* are genetically distinct in mtDNA markers, suggesting these are separate evolutionary entities. Our results do not support a hybrid origin of the *S. p. perplexus* lineage, yet limited introgression from *S. atriceps* seems likely.

Efecto de las transgresiones marinas en la ictiofauna continental: el caso del género *Squalius* (Actinopterygii, Cyprinidae) (Bonaparte, 1837) en el sur de España.

Marta Cobo-Simon, Silvia Perea e Ignacio Doadrio.

Con objeto de deducir los efectos que han tenido las transgresiones marinas a lo largo del Plio-Pleistoceno en el Golfo de Cádiz, causados tanto por el último fenómeno glacial como por la acción de los Tsunamis ocurridos en esta área, se ha realizado un estudio filogeográfico de las especies del género *Squalius* que habitan en el sur de España. Para ello, inicialmente se secuenció el gen del citocromo b, a partir del cual se ha estudiado la estructura y la variabilidad genética de las especies del género *Squalius*. Mediante métodos de coalescencia se ha estimado el tamaño y los tiempos de expansión de las poblaciones, y el flujo génico entre ellas. De este modo, se ha determinado la importancia de las trasgresiones marinas y de la laguna de la Janda en la evolución de las poblaciones de peces primarios de agua dulce, concretamente en el género *Squalius*.

Filogeografía y evolución del barbo gitano (Günther 1868) (Actinopterygii, Cyprinidae): modelos y procesos de diversificación en la cuenca del Mediterráneo occidental.

Miriam Casal, Carla Sousa Santos, Joana I. Robalo e Ignacio Doadrio

La Península Ibérica es considerada tradicionalmente un refugio glacial, debido a que los glaciares sólo ocuparon las zonas de montaña. El concepto de refugio se suele asociar a reducción, y expansión poblacional una vez que el clima se vuelve más templado. Sin embargo, en el caso de la ictiofauna continental la expansión postglacial está fuertemente condicionada por su bajo poder de dispersión y las reducciones poblacionales pueden condicionar la viabilidad a largo plazo. Actualmente estos refugios glaciales son visto como heterogéneos y se han postulado refugios dentro de refugios. Una de las especies que ha sido tomado como modelo para ello ha sido el barbo gitano (*Luciobarbus sclateri* Günther, 1868), una especie endémica de los ríos del sur de la Península principalmente de España.

Nuestro objetivo es conocer que efecto tuvieron los cambios climáticos durante el Plio-Pleistoceno en el barbo gitano, así como conocer si hay datos genéticos que justifiquen porque esta especie domina las comunidades de estos ríos, tanto en abundancia como en distribución. Nuestra hipótesis es que su particular biología y tolerancia ecológica han dado lugar a una alta variabilidad genética y escasa estructura poblacional debido a los impactos del clima durante el Pleistoceno.

El análisis filogeográfico del barbo gitano, igual que otros barbos, ha sido en general realizado sobre genes mitocondriales, debido a su tetraploidia que dificulta el estudio del ADN nuclear. Nosotros estudiamos el gen mitocondrial *citocromo b* y por primera vez el gen nuclear de la hormona del crecimiento. Hasta el momento se han analizado las secuencias del gen mitocondrial *cyt b*, de un total de 350 individuos, en poblaciones situadas a lo largo de toda su área de distribución, y se están aún realizando muestras de la hormona de crecimiento.

Los resultados indican una moderada estructura poblacional y alta diversidad haplotípica.

El origen de los anuros modernos (Neobatrachia) estuvo asociado a una aceleración de las tasas de sustitución mitocondriales y nucleares

Iker Irisarri, Diego San Mauro, Federico Abascal, Anne Marie Ohler, Miguel Vences y Rafael Zardoya

Una de las cuestiones centrales de la biología evolutiva es comprender las causas que subyacen a la heterogeneidad de tasas evolutivas moleculares entre linajes. A pesar de que estudios previos han apuntado a una aceleración en las tasas sustitutivas mitocondriales en los anuros modernos (Neobatrachia) respecto a los anuros no-neobatráceos, este fenómeno no ha sido estudiado en detalle. No conocemos con precisión el momento en que ocurrió esta aceleración, ni tampoco si este patrón de tasas linaje-específicas es exclusivo del genoma mitocondrial o compartido también por el genoma nuclear. Dentro de Neobatrachia, dos grupos derivados acaparan el 96% de la diversidad de especies de anuros. Por ello, quisimos estudiar si la aceleración de tasas tuvo lugar en el origen de Neobatrachia o si por el contrario se correlacionaba con el origen de estos dos grupos diversificados (como sugirió un estudio previo). También analizamos la posibilidad de que una aceleración de las tasas mitocondriales podrían estar relacionadas con un mayor número de eventos de reordenación génica en Neobatrachia.

En este estudio, hemos secuenciado genomas mitocondriales completos y nueve loci nucleares para siete taxones clave. Estas especies representan en su mayoría a linajes basales y no diversificados de neobatráceos, que son fundamentales para responder las cuestiones previamente mencionadas. Utilizando estos nuevos datos, reconstruimos una filogenia molecular robusta y plenamente resuelta para los anuros y datamos los principales eventos cladogenéticos. Los test de tasas relativas y la comparación directa de longitudes de rama en los árboles mitocondrial y nuclear demostraron que ambas tasas de sustitución, mitocondriales y nucleares, son significativamente mayores en el conjunto de los neobatráceos respecto a los no-neobatráceos. Mediante el análisis del coeficiente de selección (ω) en las diferentes ramas del árbol, descubrimos evidencias de la relajación de la presión selectiva en neobatráceos, lo cual podría explicar al menos parcialmente la aceleración de tasas mitocondriales y nucleares que encontramos en este clado. Además, nuestros análisis nos permitieron descartar que el cambio en tasas de sustitución estuviera correlacionado tanto con el aumento en reordenaciones génicas mitocondriales, así como con las tasas de diversificación en los distintos linajes de neobatráceos.

La evolución del viviparismo en Vertebrados

Javier Ábalos & David Buckley

El viviparismo, el desarrollo embrionario dentro de las hembras y posterior parto de juveniles más o menos desarrollados, ha evolucionado recurrentemente y de forma independiente en casi todos los linajes de vertebrados. Aun tratándose de fenómenos biológicos muy diferentes, presentan ciertas similitudes y características comunes, lo que ha llevado a intentar establecer teorías generales para explicar la evolución de esta estrategia reproductora. Por ejemplo, ciertas hipótesis enfatizan el papel de las interacciones competitivas entre los genomas maternos, paternos y embrionarios, como factor determinante en la evolución de la placentación y, en general, del viviparismo. Una consecuencia colateral de esta interacción competitiva sería el incremento del desarrollo de mecanismos de aislamiento postzigótico entre grupos de poblaciones, lo que desembocaría, a la larga, en un aumento en las tasas de diferenciación y especiación en el grupo. En este proyecto, se pretende comprobar dichas hipótesis, a partir del análisis comparado de las tasas de especiación/diversificación en grupos de vertebrados que presenten variación en estrategias reproductoras. Se recuperarán análisis filogenéticos recientemente publicados para diferentes grupos y, a partir de éstos, se calcularán y compararán las tasas de diversificación en linajes vivíparos y no vivíparos, correlacionándolas con la evolución del viviparismo en estos clados.

El origen de los perros macromorfos en la Península Ibérica

Irene Cobo-Simon, Lourdes Alcaraz e Ignacio Doadrio

Existen numerosos estudios acerca del origen y la evolución de la domesticación del perro, pero muy pocos estudian el origen del Mastín español, una raza emblemática de la Península Ibérica debido a que ha estado íntimamente asociada a la transhumancia. Se trata de una práctica de gran importancia en nuestro país que llegó a suponer el 10 % de la economía nacional durante más de 700 años. Este fenómeno, a pesar de su importancia, es muy poco conocido a causa de la escasez de yacimientos arqueológicos, y a su difícil interpretación. Se estudió el origen y la diversidad del Mastín español mediante la comparación de secuencias de 598 pares de bases del d-loop del ADN mitocondrial de esta y otras razas de perro. La elevada diversidad haplotípica y nucleotídica obtenidas en este trabajo, y el hallazgo de diez haplotipos desconocidos hasta el momento, apoyan la antigüedad de esta raza. También se observó una elevada frecuencia del haplotipo A2, muy frecuente en razas de Norte y centro de Europa.

Salmónidos y la Filogenia del Comportamiento

Manu Esteve

Cámaras de video submarino remotas fueron utilizadas para estudiar y describir por primera vez el comportamiento reproductivo del taimen de Siberia (*Hucho taimen*), la trucha de Manchuria (*Brachymystax lenok*), el hucho del Danubio (*Hucho hucho*) y el taimen de Sakhalin (*Parahucho perryi*). Las grabaciones tuvieron lugar en el medio natural en Mongolia, Japón y Austria en las primaveras de 2006, 2007 y 2011 respectivamente. Los resultados fueron comparados con el comportamiento reproductivo de salmoninos pertenecientes a otros géneros. Las hembras del taimen de Siberia, de la trucha de Manchuria y del hucho del Danubio descansan después de desovar durante un número variable de minutos (3-6) antes de cubrir los huevos mediante batidas de su aleta caudal. Las hembras de taimen de Sakhalin, por el contrario, cubren sus huevos inmediatamente después de desovar; algo que es común en las especies pertenecientes a los géneros *Salmo* y *Oncorhynchus* y diferente al peculiar comportamiento que tienen las hembras del género *Salvelinus* consistente en realizar movimientos ondulatorios para proporcionar oxígeno a los huevos. Las causas de los tres comportamientos inmediatamente después del desove (descansar, cubrir los huevos y ondular) son discutidas en un contexto evolutivo y a partir de ahí varias hipótesis son generadas.

Análisis de las relaciones filogenéticas entre especies de la Cuenca Mediterránea del Género *Pimelia* (Coleoptera, Tenebrionidae)

Paloma Mas-Peinado

La familia Tenebrionidae (Coleoptera), está representada por un conjunto de 20000 especies distribuidas en más de 2000 géneros por todo el mundo. Con el objetivo de profundizar en el conocimiento de esta amplia familia, conocer los procesos que han condicionado su evolución y los eventos tanto paleobiogeográficos, demográficos y ecológicos que han determinado sus patrones de especiación, hemos llevado a cabo un primer análisis de los patrones de diferenciación genética del género *Pimelia* Fabricius 1775, representado por unas 307 especies distribuidas en ambientes xerófilos del Paleártico Occidental.

Se ha considerado un grupo ideal para este estudio por presentar baja capacidad de dispersión, poseer numerosos endemismos ibéricos y una elevada complejidad taxonómica, fijándose como contexto geográfico de nuestro análisis la Cuenca Mediterránea. Las localidades de captura de los 180 ejemplares seleccionados para este estudio se distribuyen principalmente en la Península Ibérica, Islas Baleares, Italia (Sicilia y Córcega), Turquía, Túnez, y Marruecos.

Hemos empleado los marcadores mitocondriales COI y 16S, que han resultado ser lo suficientemente variables y útiles para resolver las relaciones entre linajes dentro de *Pimelia*. La topología resultante muestra una congruencia general entre los linajes que se identifican en el árbol filogenético y su localización geográfica. Sin embargo, la mayoría de las especies definidas con criterios morfológicos, no se recuperan en el análisis como grupos monofiléticos. Planteamos para su análisis “Complejos de especies” que reflejan los clados monofiléticos definidos a partir de los marcadores moleculares y que agrupan a poblaciones de varias especies ‘morfológicas’. Estos clados serán nuestras unidades de análisis y estudio, ya que reflejan diferentes tipos de problemas interesantes que abordaremos en estudios futuros.

Costly female choice in corticosterone mediated sexual conflict: An experiment with lizards

Cristina Romero Díaz, Virginia González Jimena, Patrick S. Fitze.

Sexual conflict is inherent to species with anisogamy, where the evolutionary interests of males and females differ. Generally, male fitness is limited by the number of mates he can fertilize, which is in line with the observed mating preference for unfamiliar females. In contrast, females typically invest more in reproduction and thus are more discriminating in their choice of mating partner. In the common lizard (*L. vivipara*), reproductive success depends on male-male competition and female mate choice. Mate choice requires time and energy, potentially jeopardizing survival and fecundity, and males can coerce mating, which imply high costs for females. Recent work support the hypothesis that female choice can be the result of sexual conflict over mating, when males are selected for increasing mating success whereas females are selected to reduce the direct costs of mating by resisting mating attempts. Under the demanding circumstances of reproductive season, females dramatically increase plasma glucocorticoid levels. Among glucocorticoids, corticosterone is one of the most important stress related hormones in reptiles and other vertebrates, and has shown to decrease reproductive activity and detrimental effects on clutch size, clutch hatching success, and juvenile survival. This suggests that corticosterone could exacerbate the initial sexual conflict due to the asymmetrical consequences on each sex's fitness.

In this experiment, we tested male and female mating preferences, particularly female mate choice and mating behaviour of corticosterone treated individuals, taking into account female social interaction and the preference of males for novel females in a series of mating trials.

Preliminary results show that the interest component of male intersexual behaviour does not differ among groups of corticosterone treatment but corticosterone (*Cort*) females are more defensive against conspecifics, proffer more bites, and consequently *Control* females mate with a higher probability than they do. Males that successfully copulated with *Cort* females had significantly larger SVL (a quality indicator). Neither female SVL nor the familiarity of females have evident effects on the probability of mating. However, some components of male and female behaviour are related with them and males copulate on average longer with unfamiliar females. The results are in accord with the “female resisting” hypothesis and suggest an important role of stress in sexual conflict resolution.

Rompiendo muros, abriendo puertas: incorporación de metales en las mandíbulas y los ovipositores de las avispas de las agallas con relación al sustrato vegetal y tipo de biología reproductiva (Hymenoptera, Cynipidae)

Carlo Polidori, Alberto Jorge García y José Luis Nieves-Aldrey

Los himenópteros cinípidos incluyen especies con dos diferentes estrategias vitales. A nivel evolutivo, las especies mayoritarias, con capacidad de inducir agallas en las plantas, y las especies inquilinas se enfrentan al problema común de optimizar su morfología para poder acceder a sus lugares de puesta y reproducción (el sustrato vegetal donde los huevos se depositan y las larvas se desarrollan), lo cual varía en estos dos grupos funcionales, al igual que variar dentro de cada uno de ellos. Para poder penetrar el sustrato vegetal en el que realizan su reproducción (en el momento de la puesta), y para poder luego emerger del mismo (una vez que han pupado y se han transformado en adultos), estas avispas de las agallas utilizan, respectivamente, el ovipositor y las mandíbulas. Se puede así plantear la hipótesis que estas dos estructuras morfológicas hayan estado sometidas a selección en algún carácter para poder maximizar la capacidad de penetración/excavación del sustrato. Una de las formas para poder incrementar esta capacidad es la inclusión en la cutícula de metales pesados, que endurecen las estructuras. Hemos estudiado la variabilidad de esta características en representantes de las diferentes estrategias vitales en el seno del grupo que varían en la dureza del sustrato del sitio de reproducción (desde tallos de plantas herbáceas a raíces, yemas o ramitas de árboles, o de agallas ya formadas, que protegen larvas de hospedadores de las especies inquilinas). Hemos encontrado que las mandíbulas están enriquecidas en Zn^{++} en todas las especies, aunque con porcentajes de composición muy variables (desde $<5\%$ a $>20\%$), y en algunas especies también en Cu^{++} y Mn^{++} en porcentajes más limitados ($<1\%$). Por otro lado, en los ovipositores hemos encontrado cantidades significativamente apreciables, aunque en general bajas ($<1\%$), de Mn^{++} , y no en todas las especies. Las dos estructuras parecen no solo incluir metales diferentes, sino que también una forma de enriquecimiento diferente. En particular, si en las mandíbulas la concentración de Zn^{++} sube de forma sigmoidea desde la base hasta el exterior, en los ovipositores no hay incremento de Mn^{++} significativo, o es lineal y débilmente significativo, desde la base a la punta. Estas diferencias llevan a plantearnos la hipótesis de que la optimización del uso mecánico de las dos estructuras (excavar/cortar vs. penetrar) requiere tipos de metales y distribuciones de metales diferentes. Por ultimo, la variabilidad inter-especifica encontrada en la cantidad de metales acumulados no parece reflejar la filogenia del grupo, mientras que, por lo menos parcialmente, parece reflejar las diferencias en la dureza del sustrato del sitio de reproducción.

Divergencias y convergencias morfológicas entre los géneros de la Familia Planariidae

Dolores Martínez & Carolina Noreña

Dentro de la superfamilia Planarioidea Stimpson, 1857 (Continenticola) se encuentran agrupadas la familia Planariidae Stimpson, 1857, Dendrocoelidae Hallez, 1844 y Kenkiidae Hyman, 1937. Mientras que la familia Kenkiidae se distribuye principalmente en Norteamérica y Asia Central, las familias Dendrocoelidae y Planariidae son bien conocidas dentro de la región Europea. A pesar de ello y en comparación con otras familias del orden Tricladida, la familia Planariidae es la menos estudiada (Sluys et al 2009). Para esta familia y dentro de la PI, podemos calificar los conocimientos sobre este taxón como puntuales (Roca *et al.* 1992, Sluys *et al.* 1995, Vila-Farré et al 2011). Este hecho impide diseñar y analizar posibles patrones de distribución o dispersión de la familia Planariidae, no sólo dentro de la PI, sino que también a nivel europeo.

El principal objetivo de este trabajo es la revisión y análisis de las características de los diferentes géneros de la familia Planariidae, con el fin de hallar las posibles líneas de parentesco entre ellos y a su vez comprobar la validez de los mismos.

El género *Haplosyllis* (Polychaeta: Syllidae), un ejemplo de diversidad biológica y variabilidad morfológica entre especies crípticas

Patricia Lattig

A lo largo de los últimos años se ha estudiado ampliamente a un grupo de poliquetos simbioses del género *Haplosyllis* (Syllidae) que comúnmente viven dentro de esponjas y gorgonias. Su morfología es relativamente simple, con sedas simples adaptadas a su estilo de vida simbiote, por lo que algunos autores han considerado que el género estaba conformado por la especie cosmopolita, *H. spongicola*, con más de 350 citas y 15 sinonimias, y otras pocas especies claramente diferentes (Licher, 2000; Wehe & Fiege, 2002). Sin embargo, según los últimos trabajos, se ha concluido que el género es altamente diverso, conformado, hasta el momento, de 32 especies (Lattig *et al.*, 2007; Lattig & Martin 2009; 2011; Martin *et al.*, 2003; Paola *et al.*, 2006) y un grupo de especies crípticas distribuidas especialmente en el Pacífico Oriental y Australia. Mediante el trabajo propuesto para los próximos tres años se pretende plantear un modelo de evolución de la distribución de las especies de las regiones biogeográficas Pacífico Oriental y Australia, utilizando como herramienta a los poliquetos endosimbioses de la familia Syllidae.

**La importancia de llamarse *Milnesium tardigradum*.
Resultados preliminares sobre la variabilidad morfológica y molecular
entre individuos de apariencia *tardigradum*.**

Noemí Guil y Annie Machordom

La especie *Milnesium tardigradum* (Apochela, Eutardigrada, Tardigrada) ha sido considerada una especie cosmopolita desde muy antiguo. Sin embargo, durante la última década son cada vez más los expertos que sospechan de su posible especiación críptica, lo que la información molecular nos puede ayudar a desvelar. Con el fin de determinar las diferencias morfológicas y moleculares entre individuos de apariencia *tardigradum* y su conexión filogenética y geográfica, hemos realizado un muestreo en tres cadenas montañosas del centro de la Península Ibérica (Sistema Central, Montes de Toledo y Serranía de Cuenca) recolectando distintos hábitats y sustratos. En total hemos aislado 124 individuos del género *Milnesium* de características morfológicas similares a las de *M. tardigradum*. Para cada individuo, y antes de la extracción de su ADN, hemos realizado su identificación con el microscopio óptico, usando los máximos aumentos. De cada uno de los individuos hemos secuenciado tres marcadores nucleares (18S, 28S y ITS2) y uno mitocondrial (COI). Para determinar las relaciones filogenéticas entre los individuos de *Milnesium* hemos realizado diferentes aproximaciones: máxima parsimonia, máxima verosimilitud e inferencia Bayesiana. Los resultados preliminares que hemos obtenido nos muestran una variabilidad genética increíblemente alta, comparada con la encontrada en otros organismos, lo que nos permite discutir sobre el posible uso del COI (u otro marcador genético de los analizados) para el *DNA barcoding* y, por lo tanto, para desvelar la posible especiación críptica, y la relación de esa variabilidad genética con la morfológica. Más allá de la variabilidad genética interespecífica, discutiremos la variación intragenómica (*intragenomic variation*) encontrada en las poblaciones españolas para las secuencias del ITS2. Finalmente, comentaremos el grado de conectividad entre las poblaciones, cotejaremos si su (teóricamente) amplia capacidad de dispersión pasiva lo es y la influencia de las barreras geográficas en su distribución, así como la diversidad genética encontrada en el área de estudio respecto a la diversidad global descrita.