XVII SEMINARIO DE GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

Gran Hotel del Sella

Ribadesella, Asturias

12-15 noviembre, 2008

Organización

Presidentes:

Jesús Albornoz Pons *[tel:* 985 103 598*, e-mail: jalbornoz@uniovi.es]*

Ana Domínguez Sanjurjo *[tel:* 985 102 719*, e-mail:Sanjurjo@uniovi.es]*

Eva García Vázquez *[tel:* 985 102 726*, e-mail: egv@uniovi.es]*

Vocales:

Alba Ardura Gutiérrez

Daniel Campo Falgueras

Claudia García González

América García Valiente

José Luís Hórreo Escandón

Ana Laviada Menéndez

Gonzalo Machado Schiaffino

Trinidad Pérez Méndez

Fernando Rodríguez Vázquez

José Fernando Vázquez Villa

Correo electrónico: sgpe2008@innova.uniovi.es

Departamento de Biología Funcional. Área de Genética

Facultad de Medicina. Julián Clavería s/n, 33006 Oviedo

Fax: 985 103 534

Página Web: http://www.uniovi.es/XVIISGPE/

Patrocinadores:

Sociedad Española
de Genética

La impresión del libro de resúmenes ha sido financiada por CajAstur.

Depósito legal: AS/5614-2008
Imprime: Servicio de Publicaciones. Universidad de Oviedo

Programa Científico

y

Actividades

XVII SGPE

XVII SEMINARIO DE GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

Ribadesella, Asturias, 12-15 de noviembre de 2008

Miércoles 12 de noviembre de 2008

19:00-22:00	Bienvenida y entrega de documentación
22:00	Cena

Jueves 13 de noviembre de 2008

9:00-10:00	Conferencia invitada: Xose Antón Suárez Puente *Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. Universidad de Oviedo* "Degradomas de mamíferos: análisis y evolución de los genomas desde una perspectiva proteolítica"
10:00-10:30	Andrés Moya Simarro *Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universitat de València.* "Metagenómica: un nuevo reto para el análisis genético-poblacional"
10:30-11:00	Julio Rozas Liras *Departamento de Genètica; Facultat de Biologia; Universitat de Barcelona.* "Selección Natural y Evolución Molecular: Análisis en Genomas Completos de Artrópodos"
11:00-11:30	Café
11:30-12:00	Rafael Sanjuan Verdeguer *Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universitat de València.* "Altas tasas de mutación en viroides de cabeza de martillo: explorando el Mundo de ARN"
12:00-12:30	Mauro Santos *Departament de Genètica i de Microbiologia. Grup de Biologia Evolutiva (GBE). Universitat Autònoma de Barcelona.* "Lack of Evolvability in Self-Sustaining Autocatalytic Networks: No Metabolism-First Path to the Origin of Life"
12:30-13:00	José Manuel Cuevas Torrijos *Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva. Universitat de València.*

12:30-13:00	José Manuel Cuevas Torrijos *Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva. Universitat de València*. "Multiple adaptive strategies in the adaptation of hepatitis C virus to antiviral therapies"
13:00-13:30	Pilar Domingo Calap *Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva. Universitat de València.* "Diferencias de robustez entre virus de ADN y ARN"
13:30-14:00	Fernando González Candelas *Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universitat de València.* "La evolución en el estrado: análisis de un brote masivo de hepatitis C"
14:00-16:00	Comida
16:00-16:30	Cinta Pegueroles Queralt *Departamento de Genètica. Universitat de Barcelona* "Flujo génico entre ordenamientos del cromosoma O de *D. subobscura"*
16:30-17:00	Tomás Morán Iturralde *Departament de Genètica i de Microbiología. Grup de Biologia Evolutiva. Universitat Autònoma de Barcelona.* "Arquitectura genética del asilamiento reproductivo por esterilidad híbrida entre *Drosophila koepferae* y *Drosophila buzzatii"*
17:00-17:30	Miguel Angel Toro Ibáñez *Departamento de Producción Animal. Universidad Politécnica de Madrid.* "Caracterización y manejo de una población subdividida"
17:30-18:00	Café
18:00-18:30	Marcos Pérez-Losada *Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos. Universidade do Porto.Campus Agrário de Vairão. Portugal.* "BEAST y LAMARC a la palestra: evaluación de métodos de coalescencia para inferir dinámica de poblaciones usando datos empíricos y simulados"
18:30-19:00	Armando Caballero Rúa *Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología. Facultad de Biología. Universidade de Vigo.* "Evaluación de la técnica de AFLPs en el análisis de datos genéticos mediante simulación in silico"
19:00-19:30	Lucía Pérez Pardal *Área de Genética y Reproducción Animal. Serida-Gijón.* "Criterios para la utilización de marcadores microsatélite en estudios de genética de poblaciones de la línea paterna en la especie bovina"

Viernes 14 de noviembre de 2008

9:00-10:00	**Conferencia invitada: Marta Barluenga Badiola** *Universidad de Basel* "Evolución en paralelo de peces cíclidos en lagunas cratéricas"
10:00-10:30	**José Castresana Villamor** *Instituto de Biología Evolutiva (CSIC-UPF). Barcelona* "Filogenia, diversificación y especiación de mamíferos estudiadas con genes mitocondriales y nucleares"
10:30-11:00	**Daniel Campo Falgueras** *Departamento de Biología Funcional. Universidad de Oviedo.* "Organización molecular y evolución del 5S rDNA en el género *Merluccius* y sus implicaciones filogenéticas"
11:00-11:30	**Café**
11:30-12:00	**Fernando Rodríguez Vázquez,** *Departamento de Biología Funcional. Facultad de Biología. Grupo de Genética de Poblaciones. Universidad de Oviedo*. "Filogeografía y diversificación del genero *Rupicapra"*
12:00-12:30	**Rafael Díaz de la Guardia,** *Departamento de Biología Experimental. Facultad de Ciencias Experimentales. Universidad de Jaén.* " Análisis del gen SRY, la región control del ADN mitocondrial y del citocromo B en poblaciones de *Microtus cabrerae"*
12:30-13:00	**Rafael Zardoya Sansebastian** *Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva. Museo Nacional de Ciencias Naturales. CSIC. Madrid.* "Avances recientes en la filogenia de gasterópodo"
13:00-14:00	**Asamblea de la Sociedad Española de Genética**
14:00-16:00	**Comida**
16:00-16:30	**Ismael Hicham Chairi** *Laboratorio de Genética. Facultad de Ciencias del Mar y Ambientales. Cádiz.* "Análisis molecular de familias multigénicas ribosomales y de snRNAs y su uso como herramientas para diferenciar entre especies de la familia de *Engraulidae*"
16:30-17:00	**Juan Alberto Marchal Ortega** *Departamento de Biología Experimental. Facultad de Ciencias Experimentales. Universidad de Jaén.* "Origen, composición y evolución de los cromosomas sexuales gigantes de Microtus"
17:00-17:30	**Jafid Laayouni** *Instituto de Biología Evolutiva (UPF-CSIC). Barcelona* "Detección de selección positiva, filogeografía e historia demográfica en poblaciones humanas"

17:30-18:00	Café
18:00-18:30	Antonio Jesús Muñoz Pajares *Departamento de Genética. Facultad de Ciencias. Universidad de Granada.* "Evolución de una secuencia cloroplastidial abundante en indels: trnF-trnL de *Erysimum mediohispanicum*"
18:30-19:00	Marta Riutort León *Departament de Genètica. Facultad de Biologia. Universitat de Barcelona.* "Filogeografía molecular y barcoding de planarias sexuales y asexuales del género *Dugesia* (*Platyhelminthes*)"
19:30	Reunión de la sección de Genética de Poblaciones y Evolución
22:00	Espicha

Sábado 15 de noviembre de 2008

9:00-9:30	Carlos López-Fanjul de Arguelles *Departamento de Genética. Universidad Complutense de Madrid.* "Epistasia y cambio evolutivo"
9:30-10:00	José María Álvarez Castro *Departamento de Xenética. Universidade de Santiago de Compostela. Lugo.* "Desarrollo y aplicaciones de modelos de efectos genéticos"
10:00-10:30	Paulino Martínez Portela *Departamento de Genética. Facultad de Veterinaria, Universidad de Santiago de Compostela. Lugo.* "Genómica Aplicada para la mejora del cultivo de rodaballo (II): Identificación de genes de resistencia a patógenos emergentes mediante análisis microarray"
10:30-11:00	Mohamed Abdelaziz Mohamed *Departamento de Genética y Departamento de Ecología. Universidad de Granada.* "Genética cuantitativa de la forma floral y tamaño en *Erysimum mediohispanicum*: caracteres acoplados y desacoplados"
11:00-11:30	Café

11:30-12:00	Mª Teresa Tejedor Hernandez *Departamento de Anatomía, Embriología y Genética. Departamento de Producción Animal y Ciencia de los Alimentos. Universidad de Zaragoza.* "Caracterización genética de la Gallina Serrana de Teruel"
12:00-12:30	Mª Pilar de Arana Montes *Departamento de Genética. Facultad de Biología. Universidad Complutense de Madrid.* "Análisis de marcadores moleculares en poblaciones españolas de perdiz roja y origen de la contaminación genética con perdiz turca"
12:30-13:00	Begoña Jugo Orrantia *Departamento de Genética, Antropología Física y Fisiología Animal. Facultad de Ciencia y Tecnología. Euskal Herriko Unibertsitatea.* "Genómica y Sanidad Animal: variabilidad y evolución genómica del hospedador ante el patógeno"
13:00-13:30	María Saura Álvarez *Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología. Facultad de Biología. Universidad de Vigo.* "Conservación del salmón atlántico (*Salmo salar* l.) en Galicia y Navarra"
14:00	Comida y despedida

Resúmenes

Jueves 13 de noviembre de 2008

Conferencia invitada: Xose Antón Suárez Puente

Degradomas de mamíferos: análisis y evolución de los genomas desde una perspectiva proteolítica

Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. Universidad de Oviedo

Las proteasas constituyen un amplio grupo de enzimas implicados en numeros procesos fisiológicos, como desarrollo, reproducción y defensa inmune, al igual que en diferentes patologías, como enfermedades inflamatorias, neurológicas o cáncer. Esto ha obligado a introducir aproximaciones globales para abordar su estudio. Así, se ha definido el término degradoma como el conjunto de proteasas codificadas por el genoma de un organismo. La secuenciación del genoma humano nos ha permitido mostrar que más de un 2% de todos los genes humanos codifican enzimas proteolíticos. La reciente finalización del genoma de diferentes especies de mamíferos, desde los más próximos en la escala evolutiva, como el chimpancé, hasta los más alejados, como el ornitorrinco, pasando por aquellas especies más empleadas para el estudio de enfermedades humanas, como la rata y el ratón, ha hecho posible explorar la complejidad de las proteasas de mamíferos. Sorprendentemente, el complemento de proteasas en los roedores es mucho más complejo que en los humanos, con 634 y 649 genes de proteasas en rata y ratón, frente a los 569 genes de proteasas presentes en el genoma humano. Esta mayor complejidad se debe a la expansión de familias de proteasas implicadas en reproducción y defensa inmunológica. Igualmente, hemos comprobado que la expansión de genes de proteasas en roedores va acompañado de una expansión del número de inhibidores de proteasas, lo que podría representar un mecanismo para compensar la mayor actividad proteolítica presente en los tejidos de estos modelos animales. La comparación del genoma de roedores con el de primates nos ha mostrado que el menor número de proteasas en éstos últimos también se debe a la inactivación selectiva de una serie de genes implicados en procesos reproductivos, nutricionales o inmunológicos. Estos datos sugieren que la pseudogenización de genes de proteasas ha sido un mecanismo importante durante la evolución del genoma humano y de otros mamíferos.

Metagenómica: un nuevo reto para el análisis genético-poblacional

Moya A; D´Auria G; Latorre A; Mira A y Tamames J
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universitat de València. Centro Superior de Investigación en Salud Pública. CIBER en Epidemiología y Salud Pública.

La genética de poblaciones bacteriana se ha servido clásicamente de modelos y aproximaciones experimentales que giran alrededor de la especie individual. La genómica está revolucionando el campo y reclama nuevas aproximaciones. En primer lugar, la secuenciación completa de distintos aislados de la misma especie ha dejado patente que cada cepa contiene entre un 10-20% de genes únicos no compartidos con sus congéneres, dando lugar al concepto del pan-genoma. En bacterias, no son tanto los polimorfismos sino la presencia de distintos genes lo que diferencia fenotípicamente las poblaciones. Las variaciones de secuencia entre genes homólogos de distintos aislados pueden no representar la variación real entre poblaciones. Por ello, tras el uso de aproximaciones como MLEE y MLST, nuestro grupo apuesta por la utilización de la genómica comparada y la metagenómica, con un fuerte componente computacional para el análisis masivo de los datos. En concreto, estamos desarrollando técnicas novedosas para el estudio de la composición y actividad de comunidades microbianas de interés en salud humana, principalmente los microbiomas intestinal y oral. Experimentalmente, el estudio se aborda mediante la combinación de la secuenciación clásica con las nuevas técnicas de pirosecuenciación, para obtener la composición cualitativa y cuantitativa de la comunidad. Esto se complementa con técnicas como la citometría de flujo, para separar los componentes minoritarios de la comunidad y facilitar así su estudio, o la metabolómica, para describir la actividad metabólica del microbioma en distintos pacientes, tiempos o condiciones. Computacionalmente, desarrollamos nuevos métodos estadísticos para la comparación de la composición de diferentes microbiomas. Hemos puesto a punto métodos de análisis de los resultados de la secuenciación metagenómica, con especial interés en la descripción de la dinámica del metagenoma, y en la adscripción de las secuencias individuales a su especie de procedencia. Esto último permitirá el estudio del papel que cada especie individual juega en el mantenimiento del microbioma, y por tanto predecir qué consecuencias podrían derivarse de su desaparición o alteración. Así, estamos comparando la divergencia de distintas zonas del genoma entre cepas de la misma especie, para identificar los genes que condicionan la evolución de las poblaciones. Por último, pretendemos hacer lo mismo comparando la secuencia completa del genoma de una cepa de referencia contra el metagenoma del ambiente, a fin de determinar su presencia en el mismo y su grado de variabilidad, así como delimitar las regiones hipervariables que nos puedan indicar el número de poblaciones diferenciadas presentes y su evolución.

Selección Natural y Evolución Molecular: Análisis en Genomas Completos de Artrópodos

Rozas J; Aguadé M; Segarra C; Papaceit M; Munté A; Orengo D; Alvarez-Ponce D; Arboleda C; Blanco-García A; Guirao S; Librado P; Pires I; Puerma E y Vieira FG
Departamento de Genètica; Facultat de Biologia; Universitat de Barcelona.

Una de las cuestiones fundamentales en Biología y Genómica Evolutiva es la de establecer el impacto de la selección natural en la evolución molecular. La detección tanto de la selección positiva (adaptativa) como negativa (purificadora) tiene profundas implicaciones conceptuales y puede aportar conocimiento sobre la función de los genes y regiones genómicas. La determinación de la secuencia genómica completa de 12 especies de Drosophila permite realizar análisis a un nivel muy fino como, por ejemplo, conjuntos de múltiples genes. En este contexto, presentaremos los resultados de los análisis realizados en dos conjuntos de genes implicados en procesos biológicos críticos y en los que la disponibilidad de la información completa del genoma permite realizar inferencias evolutivas muy precisas. Por un lado el análisis de la familia multigénica de las OBP (Odorant Binding Proteins), y por otro el análisis del conjunto de genes de la vía de transducción de señal de la insulina/TOR. En ambos casos se ha identificado el conjunto total de genes en Drosophila -y otros insectos-, se ha reconstruido la historia evolutiva de los genes, y se ha cuantificado el impacto de la selección natural.

La familia multigénica de las OBPs es una de las 4 familias multigénicas fundamentales del sístema quimioreceptor. Este sistema está involucrado en aspectos biológicos fundamentales como la detección de alimentos y de depredadores, así como en el comportamiento individual y social. En el sistema participan, además de la familia de las OBPs, las de los receptores olfativos (OR) y gustativos (GR), así como la de las proteínas quimiosensoriales (CSP). La vía de transducción de señal de la insulina/TOR es la principal responsable de la determinación del tamaño corporal de Drosophila. La existencia de variación genética intra e interespecífica y de patrones adaptativos para el tamaño corporal sugiere que la selección positiva ha tenido un papel fundamental en la evolución de este carácter.

Altas tasas de mutación en viroides de cabeza de martillo: explorando el Mundo de ARN

Sanjuan[1,2] R; Gago[2] S y Elena2 SF
1. Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universitat de València.
2. Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (CSIC).

De acuerdo con la hipótesis del Mundo de ARN, la información genética estuvo almacenada en forma de ARN en fases tempranas de la historia de la vida, siendo éste posteriormente sustituido por el ADN. Un dato clave a favor de esta hipótesis es la existencia de ribozimas, como por ejemplo las ribozimas de cabeza de martillo que se encuentra en ARN satélites de virus y en viroides (patógenos de plantas constituidos por pequeños ARN circulares). De hecho, los viroides, por su pequeño tamaño genómico, la ausencia de secuencias codificantes y la presencia de ribozimas, han sido propuesto como posibles "fósiles vivientes" del Mundo de ARN.

Una importante constricción evolutiva durante el origen de la vida debió venir impuesta por la escasa fidelidad replicativa. Por su simplicidad, los replicones primordiales no podrían poseer mecanismos de corrección de errores, existiendo así un límite al tamaño de sus genomas, más allá del cual el lastre mutacional sería excesivo. Esta limitación impediría la evolución de nuevas funciones, incluyendo las de corrección de errores, lo que plantea una dificultad conocida como la paradoja de Eigen. Planteamos la hipótesis de que los viroides serían replicones atrapados en la paradoja de Eigen. Una predicción de esta hipótesis es que los viroides deberían mostrar tasas de mutación extremadamente elevadas.

Hemos estimado la tasa de mutación del viroide del moteado clorótico del crisantemo (CChMVd), un viroide cloroplástico con ribozimas de cabeza de martillo. Para ello, nos basamos en el resultado de la genética de poblaciones que establece que la frecuencia de un alelo letal en una población haploide es igual a la tasa de mutación. El ciclo de replicación de CChMVd se compone de dos pasos esenciales: primero, el ARN circular del viroide es copiado por una ARN polimerasa ADN dependiente de origen procariótico por un mecanismo de círculo rodante; segundo, los oligómeros generados se cortan gracias a la actividad autocatalítica de la ribozima de cabeza de martillo. Mediante la secuenciación de clones moleculares obtenidos por RT-PCR, hemos detectado mutaciones que inactivan la cabeza de martillo y que por lo tanto, son letales para el viroide. La frecuencia de estos cambios, igual a la tasa de mutación, es de aproximadamente 1/400, siendo ésta la tasa de mutación más alta descrita hasta la fecha en cualquier entidad biológica.

Lack of Evolvability in Self-Sustaining Autocatalytic Networks: No Metabolism-First Path to the Origin of Life

Santos[1] M y Szathmáry[2] E
1. Departament de Genètica i de Microbiologia. Grup de Biologia Evolutiva (GBE). Universitat Autònoma de Barcelona.
2. Collegium Budapest. Institute for Advanced Study.

A basic property of life is its capacity to experience Darwinian evolution. The replicator concept is at the core of genetics-first theories of the origin of life, which suggest that self-replicating oligonucleotides may have been the first 'living' systems and may have lead to the evolution of an RNA world. But problems with the nonenzymatic synthesis of biopolymers and the origin of template replication have driven some workers to endorse the alternative metabolism-first scenario, whose claim is that self-reproducing systems of organic molecules capable to assemble as proto-metabolic networks must have predated self-replicating genes. Opponents argued that noncovalent assemblies lack the capability of storing and transferring information, but recent theoretical work has shown that this criticism does not apply and 'compositional genomes' (i.e., the counts of different molecular species in an assembly) can indeed propagate compositional information. Accordingly, if we stick to the notion of replicator as an entity that passes on its structure largely intact in successive replications, those macromolecular aggregates could be dubbed 'ensemble replicators' (composomes) and quite different from the more familiar genes and memes. In sharp contrast with template-dependent replication dynamics, we demonstrate that replication of compositional information is so inaccurate that fitter compositional genomes cannot be maintained by selection and, therefore, the system lacks evolvability (meaning here its inability to substantially depart from the asymptotic steady-state solution already built-in in the dynamical equations). We conclude that this fundamental limitation of ensemble replicators is critical enough as to definitely abandon metabolism-first theories of the origin of life.

Multiple adaptive strategies in the adaptation of hepatitis C virus to antiviral therapies

Cuevas JM; Torres-Puente M; Jiménez-Hernández N; Bracho MA; García-Robles I; González-Candelas F y Moya A
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva. Universitat de València.

Hepatitis C virus (HCV) is a major health problem worldwide, infecting an estimated 170 million people. In this study, we have employed a huge pool of sequences (i.e., between 25 and 100 clone sequences per analyzed region and per patient) over 67 patients infected with HCV genotype 1, 23 with subtype 1a and 44 with sub-type 1b. For all patients, a sample prior to combined therapy with alpha interferon plus ribavirin was available, whereas for some patients additional samples after 6 or 12 months of treatment were also available. Twenty-seven patients responded to treatment (12 with subtype 1a and 15 with subtype 1b) and forty patients did not respond to treatment (11 with subtype 1a and 29 with subtype 1b). Two regions of the HCV genome were analysed, one compressing the hypervariable regions (HVR1, HVR2 and HVR3) of the envelope 2 glycoprotein and another one including the interferon sensitive determining region (ISDR) and the V3 domain of the NS5A protein. In a previous study (Cuevas et al., Plos One, 3 (8): e3058, 2008), several amino acid positions in both regions analyzed were detected to be under positive selection. Here, we have compared the amino acid composition of each positively selected position between responder and non responder patients for both 1a and 1b subtypes. However, no clear differences were detected in any case, apart from a slightly higher level of variability in non responder patients, not only at the three hypervariable regions and PKR-BD and V3 domains, but also at the surrounding and intervening regions. In conclusion, identifying specific positions as completely discriminatory of treatment response seems to be a difficult task. Our results suggest that HCV evasion strategies are likely based on a global increased variability which would yield combinations of mutations with an increased resistance, more than on the fixation of specific amino acids conferring resistance to antiviral treatment or immune response.

Diferencias de robustez entre virus de ADN y ARN

Domingo P; Cuevas JM y Sanjuán R
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva. Universitat de València.

Debido a su rápida replicación y sus pequeños genomas, los virus son unos excelentes sistemas para hacer evolución experimental. En trabajos previos, se ha demostrado que los virus de ARN, tanto de animales como de plantas, son extremadamente sensibles a la mutación, siendo hasta un 50% de las sustituciones nucleotídicas letales para el virus. A pesar de que esta escasa robustez tiene importantes implicaciones evolutivas y biomédicas, sus causas no están bien establecidas. Podría tratarse de una peculiaridad asociada a la bioquímica del ARN, o bien de una propiedad general de los genomas pequeños. Para arrojar luz sobre esta cuestión, hemos comparado la robustez mutacional de virus de ARN y ADN de tamaños genómicos parecidos. Para ello, hemos llevado a cabo un experimento de acumulación de mutaciones mediante pases calva-calva combinada con mutagénesis química en seis especies de bacteriófagos, tres de ARN y tres de ADN. Los datos muestran que el número de pases necesarios para reducir la eficacia biológica es mucho mayor en el caso de los fagos de ADN. Además, la secuenciación de los genomas completos revela que el número de mutaciones que pueden acumular los fagos de ADN es mayor que el de los de ARN. Finalmente, para obtener evidencias más directas, hemos utilizado la mutagénesis dirigida para introducir cambios en los fagos QBeta y PhiX174 y evaluar así su efecto en la eficacia biológica. El conjunto de resultados obtenidos sugiere que los virus de ARN son menos robustos que los de ADN de tamaño similar, indicando que la hipersensibilidad a la mutación es una característica definitoria de los genomas de ARN.

La evolución en el estrado: análisis de un brote masivo de hepatitis C

González-Candelas F, Bracho MA, Wróbel B y Moya A
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universitat de València.

En febrero de 1998 se detectó un brote de hepatitis C en dos hospitales de Valencia. Los primeros análisis epidemiológicos señalaron a un anestesista como la fuente más probable pero, a medida que el número de afectados aumentaba, fue necesario establecer cuáles de las víctimas potenciales habían sido infectadas a partir de la misma fuente y cuáles no. Presentamos los resultados de la peritación judicial, utilizada como elemento clave para la condena del citado facultativo a casi 2000 años de reclusión por la infección de 275 personas con virus de la hepatitis C a lo largo de 10 años. Analizamos un total de 362 muestras, incluyendo 42 controles no relacionados, obteniendo secuencias directas de 229 nt de la región NS5B y unos 10 clones por muestras de un fragmento de 406 nt de la región E1-E2. Utilizamos análisis filogenéticos para incluir o excluir a cada paciente en el brote y métodos de verosimilitud para asignar probabilidades individuales de pertenencia al grupo respectivo. Además, empleamos métodos bayesianos de reconstrucción filogenética bajo modelos de reloj relajado para establecer las fechas más probables de infección de cada paciente así como la de contagio original de la fuente. Los intervalos de máxima probabilidad de las fechas de infección incluyen en 2/3 de los casos las fechas más probables determinadas de forma independiente por la acusación a partir de la investigación judicial.

Flujo génico entre ordenamientos del cromosoma O de *D. subobscura*

Pegueroles C; Pascual M; Mestres F; Balanyà J; Araúz PA; Calabria G; Palero F; García-Merchán V; Ordóñez V y Serra L
Departamento de Genètica. Universitat de Barcelona

Drosophila subobscura presenta un rico polimorfismo cromosómico para las inversiones. Su distribución geográfica en clinas latitudinales indica que éste es adaptativo. Por otra parte, distintos autores han observado que la recombinación entre distintas inversiones se encuentra inhibida, lo cual ha llevado a la hipótesis de que estas inversiones están manteniendo complejos de genes coadaptados. Sin embargo, la inhibición no es total y se encuentra flujo génico debido principalmente a dos mecanismos: conversión génica y dobles entrecruzamientos. También se ha descrito que los niveles de flujo génico varían dentro de la inversión, encontrándose los niveles más bajos cerca de los puntos de rotura de las inversiones.

Se presenta la variabilidad nucleotídica de seis genes localizados en el segmento II del cromosoma O de D. subobscura, que han sido amplificados en isolíneas para cuatro ordenamientos distintos. Se han encontrado patrones complejos de flujo génico entre inversiones. Genes localizados muy cerca de los puntos de rotura de inversiones presentan altos niveles de flujo génico, mientras que genes más alejados de ellos presentan una clara diferenciación entre ordenamientos. Para cada uno de los genes se ha detectado recombinación, así como también fragmentos de conversión gé-nica. Los genes con una mayor diversidad nucleotídica son los que permiten detectar un mayor nú-mero de eventos recombinacionales.

Arquitectura genética del asilamiento reproductivo por esterilidad híbrida entre *Drosophila koepferae* y *Drosophila buzzatii*

Morán T y Fontdevila A
Departament de Genètica i de Microbiología. Grup de Biologia Evolutiva. Universitat Autònoma de Barcelona.

Estudios previos realizados con híbridos provenientes de cruzamientos entre ♀ *Drosophila koepferae* (Dk) y ♂ *Drosophila buzzatii* (Db) (el cruce reciproco no es viable) indicaban que el aislamiento reproductivo entre estas especies se ajustaría a un modelo poligénico con acción aditiva, donde la esterilidad de los machos híbridos dependería de un umbral mínimo de introgresión genómica. Si bien este modelo descarta la acción de genes únicos con grandes efectos, también conocidos como genes de especiación, esto no significa que genes con efectos menores puedan ser identificados. Con el objetivo de profundizar en el conocimiento de las complejas bases genéticas del asilamiento reproductivo entre estas especies, nosotros realizamos un estudio de asociación marcador / fenotipo donde se comparó la segregación de marcadores moleculares AFLPs en 53 machos híbridos (27 fértiles y 26 estériles) provenientes de cuatro familias fundadas por retrocruzamientos seriados. De 89 marcadores específicos de Dk que segregaron en los híbridos, 32 mostraron asociación significativa con el fenotipo estéril. La caracterización física y molecular de estos marcadores confirmó que tienen tamaños variables que van desde aproximadamente 80 hasta 2500 pb, distribuyéndose en todos los cromosomas; aunque en algunos casos tienden a acumularse en áreas específicas formando clusters. Los análisis de homología mediante algoritmos Blast mostraron que muchos de los marcadores corresponden a secuencias intergénicas. El uso de herramientas bioinformáticas y la disponibilidad de 12 genomas completos para especies de *Drosophila* nos permitieron realizar análisis exploratorios de las regiones cromosómicas homólogas en Dk. De este modo inferimos los posibles genes que rodean los marcadores de interés y con ellos realizamos análisis de enriquecimiento funcional por clasificación ontogenética, permitiéndonos así hipotetizar qué tipo de genes son los que estarían desempeñando un rol importante en el aislamiento reproductivo entre Dk y Db. Adicionalmente, se encontró que algunos marcadores correspondían a DNA procariota, sugiriendo que el proceso que subyace al aislamiento reproductivo implicaría la coevolución de agentes exógenos.

Caracterización y manejo de una población subdividida

Toro[1] MA; Caballero[2] A.; Pérez-Figueroa[2] A; Saura[2] M; Avila[2] V y Fernández[3] J
1. Departamento de Producción Animal. Universidad Politécnica de Madrid.
2. Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Universidade de Vigo.
3. Departamento. Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias y Alimentarias.

En una población subdivida la diversidad genética, evaluada habitualmente mediante microsatélites, puede separarse en un componente dentro de subpoblaciones y otro entre subpoblaciones, de forma que es posible calcular la contribución de cada una de las subpoblaciones a ambos tipos de diversidad. Estas contribuciones diferenciales pueden servir de guía a la hora de priorizar subpoblaciones. Más recientemente se han propuesto métodos alternativos que ponderan la diversidad intra e intersubpoblacional o que utilizan otro tipo de información molecular, tal como la diversidad alélica o genes funcionales con valor adaptativo. Por otra parte, cuando se consi-dera la gestión genética de una población subdividida suele recomendarse la regla denominada OMPG (intercambiar un migrante por subpoblación y generación) para paliar el aumento de consanguinidad de las subpoblaciones pero manteniendo la diferenciación genética entre las mismas. Presentamos un método alternativo de gestión junto con un software asociado que hemos denominado METAPOP. A partir de datos de marcadores o de pedigrí se determinan las contribuciones óptimas (número de descendientes) de cada individuo, el número de migrantes y la subpoblación particular involucrada en el intercambio entre individuos, de forma que se mantenga la máxima diversidad genética en la población en conjunto junto con un control adecuado de la consanguinidad. Se pueden introducir restricciones en el número total de migrantes así como con respecto al apareamiento de determinadas parejas y de su contribución. Por último, se presentan unos resultados sobre la utilización de esta metodología en un experimento con Drosophila melanogaster.

BEAST y LAMARC a la palestra: evaluación de métodos de coalescencia para inferir dinámica de poblaciones usando datos empíricos y simulados

Pérez-Losada[1] M; Posada[2] D y Crandall [3]KA

1. Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos. Universidade do Porto.Campus Agrário de Vairão. Portugal.

2. Universidade de Vigo.

3. Departament of Biology. Brigham Young University. Utha USA.

Los métodos tradicionales para inferir demografía y estimar parámetros poblacionales basados en secuencias de DNA suelen ignorar eventos demográficos pasados, lo cual reduce su precisión y limita su aplicabilidad. El desarrollo de la teoría de coalescencia ha permitido diseñar nuevos estadísticos basados en modelos evolutivos más complejos que estiman la historia evolutiva de las poblaciones en lugar de la distribución actual de sus frecuencias alélicas. Dos de los programas de coalescencia más sofisticados y usados en la inferencia de dinámica de poblaciones son LAMARC y BEAST. A diferencia de otros métodos coalescentes, estos programas pueden estimar simultáneamente múltiples parámetros poblacionales. En este trabajo se analiza la capacidad de LAMARC y BEAST para inferir recombinación (r), diversidad genética (θ), crecimiento (g), tamaño poblacional (Ne), tiempo al ancestro común más reciente (TMRCA) y variación de Ne en el tiempo en condiciones ideales (i.e., modelo asumido por el método) y no ideales (i.e., violación del modelo) usando datos empíricos y simulados. En el primer caso, se generaron secuencias de DNA para 9 genes metabólicos (MLST) y de membrana (porB y gp120) en muestras de gonorrea (*Neisseria gonorrhoeae*) y HIV-1 de Baltimore, MD (200 individuos), USA (345 individuos) y Tailandia (215 individuos). Estos datos se analizaron en LAMARC y BEAST y las estimas generadas se compararon con la historia epidemiológica de las enfermedades causadas por estos agentes infecciosos en los respectivos países de estudio. En el segundo caso, se simularon en RECODON 6,000 muestras de 25 secuencias de DNA cada una bajo regímenes variables de selección (dN/dS), recombinación y mutación. Estos datos fueron luego analizados en LAMARC y BEAST y las estimas generadas compa-radas con los valores simulados (valores reales) usando criterios estadísticos de potencia, precisión y robustez.

En los estudios empíricos comparados, la inferencia de la variación temporal de Ne, así como las estimas de r y TMRCA concordaron con la variación en número de casos detectados de gonorrea y AIDS, estimas independientes de r y el tiempo de emergencia esperado, respectivamente. Los resultados del análisis de datos simulados indicaron que, en condiciones ideales, LAMARC estima con precisión θ, r y g y BEAST Ne, pero no TMRCA y g. En condiciones no ideales, r afectó la estimación de todos estos parámetros poblacionales pero dN/dS no lo hizo. Estos resultados así como las discrepancias entre los análisis empíricos y simulados son discutidos.

Evaluación de la técnica de AFLPs en el análisis de datos genéticos mediante simulación in silico

Caballero A; García-Pereira MJ; Rolán-Alvarez E; Quesada H
Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología. Facultad de Biología. Universidade de Vigo.

La técnica de Polimorfismo para la Longitud de Fragmentos de restricción Amplificados (AFLP) se está convirtiendo en una de las herramientas más populares para el análisis genético en los campos de la genética y ecología evolutivas y la conservación de recursos genéticos. La técnica combina un alto contenido informativo y fiabilidad con la posibilidad de llevar a cabo análisis de amplias porciones del genoma. Nuestro grupo ha comenzado una nueva línea de investigación cuyo objetivo es la evaluación de la técnica en el análisis de la estructura genética poblacional, la detección de genes selectivos y la estimación de relaciones filo-genéticas mediante simulación in silico. Los resultados indican que la homoplasia (falta de homología de bandas con la misma movilidad electroforética) es responsable de importantes sesgos en la estimación de las frecuencias alélicas, la heterocigosis poblacional y el grado de diferenciación genética entre subpoblaciones, así como de una reducción en la eficiencia de los métodos utilizados para detectar genes selectivos. También hemos examinado el patrón de fragmentos obtenidos a partir del corte del genoma completo de 14 especies de eucariotas y procariotas. Hemos observado que la discrepancia entre la distribución de fragmentos observada y esperada mediante simulación in silico es debida a la distribución no aleatoria de las dianas de restricción a lo largo de los genomas, y que el grado de homoplasia depende exclusivamente del número de fragmentos amplificados y no del tamaño del genoma. Finalmente, hemos evaluado la fiabilidad de los AFLPs en la estimación filogenética, concluyendo que éstos conducen frecuentemente a topologías erróneas.

Criterios para la utilización de marcadores microsatélite en estudios de genética de poblaciones de la línea paterna en la especie bovina

Pérez L; Royo JL; Traoré A; Álvarez I; Fernández I; Rincón C; Beja-Pereira A y Goyache F
Área de Genética y Reproducción Animal. Serida-Gijón.

Se ha testado la especificidad masculina, segregación y compatibilidad en la línea paterna en 44 marcadores del cromosoma Y bovino previamente descritos en la bibliografía, para establecer su utilidad en estudios de genética de poblaciones de esta especie. Mediante diferentes condiciones de PCR se testó la amplificación de los 44 marcadores en ADN de machos y hembras bovinas. De ellos, 22 amplificaron solamente en machos y fueron seleccionados para posteriores análisis. Para testar su grado de polimorfismo, se genotiparon 50 machos de diferentes poblaciones europeas, africanas y asiáticas, de las especies Bos taurus y Bos indicus. Diez de los 22 marcadores resultaron polimórficos, amplificando 5 de ellos múltiples fragmentos. Los marcadores que en una sola reacción de PCR y con una sola pareja de cebadores, presentan un patrón de amplificación consistente en varios fragmentos son sobradamente conocidos y se denominan sistema microsatélite, microsatélite multibanda o microsatélite multicopia. Su utilidad en estudios de genética de poblaciones está todavía por establecer. Se utilizaron 3 familias paternas de raza Asturiana de los Valles y 2 de raza Frisona para testar la segregación familiar paterna de los 5 marcadores tradicionales y 3 de los sistemas microsatélite. Las familias paternas fueron comprobadas mediante el genotipado de 11 marcadores microsatélites autosómicos. Los 5 marcadores y los 3 sistemas micro-satélite respetaron la segregación por la línea paterna. Los estudios de genética de poblaciones en bovino utilizando marcadores específicos del cromosoma Y son escasos y los marcadores utilizados hasta el momento no han sido testados siguiendo el protocolo descrito en este trabajo. Cabe destacar que algunos de los marcadores más utilizados este tipo de estudios (INRA124, INRA126) han sido rechazados por no superar alguna de las etapas del protocolo, con lo que los resultados de los trabajos que utilizan estos marcadores deben interpretarse con cierta cautela.

Viernes 14 de noviembre de 2008

Conferencia invitada: Marta Barluenga Badiola
Evolución en paralelo de peces cíclidos en lagunas cratéricas
Universidad de Basel

A menudo la evolución se repite a si misma produciendo las mismas adaptaciones fenotípicas bajo las mismas condiciones ambientales. El mismo problema ecológico se resuelve en la naturaleza de forma recurrente con soluciones fenotípicas semejantes. Los peces cíclidos (Fam. Cichlidae) son ejemplos clásicos de evolución en paralelo. En dos enormes lagos africanos, Tanganica y Malawi, existen grupos de cíclidos que han evolucionado morfologías asombrosamente parecidas a pesar de proceder de diferentes poblaciones fundadoras, en un período de unos pocos millones de años. En este estudio investigamos la especiación en paralelo del Cíclido de Midas (Amphilophus spp.) en pequeñas lagunas cratéricas en Nicaragua, América Central, en un período de unos pocos miles de años. Utilizando técnicas moleculares, morfométricas, ecológicas y de conducta, demostramos que 3 especies ecológicamente equivalentes han evolucionado en dos lagunas cratéricas de forma independiente, como consecuencia de la selección natural a través de especialización ecológica. Un aspecto remarcable es que la sucesión de aparición de nuevas especies sigue la misma pauta en los dos sistemas. En ambos lagos el primer paso de especiación es consecuencia de la adaptación a distintos hábitats (béntico y limnético). El segundo paso en el período de especiación es consecuencia de la adaptación a distintos tipos de dieta dentro del mismo hábitat. El proceso de especiación en paralelo parece ser relativamente frecuente en el grupo de los cíclidos en particular. En general la evolución de especies bénticas y limnéticas en peces de agua dulce asociadas con ambientes lacustres es un resultado predecible.

Filogenia, diversificación y especiación de mamíferos, estudiadas con genes mitocondriales y nucleares

Castresana J; Igea J; Sánchez-Gracia A y Soria-Carrasco V
Instituto de Biología Evolutiva (CSIC-UPF). Barcelona

La disponibilidad de una gran cantidad de secuencias mitocondriales en las bases de datos hace posible el estudio de patrones macro-evolutivos en algunos grupos bien representados como son los mamíferos. Además, la secuenciación de varios genomas completos de mamíferos hace que este grupo sea muy adecuado para abordar estudios sobre patrones de especiación y para poder analizar la huella que estos procesos han dejado en el genoma. En nuestro grupo hemos usado secuencias de citocromo b de más de 2000 especies de mamíferos y hemos construido filogenias de las familias mejor representadas. Estos estudios nos han permitido analizar qué familias de mamíferos diversifican más lentamente y cuáles tienen mayores tasas de generación de especies. Además, hemos determinado, de manera global para los mamíferos, cómo han variado las tasas de diversificación a lo largo del tiempo y del espacio. Por otro lado, para entender los patrones de diversificación de especies es importante conocer cómo ha ocurrido la especiación. Los datos genómicos (marcadores nucleares múltiples) pueden ayudarnos a conocer el momento (o, mejor, el periodo de tiempo) en el que ha ocurrido la especiación y, además, estos mismos datos genómicos pueden ser muy valiosos para delimitar especies. Con el objetivo de desarrollar las bases metodológicas de estos estudios, hemos seleccionado una gran cantidad de marcadores nucleares múltiples de evolución rápida a partir del análisis de los genomas disponibles de mamíferos. En concreto, hemos seleccionado más de 200 intrones de alta tasa evolutiva que pueden ser útiles en filogenias de especies cercanas. Además, hemos comprobado, para un buen número de estos intrones, que presentan suficiente variabilidad al secuenciarlos en varias especies cercanas de mamíferos. Por último, estamos poniendo a punto técnicas filogenéticas que permitan analizar los marcadores nucleares múltiples y mitocondriales de especies cercanas de mamíferos en el contexto de la coalescencia.

Organización molecular y evolución del 5S rDNA en el género *Merluccius* y sus implicaciones filogenéticas

Campo[1] D, Machado-Schiaffino G, Horreo JL, Pérez J y Garcia-Vazquez[1] E
Departamento de Biología Funcional. Universidad de Oviedo

La organización molecular de la familia génica del 5S rRNA ha sido estudiada en una amplia variedad de taxones animales, incluyendo muchos peces óseos. El 5S rDNA está organizado en unidades repetidas en tándem consistentes en una región altamente conservada de 120 pares de bases, la cual codifica para el 5S rRNA, y un espaciador no transcribible (Non-transcribed spacer, NTS) de longiutd variable, el cual contiene elementos reguladores de la transcripción de la secuencia codificante. En este trabajo se llevó a cabo un análisis comparativo de la organización y evolución del 5S rDNA en las doce especies del género *Merluccius*, las cuales se distribuyen en los océanos Atlántico y Pacífico. Se identificaron dos tipos de 5S rDNA (tipos A y M), diferenciados por la ausencia o presencia de una secuencia simple repetida (SSR) dentro del NTS. Cuatro especies mostraron los dos tipos de 5S rDNA, mientras que el resto sólo presentó una. Los resultados aquí obtenidos apoyan la hipótesis de un sistema dual de 5S rRNA como condición ancestral del genoma de peces óseos y cartilaginosos. Por otro lado, se encontraron inconsistencias entre la filogenia del género *Merluccius* basada en genes mitocondriales y la obtenida a partir de secuencias nucleares (5S rDNA) y cinco loci microsatélites. En base a estos resultados, se sugiere un orígen híbrido de la especie americana *M. australis*.

Filogeografía y diversificación del genero *Rupicapra*

Rodriguez F, Hammer S, Pérez T, Suchentrunk F, Lorenzini R, Michallet J, Martinkova N, Albornoz J y Domínguez A
Departamento de Biología Funcional. Facultad de Biología. Grupo de Genética de Poblaciones. Universidad de Oviedo.

Estamos investigando la historia evolutiva y la diversificación del rebeco (género *Rupicapra*) a partir de la comparación de microsatélites y secuencias mitocondriales. Se reconocen 10 subespecies de rebeco, distribuidas a lo largo de los sistemas montañosos desde el Cáucaso hasta la Cordillera Cantábrica, agrupadas en dos especies *R. pyrenaica* al oeste y *R. rupicapra* al este.

Hemos identificado tres linajes "vivos" del citocromo *b* (Este, Central y Oeste, de acuerdo con su distribución geográfica) y un cuarto linaje que permanece fosilizado en el núcleo como pseudogen. El análisis filogenético permite deducir que este linaje, actualmente extinto en la mitocondria, evolucionó como gen funcional hasta un momento próximo a la separación de los linajes actuales.

Contrariamente a los microsatélites, que separan claramente las dos especies, para el citocromo *b* las dos especies nominales de *Rupicapra* son polifiléticas. En consecuencia nuestros datos apoyan la clasificación de las 10 subespecies de rebeco en una sola especie *R. rupicapra*, como había sido propuesto por Couturier (1938) y Dolan (1963).

La distribución geográfica de la variación se puede relacionar con la fragmentación y aislamiento de las poblaciones durante las glaciaciones y con las rutas de recolonización. Las diferencias entre los tres linajes del citocromo *b* sugieren que se separaron hace entre 1 y 3 millones de años, antes de las principales oscilaciones climáticas del Cuaternario. Las subsecuentes expansiones y contracciones latitudinales de rango debidas a las oscilaciones climáticas deben haber llevado a la desaparición de linajes presentes en las áreas glaciales y a la hibridación entre linajes diferenciados. Es notable el efecto de los Alpes y los Pirineos como barreras al flujo genético.

Análisis del gen SRY, la región control del ADN mitocondrial y del citocromo B en poblaciones de *Microtus cabrerae*

Díaz de la Guardia[1] R; Romero[1] I; Megías-Nogales[2] B; Marchal[1] JA; Acosta[1] MJR, Bullejos[1] M; Díaz de la Guardia[2] R y Sánchez[1] A

1. Departamento de Biología Experimental. Facultad de Ciencias Experimentales. Universidad de Jaén.

2. Departamento de Genética, Facultad de Ciencias. Universidad de Granada.

La especie Microtus cabrerae (topillo de Cabrera), perteneciente a la subfamilia Arvicolinae, es la única especie de roedor endémica de la Península Ibérica. En esta especie hemos descrito la presencia del gen determinante de testículo, SRY (Sex-determining region of the Y chromosome), además de en el cromosoma Y, también en el bloque heterocromático del cromosoma X, estando presente por tanto en machos y hembras. Ésta es la única especie de mamífero que presenta esta característica, dado que dicho gen es exclusivo del cromosoma Y, y por tanto, de los machos. El análisis de hembras procedentes de poblaciones de Cuenca, Albacete, Madrid y Vicos (Portugal) indica que esta característica está presente en todas las hembras de la especie. Estos resultados sugieren además que esta especie podría haber atravesado un proceso de cuello de botella que tuvo como consecuencia la fijación del gen SRY en el cromosoma X, y que pudo haber afectado a la variabilidad genética total de la misma. Para comprender la historia evolutiva y comprobar la hipótesis del cuello de botella es necesario estudiar la variabilidad genética intra- e interpoblacional de esta especie. Para ello estamos analizando la región control del ADN mitocondrial, el citocromo B y diferentes microsatélites en individuos de varias poblaciones. De un total de 947 pb analizadas para la región control solo se encuentran variaciones en 15 posiciones, y de las 1143 pb analizadas para el citocromo B solo 16 presentan variaciones. Los datos obtenidos hasta el momento sobre la varia-bilidad genética basados en los marcadores del ADNmt indican que la población de Cuenca es la que presenta una mayor divergencia con respecto al resto de poblaciones analizadas. Sin embargo, si se tiene en cuenta el número de haplotipos encontrados, la población de Portugal es la que presenta una mayor variabilidad genética.

Avances recientes en la filogenia de gasterópodos

Zardoya R; Cunha RC; Grande C; Irisarri I y Álvarez R
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva. Museo Nacional de Ciencias Naturales. CSIC. Madrid.

Los gasterópodos constituyen la mayor y más exitosa clase de moluscos. Estos animales se han adaptado con éxito a ambientes tanto marinos, como de agua dulce, o terrestres, y son un excelente modelo para estudiar y entender los mecanismos evolutivos implicados en la generación de biodiversidad en largos periodos de tiempo. Nuestro grupo está trabajando en la reconstrucción de las relaciones filogenéticas entre los principales linajes de gasterópodos usando datos de secuencia de genomas mitocondriales completos. Se están estudiando tres importantes cuestiones filogenéticas, (i) la filogenia principal de gasterópodos; (ii) la monofilia y filogenia de Neogastropoda; (iii) la filogenia de Heterobranchia y las monofilias de Opisthobranchia y Pulmonata. Además, se analizan las reorganizaciones del orden de genes mitocondriales durante la evolución de los gasterópodos.

Análisis molecular de familias multigénicas ribosomales y de snRNAs y su uso como herramientas para diferenciar entre especies de la familia de *Engraulidae*

Hicham C; Cross I y Rebordinos L
Laboratorio de Genética. Facultad de Ciencias del Mar y Ambientales. Cádiz.

El uso de familias multigénicas como marcadores moleculares ha sido de gran utilidad en el estudio de distintos aspectos poblacionales y evolutivos de todo tipo de organismos, incluidos los marinos.

La sobrepesca de los caladeros y la subida de la temperatura del agua del mar, han puesto en peligro la producción del boquerón *Engraulis encrasicolus*, con el consiguiente efecto en el mercado. Además, se está produciendo un aumento importante de las importaciones de otras especies de boquerón que trata de paliar este efecto. Estos productos importados pueden ser frescos, congelados o procesados, lo que supone una dificultad añadida para su identificación morfológica. Por otra parte, la trazabilidad de los productos se hace necesaria para evitar fraude, aumentar la seguridad alimentaria y poner en marcha iniciativas como denominaciones de origen.

En este trabajo se llevó a cabo la caracterización molecular y el análisis de las unidades de repetición de la familia del gen 5S rDNA y de la familia del U2 snRNA de especies de *Engraulis* para desarrollar de forma rápida y fiable un método para la diferenciación entre las tres especies de boquerones estudiados: *Engraulis encrasicolus*, *Engraulis mordax* y *Engraulis ringens*, que permita la identificación específica de cada especie individual o mezclas procesadas.

La amplificación y la secuenciación del 5S rDNA reveló un grado muy alto de conservación de la unidad codificante de 120 pb que solo difiere en 1 pb en la especie *E. mordax.* Los NTS de las 3 especies oscilaron entre 304 pb y 541 pb y presentaron una tasa muy alta de diversidad, lo que nos permitió diseñar primers específicos para cada especie, estos últimos se utilizaron en una PCR múltiplex y produjeron una banda de 597 pb para *E. encrasicolus*, 380 pb para *E. mordax* y una banda de 250 pb para *E. ringens*.

El análisis de familia del U2 snRNA, nos permitió conocer la distribución del tamaño del cluster de esta familia génica en el género *Engraulis* que está formado por el U2 y el U5. La unidad codificante del U2 mostró un ligero polimorfismo entre las 3 especie mientras que el U5 mostró un grado muy alto de conservación. Después de digerir los productos de PCR de las 3 especies con las enzimas de restricción EcoRV y SalI, hemos obtenido para cada especie un patrón distinto que nos servirá como otro marcador RFLP para distinguir entre las tres especies de boquerón.

Origen, composición y evolución de los cromosomas sexuales gigantes de *Microtus*

Marchal[1] JA; Acosta[1] MJ; Díaz de la Guardia[1] R; Bullejos[1] M; Díaz de la Guardia[2] R y Sánchez[1] A

1. Departamento de Biología Experimental. Facultad de Ciencias Experimentales. Universidad de Jaén.

2. Departamento de Genética, Facultad de Ciencias. Universidad de Granada.

Algunas especies del género *Microtus* (Arvicolidae, Rodentia) tienen cromosomas sexuales de gran tamaño denominados gigantes. En concreto el cromosoma X de las especies *M. cabrerae*, *M. agrestis*, *M. chrotorrhinus* y *M. rossiaemeridionalis* representa entre un 12% y un 20% del total del genoma haploide, mientras que el cromosoma Y constituye entre el 6,5% y 12%. El enorme tamaño de estos cromosomas se debe a la presencia de grandes bloques de heterocromatina constitutiva.

Con objeto de estudiar el origen y la evolución de estos cromosomas gigantes, hemos realizado diversos análisis sobre su composición molecular siguiendo dos aproximaciones diferentes: "chromosome painting" y FISH con diferentes secuencias repetidas. Estos estudios han demostrado que los bloques heterocromáticos están formados por secuencias repetidas diversas tales como, ADN satélites, secuencias repetidas no organizadas en tandem, elementos genéticos móviles y pseudogenes. El análisis comparativo de la distribución cromosómica de estas secuencias en diferentes especies ha demostrado que la heterocromatina de los cromosomas X e Y presenta una gran variabilidad interespecífica y que posiblemente los cromosomas sexuales de estas especies tienen la capacidad común de amplificar secuencias, dando origen así a los bloques heterocromáticos. Igualmente nuestros estudios han permitido establecer algunas conclusiones sobre los mecanismos implicados en la evolución de los bloques heterocromáticos. Así, además de las secuencias que la integran, los mecanismos de amplificación de heterocromatina probablemente han sido diferentes en cada especie. Esto implicaría que el origen y la evolución de los bloques heterocromáticos no ha sido un suceso común sino un proceso independiente en cada especie de *Microtus*, que además ha tenido lugar durante un corto periodo evolutivo, posiblemente en los últimos 2-4.4 millones de años.

Por otra parte, las regiones eucromáticas de los cromosomas sexuales gigantes, a diferencia de la heterocromatina, están muy conservadas y comparten características específicas similares que hacen suponer un origen común y diferenciado de los cromosomas sexuales no gigantes.

Detección de selección positiva, filogeografía e historia demográfica en poblaciones humanas

Laayouni J; Martínez-Cruz B; Casals F; Moreno A; Sikora M; Ferrer A; Melé M; Morcillo C; Rosa A; Lorente-Galdos B; Sandoval K; Mendizábal I; Martínez U; Bosch E; Calafell F; Navarro A; Comas D y Bertranpetit J
Instituto de Biología Evolutiva (UPF-CSIC). Barcelona

La gran disponibilidad de SNPs en bases de datos públicas y las nuevas tecnologías de genotipado a gran escala permiten detectar eventos de selección positiva en humanos. En este proyecto hemos analizado genes de glicosilación y genes relacionados con susceptibilidad a la malaria placentaria, susceptibles de haber sufrido selección positiva en algunas poblaciones humanas. Hemos seleccionado SNPs dentro de estos genes y sus regiones flanqueantes que se han analizado utilizando la información disponible en HapMap y la obtenida genotipando 1,040 muestras representativas de la variación genética mundial.

Por otro lado, hemos analizado la evolución de la recombinación en humanos a través del análisis de una región de 1 Mb del genoma con 107 SNPs en 28 poblaciones. Se encuentra una correlación negativa altamente significativa de las tasas de recombinación entre SNPs adyacentes y FSTs entre poblaciones. Estos datos apuntan a una evolución rápida de la recombinación dentro del marco temporal de diferenciación de poblaciones humanas.

Existen gran cantidad de estudios que nos ayudan a comprender la historia demográfica de nuestra especie. Sin embargo, es difícil sacar conclusiones globales, ya que no se han usado sistemáticamente los mismos marcadores y no todas las poblaciones están representadas. Presentamos el proyecto Genographic en el que desde una aproximación clásica, desarrollamos un estudio sistemático con SNPs, STRs y secuencias en el mtDNA y el cromosoma Y en decenas de miles de individuos de todas las poblaciones del mundo.

Por último presentamos una novedosa aproximación: el uso de los eventos de recombinación como marcadores filogeográficos, basándonos en los patrones de recombinación existentes en los haplotipos y la construcción del network representando las relaciones entre ellos. El análisis de 11 poblaciones y sus relaciones es consistente con la hipótesis "Out of Africa" sobre el origen de los humanos modernos.

Evolución de una secuencia cloroplastidial abundante en indels: trnF-trnL de *Erysimum mediohispanicum*

Muñoz-Pajares AJ; Herrador MB; Camacho JPM; Gómez JM y Perfectti F
Departamento de Genética. Facultad de Ciencias. Universidad de Granada.

Erysimum mediohispanicum es una crucífera bianual generalista en cuanto al conjunto de polinizadores que la visitan. La especie exhibe gran variación en la forma floral, tanto dentro de población como entre ellas. Durante los últimos siete años nuestro grupo ha recogido información sobre distintos aspectos del fenotipo de la especie, los efectos de la herbivoría y la identidad y frecuencia de los polinizadores con los que interacciona, más de 100 especies diferentes. Actualmente tenemos datos de cincuenta poblaciones repartidas por todo el área de distribución de E. mediohispanicum en la Península Ibérica, aunque la región focal de nuestros estudios se encuentra en Sierra Nevada, donde nos hemos centrado en ocho poblaciones distribuidas en un transecto de 2Km. Precisamente en ellas es donde recientemente hemos empezado a obtener también información sobre la variabilidad genética de la especie. Los datos de morfología, polinizadores, marcadores genéticos y localización geográfica serán relacionados para intentar conocer el peso relativo de los distintos factores que influyen en la evolución de la morfología floral de E. mediohispanicum.

La región trnL-trnF está situada en el cloroplasto, entre las regiones codificantes de los ARN transferentes de leucina y fenilalanina. Esta región tiene un tamaño variable entre individuos, oscilando entre los 1100 y los 1300pb, en el cual podemos distinguir dos regiones en cuanto al número de mutaciones encontradas en ellas. La menos conservada presenta un gran número de inserciones y deleciones, lo que explica la variación en tamaño entre individuos. La variedad en indels es tan alta que hemos podido identificar hasta quince haplotipos diferentes en cuarenta individuos de las ocho poblaciones analizadas.

Con las herramientas disponibles hemos analizado la variabilidad genética de la región y hemos propuesto un posible mecanismo de evolución de los haplotipos observados, relacionándolos con los datos ecológicos disponibles.

Filogeografía molecular y barcoding de planarias sexuales y asexuales del género *Dugesia* (*Platyhelminthes*)

Riutort M; Lázaro E y Baguñà J
Departament de Genètica. Facultad de Biologia. Universitat de Barcelona.

El género Dugesia comprende unas 70 especies distribuidas por Europa, África y Asia, 20 de las cuales se localizan en la cuenca Mediterránea. En esta región el género presenta una característica sorprendente, prácticamente todas las especies presentan poblaciones asexuales (fisíparas) que son triploides. Esta característica las convierte en un buen modelo para estudiar la relación existente entre las dos estrategias reproductivas (sexual y fisípara). Para poder responder este tipo de cuestiones, sin embargo, es necesario en primer lugar poder determinar a que especie pertenecen todas las poblaciones y disponer de una filogenia bien resuelta. En este aspecto las poblaciones asexuales generan un problema dado que la taxonomía del grupo se basa en caracteres del aparato copulador que ellas no presentan. Por este motivo la utilización de los códigos de barras moleculares se convierte en una herramienta imprescindible para determinar las especies.

En este estudio hemos recolectado un amplio número de poblaciones triploides y diploides del Mediterráneo Occidental. Se han probado dos moléculas, una mitocondrial (COI) y otra nuclear (ITS-1) para llevar a cabo la caracterización molecular de las especies y las dos moléculas combinadas se han utilizado para establecer las relaciones filogenéticas entre las especies. Los resultados obtenidos muestran que ambas moléculas poseen un buen potencial para identificar las especies. Por otro lado, la filogenia obtenida permite hacer algunas inferencias filogeográficas, mostrando por ejemplo como las poblaciones del centro de Europa se habrían originado a partir de poblaciones del Sur. Un resultado sorprendente es que el grado de variabilidad entre poblaciones de una misma especie muestra una gran diversidad. Mientras alguna especie presenta prácticamente la misma secuencia en poblaciones muy alejadas otras presentan variabilidades genéticas muy altas en regiones relativamente próximas.

Epistasia y cambio evolutivo

López-Fanjul[1]C; Pérez[1] A; Caballero[2] A y García-Dorado[1] A
1. Departamento de Genética. Universidad Complutense de Madrid.
2. Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología. Facultad de Biología. Universidade de Vigo.

Por simulación, se generó una población en la que ocurrían mutaciones perjudiciales con la tasa y los efectos promedio en homocigosis y heterocigosis estimados en Drosophila, añadiéndoseles distintos grados de epistasia sinérgica. Una vez alcanzado el equilibrio mutación-selección-deriva (MSD), dicha población se sometió durante 100 generaciones a: A) deriva únicamente (caso D; N = 2, 10 o 50) o B) las tres fuerzas mencionadas (caso MSD). Se obtuvieron los resultados siguientes:
1) En D las simulaciones concordaron perfectamente con sus predicciones analíticas, pero la situación en MSD fue muy distinta.
2) La depresión consanguínea en MSD fue mucho menor que en D. La purga selectiva de mutaciones deletéreas fue, por tanto, muy eficaz (N ≥ 10).
3) Los tres componentes de la varianza genética de la eficacia aumentaron hasta que se alcanzó un valor crítico del coeficiente de consanguinidad F, disminuyendo a continuación. Los incrementos en MSD fueron mucho menores que en D y se lograron a valores menores de F (N ≥ 10). El concepto de "conversión" de varianza no aditiva en aditiva es, pues, erróneo.
4) La diferenciación espacio-temporal en media y varianza aditiva de la eficacia fue importante en D y prácticamente inexistente en MSD, como con-secuencia de la acción uniforme de la selección purificadora y a pesar del continuo aporte de mutaciones.
5) La epistasia no afectó a la depresión consanguínea y sólo cuando era muy intensa modificó significativamente el cambio temporal de los componentes de la varianza genética de la eficacia o la diversificación espacial de medias o varianzas aditivas. La dominancia fue la causa fundamental de todos los cambios observados. 6) A menos que la reducción del censo sea extrema (N = 2), la selección utilizó la mayor parte del aumento en varianza aditiva tras cuellos de botella para reducir la correspondiente depresión consanguínea, haciendo muy improbable que la tasa de cambio evolutivo se acelere como consecuencia de la deriva.

Desarrollo y aplicaciones de modelos de efectos genéticos

Álvarez-Castro JM; Le Rouzic A; Nettelblad C; Yang RC y Carlborg Ö
Departamento de Xenética. Universidade de Santiago de Compostela. Lugo.

La relación entre rasgos fenotípicos y los genes que los regulan constituyó el núcleo conceptual de la Genética en su constitución como rama científica hace más de un siglo. Sin embargo, los modelos que describen la relación genotipo-fenotipo continúan actualmente en desarrollo. Estos modelos de efectos genéticos son necesarios para dilu-cidar la arquitectura genética de rasgos complejos y hacer uso congruente de esta información para investigar la evolución de poblaciones naturales, la mejora de rasgos de interés económico y la base genética de enfermedades.

En la presente comunicación resumo mi trabajo de los pasados tres años, en la Universidad de Uppsala (Suecia) y en la Universidad Agronómica Sueca, sobre modelos de efectos genéticos, en colaboración con los científicos que acompaño como coautores. En concreto, presento avances teóricos, herramientas informáticas y aplicaciones experimentales derivadas del desarrollo del modelo NOIA (Natural and Orthogonal InterActions) de efectos genéticos, marco teórico y conceptual para la generalización del mapa genotipo-fenotipo.

El modelo NOIA unifica satisfactoriamente y por vez primera las formulaciones estadísticas de efectos genéticos (que describen efectos promedio de substituciones alélicas en poblaciones) y las funcionales (basadas en efectos de substituciones alélicas en genotipos concretos). Además, NOIA presenta diversas ventajas sobre anteriores formulaciones estadísticas y funcionales, como la consideración de epistasis arbitraria, desviaciones de Hardy-Weinberg, desarrollos multialélicos, mejoras en la detección de QTL, y una general y sencilla herramienta de cambio de referencia que permite describir efectos genéticos en función de individuos o poblaciones arbitrarias.

Ilustro la eficacia de NOIA mediante el reaná-lisis de datos de QTL para la tasa de crecimiento en pollos, clarificando aspectos del proceso de domesticación de la línea "White Leghorn" a partir de la población salvaje "Red Jounglefowl".

Genómica Aplicada para la mejora del cultivo de rodaballo (II): Identificación de genes de resistencia a patógenos emergentes mediante análisis microarray

Martínez[1] P; Pardo[1] BG; Fernández[1] C, Millán[1] A; Bouza[1] C; Hermida[1] M; Vera[1] M; Vilas[1] R; Alvarez-Dios[2] JA; Calaza[2] M; Gómez-Tato[3] A; Vázquez[4] M; Cabaleiro[4] S; Magariños[5] B; Lemos[5] ML y Leiro[5] JM

1. Departamento de Genética. Facultad de Veterinaria, Universidad de Santiago de Compostela. Lugo.

2. Departamento de Matemática Aplicada. Facultad de Matemática. Universidad de Santiago de Compostela. Lugo.

3. Departamento de Geometría y Topología. Facultad de Matemáticas. Universidad de Santiago de Compostela. Lugo.

4. Cluster de la Acuicultura de Galicia (CETGA). A Coruña.

5. Departamento de Microbiología y Parasitología. Universidad de Santiago de Compostela. Lugo.

El rodaballo es una de las especies de mayor proyección en la acuicultura europea. Aspectos como el crecimiento, la resistencia a patologías y la determinación sexual son claves para la mejora de su cultivo. Para avanzar en el conocimiento de la base genética de estos caracteres y su aplicación en programas de selección para la industria hemos desarrollado diferentes herramientas para análisis genómico estructural y funcional. Partiendo de órganos relacionados con la inmunidad, hemos construido tres librerías de cDNA utilizando individuos controles e infectados con dos patógenos que causan importantes pérdidas a la industria. Se obtuvieron 12.000 ESTs que fueron procesados usando una herramienta bioinformática propia para su edición, clustering y anotación funcional. De 3482 secuencias únicas (1073 contigs y 2409 singletons), el 51% mostró homología con bases de datos públicas y el 25% pudo ser anotado funcionalmente. La comparación del perfil de expresión en las tres librerías permitió una primera aproximación para identificar genes y grupos funcionales de genes que podrían resultar regulados en respuesta a los patógenos estudiados. Para un análisis más fino se diseñó un microarray de oligonucleótidos. El microarray fue calibrado para valorar las diferentes fuentes de error y la fiabilidad del análisis. Se analizaron las diferencias de expresión entre patógenos, entre órganos y entre tiempos a lo largo de la infección. Los resultados obtenidos han permitido avanzar en la caracterización de genes relacionados con la defensa en rodaballo e identificar cantidatos para su posterior aplicación en programas de selección. La explotación de la base de datos permitió igualmente identificar marcadores microsatélites y SNPs para el mapeo de genes, que se incluyeron en el mapa de referencia desarrollado previamente. Este mapa está siendo utilizado para la identificación de QTLs de resistencia a los patógenos seleccionados.

Genética cuantitativa de la forma floral y tamaño en *Erysimum mediohispanicum*: caracteres acoplados y desacoplados

Abdelaziz M; Gómez JM; Muñoz-Pajares J y Perfectti F
EvoFlo. Departamento de Genética y Departamento de Ecología. Universidad de Granada.

La evolución adaptativa requiere de la existencia de variación genética para los caracteres sometidos a selección. Desafortunadamente, y a pesar de que la selección ha sido cuantificada para muchos caracteres florales de diversas especies, los estudios de la variación genética de la forma floral han sido casi inexistentes, estando la mayoría de los estudios enfocados en caracteres relacionados con el tamaño de la planta. Aquí presentamos la determinación de la heredabilidad y las correlaciones genéticas para diversos caracteres que están sometidos a selección por medio de interacciones polinizador-planta en *Erysimum mediohispanicum* (Brassicaceae), incluyendo caracteres relacionados con el tamaño de la planta, el tamaño de la flor y la forma floral. Hemos encontramos heredabilidad significativa para un carácter relacionado con el tamaño floral (altura del escapo), para el número de flores, para todos los caracteres relacionados con el tamaño floral (diámetro de la corola, profundidad de la corola y apertura de la misma), y para la forma floral. Este ultimo carácter, aún como carácter complejo también presenta una heredabilidad significativa. Por lo tanto, esta especie presenta una alta capacidad de respuesta a las presiones selectivas ejercidas por los polinizadores. Además, las correlaciones genéticas son elevadas entre todos los caracteres relacionados funcionalmente, entre número de flores y entre los caracteres relacionados con forma floral; estas correlaciones se muestran, sin embargo, bajas entre caracteres de tamaño floral y los caracteres relacionados con el tamaño de la planta y no son significativas entre la forma floral y cualquier otro de los caracteres analizados. Bajo esta circunstancia, la selección a la que están sometidos algunos caracteres de *E. mediohispanicum* puede influir indirectamente en otros caracteres, ya estén estos relacionados funcionalmente o no.

Caracterización genética de la Gallina Serrana de Teruel

Monteagudo LV, Sierra I y Tejedor MT
Departamento de Anatomía, Embriología y Genética. Departamento de Producción Animal y Ciencia de los Alimentos. Universidad de Zaragoza.

Se denomina Gallina Serrana de Teruel a una agrupación de aves semipesadas, de variado aspecto (morfología general, crestas, color de tarso), perfectamente adaptadas a producción extensiva en zonas de clima continental extremado, a 1.300-1.600m de altitud en la comarca de Gúdar-Javalambre (Teruel). Distribuida en grupitos (masías aisladas y mal comunicadas entre sí), su variabilidad externa se debe a probable diversidad de orígenes, disparidad en los criterios de selección de cada masovero (diversos criterios morfológicos, resistencia a condiciones ambientales adversas manteniendo una cierta productividad) e intensa selección natural (corrales en condiciones primitivas, acción de depredadores). Para una primera estimación de variabilidad genética, nivel de consanguinidad en las masías y divergencia genética entre las mismas, se analizaron siete marcadores microsatélite en 54 animales de 12 masías. Se usaron los programas GENETIX (FIS, FST y análisis factorial de correspondencias), IDENTIX (parentesco genético), STRUCTURE (estructuración genética subyacente) y CERVUS (utilidad de los marcadores en pruebas de paternidad). Globalmente, los PIC de los marcadores variaron entre 0,146 y 0,846 y la probabilidad conjunta de excluir paternidades erróneas entre 96,4% (un progenitor conocido) y 99,6% (dos progenitores conocidos). Existen niveles de consanguinidad significativos en algunos grupos y diferenciación genética generalizada entre grupos, con algunas excepciones, que apuntan al aislamiento reproductivo entre grupos. Los animales analizados corresponderían a 5 clusters genéticos, ninguno de los cuales estaría asociado a un único grupo de ejemplares, más un sexto cluster, únicamente compuesto de individuos mezcla de diversos clusters. La mayoría de los individuos analizados tienen probabilidad no despreciable de pertenecer a varios clusters: subyacen similitudes genéticas entre ellos, posiblemente antiguas, según los valores significativos generalizados de FST.

Análisis de marcadores moleculares en poblaciones españolas de perdiz roja y origen de la contaminación genética con perdiz turca

de Arana[1] MP; Martínez-Fresno[2] M y Henriques-Gil[2] N

1. Departamento de Genética. Facultad de Biología. Universidad Complutense de Madrid.

2. Laboratorio de Genética. Universidad CEU San Pablo. Montepríncipe Madrid.

La perdiz roja es la especie más emblemática de caza menor en España, generando una considerable actividad económica. Está sometida a una fuerte intervención humana, que abarca desde la sobreexplotación de los territorios de caza, hasta la liberación de individuos de granja y la hibridación fraudulenta con otras especies del género Alectoris, fundamentalmente perdiz turca, lo que conduce a un proceso de introgresión genética. Por ello, la adecuada gestión de las poblaciones y su hábitat es fundamental para la conservación de la especie.

Hemos estudiado la variabilidad genética en poblaciones naturales de perdiz roja para tratar de evaluar los posibles efectos nocivos de la caza excesiva, la suelta de animales genéticamente uniformes o no adaptados y detectar los fenómenos de introgresión. Analizamos 135 secuencias mitocondriales de muestras que abarcaban gran parte de la distribución geográfica de la especie, y de dos granjas de cría. Estas secuencias proporcionaron 37 haplotipos, que fueron comparados con las bases de datos moleculares, encontrándose que tres de ellos pertenecían a perdiz turca. Mediante comparación de secuencias, determinamos que el origen los linajes que se están usando para la hibridación ilegal, se encuentra en extremo Oriente, la región más lejana a la Península Ibérica de la distribución de la especie.

No se detectó ningún descenso significativo en los valores de los parámetros de variabilidad. Constatamos cierta estructura poblacional, no explicada totalmente por diferenciación geográfica, cuya mayor parte parece corresponder a una diferenciación entre subespecies previamente definida morfológicamente.

La búsqueda de marcadores nucleares para utilizarlos como diagnóstico de especie ha proporcionado una secuencia intrónica que muestra una diferencia de longitud de 70pb entre las perdices roja y turca, así como SNPs fijados en otros dos genes. Nos encontramos en el proceso de validar la capacidad diagnóstica de estos nuevos marcadores.

Genómica y Sanidad Animal: variabilidad y evolución genómica del hospedador ante el patógeno

Jugo BM; Larruskai A; García-Etxebarria K y Sistiaga M
Departamento de Genética, Antropología Física y Fisiología Animal. Facultad de Ciencia y Tecnología. Euskal Herriko Unibertsitatea.

Nuestro grupo está interesado en el estudio de la interacción huésped-patógeno, que estamos analizando mediante dos aproximaciones diferentes.

Con el objetivo de analizar la base genética de la variación del huésped ante infecciones virales, estamos llevando a cabo una búsqueda de genes de susceptibilidad o resistencia en animales domésticos. En este momento estamos analizando La Adenomatosis Pulmonar Ovina y el Maedi-Visna, dos enfermedades de etiología vírica causadas, respectivamente, por el JSRV (Jaagsiekte Sheep Retrovirus, género *Betaretrovirus*) y el MVV (Maedi-Visna Virus, género *Lentivirus*). Afectan a adultos jóvenes y muchos aspectos de la patogenia y epidemiología de estas enfermedades son aún desconocidos. La búsqueda de variantes que confieran susceptibilidad/resistencia se realiza mediante el análisis de polimorfismos en genes candidato y posterior estudio de asociación. Para ello, se están analizando diversos loci, implicados en la respuesta inmune tanto innata como adaptativa: genes localizados en el MHC, citoquinas, TLRs y otros. En cuanto a los marcadores empleados, se han analizado secuencias, SNPs, microsatélites y haplotipos. Se han empleado, asimismo, técnicas estadísticas que posibilitan tratar con estructuración poblacional, y en algunos casos, con la elevada variabilidad de los marcadores.

Además, estamos analizando retrovirus endógenos, elementos genómicos que tienen su origen en una infección en células de la línea germinal por parte de retrovirus exógenos. Se desconoce en gran medida el papel que juegan los ERVs y parece que pueden tener diferentes efectos en el hospedador, pudiendo ser éstos beneficiosos (por ejemplo, inmunidad del hospedador ante retro-virus exógenos) o perjudiciales (origen de diversas enfermedades). Para ahondar en el conocimiento de los ERVs, nos hemos centrado en la identificación y caracterización de ERVs en genomas de diferentes especies mediante herramientas bioinformáticas. Por un lado, hemos realizado una labor de identificación de estos elementos en genomas de mamíferos que no habían sido estudiados y que son de gran interés, como son los genomas bovino y equino. En ambos genomas hemos detectado distintos tipos de ERVs, en mayor cantidad en el bovino y mayor diversidad en el equino. Por otro, estamos realizando una caracterización de la dinámica evolutiva de los ERVs para conocer aspectos tales como la recombinación intergénica, recombinación intragénica y selección. Los ERVs utilizados para esta caracterización presentan variaciones entre las distintas especies estudiadas aunque se pueden deducir ciertas tendencias como la conservación del gen *pol*. Una vez caracterizados los ERVs, pretendemos analizar su efecto en el genoma del hospedador.

Conservación del salmón atlántico (*Salmo salar* l.) en Galicia y Navarra

Saura Álvarez[1] M, Pérez-Figueroa[1] A, Caballero[2] P, Toro[3] MA, Fernández[3] J, Brotherstone[4] S, Villanueva[4] B, Caballero[1] A, Morán[1] P

1. Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología. Facultad de Biología. Universidad de Vigo.

2. Dirección Xeral de Conservación da Natureza. Consellería de Medio Ambiente. Xunta de Galicia.

3. Departamento de Mejora Genética animal. Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA). Madrid.

4. Sustainable Livestock Systems Group. Scottish agricultural College (SAC). Edinburgh.

Las poblaciones de salmón atlántico de los ríos españoles han sufrido una drástica disminución a lo largo del último siglo, debido al desarrollo hidroeléctrico experimentado durante el periodo 1955-1975, a la construcción de presas, a la polución y a la sobrepesca. Con objeto de restablecer las poblaciones en declive, los gobiernos regionales de diferentes comunidades autónomas (Galicia, Asturias, Cantabria, País vasco y Navarra) han establecido programas de repoblación mediante la reproducción artificial en piscifactoría.

En este trabajo se han llevado a cabo estudios genéticos y teóricos que han permitido profundizar en el conocimiento de la dinámica de esta especie. Estos estudios revelaron lo siguiente:

1. Tras comparar los niveles de variabilidad genética de poblaciones actuales de dos ríos gallegos con aquéllos existentes en las poblaciones previamente a su declive, se ha visto que los niveles de variabilidad genética actuales son similares a los del pasado, lo que confirma el éxito de las repoblaciones, y que se ha producido un cambio en la composición genética en el tiempo.

2. Se ha comprobado que la participación de los machos precoces en la paternidad representa aproximadamente el 60% de la paternidad total de machos en el río Lérez, con un impacto sustancial sobre el censo efectivo de la población.

3. Con objeto de comprobar si la pesca recreativa es la responsable de la reducción en el tamaño de los salmones detectada en los últimos años, se han analizado los componentes de variación genética y ambiental asociados a los caracteres morfológicos de longitud y peso en una población natural de salmón atlántico. Los resultados revelaron unos valores de heredabilidad moderadamente altos, lo que permite sugerir que la pesca recreativa está eliminando variación genética, ya que el mes de retorno de los salmones está relacionado con la edad de mar, y por tanto, con el tamaño de los individuos.

4. Se ha propuesto un método de conservación basado en el mantenimiento de la distribución de frecuencias alélicas. Para ello se han utilizado herramientas bioinformáticas de simulación de procesos por ordenador. Este método (Kullback-Leibler) resultó ser la estrategia de conservación con marcadores más adecuada, ya que mantiene las frecuencias alélicas próximas a los valores originales, así como unos valores de diversidad genética elevados. No obstante, se comprobó que el método de conservación que proporciona mejores resultados, es el método de mínimo parentesco genealógico.

Asistentes

ABDELAZIZ MOHAMED, MOHAMED
Grupo de Genética Evolutiva, Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Campus Fuentenueva, Universidad de Granada, 18071 Granada
Tel: 630210121
Fax: 958244073
mabdelazizm@ugr.es

AGUADÉ PORRES, MONTSERRAT
Diagonal 645, Universitat de Barcelona, 8028 Barcelona
Tel: 934021493
Fax: 934034420
maguade@ub.edu

ALBORNOZ PONS, JESÚS
Dep. Biología Funcional, Área de Genética, Facultad de Medicina, Universidad de Oviedo, 33006 Oviedo
Tel: 985 103598
Fax: 985 103534
jalbornoz@uniovi.es

ALVAREZ ALVAREZ, RAQUEL
José Gutiérrez Abascal 2, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC), 28006 Madrid
Tel: 91 411 13 28
Fax: 91 564 50 78
raquela@mncn.csic.es

ÁLVAREZ CASTRO, JOSÉ MARÍA
Dpto Xenética, Avda Prof. Carvalho Calero s/n, Universidade de Santiago de Compostela, 27002 Lugo
Tel: 981563100 Ext 22471
Fax: 982254681
jose.alvarez-castro@hgen.slu.se

ÁLVAREZ-PONCE, DAVID
Departament de Genètica, Facultat de Biologia Universitat de Barcelona, Av. Diagonal 645, Universitat de Barcelona, 8028 Barcelona
Tel: 934035306
dalvarez@ub.edu

ARBOLEDA BUSTOS, CARLOS EDUARDO
Diagonal 645, Universidad de Barcelona, 8028 Barcelona
Tel: 93 402 16 32
cearboleda@ub.edu

ARDURA GUTIÉRREZ, ALBA
C/Doce de Octubre 18, 5ºG, Universidad de Oviedo, 33600 Mieres
Tel: 660611910
alarguti@hotmail.com

AVILA REGIDOR, VICTORIA
Rœa das Abelairas, Campus Lagoas-Marcosende, Universidad de Vigo, 36310 Vigo
Tel: 986 81 38 28
Fax: 986 81 38 28
vavila@uvigo.es

BARLUENGA BADIOLA, MARTA
Burgfelderstrasse 206,Institute of Ecology and Evolution, University of Bern, Switzerland
Zoological Institute, University of Basel, Switzerland, 4055 Basel
Tel: 41787120921
Marta.Barluenga@unibas.ch

BLANCO GARCÍA, ÀNGEL
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona, Av. Diagonal 645, Edificio Anexo, Planta 2 Universidad de Barcelona, 8028 Barcelona
Tel: 934035306
Fax: 934034420
ablancog@ub.edu

BOUZA FERNÁNDEZ, CARMEN
Universidad de Santiago de Compostela, 27002 Lugo
Tel: 982854681
Fax: 982254681
mcarmen.bouza@usc.es

CABALLERO RÚA, ARMANDO
Dep. Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de Biología Universidade de Vigo, 36310 Vigo
Tel: 986 812568
Fax: 986 812556
armando@uvigo.es

CAMPO FALGUERAS, DANIEL
Julián Clavería s/n, Universidad de Oviedo, 33006 Oviedo
Tel: 985102726
campodaniel@uniovi.es

CASTRESANA VILLAMOR, JOSÉ
Passeig Marítim de la Barceloneta 37-49, Instituto de Biología Evolutiva (CSIC-UPF), 8003 Barcelona
Tel: 93 230 9642
Fax: 93 230 9555
jose.castresana@ibe.upf-csic.es

CUEVAS TORRIJOS, JOSÉ MANUEL
Instituto Cavanilles-Genética Evolutiva Polígono de la Coma s/n,Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, 46980 Paterna
Tel: 963 543 686
Fax: 963543733
cuevast@uv.es

DE ARANA MONTES, Mª PILAR
José Antonio Novais 2, Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense de Madrid, 28040 Madrid
Tel: 913944855
Fax: 913944844
pilara@bio.ucm.es

DÍAZ DE LA GUARDIA QUILES, RAFAEL
Campus Las Lagunillas s/n, Edificio B-3 Despacho B3-214, Universidad de Jaén, 23071 Jaén
Tel: 953213378
rdiaz@ujaen.es

DIAZ GONZALEZ, JULIA Mª
Jose Garcia Nieto Nº20, Universidad de Oviedo, 33008 OVIEDO
Tel: 669641720
juliamdg@hotmail.com

DOMINGO CALAP, PILAR
Tirso de molina 20-20, Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad de Valencia, 46015 Valencia
Tel: 963543668
Fax: 963543670
pidoca@postal.uv.es

DOMÍNGUEZ SANJURJO, ANA
Dep. Biología Funcional, Área de Genética, Facultad de Medicina Universidad de Oviedo, 33006 Oviedo
Tel: 985 102719
Fax: 985 103534
sanjurjo@uniovi.es

FONTDEVILA VIVANCO, ANTONIO
Departament de Genètica i Microbiologia, Facultat de Biociències Universitat Autònoma de Barcelona, 8193 Bellaterra
Tel: 93-5811083
Fax: 93-5812726
antonio.fontdevila@uab.es

GARCIA ETXEBARRIA, KOLDO
Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencia y Tecnología, Campus de Leioa- Erandio, Barrio Sarriena S/N, Universidad del País Vasco / Euskal Herriko Unibertsitatea, 48940 Leioa
Tel: 946015516
kgarcia002@ikasle.ehu.es

GARCÍA GONZÁLEZ, CLAUDIA
Manuel Pedregal 4 5ºA, Universidad de Oviedo, 33001 Oviedo
Tel: 696531075
claudiacgg@yahoo.es

GARCÍA GUERREIRO, Mª DEL PILAR
Departament de Genètica i Microbiologia-Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, 8193 Bellaterra (Barcelona)
Tel: 935814703
Fax: 935812387
mariapilar.garcia.guerreiro@uab.es

GARCÍA PEREIRA, MARÍA JESÚS
Dep. Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de Biología Universidade de Vigo, 36310 Vigo
Tel: 986 813827
Fax: 986 812556
mariajesus@uvigo.es

GARCÍA VALIENTE, AMÉRICA
Julian Claveria s/n, Universidad de Oviedo, Dpto. Biología Funcional, Área de Genética, 33006 Oviedo
Tel: 985102726
Fax: 985103534
agvaliente.uo@uniovi.es

GARCÍA VÁZQUEZ, EVA
Dep. Biología Funcional, Área de Genética, Facultad de Medicina Universidad de Oviedo, 33006 Oviedo
Tel: 985 102726
Fax: 985 103534
agv@uniovi.es

GONZÁLEZ CANDELAS, FERNANDO
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad de Valencia, 46071 Valencia
Tel: 963543653
Fax: 963543670
fernando.gonzalez@uv.es

GUIRAO RICO, SARA
Diagonal 645, Universidad de Barcelona, 8028 Barcelona
Tel: 93 402 16 32
sguirao@ub.edu

HICHAM CHAIRI, ISMAEL
Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias del Mar y Ambientales, 11510-Puerto Real, Cádiz, Facultad de Ciencias del Mar y Ambientales, Universidad de Cádiz, 11510 Cádiz
Tel: 665048438
Fax: 956016448
hicham.chairi@uca.es

HÓRREO ESCANDÓN, JOSE LUIS
Cat. Francisco Beceña nº9 1ºA, Universidad de Oviedo, área de genética, 33006 Oviedo
Tel: 653362500
balablanca@gmail.com

IGEA DE CASTRO, JAVIER
Passeig Marítim de la Barceloneta 37-49, Instituto de Biología Evolutiva (CSIC-UPF), 8003 Barcelona
Tel: 93 230 9642
Fax: 93 230 9555
javier.igea@ibe.upf-csic.es

IRISARRI AEDO, IKER
José Gutiérrez Abascal, 2 Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC), 28006 Madrid
Tel: 91 411 13 28
Fax: 91 564 50 78
iker@mncn.csic.es

JUGO ORRANTIA, BEGOÑA MARINA
Dpto, Genética, Antropología Física y Fisiología Animal,Facultad de Ciencia y Tecnología,Apdo, 644,Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea, 48080 Bilbao
Tel: 946015518
Fax: 946013145
begonamarina.jugo@ehu.es

LAAYOUNI, HAFID
Dr. Aiguader 88, Barcelona IBE, Instituto de Biologia Evolutiva (UPF-CSIC), 8003 Barcelona
Tel: 933160845
hafid.laayouni@upf.edu

LARRUSKAIN MANDIOLA, AMAIA
Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencia y Tecnología, Campus de Leioa- Erandio, Barrio Sarriena S/N Universidad del País Vasco / Euskal Herriko Unibertsitatea, 48940 Leioa
Tel: 946015516
amaia.larruskain@ehu.es

LIBRADO SANZ, PABLO
Av. Diagonal 645 Fac. Biología, Universidad de Barcelona, 8028 Barcelona
Tel: 649226273
plibrado@ub.edu

LÓPEZ MARTÍNEZ, ALMUDENA
Chan do Casal 11 Xustáns, Universidade de Santiago de Compostela ,36827 Ponte Caldelas Pontevedra
Tel: 620740440
Fax: 982254681
almu25581@hotmail.com

LÓPEZ-FANJUL DE ARGÜELLES, CARLOS
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad Complutense
Universidad Complutense de Madrid 28040 Madrid
Tel: 91 394 4852
Fax: 91 394 4844
clfanjul@bio.ucm.es

MACHADO-SCHIAFFINO, GONZALO
Fuertes Acevedo 65 5 B, Universidad de Oviedo, Área de Genética, 33006 OVIEDO
Tel: 666351059
gonzamachado@yahoo.com

MARCHAL ORTEGA, JUAN ALBERTO
Paraje Las Lagunillas s/n, Universidad de Jaén, Departamento Biología Experimental, 23071 Jaén
Tel: 953 21 33 61
Fax: 953 21 18 75
jamaor@ujaen.es

MARTÍNEZ PORTELA, PAULINO
Rua da Torna 12, Universidad de Santiago de Compostela ,27002 Lugo
Tel: 647344062
Fax: 982254681
paulino.martinez@usc.es

MARTINEZ-CRUZ, BEGOÑA
Dr. Aiguader 88, Barcelona IBE, Instituto de Biología Evolutiva (UPF-CSIC), 8003 Barcelona
Tel: 933160804
begonya.martinez@upf.edu

MILLÁN PÉREZ, ADRIÁN
Xosé Alexandre Cribeiro Nº 12 1ºC, Universidad Santiago de Compostela, 36940 Cangas
Tel: 636344040
adrian.millan@usc.es

MONTIEL JIMÉNEZ, EUGENIA E,
Facultad de Ciencias, Avda. Fuentenueva s/n, Departamento de Genetica, Grupo de Genética Evolutiva, 18071 Granada
Tel: 958243262
Fax: 958244073
eemontiel@ugr.es

MORÁN ITURRALDE, TOMÁS
Roger de Flor 222 Bis 3º 6ª, Universidad Autónoma de Barcelona, 8013 Barcelona
Tel: 60251339
Fax: 93 5812387
TomasErnesto.Moran@uab.cat

MOYA SIMARRO, ANDRÉS
Instituto Cavanilles-Genética Evolutiva, Polígono de la Coma s/n, Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, 46980 Paterna
Tel: 963 543 480
Fax: 963 543 670
andres.moya@uv.es

MUÑOZ PAJARES, ANTONIO JESÚS
Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Av. Fuentenueva, Universidad de Granada, 18012 Granada
Tel: 658169216
ajesusmp@ug.es

PASCUAL BERNIOLA, MARTA
Diagonal 645, Universidad de Barcelona, 8028 Barcelona
Tel: 934034850
Fax: 934034420
martapascual@ub.edu

PEGUEROLES QUERALT, CINTA
Av.Diagonal 675, Universitat de Barcelona, 8028 Barcelona
Tel: 934035801
Fax: 934034420
cpegueroles@ub.edu

PÉREZ MÉNDEZ, MARÍA TRINIDAD
Departamento Biología Funcional (Área de Genética) Facultad de Medicina, Julián Clavería s/n, Universidad de Oviedo, 33006 Oviedo
Tel: 985105262
Fax: 985103534
mtpmendez@yahoo.es

PÉREZ PARDAL, LUCÍA
Camino de los claveles nº 604, Somió SERIDA, 33205 Gijón
Tel: 985195738
Fax: 985 19 53 10
lperezpardal@serida.org

PEREZ-LOSADA, MARCOS
CIBIO, Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos, Universidade do Porto, Campus Agrário de Vairão CIBIO ,4485-661 Vairão, Portugal
mlosada@genoma-llc.com

PINO QUERIDO-FERREIRA, ANIA A,
Estrada da Granxa. 12, Universidade de Santiago de Compostela, 27002 Lugo
Tel: 635986037
aniapick@yahoo.es

RIUTORT LEÓN, MARTA
Av. Diagonal 645, Dpt. de Genètica, Universitat de Barcelona, 8028 Barcelona
Tel: 934035432
mriutort@ub.edu

RODRÍGUEZ VÁZQUEZ, FERNANDO
Pravia 10 2ª, Universidad de Oviedo, 33012 Oviedo
Tel: 616199405
rodriguezfernando@uniovi.es

ROYO MARTÍN, LUIS JOSÉ
Camino de los Claveles 604, SERIDA-SOMIÓ, 33203 Gijón
Tel: 985 195738
Fax: 985 195310
ljroyo@serida.org

ROZAS LIRAS, JULIO
Diagonal 645,Dep.. Genetica; Universitat de Barcelona, 8028 Barcelona
Tel: 934021495
Fax: 934034420
jrozas@ub.edu

RUIZ-TRILLO, IÑAKI
Departament de Genetica, Universitat de Barcelona,
Av. Diagonal 645, 2nd floor-annex building, Universidad de Barcelona, 8028 Barcelona
Tel: 934035304
934034420
inaki.ruiz@icrea.es

SÁNCHEZ GRACIA, ALEJANDRO
Passeig Marítim de la Barceloneta 37-49, Instituto de Biología Evolutiva (CSIC-UPF), 8003 Barcelona
Tel: 93 230 9642
Fax: 93 230 9555
alejandro.sanchez@ibe.upf-csic.es

SANJUÁN VERDEGUER, RAFAEL
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Parc Científic de la Universitat de València, Polígono La Coma s/n, Universitat de València, 46980 Valencia
Tel: 963543629
Fax: 963543670
rafael.sanjuan@uv.es

SANTOS, MAURO
Departament de Genètica i Microbiologia, Facultat de Biociències Universitat Autònoma de Barcelona, 8193 Bellaterra (Barcelona)
Tel: 93 581 2725
Fax: 935812387
mauro.santos@uab.es

SAURA ÁLVAREZ, MARÍA
Rúa das Abelairas, Campus Lagoas-Marcosende, Universidad de Vigo, 36310 Vigo
Tel: 986 81 38 28
Fax: 986 81 38 28
msaura@uvigo.es

SEBÉ PEDRÓS, ARNAU
Raval 24, Universitat de Barcelona, 25332 La Fuliola
Tel: 626940216
arnausp@hotmail.com

SORIA CARRASCO, VÍCTOR
Passeig Marítim de la Barceloneta 37-49, Instituto de Biología Evolutiva (CSIC-UPF), 8003 Barcelona
Tel: 93 230 9642
Fax: 93 230 9555
victor.soria@ibe.upf-csic.es

SUÁREZ PUENTE, XOSE ANTÓN
Fernando Bongera s/n, despacho 3,7 universidad de Oviedo, 33006 Uviéu-Oviedo
Tel: 985 105 027
Fax: 985 103 564
xspuente@uniovi.es

TEJEDOR HERNANDEZ, M. TERESA
Dep. Anatomía, Embriología y Genética, fac. Veterinaria, Miguel Servet 177, universidad de Zaragoza, 50013 Zaragoza
Tel: 976 76 1542
Fax: 976 76 1612
ttejedor@unizar.es

TORO IBÁÑEZ, MIGUEL ANGEL
Dpto. Producción Animal, ETS Ingenieros Agrónomos Universidad Politécnica de Madrid, 28040 Madrid
Tel: 913476807
Fax: 913572293
miguel.toro@upm.es

VÁZQUEZ VILLA, JOSÉ FERNANDO
Julián Clavería s/n, Universidad de Oviedo, 33006 Oviedo
Tel: 985105262
Fax: 985103534
josefernandov@hotmail.com

VERA RODRÍGUEZ, MANUEL
Universidad de Santiago de Compostela, 27002 Lugo
Tel: 635 570 657
Fax: 982254681
manuel.vera@usc.es

VILAS PETEIRO, ROMÁN
Universidad de Santiago de Compostela, 27002 Lugo
Tel: 692 100 203
Fax: 982254681
roman.vilas@usc.es

ZARDOYA SANSEBASTIÁN, RAFAEL
José Gutiérrez Abascal 2, Museo Nacional de Ciencias Naturales, 28006 Madrid
Tel: 91 4111328-1129
Fax: 91 5645078
rafaz@mncn.csic.es