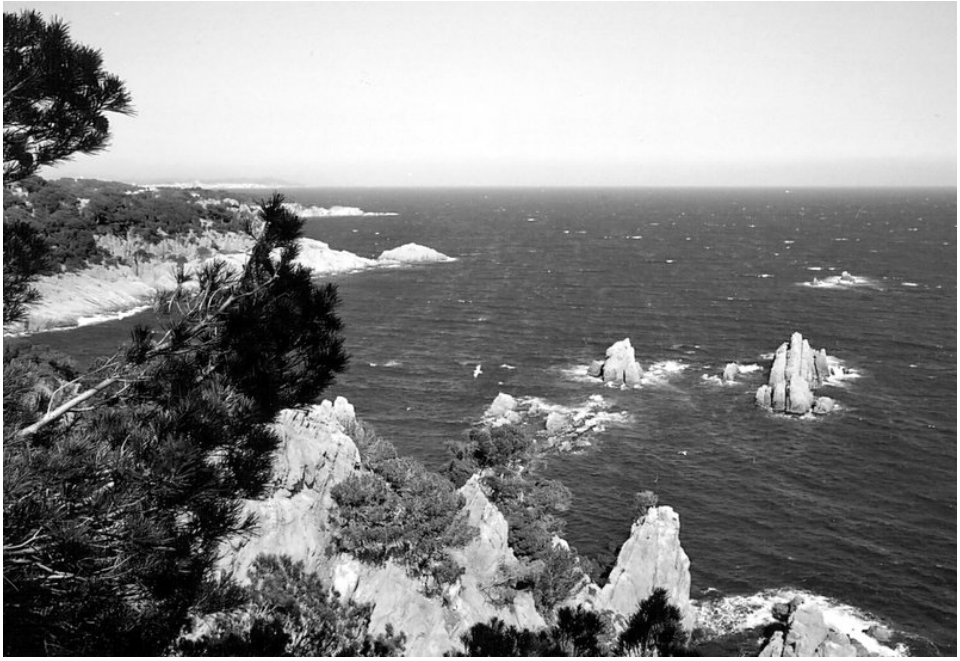
XVI SEMINARIO DE GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

Hotel Eden Roc

Sant Feliu de Guíxols, Girona

15-18 Noviembre, 2006



Organización: Jaume Bertranpetit
Elena Bosch
Francesc Calafell
David Comas
Merche Corral
Arcadi Navarro

Universitat Pompeu Fabra, Unidad de Biología Evolutiva, Barcelona

Página Web: http://sgpe.upf.edu

Patrocinadores:

Genoma España

Centro Nacional de Genotipado

Ministerio de Educación y Ciencia

Sociedad Española de Genética

Illumina

Applied Biosystems

Roche Diagnostics

Revista de Libros

Ajuntament de Sant Feliu de Guíxols

Universitat Pompeu Fabra

PROGRAMA

XVI SEMINARIO DE GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

Sant Feliu de Guíxols, Girona, 15-18 de noviembre de 2006

PROGRAMA CIENTÍFICO Y ACTIVIDADES

Miércoles 15 de noviembre de 2006

12:00-14:00 Bienvenida y entrega de documentación

14:00- 15:50 Almuerzo

15:50-16:00 Apertura del Seminario

16:00-17:00 **Conferencia invitada**: **Ricard Solé**
ICREA - GRIB, Barcelona
"Bricolage y universalidad en la evolución de las redes celulares"

17:00-17:30 Montserrat Aguadé
Universitat de Barcelona
"Demografía vs selección positiva: ¿nos dejan os árboles ver el bosque?"

17:30-18:00 Pausa café

18:00-18:30 Ferran Casals
Universitat Pompeu Fabra, Barcelona
"Detección de selección positiva en poblaciones humanas"

18:30-19:00 Santos Alonso
UPV - EHU, Leioa
"Buscando pruebas a favor de una evolución a daptativa para la pigmentación de la piel en humanos"

19:00-19:30 Mario Cáceres
CRG, Barcelona
"Cambios reguladores en la evolución humana: incremento en la expresión de dos genes implicados en la formación de sinapsis en la corteza cerebral"

19:30-20:00 Núria López-Bigas
GRIB - UPF, Barcelona
"Evolvability and divergence rates in the evolution of *Homo sapiens*"

Jueves 16 de noviembre de 2006

09:00-10:00 **Conferencia invitada: Andrés Moya**
Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva, Universitat de València
"Endosimbiontes bacterianos de insectos: algunas lecciones evolutivas"

10:00-10:30 Juli Peretó
Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva, Universitat de València
"Redes bioquímicas mínimas"

10:30-11:00 Pausa café

11:00-11:30 Mireia Coscollà
Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva, Universitat de València
"Estructura genético-poblacional de aislados ambientales de Legionella pneumophila"

11:30-12:00 José Manuel Cuevas
Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva, Universitat de València
"La mutagénesis química favorece la robustez mutacional de un virus de RNA."

12:00- 12:30 Presentación de los servicios del CeGeN a cargo de Anna Pérez Lezaun

12:30-13:00 Presentación de Illumina a cargo de Armin Winands
"Novel DNA and RNA Profiling Strategies Using Illumina BeadArray® Technology"

14:00-16:00 Almuerzo

16:00-16:30 Joan Balanyà
Universitat de Barcelona
"Calentamiento global del planeta y polimorfismo cromosómico de *Drosophila subobscura*"

16:30-17:00 Antònio Fontdevila
Universitat Autònoma de Barcelona
"Elementos transponibles en la colonización: deriva fundadora frente a inestabilidad"

17:00-17:30 Marta Pascual
Universitat de Barcelona
"¿Estructuración poblacional?"

17:30-18:00 Pausa café

18:00-18:30 Núria Sanz
Universitat de Girona
"Marcadores y métodos de evaluación de la introgresión en poblaciones híbridas"

18:30-19:00 Trinidad Pérez
Universidad de Oviedo
"Individualización de osos cantábricos mediante genotipado no invasivo"

19:00-19:30 Jesús Fernández
INIA, Madrid
"Desarrollo de un sistema dinámico de manejo de poblaciones subdivididas en el contexto de programas de conservación"

19:30-20:00 Presentación de Applied Biosystems

Viernes 17 de noviembre de 2006

09:00-10:00 **Conferencia invitada: Mark Kirkpatrick**
University of Texas, Austin
"Chromosome inversions, local adaptation, and speciation"

10:00-10:30 Marta Puig
Universitat Autònoma de Barcelona
"Valor adaptativo de las inversiones cromosómicas: ¿coadaptación o efecto de posición?"

10:30-11:00 Pausa café

11:00-11:30 Rafael Zardoya
Museo Nacional de Ciencias Naturales, Madrid
"Evolución en islas: el modelo de *Conus* en Cabo Verde"

11:30-12:00 Antonio Arnáiz-Villena
Universidad Complutense, Madrid
"Los canarios (*Serius spp*) y los jilgueros (*Carduelis spp*) muestran filogenias conjuntas y con politomías"

12:00-12:30 José Castresana
IBM, CSIC, Barcelona
"Metodología y fuentes de artefactos en reconstrucción filogenética: algunos ejemplos"

12:30-13:00 Presentación de Roche a cargo de Vera Nieswandt, *Marketing Manager de Roche Diagnostics* "High throughput sequencing with t he Genome Sequencer 20 System – the fast technology for whole genome sequencing, transcriptome and gene regulation studies, and amplicon analysis"

14:00-16:00 Almuerzo

16:00-16:30 Miquel Àngel Arnedo
Universitat de Barcelona
"ZOOSYSEVO: Una visión filogenética de la sistemática, biogeografía y evolución de la diversidad animal"

16:30-17:00 E. Alejandro Herrada
IMEDEA - CSIC - UIB, Palma de Mallorca
"Topological diversity in phylogenies: microevolution vs macroevolution"

17:00-17:30 Ramiro Morales
IBMC, Porto
"Molecular systematics of *Drosophila americana* and *D. novamexicana*: the influence of chromosomal rearrangements in phylogenetic reconstruction"

17:30-18:00 Pausa café

18:00-18:30 M. Teresa Tejedor
Universidad de Zaragoza
"Análisis poblacional en especies animales de interés económico: perdiz roja, ganado caprino y ganado ovino."

18:30-19:00 Aurora García-Dorado
Universidad Complutense, Madrid
"Aproximación al equilibrio mutación-selección-deriva en poblaciones de laboratorio de *Drosophila melanogaster*"

19:00-19:30 M. Fernanda Ruiz
CSIC, Madrid
"Evolución molecular del gen *Sex-lethal*"

19:30 Reunión de la Sección de Genética de Poblaciones y Evolución, SEG

21:00 Cena de Gala - Quiz

Sábado 18 de noviembre de 2006

09:00-10:00 **Conferencia invitada: Hernán Dopazo**
Centro de Investigaciones Príncipe Felipe, Valencia "Genómica comparativa y evolución humana. Aplicaciones evolutivas a problemas biomédicos"

10:00-10:30 Antonio Barbadilla
Universitat Autònoma de Barcelona
"Bioinformática de la diversidad nucleotídica: bases de datos y detección del tipo de selección que actúa sobre las secuencias conservadas no codificadoras"

10:30-11:00 Pausa café

11:00-11:30 Armando Caballero
Universidad de Vigo
"Comparación entre la variación genética neutral y adaptativa: aplicaciones en estudios evolutivos y de impacto ambiental"

11:30-12:00 Paulino Martínez
Universidad de Santiago de Compostela, Lugo
"Genómica aplicada para la mejora del cultivo del rodaballo"

12:00-12:30 Rafael Sanjuán
IBMCP, UPV-CSIC, Valencia
"La epistasia se correlaciona con la complejidad genómica"

12:30-13:00 Comentarios finales a cargo de Jaume Bertranpetit *Universitat Pompeu Fabra, Barcelona*

13:30-15:00 Almuerzo

RESÚMENES

Miércoles 15 de noviembre de 2006

Bricolage y universalidad en la evolucion de redes celulares

Ricard V. Solé
ICREA-Universitat Pompeu Fabra, Barcelona Santa Fe Institute, USA

El estudio de la arquitectura de las interacciones entre genes, proteinas o metabolitos ha revelado la presencia de regularidades previamente desconocidas. Estas redes muestran una estructura altamente heterogenea que implica la presencia de elementos clave junto a elementos mas secundarios. Recientemente se ha postulado la idea de que ciertas subredes de tres o cuatro elementos conectados serian los bloques basicos de construccion de estas redes. La seleccion habria favorecido la abundancia de algunas de estos modulos funcionalmente relevantes y su presencia por encima de loesperado por azar seria la firma de esta seleccion positiva. Sin embargo, modelos de evolucion de grafos por duplicacion y divergencia sugieren que estas diferencias serian en realidad un efecto secundario de las reglas de crecimiento sin ningun significado selectivo. Bajo esta vision, la topologia de las redes celulares (y sus implicaciones) serian el resultado de restricciones fundamentales de naturaleza matematica.

Demografía vs selección positiva: ¿nos dejan los árboles ver el bosque?

M. Aguadé, J. Rozas, C. Segarra, M. Papaceit, A. Munté, D. Orengo, S. E. Ramos-Onsins, D. Alvarez-Ponce, C. Arboleda, D. Balañà-Alcaide, À. Blanco-García, S. Guirao, C. Nobrega, I. Pires, E. Puerma, U. E. M. Ramírez, F. G. Vieira, P. Librado

Departament de Genètica, Facultat de Biologia, Universitat de Barcelona, Barcelona.

Las características adaptativas que observamos en los organismos actuales son el resultado de la fijación (o incremento de frecuencia) de mutaciones beneficiosas en el pasado de las especies, es decir son el resultado de cambios adaptativos promovidos por la selección natural positiva. Existe un interés creciente en identificar dichos cambios así como en cuantificar la tasa de cambio adaptativo. La comparación de secuencias de DNA al nivel poblacional así como al nivel interespecífico constituye una potente herramienta a tal efecto, ya que los sucesos selectivos recientes dejan una huella característica en el nivel y patrón de la variabilidad intraespecífica. Los cambios demográficos también dejan una huella en las secuencias de DNA que a veces mimetiza la de la selección natural. Cabe preguntarse si el ruido debido a los cambios demográficos permite ver la señal dejada por los cambios adaptativos recientes. Esta pregunta se hace especialmente importante en especies que en su pasado reciente han pasado a ser cosmopolitas o que han sufrido otros cambios en su área de distribución. Nuestra aproximación se basa tanto en el estudio de regiones aleatorias del genoma como en el estudio de genes candidatos en especies de los géneros Drosophila y Arabidopsis.

Detección de selección positiva en poblaciones humanas

Ferran Casals, Elena Bosch, Andrés Moreno, Anna Ferrer, Michelle Gardner, David Comas, Urko Martínez, Anna Ramírez, Tomàs Marquès, Francesc Calafell, Arcadi Navarro, Jaume Bertranpetit
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciències Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra.

Actualmente disponemos de una gran variedad de técnicas y métodos analíticos que permiten la detección de eventos de selección positiva en humanos. Éste es al caso de la gran disponibilidad de SNPs en diferentes bases de datos públicas y las nuevas tecnologías que permiten el genotipado de SNPs a gran escala. En este proyecto hemos analizado un conjunto de genes susceptibles de haber sufrido selección positiva en algunas poblaciones humanas. Nos hemos centrado en cuatro categorías de genes: genes con alta divergencia entre humanos y chimpancés, genes de glicosilación, genes candidatos para enfermedades psiquiátricas, y genes relacionados con cáncer. Se han seleccionado SNPs dentro de estos genes así como en sus regiones flanqueantes. Estos SNPs se genotiparon en 1,040 muestras representativas de la variación genética mundial.

Una de las huellas de la selección positiva es un diferenciación excesiva de las frecuencias alélicas entre poblaciones. Los cuatro conjuntos de genes analizados no parecen acumular un mayor grado de diferenciación entre poblaciones comparados con una muestra aleatoria de genes. No obstante, en algunos genes hemos descrito una gran diferenciación poblacional u otras evidencias de selección positiva, como un exceso de frecuencias alélicas mínimas (MAF) o de frecuencias del alelo derivado (DAF) extremadamente altas o bajas, la presencia de haplotipos exclusivos de algunas poblaciones, diferencias en el patrón desequilibrio de ligamiento entre diferentes poblaciones o la descripción de barridos selectivos.

Por otro lado, utilizando la información disponible en la base de datos del proyecto HapMap, hemos demostrado la existencia de diferencias significativas en la evolución de genes relacionados con enfermedades, genes seleccionados positivamente en humanos, genes bajo selección purificadora y una muestra aleatoria de genes.

Buscando pruebas a favor de una evolución adaptativa para la pigmentación de la piel en humanos

Santos Alonso, Neskuts Izagirre, Iker Garcia, Isabel Smith-Zubiaga, Nico P. Smit, Dolores Boyano, Jose Luís Díaz-Pérez, Concepción de la Rúa
Universidad del País Vasco, Departamento de Genética, Antropología y Fisiología Animal. Leioa

Mientras que la combinación de piel clara y una intensa exposición solar es un importante factor de riesgo para el individuo, es menos claro si a nivel poblacional este riesgo confiere o ha conferido un valor adaptativo. En este sentido existe una variedad de hipótesis que tratan de explicar la evolución de la pigmentación de la piel humana. Se espera que si la pigmentación es adaptativa podríamos ser capaces de observar una huella de esta selección positiva en los patrones de diversidad, divergencia o expresión de al menos algunos de los loci implicados. Para detectar esta huella hemos a) analizado una batería de 81 loci candidatos por medio de test filogenéticos y genético poblacionales; b) resecuenciado 4kb de la región inmediatamente flanqueante 5' de los loci melanogénicos *TYR*, *TYRP1* y *TYRP2* (*DCT*) en más de 100 cromosomas de diferentes poblaciones que representan las grandes divisiones geográficas, incluyendo pacientes de melanoma (Europeos); c) investigado mediante microarrays de expresión (Affymetrix U133A) los perfiles de expresión génica de diferentes melanocitos de donantes de piel clara y oscura, irradiados o no con luz UVA+B.
Los resulatdos obtenidos indican que si bien los melanocitos de donantes de piel oscura y clara poseen la misma capacidad de producir melanina, al menos *TYRP1* y *DCT* muestran pruebas de selección positiva.

Cambios reguladores en la evolución humana: Incremento en la expresión de dos genes implicados en la formación de sinapsis en la corteza cerebral

Mario Cáceres[1,2,3], Carolyn Suwyn[3], Marcelia Maddox[3], James W. Thomas[2] y Todd M. Preuss[3]

[1]Programa de Gens i Malaltia, Centre de Regulació Genòmica, Barcelona. [2]Department of Human Genetics, Emory University School of Medicine, Atlanta, Estados Unidos. [3]Yerkes National Primate Research Center, Emory University, Atlanta, Estados Unidos.

En los últimos años el extraordinario desarrollo de la genómica ha proporcionado una oportunidad única para determinar las bases genéticas de las características humanas. En particular, el uso de *microarrays* ha permitido identificar varios centenares de genes candidatos que presentan diferencias en su nivel de expresión en el cerebro de humanos y de otras especies de primates. No obstante, es necesario caracterizar estos cambios de expresión en más detalle para poder establecer su papel real en la evolución de las funciones cerebrales. En este trabajo hemos llevado a cabo un análisis exhaustivo del gen *thrombospondin 4* (*THBS4*), que ha sufrido un gran incremento de expresión en el linaje humano, así como de los otros genes de la misma familia. Las trombospondinas son glicoproteínas de la matriz extracelular que recientemente han sido implicadas en el control de la formación de sinapsis. En primer lugar, se ha confirmado que dos genes de esta familia, *THBS4* y *THBS2*, muestran una mayor expresión tanto a nivel de mRNA como de proteína en el cerebro humano, con valores 6 y 2 veces superiores a los de chimpancés y monos *rhesus*. Además, estas diferencias están restringidas a ciertas regiones derivadas del teléncefalo, mientras que en el cerebelo y otros tejidos del cuerpo el grado de expresión en humanos y chimpancés es similar. A nivel histológico, se ha observado que el gen *THBS4* se expresa principalmente en neuronas piramidales, pero la corteza cerebral humana se caracteriza por la acumulación de la proteína en la zona formada por el conjunto de procesos neuronales donde se localizan la mayoría de sinapsis. Por último, se han realizado estudios preliminares de las secuencias promotoras de *THBS4* en humanos y chimpancés para intentar diseccionar las causas moleculares de los cambios de expresión. El incremento de expresión de estos y otros genes de función similar sugiere que la evolución del cerebro en humanos podría haber estado marcada por una mayor actividad y plasticidad sináptica, que a su vez podría haber tenido importantes consecuencias en el desarrollo de nuestras capacidades cognitivas

Evolvability and divergence rates in the evolution of *Homo sapiens*

Nuria Lopez-Bigas[1] & Sarah A. Teichmann[2]
[1]*Research Unit on Biomedical Informatics – GRIB, University Pompeu Fabra – UPF, Barcelona, Spain*
[2]*MRC Laboratory of Molecular Biology, Hills Road, Cambridge, CB2 2QH, United Kingdom*.

Have metazoans evolved through a process of incremental changes occurring evenly across genes of all different functional categories? Or is there a pattern by which proteins belonging to specific functional classes accumulate mutations quickly, while others remain conserved throughout the evolution of organisms? Here, we quantify the conservation of human proteins of different functional categories in sixteen genomes from mammals to fungi, allowing us to detect changes across the taxa relative to human. We find that human proteins involved in core processes such as metabolism, transport and protein synthesis, are highly conserved across all eukaryotes. Proteins performing molecular functions that are regulatory, like transcription factors, signal transducers and receptors, have been more plastic during the evolution of *Homo sapiens*. This genome-wide analysis shows that at the level of protein-coding genes, morphological changes in metazoa have been driven by variation in regulatory genes rather than enzymatic and structural genes, supporting previously postulated theories of robustness and evolvability. In addition, we show that human proteins involved in the processes of development and organogenesis are highly conserved in vertebrates, while being highly divergent compared to invertebrates. The reason for this reversal of conservation pattern must lie in the common body plan and repertoire of organs amongst chordates, which is radically different from that of invertebrates.

Jueves 16 de noviembre de 2006

Endosimbiontes bacterianos de insectos: algunas lecciones evolutivas

A. Moya
Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biología Evolutiva, Universitat de València

Desde la primera publicación del genoma de *Buchnera aphidicola*, endosimbionte primario de los pulgones, hemos asistido a una avalancha de nuevos genomas de endosimbiontes bacterianos de insectos. El análisis genómico correspondiente, complementado con estudios filogenéticos o el de genes particulares, nos ha permitido ahondar en la explicación de los caracteres propios de la simbiosis, por ejemplo cómo se establece la asociación, la naturaleza de los cambios particulares acontecidos en los genomas bacterianos o el futuro que le espera a los endosimbiontes de genomas extraordinariamente reducidos. Por ejemplo, las bacterias han sufrido cambios genómicos profundos y, aunque el destino de las mismas sea su extinción y virtual reemplazamiento por endosimbiontes secundarios, ha complementado la dieta del hospedador durante millones de años. Por otro lado, el insecto suministra a la bacteria una ambiente intracelular estable, rico en metabolitos. Conocemos poco, aunque la investigación es muy activa, y ganará enormemente con la compleción del genoma del pulgón, sobre cómo queda afectado el genoma del insecto tras la asociación simbióntica o cómo ha resuelto el problema de alojar una o más bacterias, que con seguridad fueron patógenas al inicio de la simbiosis.

En esta comunicación mostraré el estado de la investigación del grupo en el campo de la genómica evolutiva de los endosimbiontes bacterianos de insectos, concentrándome en los resultados sobre endosimbiosis tempranas y muy avanzadas. Por otro lado mostraré que todavía no disponemos de una explicación adecuada del proceso de reducción genómica, y cuya resolución podría ser un excelente complemento a la explicación de la evolución de la complejidad de los genomas. Efectuaré, entonces, algunas reflexiones sobre los primeros principios genético-poblacionales que podrían dar cuenta, a falta de nuevos datos experimentales, del proceso de reducción genómica, en un intento por integrar tal explicación dentro de la teoría general de Lynch sobre la evolución de la complejidad de los genomas.

Redes bioquímicas mínimas

J. Peretó[1], T. Gabaldón[2], R. Gil[1], F. Montero[3], J. Tamames[1], A. Latorre[1] y A. Moya[1]
(1) *Universitat de València,* (2) *CIPF, València* y (3) *Universidad Complutense de Madrid*

El estudio de los genomas reducidos de bacterias endosimbiontes de insectos ofrece muchas oportunidades para investigar los procesos evolutivos relacionados con la minimización de las maquinarias celulares. Así, nuestro grupo ha abordado el estudio topológico de la red de interacciones entre proteínas en bacterias endosimbiontes, en comparación con bacterias relacionadas pero de vida libre. Los resultados indican un mantenimiento casi completo de la arquitectura y parámetros de la red, debido a la gran conservación de su esqueleto o parte central. Esto indica que la reducción genómica no es consecuencia de un proceso al azar, y que las redes están construidas de forma que la eliminación de gran parte de las interacciones no afecta al núcleo de procesos esenciales para la vida de la bacteria. Por otro lado, en un intento de definir el repertorio de genes necesario y suficiente para sostener la vida celular, hemos combinado estudios bioinformáticos y experimentales previos. La genómica comparada, el estudio de rutas esenciales y la operatividad de un mapa metabólico coherente nos ha llevado a proponer para la vida celular heterotrófica, en un ambiente químicamente complejo y en ausencia de estrés, un conjunto mínimo de 208 genes codificantes de proteínas. La consistencia de la red metabólica que se deriva de este genoma mínimo se ha estudiado mediante diferentes aproximaciones computacionales. Por un lado se comparó la topología y la robustez de la red teórica mínima con otras redes derivadas de genomas bacterianos naturales. Así mismo, a partir del conjunto mínimo de reacciones enzimáticas, se estableció su coherencia estequiométrica. Esta red metabólica mínima se mostró, no obstante, muy compacta y frágil, algo que se puede tomar como indicativo de su esencialidad y minimalismo. La extensión de estos métodos al estudio de otras redes mínimas puede servir en las discusiones sobre el origen de la complejidad metabólica o el diseño de células artificiales mínimas.

Estructura genético-poblacional de aislados ambientales de *Legionella pneumophila*

M. Coscollá, F. González-Candelas
Genètica Evolutiva, Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva, Universitat de València

Legionella pneumophila es una bacteria presente en ecosistemas acuáticos naturales, que puede alcanzar altas densidades al colonizar las redes de distribución de agua. Esta especie es el principal agente causal de la legionelosis y se transmite al inhalar aerosoles de agua contaminada con la bacteria. Aunque suele presentarse en forma de brotes aislados, en las proximidades de Alcoy las infecciones por Legionella son casi endémicas, con brotes y casos aislados recurrentes desde hace varios años.
La estructura poblacional de *Legionella* se ha descrito como clonal, debido a la presencia de perfiles de "Multi Locus Enzyme Electrophoresis" (MLEE) distribuidos globalmente, aunque más recientemente se han descrito fenómenos de recombinación en los que están implicados genes de islas de patogenicidad y determinantes del serogrupo. El objetivo de este estudio es analizar la estructura poblacional tanto temporal como espacial de *L. pneumophila* en el área de Alcoy, así como el alcance de la recombinación en aislados ambientales. Para ello estudiamos la secuencia nucleotídica de seis genes y 13 regiones intergénicas en 31 aislados de poblaciones cercanas a Alcoy aisladas en cuatro años consecutivos.
Encontramos una diferenciación genética significativa entre las muestras de 2001 y las de los tres años siguientes, poniéndose de manifiesto una estructuración temporal. Sin embargo, no se observaron diferencias significativas entre las diferentes localidades de muestreo ni entre ellas y las obtenidas en un amplio estudio de muestras ambientales y clínicas de 10 países europeos. Además, los perfiles alélicos mostraron coincidencias con los perfiles encontrados en países del resto de Europa y de Japón. Esto apoyaría los datos de MLEE de una distribución global de complejos clonales. Tampoco detectamos evidencias de recombinación intragénica. No obstante, sí encontramos 7 regiones implicadas en fenómenos de recombinación, apareciendo 20 de las 31 muestras involucradas en 9 sucesos independientes de intercambio genético. Así pues, la recombinación en *L. pneumophila* podría estar más extendida de lo que se había pensado y su estructura poblacional no respondería con fidelidad al modelo clonal.

La mutagénesis química favorece la robustez mutacional de un virus de RNA.

José M. Cuevas[1,2], Rafael Sanjuán[3], Victoria Furió[1], Edward C. Holmes[4,5] and Andrés Moya[1]

[1]*Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva, Universitat de València, Apartado Postal 22085, 46071 València, Spain*

[2]*Department of Zoology, University of Oxford, Oxford OX1 3PS, United Kingdom.* [3]*Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, CSIC-UPV, Av. Los Naranjos s/n, 46022 València, Spain.*

[4]*Center for Infectious Disease Dynamics, Department of Biology, Mueller Laboratory, The Pennsylvania State University, PA 16802, USA.*

[5]*Fogarty International Center, National Institutes of Health, Bethesda, MD 20892, USA.*

Una herramienta prometedora en el tratamiento de las enfermedades causadas por virus de ARN es la mutagénesis letal. La eficacia de los mutágenos ha sido ampliamente demostrada, pero se conoce muy poco acerca de las posibles respuestas virales frente a las nuevas presiones selectivas impuestas por éstos. La teoría de Cuasiespecies propone que la selección natural actúa sobre poblaciones completas más que sobre genotipos individuales. Una predicción crucial de esta teoría es que, a altas tasas de mutación, los genotipos de baja eficacia pueden desplazar a aquellos de eficacia mayor, siempre que presenten una mayor robustez frente a las mutaciones deletéreas. Esta hipótesis, conocida como “survival of the flattest”, aún no ha sido experimentalmente demostrada. En nuestro trabajo, ponemos a prueba esta predicción utilizando dos poblaciones experimentales de un virus de ARN. Una de ellas mostraba una tasa de replicación mayor, mientras que la otra era más robusta a la mutación. La población que replicaba más rápidamente era favorecida en ausencia de mutágenos. Sin embargo, a pesar de su desventaja replicativa, la población robusta era seleccionada en presencia de fluorouracilo o azacitidina. Estos resultados prueban que, como proponen los modelos de cuasiespecies, el éxito de un genotipo dado a altas tasas de mutación no se ve influido únicamente por su propia eficacia, sino también por la eficacia de sus vecinos en el espacio de secuencia.

Presentación de los servicios del Centro Nacional de Genotipado (CeGen)

Anna Pérez-Lezaún.
Centro Nacional de Genotipado, Barcelona

Más información en
www.cegen.org

El **Centro Nacional de Genotipado (CeGen)** fue creado a finales del año 2003 como una iniciativa de la Fundación Genoma España promovida desde el Ministerio de Sanidad y Consumo y el Ministerio de Educación y Ciencia.

El objetivo del **CeGen** es proporcionar los elementos de conocimiento y la infraestructura necesaria para realizar proyectos de genotipado de **SNPs** (Single Nucleotide Polymorphisms) a gran escala a grupos de investigación en institutos, universidades, hospitales y empresas con la finalidad de conseguir competitividad a nivel internacional.

El **CeGen** ofrece sus plataformas de genotipado y su personal para proyectos de genotipado tanto en **humanos** como en **cualquier otra especie**.

Para contactar con la coordinación del **CeGen**, dirigirse a :

Universitat Pompeu Fabra
Dr. Aiguader, 80
08003 Barcelona
España
coordinacion.cegen@upf.edu
Tel: +34-935.422.943
Fax: +34-935.422.802

Novel DNA and RNA Profiling Strategies Using Illumina BeadArray® Technology.

Armin Winands
Illumina Inc, San Diego ,California (EEUU)

Para más Inofrmación:

www.illumina.com

Review

Nature Reviews Genetics 7, 632-644 (August 2006) | doi:10.1038/nrg1901

Highly parallel genomic assays

Jian-Bing Fan[1], Mark S. Chee[2] and Kevin L. Gunderson[1]

Abstract

Recent developments in highly parallel genome-wide assays are transforming the study of human health and disease. High-resolution whole-genome association studies of complex diseases are finally being undertaken after much hypothesizing about their merit for finding disease loci. The availability of inexpensive high-density SNP-genotyping arrays has made this feasible. Cancer biology will also be transformed by high-resolution genomic and epigenomic analysis. In the future, most cancers might be staged by high-resolution molecular profiling rather than by gross cytological analysis. Here, we describe the key developments that enable highly parallel genomic assays.

Calentamiento global del planeta y polimorfismo cromosómico de *Drosophila subobscura*

J. Balanyà*, H. Ruiz-Martín*, J. M. Oller**, R. B. Huey[†], G. W. Gilchrist[‡], L. Serra*

* *Departament de Genètica, **Departament d'Estadística, Facultat de Biologia, Universitat de Barcelona, Barcelona*

[†] *Department of Zoology, University of Washington, Seattle, USA*

[‡] *Department of Biology, College of William and Mary, Williamsburg, USA*

El polimorfismo cromosómico por inversiones en *Drosophila subobscura* ha experimentado cambios sistemáticos en las últimas décadas, de manera que las poblaciones muestreadas recientemente en cada una de las tres áreas de distribución de la especie (europea, norteamericana y suramericana) tienden a presentar polimorfismos más meridionales al compararlas con muestras de las mismas poblaciones realizadas entre 15 y 40 años atrás. Estos cambios coinciden con un aumento de la temperatura en estas poblaciones durante el mismo período de tiempo, con lo que el calentamiento global del planeta aparece como el principal factor responsable de dichos cambios. Asimismo, se observa en estas poblaciones una tendencia a aumentar su diversidad cromosómica medida a través del índice de entropía de Shanon. Este aumento de diversidad podría corresponderse con un incremento de la amplitud térmica asociado al cambio climático, y a la vez podría explicar la falta de concordancia de los resultados observados en las poblaciones naturales con los obtenidos en el laboratorio bajo distintos regímenes de temperatura.

Elementos transponibles en la colonización: deriva fundadora frente a inestabilidad

A.Fontdevila[*], M.P. García-Guerreiro[*], B. Chávez[*], J. Balanyà[**], y Ll. Serra
[**]*Grup de Biologia Evolutiva*
**Departament de Genètica i Microbiologia; Universitat Autònoma de Barcelona*
***Departament de Genètica; Universitat de Barcelona*

Las tasas de ocupación de los elementos transponibles en las poblaciones colonizadoras de *Drosophila* son con frecuencia más altas que en las poblaciones originales. En el caso de *D. buzzatii* y *D. subobscura*, estas diferencias se deben a una distribución cromosómica en que unas pocas posiciones están altamente ocupadas en todas las poblaciones colonizadoras. Existen dos explicaciones posibles. Una de ellas, la hipótesis fundadora, postula el efecto de la deriva fundacional seguida de expansión poblacional de los fundadores como causante de dicha distribución no uniforme. La otra, denominada hipótesis inestable, favorece la activación de la transposición hacia lugares calientes de inserción durante la colonización. Para decidir entre ambas hipótesis hemos estudiado, a nivel molecular, varias copias insertas en lugares de alta y baja ocupación para el retrotransposón *Osvaldo*. El estudio de las secuencias de ADN en varias poblaciones colonizadoras nos ha permitido datar las inserciones, determinar el grado de semejanza de las copias y de sus regiones flanqueantes entre poblaciones y estudiar comparativamente las copias de alta y baja ocupación. Los resultados obtenidos apoyan la hipótesis fundadora, aunque no se descarta la existencia de inestabilidad en otras inserciones no estudiadas. La importancia de estos resultados es doble: a) permite distinguir entre ambas hipótesis y b) cuestiona la deducción de fenómenos de inestabilidad a partir de un aumento de lugares de ocupación en las poblaciones naturales.

¿Estructuración poblacional?

M. Pascual[1], L. Serra[1], F. Mestres[1], J. Balanyà[1], X. Turon[2], E. Macpherson[3], S. Duran[1,2], J. Carreras-Carbonell[1, 3], P. Arauz[1], F. Palero[1, 3], H. Ruiz[1], M. Rius[1, 2], C. Pegueroles[1]

[1]*Universitat de Barcelona, Dept. Genètica, Diagonal 645, 08028 Barcelona*

[2]*Universitat de Barcelona, Dept. Biología Animal, Diagonal 645, 08028*

[3]*CEAB (CSIC). Carrer d'Accés a la Cala San Francesc 14. 17300 Blanes.*

El nivel de diferenciación poblacional de una especie es de sumo interés para entender su dinámica evolutiva así como para diseñar programas de gestión adecuados. Los marcadores utilizados pueden determinar en parte la conclusión final. En *Drosophila subobscura* se ha detectado una marcada diferenciación entre poblaciones europeas a nivel de polimorfismo cromosómico por inversiones mientras que se detecta una menor diferenciación y un elevado flujo génico utilizando loci microsatélites. ¿Es la baja estructura poblacional obtenida mediante loci microsatélites el resultado de un elevado flujo génico o de una elevada homoplasia? En la esponja *Crambe crambe* se ha detectado una elevada diferenciación (valores de Fst mayores en un orden de magnitud) y aislamiento por distancia utilizando loci microsatélites. En peces litorales, utilizando los mismos marcadores, se ha detectado un mayor aislamiento en *Tripterygion delaisi* que en *Serranus cabrilla* posiblemente relacionado con sus diferentes habilidades dispersivas. En *T. delaisi* comparando poblaciones dentro y entre sus dos subespecies con loci microsatélites, así como separando los loci por su número de alelos, hemos descartado la presencia elevada de homoplasia como factor uniformizador de las poblaciones. Extrapolando los resultados podríamos decir que el elevado flujo génico en *D. subobscura* es real y la elevada diferenciación poblacional detectada utilizando como marcadores inversiones cromosómicas es debida al fuerte proceso de selección al que están sometidas las mismas

Individualización de osos cantábricos mediante genotipado no invasivo

T. Pérez, J.F. Vázquez, A. Corao, J. Albornoz y A. Domínguez
Dpto. de Biología Funcional (Área de Genética). Facultad de Medicina, C/ Julián Clavería s/n. Universidad de Oviedo. 33071 Oviedo. Asturias, España

La población de oso pardo (*Ursus arctos*) en la cordillera Cantábrica se encuentra distribuida en dos subpoblaciones con peligro de extinción (la subpoblación occidental con unos 100 individuos y la subpoblación oriental con unos 25 a 30). Para evitar su extinción se han puesto en marcha planes de recuperación de la especie que requieren del uso de datos ecológicos, demográficos, morfológicos y genéticos. Los datos genéticos no sólo aportan información sobre la variabilidad presente en la población sino que, gracias a la posibilidad de identificar individuos mediante la obtención de un perfil genético, se pueden inferir de forma indirecta datos ecológicos y demográficos de la población. Con la realización de muestreo no invasivo esta información puede ser obtenida sin necesidad de interferir con el animal o incluso visualizarlo. Sin embargo la obtención de datos genéticos partiendo de muestras no invasivas presenta ciertos problemas. Estos se refieren fundamentalmente a las elevadas tasas de error que suelen ir asociadas a esta técnica debido a la baja calidad del ADN obtenido. Para subsanarlos se han desarrollado técnicas tanto metodológicas como analíticas para detectar y minimizar el impacto de estos errores. Este trabajo presenta los datos obtenidos a partir de muestras de heces y pelo de oso cantábrico recogidas en el campo durante los años 2005 y 2006. Para este estudio se han utilizado un total de 18 loci microsatélite (de los cuales 12 fueron optimizados *de novo* en este trabajo) y un marcador del sexo. Para la reducción del error metodológico se adaptó un protocolo de amplificación mediante PCR semi-anidada unido a un enfoque multitubo. Así mismo, se emplearon diferentes análisis estadísticos para determinar la tasa de error y la confianza de los distintos genotipos multilocus obtenidos. Finalmente se calcularon los parámetros básicos en la población de oso cantábrico utilizando los genotipos considerados como fiables.

Desarrollo de un sistema dinámico de manejo de poblaciones subdivididas en el contexto de programas de conservación

J. Fernández[1], M. A. Toro[1] and A. Caballero[2]
[1]*Departamento de Mejora Genética Animal, INIA Madrid.*
[2]*Área de Genética. Fac. Biología, Univ. de Vigo, Vigo.*

La mayoría de los programas de conservación *ex-situ* implican el mantenimiento de los individuos en varios núcleos. Las consecuencias positivas del uso de poblaciones subdivididas son (i) la reducción en el riesgo de extinción de la población debido a causas ambientales y (ii) que, teóricamente, se mantendrían mayores niveles de variabilidad genética a largo plazo que manteniendo una sola población. El efecto negativo es el aumento de la consanguinidad y sus consecuencias deletéreas debido al menor censo de cada una de las subpoblaciones. Para evitar esto último, se ha propuesto que se debe forzar algún tipo de flujo genético mediante el intercambio de individuos entre subpoblaciones (tradicionalmente un migrante por generación, OMPG). Sin embargo, todos los sistemas propuestos asumen que la tasa de migración es constante a lo largo de las generaciones y que el esquema de migraciones preciso es independiente de la estructura genética de la población. En este estudio presentamos un método dinámico para optimizar en un mismo paso las contribuciones de cada individuo a cualquiera de las subpoblaciones y, consecuentemente, el flujo migratorio, de manera que se mantengan niveles altos de diversidad genética pero con niveles aceptables de consanguinidad, teniendo en cuenta la estructura de la población.

Viernes 17 de noviembre de 2006

Chromosome inversions, local adaptation, and speciation

Mark Kirkpatrick
University of Texas, Austin (EEUU)

A new chromosome inversion can invade a population when it captures locally adapted alleles. Neither drift nor coadaptation between the alleles (epistasis) is needed, so this local adaptation mechanism may apply to a broader range situations than other hypotheses that have been widely discussed. The mechanism can explain many features observed in inversion systems. These include polymorphisms within species, fixed differences between species, seasonal cycles, and underdominance. Some lines of molecular evidence are consistent with the mechanism, and I will outline kinds of additional data that needed for tests of the hypothesis.

Valor adaptativo de las inversiones cromosómicas: ¿coadaptación o efecto de posición?

Marta Puig[1], Mario Cáceres[2], John F. McDonald[3] y Alfredo Ruiz[1]
[1]*Departament de Genética i Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, Barcelona.* [2]*Centre de Regulació Genòmica, Barcelona.* [3]*Georgia Institute of Technology, Atlanta, Estados Unidos.*

En las especies del género *Drosophila* existe una gran cantidad de inversiones cromosómicas con demostrado valor adaptativo, sin embargo aún no están claros los mecanismos moleculares responsables de sus efectos selectivos. La hipótesis de la coadaptación, tradicionalmente considerada la más plausible, propone que se mantienen unidas combinaciones favorables de alelos dentro del fragmento invertido. Por otra parte, según la hipótesis del efecto de posición los puntos de rotura podrían afectar la función o la expresión de genes próximos. En este trabajo hemos estudiado el caso de la inversión *2j* de *D. buzzatii,* que se mantiene en las poblaciones naturales como un polimorfismo equilibrado con la ordenación *2st* (sin la inversión) en que los individuos *2j* presentan un tamaño corporal más grande pero también tienen un tiempo de desarrollo más largo que los *2st*. A 12 bp del punto de rotura proximal de la inversión se ha encontrado el gen de función desconocida *CG13617,* que presenta un nivel de expresión cinco veces menor en los embriones de las líneas con la inversión *2j* respecto a las líneas *2st*. Este silenciamiento parece ser debido a la presencia de un RNA *antisense* generado en un elemento móvil insertado en el punto de rotura de la inversión y que sólo se encuentra en las líneas *2j*. Con el objetivo de investigar las posibles consecuencias del cambio en la expresión del gen *CG13617*, se ha utilizado la técnica de RNA interferencia para reproducir este silenciamiento en *D. melanogaster*. Mediante experimentos de *microarrays* y RT-PCR cuantitativa se ha determinado que hay un exceso significativo de genes implicados en la replicación del DNA que reducen su nivel de expresión al silenciar el gen *CG13617*. Dada la relación entre replicación del DNA y ciclo celular, estos resultados sugieren que este gen podría intervenir en la regulación de este proceso y que el efecto de posición en el gen *CG13617* podría estar implicado en el efecto adaptativo de la inversión *2j*.

Evolución en islas: el modelo de *Conus* en Cabo Verde

Regina L. Cunha[1,2], Rita Castilho[2], Manuel J. Tenorio[3], Carlos M. Afonso[2], Lukas Rüber[4], y **Rafael Zardoya**[1*]

[1] *Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva; Museo Nacional de Ciencias Naturales; 28006 Madrid, España.*

[2] *CCMAR; Campus Gambelas-Universidade do Algarve; 8005-139, Faro, Portugal.*

[3] *Facultad de Ciencias; Universidad de Cádiz; 11510 Puerto Real, Cádiz, España.*

[4] *Department of Zoology; The Natural History Museum; Cromwell Rd; London SW7 5BD, UK*.

Los archipiélagos oceánicos son un excelente modelo para los estudios evolutivos. La mayoría de trabajos sobre especiación insular están basados en especies terrestres pero apenas existen sistemas modelo para especies marinas. El gastrópodo marino venenoso *Conus* ha sufrido una espectacular diversificación en las Islas de Cabo Verde, donde hay descritas 49 especies endémicas. En este estudio hemos secuenciado fragmentos de los genes mitocondriales *cyt b*, *rrnL* y *rrnS*, así como un fragmento de un gen nuclear de la familia de las megalinas para reconstruir las relaciones filogenéticas de los *Conus* de Cabo Verde. Los resultados indican la existencia de dos colonizaciones independientes del archipiélago por parte de estos gastrópodos. En un primer intento, llegó a las islas el ancestro de los *Conus* con conchas de tamaño pequeño hace 16 millones de años. En una segunda colonización llego el ancestro de los *Conus* de concha grande hace 4 millones de años. Debido a su reciente colonización, los *Conus* de concha grande aún están especiando y forman un complejo de especies, en el que la diagnosis de las especies está basada en los patrones de bandas de las conchas, un carácter fenotípico con alta variabilidad intraespecífica. Hemos estudiado la filogeografía de este complejo con los genes mitocondriales *cox1* y *nad4* y hemos realizado estudios de morfometría geométrica de la rádula y de la concha con el fin de establecer hasta que punto son validas las especies descritas en el complejo. La especiación y diversificación de los *Conus* tanto de concha grande como pequeña sigue modelos alopátricos comunes (aunque separados 12 millones de años en el tiempo) en los que tiene un papel relevante la perdida de capacidad dispersiva debida a la transición de larvas de tipo planctónico a tipo lecitotrófico y los cambios en el nivel del mar debido a las glaciaciones.

Los canarios (Serinus spp) y los jilgueros (Carduelis spp) muestran filogenias conjuntas y con politomias.

Antonio Arnaiz-Villena, Valentin Ruiz-del-Valle, Ernesto Lowy, Juan Moscoso ,Jorge Zamora, Ignacio Serrano-Vela
Dept Inmunologia,Facultad de Medicina,Hospitales 12 de Octubre y Clinico San Carlos,Universidad Complutense,Madrid. E-mail:aarnaiz@med.ucm.es

Los canarios y jilgueros parecen constituir un grupo filogenético separado de otras radiaciones de la tribu Carduelini. Este estudio analiza conjuntamente por primera vez las relaciones filogenéticas de canarios y jilgueros, y otros, y en especial el verderón serrano (*Serinus citrinella*), incluido por diferentes autores alternativamente dentro de uno u otro género. Además, dos nuevas especies: *Serinus totta* y *Serinus syriacus* han sido secuenciadas para su ADN y estudiadas por primera vez.

Se han utilizado especies de canarios y jilgueros-luganos de África, Europa, Asia y América.Además, se analizaron ejemplares de verderón serrano isleños (Córcega y Cerdeña) y continentales (Madrid, Alpes y Pirineos).

Se secuenció el gen del citocromo b mitocondrial . Se construyeron árboles filogenéticos de parsimonia y de distancias genéticas. Se hicieron también pruebas de inclusión forzada del verderón serrano para comprobar su inclusión o dentro del género *Carduelis* o del *Serinus*.

Los canarios y jilgueros pueden o no ser diferentes radiaciones genéticas con patrones evolutivos diferentes. Sin embargo, se confirma que los canarios son los parientes de la familia Fringillidae más cercanos a los jilgueros, ya que los jilgueros y los canarios se han analizado también conjuntamente en los mismos dendrogramas con las subfamilias de Fringillidae: Peucedramine, Emberizinae y Fringillinae (tribus Carduelini, Fringillini y Drepanidini), como se especifica en la Tabla 1. Además, cada uno de estos dos grupos contiene subgrupos monofiléticos y no monofiléticos débilmente soportados. El verderón serrano está definitivamente incluido dentro del género *Carduelis*. Esto está apoyado por análisis filogenéticos cladísiticos así como de distancias genéticas y ya fue propuesto por Bernis en 1954 basado en estudios fenotípicos. Los individuos de las islas parecen ser más antiguos que los continentales. Los piquituertos (género *Loxia*) están incluidos igualmente en el género *Carduelis*. *Serinus totta* parece estar incluido en el grupo de pequeños canarios africanos y *Serinus syriacus* se agrupa junto con *Serinus pusillus* y *Serinus alario*. La monofilia de *Carduelis* y *Serinus* no se puede descartar debido a que los nodos de los árboles filogenéticos están soportados de forma ambigua.

Metodología y fuentes de artefactos en reconstrucción filogenética: algunos ejemplos

Jose Castresana, Víctor Soria-Carrasco y Gerard Talavera
Departamento de Fisiología y Biodiversidad Molecular. Instituto de Biología Molecular de Barcelona, CSIC

La reconstrucción de árboles filogenéticos requiere tener en cuenta los numerosos artefactos en los que se puede incurrir. En las filogenias divergentes se debe considerar, además, la calidad de los alineamientos, que puede ser tan importante como la calidad de los métodos de reconstrucción filogenética para obtener un buen árbol. Recientemente hemos analizado, por medio de simulaciones, cuáles son los mejores tipos de alineamientos y el mejor tratamiento de dichos alineamientos (con parámetros de selección de posiciones más o menos fuertes) para obtener los árboles filogenéticos más aproximados al árbol real. Estos resultados nos han permitido elaborar un protocolo con los programas y parámetros óptimos, que puede ser de gran utilidad a la hora de abordar filogenias divergentes. Otro proyecto reciente en esta misma línea ha consistido en estimar las discrepancias filogenéticas que ocurren en los tres dominios de la vida -arqueas, bacterias y eucariotas-, bien por errores de reconstrucción filogenética o bien por fenómenos de transferencia genética horizontal. Aunque se esperaban mayores discrepancias en procariotas debido a la transferencia genética horizontal, el resultado ha sido inesperado, puesto que el nivel de errores fue muy parecido en eucariotas y procariotas cuando se controla la dificultad del árbol. Esto indicaría que la transferencia genética horizontal es muy escasa entre linajes distantes, en contra de la opinión que actualmente se está haciendo mayoritaria

High throughput sequencing with the Genome Sequence 20 System- the fast technlogy for whole genome sequencing, transcriptome and gene regulation studies, and amplicom analysis.

Vera Nieswandt
Marketing Manager, Roche Diagnostics

Para más información :

http://www.roche-applied-science.com
https://www.roche-applied-science.com/sis/sequencing/genome/announce.htm

Revolutionize Whole Genome Sequencing and Assembly

The **Genome Sequencer 20 System** uses a revolutionary technology, producing more than 20 million raw bases per 5.5-hour run on a single instrument. The software included with the Genome Sequencer 20 System enables mapping or *de novo* assembly for whole genome shotgun sequencing of genomes up to 50 megabases. Many biologically meaningful and complex regions of genomes can be analyzed with this system without the time or cost constraints of current DNA-sequencing methods. The Genome Sequencer 20 System provides an enabling solution for ultra-high-throughput DNA sequencing. In the future, sequencing of complete eukaryotic genomes or high-throughput re-sequencing of human genes within the framework of drug targeting will be possible.

Perform rapid, efficient amplification and sequencing in picoliter format with massive parallelization

ZOOSYSEVO: Una visión filogenética de la sistemática, biogeografía y evolución de la diversidad animal

M. A. Arnedo, S. Carranza, J. Pujade-Villar, C. Ribera, V. Batista, L. Bidegaray-Batista, Cristina Cabrera, S. de la Cruz, M. Jiménez, N. Macías-Hernández, N. Lòpez-Mercader, A. López-Pancorbo, M. Loukota, J. Paretas-Martínez, J. L. Roca & N. Txasko
Departament de Biología Animal, Universitat de Barcelona, Av. Diagonal 645, 08028 Barcelona

El ZOOSYSEVO (http://www.zoosysevo.net) es un grupo de investigación de reciente creación financiado por la Generalitat de Catalunya cuyo principal objetivo es el de dilucidar los patrones y factores responsables de la generación de la extraordinaria biodiversidad que nos rodea. Los principales intereses del grupo incluyen la sistemática, biogeografía y evolución de diferentes linajes zoológicos, con principal atención puesta en artrópodos, anfibios y reptiles. El principio unificador de las actividades del grupo es la utilización de herramientas filogenéticas para acometer el estudio de diferentes aspectos del proceso evolutivo. Las principales líneas de investigación incluyen revisiones taxonómicas y filogenias, biogeografía de la cuenca Mediterránea y utilización de modelos insulares para el estudio de la evolución. En la presente comunicación se presentarán algunos de los estudios en curso, a título de ejemplo de los esfuerzos realizados para conseguir un mejor conocimiento de los procesos que moldean la biodiversidad en aras de un manejo más eficiente y un desarrollo más sostenible.

Topological diversity in phylogenies: microevolution vs macroevolution

E. Alejandro Herrada, Claudio J. Tessone, Víctor M. Eguíluz, Emilio Hernández-García and Carlos M. Duarte
Institut Mediterrani d'Estudis Avançats (IMEDEA, CSIC-UIB). E-07122 Palma de Mallorca, Spain.

One of the greatest problems that we find nowadays in ecology and evolutionary biology is the explanation of the biological diversity on Earth. A comprehensive analysis of the shape of the phylogenetic trees provides a snapshot of the diversification patterns and the different (macro- and micro-) evolutionary events that take place during the evolution of organisms. One approach to perform this analysis is the statistical characterization of the topological properties of phylogenetic trees. In this direction, with the aim of characterizing evolutionary patterns, we perform concepts derived from allometric scaling (how branching properties change with the number of species).
In order to carry out the allometric analysis at a macro- and a micro-evolutionary level, we have analyzed different phylogenetic trees of organisms of each of the five kingdoms (Monera, Protista, Fungi, Plantae and Animalia) from several biogeographical analyses (intra- and inter-specific analyses), as well as the phylogenetic trees obtained from the phylogenetic trees database TreeBASE (http://www.Treebase.org). The analysis of the branching properties of phylogenetic trees, at micro- and macro-evolutionary level, reveal similar scaling properties, suggesting common evolutionary processes acting at different scales.

Molecular systematics of *Drosophila americana* and *D. novamexicana*: the influence of chromosomal rearrangements in phylogenetic reconstruction

R. Morales-Hojas, C. P. Vieira and J. Vieira
Laboratório de Evolução Molecular, Instituto de Biologia Molecular e Celular (IBMC), Rua de Campo Alegre 823, Porto 4150-180, Portugal

Drosophila americana and *D. novamexicana* are two closely related taxa that belong to the *D. virilis* group of species. *D. americana* is further subdivided into two according to the presence (*D. a. americana*) or absence (*D. a. texana*) of an *X/4* fusion. This *X/4* fusion is likely maintained by selection being frequent in the North of the distribution and rare in the South. *D. americana* and *D. novamexicana* represent a classic example of the difficulty of species delimitation and they are still subject of taxonomic debate. This is a question of importance since *D. americana* has been used in population genetics studies as a species model. We present a phylogenetic analysis of 12 nuclear gene fragments that resolve the specific status of *D. novamexicana*. When enough data is included in the phylogenetic analyses, they show reciprocal monophyly. Furthermore, population genetics statistics show that there is significant genetic differentiation between the two species. No genetic differentiation was detected between the two chromosomal forms of *D. americana* at most genes. Reciprocal monophyly of the *D. americana* chromosomal forms and significant differentiation between them was only detected in those genes near an inversion linked to the *X/4* fusion. Results are also discussed in view of the chromosomal rearrangements that are present in the three taxa.

Análisis poblacional en especies animales de interés económico: perdiz roja, ganado caprino y ganado ovino.

M.V. Arruga[1]; C.B. García[1]; M. Herrera[2]; L.V. Monteagudo[1]; I. Sierra[1] & **M. T. Tejedor[1].**
[1] *Universidad de Zaragoza, Facultad de Veterinaria, 50.013 Zaragoza, España*.
[2] *Universidad de Córdoba, Facultad de Veterinaria, 14.071 Córdoba, España*.

Utilizando la isla de Mallorca como modelo de estudio, se analizaron los efectos de la introgresión y el retrocruzamiento repetido en perdiz roja española (*Alectoris rufa*). Se estudiaron 93 perdices rojas capturadas en Mallorca, cuyo aspecto era indiferenciable del de *A. rufa* en pureza, 31 perdices chukar de Chipre (*A. chukar*) y 33 perdices rojas (*A. rufa*) procedentes de una granja peninsular. La presencia de DNA mitocondrial chukar en 16 individuos mallorquines prueba la introgresión en su linaje materno de la especie *A. chukar*. El análisis factorial de correspondencias (FCA) basado en microsatélites diferenció claramente las perdices de Chipre, pero las aves de Mallorca y la granja peninsular mostraron una amplia área de solapamiento. Las perdices mallorquinas portadoras de mitocondrial chukar no ocupaban posiciones diferenciadas en la gran nube Mallorca-granja. La inferencia bayesiana basada en microsatélites sólo indicó para uno de los portadores de mitocondrial chukar un cierto grado de proximidad genética con *A. chukar*. Este trabajo fué financiado por CICYT-INIA (RZ-2004-00011-00-00) y la Iniciativa Comunitaria Europea LEADER Plus “Rural Mallorca”.

Se analizaron las relaciones filogenéticos entre 6 razas españolas de cabras de producción cárnica (Pirenaica, Moncaína, Azpi-Gorri, Blanca Celtibérica, Blanca Andaluza, Negra Serrana), con financiación del proyecto INIA-RZ01-010-C3-1. Los resultados del análisis UPGMA, basado en la secuencia de un fragmento de la región 1 hipervariable mitocondrial (HVR1), revelaron una débil estructura filogeográfica en las razas de la Península Ibérica, que podría reflejar la inexistencia de aislamiento racial debido a la transhumancia. Asimismo, se demostró por primera vez la presencia en España del linaje maternal caprino C, al que pertenecen 3 de los animales estudiados.

Se estudiaron diversos marcadores microsatélites para caracterizar genéticamente la raza ovina Lojeña (autóctona de Granada). Los valores observados de heterocigosidad en dos explotaciones distintas fueron 0,746 (e.e.=0,115) y 0,639 (e.e.=0,120), respectivamente. La probabilidad global de exclusión de paternidad, conocido un progenitor, fué de 0,919 y de 0,985 con dos progenitores conocidos. Se detectó la existencia de una débil diferenciación genética entre explotaciones (F_{ST}=0,046, p<0,01) y en una de ellas los machos presentaron un muy elevado valor de F_{IS} (0,260, p<0,01).

Aproximación al equilibrio mutación-selección-deriva en poblaciones de laboratorio de *Drosophila melanogaster*

Aurora García-Dorado, Victoria ávila, Enrique Sánchez-Molano, Antonio Manrique, Carlos López-Fanjul.
Universidad Complutense, Facultad de Biología, departamento de Genética, Madrid

El proceso de aproximación al equilibrio mutación-selección-deriva en poblaciones de censo moderado es importante desde el punto de vista evolutivo y puede ser crítico para la conservación de recursos biológicos. Hemos analizado este proceso en dos poblaciones de *Drosophila melanogaster* (C1 y C2) prácticamente homocigóticas en su origen y que fueron mantenidas a continuación durante 431 o 165 generaciones, respectivamente, con un censo efectivo del orden de 500 en ambos casos (estimado por complementación de letales). En paralelo, se mantuvieron dos conjuntos compuestos por 200/150 líneas de acumulación de mutaciones (MA), cada una de ellas perpetuada mediante una pareja de padres por generación. C1 y MA1 se derivaron de una población base isogénica en todos sus loci y C2 y MA2 se originaron a partir de una línea MA1 tras 265 generaciones de apareamientos hermano x hermana. Los datos muestran que la tasa de mutación en C2 y MA2 fue 2,5 veces mayor que en C1 y MA1, tanto para viabilidad como para el número de quetas abdominales y esternopleurales, y que al final del experimento ambas poblaciones estaban próximas al equilibrio mutación-selección-deriva para los caracteres mencionados. La viabilidad promedio de la población C1 fue solo ligeramente superior a la de C2, indicando que el lastre expresado en nuestras poblaciones por la segregación de mutaciones deletéreas fue pequeño. Sin embargo, el lastre oculto en forma de tasa de depresión consanguínea para viabilidad alcanzó alrededor del 30% del comúnmente estimado en poblaciones naturales en el caso de la población C1, siendo en C2 alrededor del triple. Por otra parte, la varianza genética del número de quetas regenerada al final del experimento en las poblaciones C1 y C2 resultó ser sólo moderadamente inferior al valor promedio observado en poblaciones naturales, lo cual implica que nuestras poblaciones han acumulado un potencial adaptativo considerable. Los resultados sugieren que dicha varianza genética se debe fundamentalmente a la segregación de mutaciones con efectos deletéreos del orden de 10^{-3}, que podrían atribuirse a selección estabilizadora causal relativamente débil sobre quetas ($V_s \approx 30$).

Evolución molecular del gen *Sex-lethal*

M. Fernanda Ruiz, Francesca Sarno, Germán Rivas y Lucas Sánchez
Centro de Investigaciones Biológicas (CSIC), Ramiro de Maeztu 9, 28040 Madrid

El gen *Sex-lethal (Sxl)* de los ciáridos produce un único transcrito que codifica para una única proteína presente en ambos sexos, por lo que este gen no juega en los ciáridos (Orden Diptera, Suborden Nematocera) el papel clave regulador que su homólogo juega en el control de la determinación sexual en los drosophilidos (Orden Diptera, Suborden Brachycera).

El papel principal que el gen *Sxl* juega en la regulación del proceso de determinación sexual en *Drosophila* es posible gracias a las propiedades exhibidas por este gen: (i) *autorregulación positiva* (el requerimiento de la proteína Sxl en el procesamiento tipo hembra de su propio pre-ARNm); y (ii) *la existencia de un promotor temprano que responde específicamente a la señal X/A* y que determina la producción de proteína Sxl temprana, la cual impone el procesamiento tipo hembra del pre-ARNm de *Sxl* producido por funcionamiento del promotor constitutivo después del blastodermo y durante todo el desarrollo y la vida adulta.

Estamos interesados en analizar cuáles de estas propiedades podían estar ya presentes en el gen ancestral de *Sxl*, y cuáles son adquiridas durante el linaje evolutivo que dio lugar a los drosofilidos. Para ello, realizamos un conjunto de experimentos orientados a determinar qué cambios se han producido en el gen *Sxl* durante la evolución de los drosophilidos que han hecho que este gen adquiera la especificidad funcional de controlar la determinación sexual en estos insectos:

1) Secuenciación de las unidades completas de transcripción de *Sxl* en *Sciara ocellaris, Sciara coprophila, Rhynchosciara americana* y *Trichosia pubescens*.

2) Análisis de la capacidad de las proteínas Sxl de *Drosophila y de Sciara*, y de las proteínas quiméricas Drosophila-Sciara para unirse al ARN; y análisis funcional de estas proteínas para determinar su capacidad de regular el procesamiento del pre-ARNm de *Sxl* de *Drosophila*.

3) Análisis de selección de secuencias fijadas por la proteína Sxl de *Sciara*.

4) Secuenciación de la region promotora del gen *Sxl* de *Sciara ocellaris*.

Este trabajo está financiado con el proyecto BMC2002-02858 y BFU2005-03000 de la *D.G.I.C.Y.T*. concedido a Lucas Sánchez.

Genómica Comparativa y evolución humana. Aplicaciones evolutivas a problemas biomédicos

Hernán Dopazo
Centro de Investigación Príncipe Felipe, Valencia

Research Interest

My current interest is in the application of the evolutionary thought in biomedical research.
I'm interested in applying bioinformatics tools, phylogenetics analysis and comparative genomics methods in different areas of biomedicine, virus evolution, reproductive strategies and human evolution.
The main lines of research are related to:

- The action of natural selection (positive and negative) at molecular level occured during the evolution of the eukaryote genomes that currently are being part of specific genome projects. Here we are particularly interested in searching for the adaptive events, (recent or ancestral) that are relevant for drug discovery.
- Developing bioinformatics and evolutionary methods able to assess the effects of single nucleotide polymorphisms (SNPs) in the human genome. The main interest here is to know the phenotypic effects of such mutations on human disease genes.

Bioinformática de la diversidad nucleotídica: bases de datos y detección de la selección que actúa sobre las secuencias conservadas no codificadoras

Antonio Barbadilla, Sònia Casillas, Natalia Petit, Raquel Egea y Casey Bergman*
Departament de Genètica i Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra (Barcelona)
Faculty of Life Sciences, The University of Manchester, M13 PT Manchester, UK

Las secuencias nucleotídicas que se encuentran disponibles en bases de datos públicas pueden ya usarse para la descripción e interpretación de los patrones de diversidad nucleotídica en un amplio espectro de especies y genes. Sin embargo, los genéticos de poblaciones no disponen de una base de datos secundaria que suministre conjuntos de secuencias polimórficas con sus medidas asociadas de diversidad. Dicho recurso facilitaría notablemente los estudios de variabilidad nucleotídica a gran escala. Con el fin último de llevar a cabo un estudio multiespecie y multilocus de la diversidad nucleotídica, se ha abordado un proyecto con un doble objetivo: (1) crear una base de datos de libre acceso vía Web que permita consultar los valores de diversidad nucleotídica en distintas regiones funcionales para un amplio especto de genes y especies, y (2) tratar de contestar, con la información obtenida del recurso (1), varias de las preguntas actuales que se plantean los estudios de variación nucleotídica. Para el primer objetivo se ha creado PDA, un elaborado sistema bioinformático que automatiza el proceso de extracción de las secuencias haplotípicas de Genbank, y todos lo pasos que se requieren para la descripción fiable del polimorfismo y su representación a través de la Web. A partir de PDA se han creado DPDB y MamPol, dos bases de datos de diversidad nucleotídica para drosofila y mamíferos, respectivamente. Dentro del objetivo (2) se ha investigado el tipo de selección, si alguna, que actúa sobre las secuencias no codificadoras que están conservadas (CNS) en drosofila. En un primer estudio se han estudiado los patrones de covariación entre el polimorfismo no sinónimo (proteico) de cada gen y la cantidad de secuencia conservada no codificante en los intrones del gen. Los resultados favorecen la hipótesis que los intrones grandes contienen elementos reguladores que constriñen la evolución de los genes que lo contienen. En un segundo análisis se ha estudiado si las CNS de regiones intergénicas son debidas a selección o a un sesgo mutacional. Nuestros resultados demuestran claramente que las regiones CNS son mantenidas entre las especies por la acción de la selección purificadora contra mutaciones puntuales.

Comparación entre la variación genética neutral y adaptativa: aplicaciones en estudios evolutivos y de impacto ambiental

P. Conde-Padín, J. Piñeira, J. Guerra, H. Quesada, E. Rolán-Alvarez y **A. Caballero**

Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Fac. Biología, Universidad de Vigo

En los últimos años se ha puesto de manifiesto la utilidad de la comparación entre la variación genética poblacional de caracteres cuantitativos, potencialmente involucrados en procesos de adaptación, y caracteres moleculares neutrales, tanto desde un punto de vista evolutivo como de conservación de recursos genéticos. Por ejemplo, la comparación entre la magnitud de la diferenciación genética molecular y morfológica permite deducir la implicación de los caracteres morfológicos en procesos de adaptación. Además, la variación morfológica puede detectar algunos efectos producidos por cambios medioambientales que no son detectados mediante la variación molecular. Nuestro grupo ha llevado a cabo recientemente dos tipos de aplicaciones de esta metodología utilizando la especie de caracol marino *Littorina saxatilis*. Mediante técnicas de morfometría geométrica es posible identificar caracteres independientes del tamaño y forma de la concha con supuesta importancia adaptativa. Gracias a la naturaleza ovovivípara de *L. saxatilis*, por la que las hembras fecundadas portan embriones con concha desarrollada, es posible obtener estimas de heredabilidades y diferenciación genética para dichos componentes morfológicos. En la primera aplicación, se analizan las diferencias entre dos ecotipos de la especie que habitan niveles diferentes del intermareal en las costas de Galicia, y que se encuentran en un supuesto proceso de especiación simpátrica. En la segunda, se intenta averiguar el impacto genético producido por procesos de contaminación y vertidos accidentales en el medio marino sobre la variación genética de las poblaciones. En particular se estudian los efectos producidos por la contaminación en costas inglesas y gallegas, y por el petróleo vertido por el hundimiento del buque Prestige en las costas de Galicia.

Genómica aplicada para la mejora del cultivo de rodaballo

Paulino Martínez,B. Pardo, C. Fernández, M. Hermida, C. Bouza, J. Castro, A. Vázquez, L. Sánchez, P. Presa, M. Pérez, A. Llavona, A. Sanjuan, J. Raposo-Guillán, S. Comesaña, A. Carlos, S. Cabaleiro, A. Teijido, M. V. Ruiz de Ocenda, B. Justome, E. Lopez-Granda, JA Álvarez, A. Gómez, M. Calaza, R. Cal, F. Piferrer, A. Riaza

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

El rodaballo es una especie de enorme interés para la Acuicultura Europea. El grado de madurez de su producción industrial sugiere la aplicación de nuevas estrategias de mejora genética dirigidas al incremento de la tasa de crecimiento y la selección de stocks resistentes a patologías. Desde el año 2004 hemos comenzado la aplicación de estrategias genómicas como la construcción de un mapa genético para la búsqueda de asociación de caracteres de interés a marcadores y a través de la identificación de genes relacionados con resistencia a patologías mediante el desarrollo de un microarray de cDNA. Para la construcción del mapa genético se obtuvieron librerías enriquecidas en diferentes motivos cortos de repetición, se secuenciaron 6000 clones de las mismas, se construyó una herramienta bioinformática para la edición y análisis de secuencias, y se comprobó el polimorfismo en 1000 marcadores microsatélite. A partir de 300 de estos marcadores seleccionados, y utilizando tres familias de referencia: ginogenéticos haploides, diploides (localización de centrómeros) y F2 (frecuencias de recombinación vía macho y hembra), se construyó un mapa consenso utilizando los paquetes MAPMAKER y JOINMAP. Asimismo, hemos diseñado y construido un microarray de cDNA obtenido a partir de tres librerías de cDNA con énfasis especial en genes del sistema inmune. Se secuenciaron 9000 clones de una librería control y otras dos obtenidas a partir de inoculaciones a DL50 con *Aeromonas salmonicida* y *Philasterides dicentrarchi*, a partir de hígado, riñón y bazo. Se construyó una herramienta bioinformática para la edición, selección, clustering y búsqueda de homología y función en bases de datos públicas. Finalmente se seleccionaron 400 genes para su diseño en el que se han incluido tres réplicas por gen. Para la identificación de genes candidatos de resistencia a los patógenos seleccionados, se realizaron hibridaciones con mRNA obtenido a partir de pooles de individuos a distintos momentos del proceso infectivo, y a partir de los tres tejidos de referencia utilizados, hígado, riñón y bazo.

La epistasia se correlaciona con la complejidad genómica

Rafael Sanjuán y Santiago F. Elena
Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, UPV-CSIC

Conocer el signo y la intensidad de la epistasia a escala genómica es un importante reto en biología evolutiva. La epistasia contribuye significativamente a la variación en caracteres complejos e influye en la evolución del sexo, la diploidía, la dominancia, o en la tasa de acumulación de mutaciones deletéreas. Hemos recogido datos de organismos distintos y cuantificado la epistasia por generación con el fin de llevar a cabo comparaciones entre especies. Los genomas más simples, como los de virus de RNA, muestran epistasia predominantemente antagonista; en procariotas existe una tendencia débil hacia la epistasia antagonista; en eucariotas unicelulares las mutaciones actúan multiplicativamente en promedio; finalmente, en eucariotas multicelulares se observa una tendencia hacia la epistasia sinérgica. Proponemos un modelo en el que la epistasia antagonista es una propiedad de los genomas más compactos con alta pleiotropía, donde las distintas mutaciones tienen una probabilidad no despreciable de afectar a rutas metabólicas o funciones relacionadas. Por el contrario, en genomas más complejos, el sinergismo aparecería como reflejo de una mayor capacidad para amortiguar un número no excesivo de perturbaciones y por lo tanto, asociado a una mayor robustez mutacional.

ASISTENTES

Aguadé Porres, Montserrat
Departamento de Genética, Facultad de Biología
Universidad de Barcelona, Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:93 4021493
F:93 4110969
maguade@ub.edu

Abdelaziz Mohamed, Mohamed
Departamento de Genética, Facultad de Ciencias
Universidad de Granada, Campus Fuentenueva
17071 Granada
T:630210121
mabdelazizm@gmail.com

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

Alonso Alegre, Santos
Departamento de Genética, Antropología y Fisiología Animal
Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad del País Vasco.
Barrio Sarriena s/n 48940 Leioa (Vizcaya)
T:946013568
F:946013500
santos.alonso@ehu.es

Álvarez Ponce, David
Facultad de Biología. Universidad de Barcelona.
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:677745454
dalvarez@ub.edu

Álvarez, Mercedes
Centro de Investigaciones Biológicas
Ramiro de Maetzu 9, 28040 Madrid
T:918373112 Ext. 4321
F:915360432
mercedesag@cib.csic.es

Araúz Leones, Pedro A.
Departamento de Genética, Facultad de Biología
Universidad de Barcelona, Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:93 4035801
pedroargon@hotmail.com

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

Arnáiz Villena, Antonio
Facultad de Medicina, Universidad Complutense de Madrid.
Hospital Clínico 12 de octubre.
T:913941632
F:915274053
aarnaiz@med.ucm.es

Arnedo Lombarte, Miquel A.
Departamento de Biología Animal, Facultad de Biología,
Universidad de Barcelona. Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:934034808
F:934035740
marnedo@ub.edu

Ávila Regidor, Victoria
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad
Complutense de Madrid. José Antonio Novais, 2
28040 Madrid
T:913944840
F:913644844
vavila@bio.ucm.es

Balanyá Maymò, Joan
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de
Barcelona. Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T: 934035305
jbalanya@ub.edu

Barbadilla Prados, Antonio
Departamento de Genética y Microbiología. Facultad de
Biociencias. Campus UAB. 08193 Bellaterra (Barcelona)
T:935812730
F:935812387
antonio.barbadilla@uab.es

Batini, Chiara
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies
Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra
Dr. Aiguader, 80. 08003 Barcelona
T:935422839
F:935422802
chiara.batini@upf.edu

Berniell Lee, Gemma
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
T:93 5422840
F:93 5422802
gemma.berniell@upf.edu

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

Bidegaray-Batista, Leticia
Departamento de Biología Animal, Facultad de Biología,
Universidad de Barcelona. Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:934034808
F:934035740
letigaray@yahoo.com

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

Caballero Rúa, Armando
Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Facultad de
Ciencias, Universidad de Vigo.
Campus Lagoas-Marcosende; 36200 Vigo (Pontevedra)
T:986 812568
F:986 813828
armando@uvigo.es

Cáceres Aguilar, Mario
Centre de Regulació Genòmica. Passeig Marítim 37-49.
08003 Barcelona
T:932240900 Ext. 6067
F:932240899
mario.caceres@crg.es

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

Calvete Torres, Oriol
Universitat Autònoma de BarcelonaEdificio C. Campus Universitario
de Bellaterra, 08293 Bellaterra (Barcelona)
T:935812729
F:935812387
oriol.calvete@uab.es

Carranza Gil-Dolz, Salvador
Departamento de Biología Animal, Facultad de Biología,
Universidad deBarcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T: 934021437
F:934035740
scarranza@ub.edu

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

Casillas Viladerrams, Sònia
Departamento de Genética y Microbiología. Facultad de Biociencias. Campus UAB. 08193 Bellaterra (Barcelona)
T:935812730
F:935812387
sonia.casillas@uab.cat

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

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

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

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

Corral González, Merche
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
T:93 5422943
F:93 5422802
merche.corral@upf.edu

Coscollà Devís, Mireia
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad de Valencia.Polígono de La Coma, s/n; 46980 Paterna (Valencia)
T:963 543686
F:963 543670
mireia.coscolla@uv.es

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

Delprat Obeaga, Alejandra
Departamento de Genética y Microbiología. Facultad de Biociencias. Campus UAB. 08193 Bellaterra (Barcelona)
T:935812729
F:935812387
alejandra.delprat@uab.es

Díaz González, Julia María
Universidad de Oviedo. Facultad de Medicina. Dpto de Biología Funcional (Genética) C/ Juan Clavería s/n. 33071 Oviedo
T:985102719
F:985103534
juliamdg@hotmail.com

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

Dopazo, Hernán
Unidad de Farmacogenética y Genómica Comparativa. Departamento de Bioinformática. Centro de Investigación Príncipe Felipe. Avda Autopista del Saler, 16. 46013 Valencia
T:963289680 ext 1008
F:963289701
hdopazo@cipf.es

Egea Sánchez, Raquel
Universitat Autònoma de Barcelona
T:616752653
raquel.egea@uab.es

Esteban Torné, Esther
Facultat de Biologia-Universitat de Barcelona. Avda. Diagonal, 645. 08028 Barcelona
T:934021461
F:934935740
mesteban@ub.edu

Fernández Cebrián, Raquel
Universitat de Girona, Laboratori d\'Ictiologia Genètica (LIG) Campus de Montilivi s/n, E-17071 Girona
T: 972418168
F: 972418277
raquel.fernandez@udg.es

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

Fernando, Olga
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
93 5422840
93 5422802
olga.fernando@upf.edu

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

Fontdevila Vivanco, Antonio
Departamento de Genética y Microbiología, Facultad de Ciencias, Univ.Autónoma de Barcelona.Edificio C; 08193 Bellaterra (Barcelona)
T:93 5 811083
F: 93 5812726
antonio.fontdevila@uab.es

Garagnani, Paolo
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
T:93 5422840
F:93 5422802
paolo.garagnani@upf.edu

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

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

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

González Candelas, Fernando
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad de Valencia. Paterna (Valencia)
T:963 543653
F:963 543670
fernando.gonzalez@uv.es

González Jiménez, Elena Guacimara
Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC)
José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid
T:91 4111328 ext 1129
F:91 5645078
elenag@mncn.csic.es

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

Heras Mena, Sandra
Universitat de Girona
Campus Montilivi, s/n 17071 Girona
T:972 418168
F:972 418277
sandra.heras@udg.es

Herrada, E. Alejandro
IMEDEA (UIB-CSIC).Institut Mediterrani d´estudis avançats. 07122 Palma de Mallorca
T: 971 17 29 15
alejandro@imedea.uib.es

Laayouni, Hafid
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
T:93 5422840
F:93 5422802
hafid.laayouni@upf.edu

Lamelas Cabello, Araceli
Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad de Valencia.Polígono de La Coma, s/n; 46980 Paterna (Valencia)
T:963 543687
F:963 543670
araceli.lamelas@uv.es

Librado Sanz, Pablo
Universitat de Barcelona. Av. Diagonal, 645
T: 649226273
plibrado@ub.edu

López Bigas, Nuria
Universitat Pompeu Fabra. PRBB. C/ DR Aiguader 88. 08003 Barcelona
T:93 316 05 07
F:93 316 05 50
nuria.lopez@upf.edu

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

Lorente, Belén
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
T:93 5421462
F:93 5422802
mlorente@prbb.org

Loukota Lloreda, Mercé
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona. Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:93 4021446
F:93 4035740
merce_loukota@ub.edu

Lucas Lledó, José Ignacio
Universitat de València.Dept. Genètica. Campus Burjassot. C/ Doctor Moliner, 50. 46100-Burjassot (València).
T: 676 125 335
F: 963 543 029
j.ignacio.lucas@uv.es

Mark Kirkpatrick
University of Texas, Austin. USA
kirkp@mail.utexas.edu

Marqués Bonet, tomàs
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
T:93 5421462
F:93 5422802
tomas.marques@upf.edu

Martín, Iker
Centro de Investigaciones Biologicas. Ramiro de Maeztu 9, 28040 Madrid
T:918373112 Ext. 4321
F: 915360432
ikerm@cib.csic.es

Martínez Fernández, Mónica
Area Genética-Facultad de Biología-Univ.de Vigo. Campus Lagoas-Marcosende
T:986813827
F:986813828
monicamartinez@uvigo.es

Martínez Portela, Paulino
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Santiago de Compostela. Avda. Alfonso X El Sabio s/n27002 Lugo
982 254681
982 254681
paumarpo@lugo.usc.es

Martínez, Urko
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
T:93 5421462
F:93 5422802
urko.martinez@upf.edu

Marzo Llorca, Mar
Universitat Autònoma de Barcelona.Edificio C, Campus Universitario de Bellaterra. Bellaterra 08293
T: 935812729
F: 935812387
mar.marzo@uab.es

Melé Messeguer, Marta
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
T:93 5422947
F:93 5422802
marta.mele@upf.edu

Mendizábal Eceizabarrena, Isabel
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
T:93 5422943
F:93 5422802
isabel@mendizabal@upf.edu

Montiel Jiménez, Eugenia E.
Dpto. Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada. Avda. Fuentenueva s/n 18071. Granada
T: 635659473
emontiel@gmail.com

Morales Hojas, Ramiro
Instituto de Biologia Molecular e Celular
Rua do Campo Alegre, 823; 4150-180 Porto (Portugal)
T: 00351 968917762
rmhojas@ibmc.up.pt

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

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

Muñoz Pajares, Antonio Jesús
Universidad de Granada. Fac de Ciencias, Campus Fuentenueva, CP 18071. Granada.
T: 658 369216
ajesusmp@gmail.com

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

Oliveira Ribero, Ángela
Facultad de Biología. Universidad de Vigo. Campus Lagoa-Marcosende.
T:986813899
F:986813828
ribeiro.angela@gmail.com

Orengo Ferriz, Dorcas
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:93 4021632
F:93 4110969
dorcasorengo@ub.edu

Papaceit Vidal, Montserrat
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:93 4035305
mpapaceit@ub.edu

Pascual Berniola, Marta

Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T: 93 4024850
martapascual@ub.edu

Pegueroles Queralt, Cinta
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:93 4035801
cpegueroles@ub.edu

Peretó , Juli
Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva. Universitat de València. Apartado de correos 28085.
46071 Valencia
T:963543666
F:963544370
pereto@uv.es

Pérez Méndez, María Trinidad
Universidad de Oviedo
T:985102719
mtpmendez@yahoo.es

Pérez Serra, Alexandra
Universitat de Girona. Campus Montilivi, s/n; 17071 Girona
T:972418168
alexandra.perez@udg.es

Petit Marty, Natalia
Universitat Autònoma de Bellaterra. 08193 Bellaterra, Barcelona
T:935812730
natalia.petit@uab.es

Pires Carreira, Ines
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona. Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:645522430
ipires@ub.es

Prada Quiroga, Carlos Fernando
Universitat Autònoma de Barcelona
Edificio C, Campus Universitario de Bellaterra. Bellaterra 08293
T:935812729
F:935812387
carlosfernando.prada@campus.uab.es

Puerma Rodríguez, Eva Mª
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona. Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:617693044
e.puerma@ub.edu

Puig Font, Marta
Universitat Autònoma de Barcelona
Facultat de Ciències. Edifici C. Campus UAB. 08193 Bellaterra (Barcelona)
T:935812729
F:935812387
marta.puig@uab.es

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

Ramos-Onsins, Sebastián
Departamento de Genética. Facultad de Biología, Universidad de Barcelona. Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:934035304
sramosonsins@ub.edu

Riutort León, Marta
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona
Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:934035432
mriutort@ub.edu

Rozas Liras, Julio
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona. Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:934021495
F:934034420
jrozas@ub.edu

Ruiz Martín, Héctor
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona. Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:934035801
hruiz@onmiscellula.net

Ruiz Panadero, Alfredo
Departamento de Genética y Miicrobiología, Facultad de Ciencias. Universidad Autónoma de Barcelona.Edificio C
08193 Bellaterra (Barcelona)
T:935812729
F:935812387
alfredo.ruiz@uab.es

Ruiz, María Fernanda
Centro de Investigaciones Biologicas
Ramiro de Maeztu 9, 28040 Madrid
T: 918373112 Ext. 4321
F: 915360432
nandyrl@cib.csic.es

Sánchez Molano, Enrique
Departamento de Genética de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Complutense de Madrid
c/ José Antonio Novais, 2. Ciudad Universitaria. 28040 Madrid
T:91394 4844
F:91394 4844
e.sanchez.molano@gmail.com

Sánchez, Lucas
Centro de Investigaciones Biologicas
Ramiro de Maeztu 9 28040 Madrid
T:918373112 Ext. 4322
F:915360432
lsanchez@cib.csic.es

Sandoval Mendoza, Karla
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
T:935422840
F:935422802
karla.sandoval@upf.edu

Sanjuan Verdeguer, Rafael
Instituto de biologia molecular y celular de plantas, CSIC-UPV
Av. Los Naranjos s/n
T:963877895
rafsaver@ibmcp.upv.es

Sanz Llobera, Nuria
Fac. Ciències. Universitat de Girona. Campus Montilivi, s/n; 17071 Girona
T:972418168
nuria.sanz@udg.es

Sarno, Francesca
Centro de Investigaciones Biologicas
Ramiro de Maeztu 9, 28040 Madrid
T:918373112 Ext. 4321
F:915360432
francesca@cib.csic.es

Saura Álvarez, María
Facultad de Biología, Universidad de Vigo
Campus Lagoas-Marcosende
T:986813828
F:986813828
msaura@uvigo.es

Segarra Robert, Carmen
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona. Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:934021848
F:934034420
csegarra@ub.edu

Serra Camó, Luis
Departamento de Genética, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona.Diagonal, 645; 08028 Barcelona
T:934021499
F:934034420
lserra@ub.edu

Sikora, Martin
Unitat de Biologia Evolutiva, Departament de Ciéncies Experimentals i de la Salut, Universitat Pompeu Fabra
Dr. Aiguader, 80; 08003 Barcelona
T:935422840
F:935422802
martin.sikora@upf.edu

Solé, Ricard V.
ICREA-Complex Systems Lab.Universitat Pompeu Fabra.
Dr Aiguader 80. 08003 Barcelona
T:933160530
ricard.sole@upf.edu

Soria Carrasco, Víctor
Instituto de Biología Molecular de Barcelona, CSIC
Jordi Girona 18, 08034 Barcelona
T:934006100
vscagr@ibmb.csic.es

Talavera Mor, Gerard
Instituto de Biología Molecular de Barcelona, CSIC
Jordi Girona 18, 08034 Barcelona
T:934006100
gtmagr@ibmb.csic.es

Tejedor Hernandez, M. Teresa
Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza. Miguel Servet, 177. 50013 Zaragoza
T:976761542
F:976761662
ttejedor@unizar.es

Toro Ibañez, Miguel Ángel
Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria. Ctra. De la Coruña, Km 7,5; 28040 Madrid
T:913476807
F:913572293
toro@inia.es

Vilas Peteiro, Román
Facultad de Veterinaria, Departamento de Genética. Campus de Lugo. 27002 Lugo
T: 982254681
F: 982254681
vilasr@usc.es

Zardoya San Sebastián, Rafael
Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC).José Gutiérrez Abascal, 2. 28006 Madrid
T:914111328
F:915645078
rafaz@mncn.csic.es

NOTAS