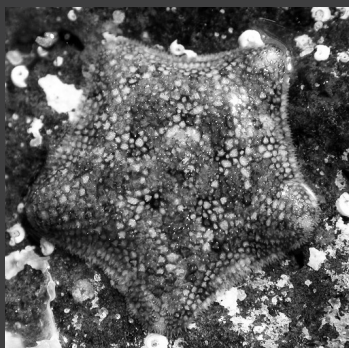


VI JORNADAS DEL DEPARTAMENTO DE BIODIVERSIDAD Y BIOLOGÍA EVOLUTIVA

20–21 NOVIEMBRE 2013



**Museo Nacional de
Ciencias Naturales, Madrid
(MNCN-CSIC)**

<http://www.beb-mncn.es/>

ÍNDICE

Programa.....	2
Listado de pósteres	3
Resúmenes – Charlas	4
Miércoles 20/11	4
Jueves 21/11	11
Resúmenes – Pósteres.....	17

Organización: Anna M. Addamo, Elena G. Gonzalez y Diego Llusia

Crédito fotos cartel,

Patricia Cabezas: *Asterina gibbosa*,

Iván Acevedo (Fauna Ibérica (<http://www.fauna-iberica.mncn.csic.es/>): *Felimare picta*,

Diego Llusia: *Alytes obstetricans*

MIÉRCOLES 20/11

10:15	Presentación
10:30	Luis Boto Transferencia génica horizontal en metazoos. Una revisión
10:50	Silvia Perea Filogenia, filogeografía y diversificación molecular del género <i>Squalius</i> Bonaparte, 1837 (Actinopterygii, Cyprinidae) en las cuencas orientales del Mediterráneo
11:10	Anna M. Addamo Variación genética, estructura poblacional y conservación del coral <i>Desmophyllum dianthus</i>
11:30	Pausa Café
12:00	Patricia Lattig Estructura poblacional de dos especies de poliquetos simbioses de cangrejos del Mediterráneo Occidental y Atlántico Oriental
12:20	Cristina Romero-Díaz Assessing climate effects on life history traits: Experimental studies on population dynamics of common lizards (<i>Zootoca vivipara</i>)
12:40	Marta Cobo Análisis molecular del género <i>Squalius</i> Bonaparte, 1837 (Acanthopterygii, Cyprinidae) revela la existencia de una especie críptica de peces de agua dulce en el sur de España
13:00	Pausa Comida
15:00	Sesión Póster
15:30	Borja Milá RADseq phylogenomic approach reveals the recent diversification history of a polymorphic songbird (<i>Zosterops borbonicus</i>) on the island of Reunion
15:50	Irene Cobo Sistemática molecular del género <i>Phoxinus</i> Rafinesque, 1820 (Actynopterygii: Cyprinidae) en la Península Ibérica
16:10	Melinda J. Hofmann Evolución del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC-IIb) de cíclidos de Nicaragua
16:30	Pausa Café
17:00	Víctor García Comparación del desarrollo ontogénico de cíclidos del complejo de Midas de las lagunas cratéricas nicaragüenses
17:20	Daniel Marquina Delimitación de especies en el género <i>Pseudoceros</i> : ¿es el patrón de coloración un carácter polimórfico o taxonómico?
17:40	Elena G. González Population proteomics in hake: finding molecular markers that matter

JUEVES 21/11

9:45	José Templado Tendencia futura de la biodiversidad marina en el Mediterráneo
10:30	Carolina Martín Grupo de investigación “Historia y documentación de las Ciencias Naturales”: quiénes somos y qué hacemos
10:50	Diushi K. Corona Santiago Evidencia de efecto fundador en la historia evolutiva de peces vivíparos endémicos de México en el periodo pre-hispánico: implicación filogeográfica, taxonómica y de conservación
11:10	Pausa Café
11:40	Oscar Soriano Cambio climático, recortes sociales e enfermedades erradicadas
12:00	Iván Acevedo El enigma del género <i>Asterina</i> en los mares de Europa
12:20	Pau M. Aleixandre Filogeografía del género <i>Junco</i> , comparando linajes antiguos con un episodio de diversificación fenotípica reciente
12:40	Sesión Póster
13:00	Pausa Comida
15:30	Noemí Guil Filogenias morfológicas y moleculares, concordancias y contradicciones dentro del filo Tardigrada
15:50	César Vilas Long-term ecological research of aquatic ecosystem at Guadalquivir estuary (1997-2014): community structure evolution and food web
16:10	Rafa Araujo Las náyades o almejas de río: una perspectiva desde el sur de Europa
16:30	Clausura y entrega del Premio Cabrera
COCKTAIL DE CLAUSURA	
*Se incluyen solo los nombres de los ponentes (el conjunto de autores de los trabajos aparece en el libro de resúmenes)	
SALÓN DE ACTOS MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES MADRID	

SESIONES DE PÓSTERES

1. **State of knowledge of the Acotylea (Polycladida, Platyhelminthes) from the Mediterranean coasts of Spain: new records and new species**
Daniel Marquina, María Teresa Aguado, Cristina Grande, Carolina Noreña
2. **Preliminary approach of the phylogenetic relationships of the order Polycladida (Platyhelmintha)**
María Teresa Aguado, Cristina Grande, Daniel Marquina, Carolina Noreña
3. **Molecular systematic of the genus *Phoxinus* Rafinesque, 1820 (Actynopterygii: Cyprinidae) in the Iberian Peninsula**
Irene Cobo-Simón, Ignacio Doadrio
4. **Molecular analysis of the genus *Squalius* Bonaparte, 1837 (Acanthopterygii, Cyprinidae) reveals the existence of a cryptic species of freshwater fishes in Southern Spain**
Marta Cobo-Simón, Silvia Perea, Ignacio Doadrio
5. **Phylogenetic signal of advertisement call in tropical hylids (*Smilisca* and *Triprrion*)**
Roberto García-Roa, Diego Llusia, David Buckley, Rafael Márquez
6. **Presencia de *Obama marmorata* (Schultz & Müller, 1857) SF Geoplaninae en la península Ibérica. Primer registro de este género para Europa**
Fernando Fernández, Domingo Lago, Lisandro Negrete, Francisco Brusa, Cristina Damborenea, Carolina Noreña
7. **Caracterización de especies de la familia Lottiidae en Bahía Málaga e Isla Gorgóna, Colombia**
Ana María Echeverry Ospina, Luz Ángela López de Mesa, Fanny Lorena González Zapata, Edgardo Londoño Cruz
8. **Phylogeny and phylogeography of the freshwater fish genus *Squalius* (Teleostei, Cyprinidae) in Balkan region**
Silvia Perea, Primoz Zupancic, Ignacio Doadrio
9. **Genetic diversity of the three-spine stickleback (*Gasterosteus aculeatus*, Linnaeus 1758) in Europe: evidence for a highly divergent evolutionary lineage in the Adriatic-Balkan region**
Silvia Perea, Ignacio Doadrio
10. **Changes on the Moroccan fish barbels (*Luciobarbus*, Cyprinidae) systematics through a molecular approach based on nuclear markers**
Miriam Casal, Ahmed Yahyoui, Lourdes Alcaraz, Ignacio Doadrio
11. **Estudio poblacional de *Gibula divaricata* (Gastropoda, Trochidae) y *Cladocora caespitosa* (Scleractinia, incertae sedis) en el Mar Mediterráneo y Mar Negro**
Violeta López-Márquez, José Templado y Annie Machordom
12. **Frog Calls of the World, the web-based reference checklist of FonoZoo.com**
Rafael Márquez, Diego Llusia, Almudena González, Ana Lozano

SALA EXPOSICIÓN AMAZONAS
MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES
MADRID

Miércoles 20-11-2013

TRANSFERENCIA GENICA HORIZONTAL EN METAZOOS. UNA REVISION

Luis Boto

La transferencia génica horizontal ha sido aceptada como un importante mecanismo modulando la evolución de procariotas y eucariotas unicelulares. Sin embargo, se piensa que juega un papel menor en la evolución de metazoos. En la presente comunicación presento evidencias recientes de la literatura que muestran que la transferencia horizontal también parece jugar un papel en la evolución de metazoos posibilitando la adquisición de nuevos rasgos. Ejemplos de genes posiblemente adquiridos por transferencia horizontal en esponjas, cnidarios, rotíferos, nematodos, moluscos y artrópodos son presentados

FILOGENIA, FILOGEOGRAFÍA Y DIVERSIFICACIÓN MOLECULAR DEL GÉNERO *SQUALIUS* BONAPARTE, 1837 (ACTINOPTERYGII, CYPRINIDAE) EN LAS CUENCAS ORIENTALES DEL MEDITERRÁNEO.

Silvia Perea e Ignacio Doadrio

Palabras clave: *Squalius*, filogenia, citocromo *b*, Mediterráneo oriental

El género *Squalius* constituye uno de los grupos de vertebrados más diversificado en la cuenca del Mediterráneo, con unas 50 especies de distribución euroasiática, la mayoría de ellas endémicas. Este género se divide en dos linajes: “Mediterráneo” y “Centroeupeo”, separados ambos desde el Mioceno Medio por la barrera biogeográfica que supuso la cordillera Alpina. Estos dos linajes han evolucionado de forma independiente originando toda la diversidad actual de especies del género. Por un lado, mitocondrialmente, el linaje “Mediterráneo” se divide a su vez en tres clados monofiléticos bien soportados y estructurados geográficamente: Ibérico, Italo-Adriático y Griego. La posición del clado *S. ghigii/irideus*, aunque emparentado con el linaje “Mediterráneo” es algo incierta por su bajo soporte filogenético. El linaje “Centroeupeo” se divide en cuatro grandes grupos evolutivos con alto soporte filogenético, pero no tan bien diferenciados geográficamente como en el caso del linaje “Mediterráneo”: un grupo del Levante Mediterráneo, un grupo Adriático-Jónico, y dos grupos en los que además de las especies de amplia distribución *S. cephalus* y *S. orientalis* también se incluyen, entre otras, especies de Grecia, Anatolia e Irán. Respecto a la datación de estos linajes, de acuerdo a un análisis de reloj molecular se identifican tres eventos cladogenéticos principales de forma común en todos los grupos: eventos miocénicos en los nodos más profundos de separación de grandes grupos genéticos dentro de los linajes “Mediterráneo” y “Euroasiático”, eventos pliocénicos de especiación que han dado lugar a las especies de *Squalius* actuales y eventos pleistocénicos de diversificación intraspecífica. De esta forma, las especies de *Squalius* han seguido un modelo de especiación alopátrica en las cuencas orientales del Mediterráneo acorde con la historia biogeográfica de la región.

VARIACIÓN GENÉTICA, ESTRUCTURA POBLACIONAL Y CONSERVACIÓN DEL CORAL *DESMOPHYLLUM DIANTHUS*

Anna M. Addamo, Vreni Häussermann, Karen J. Miller, Ricardo García Jiménez, Marco Taviani y Annie Machordom

Palabras clave: coral de profundidad, microsatélites, conservación

Desmophyllum dianthus: coral solitario, cosmopolita, de aguas profundas y especie de gran longevidad. Estas características, junto a su presencia única en el mundo en las aguas someras de los fiordos chilenos patagónicos y neozelandeses, hacen de esta especie un organismo modelo para el estudio poblacional de invertebrados bentónicos de ecosistemas de aguas frías. Además de los resultados obtenidos con estudios de caracteres morfológicos e histológicos del coral, por primera vez se presenta un estudio poblacional exhaustivo y global de un organismo de aguas profundas. Poblaciones de los océanos Pacífico y Atlántico y del mar Mediterráneo han sido analizadas a través de marcadores hipervariables y específicos para *D. dianthus*, desarrollados por los autores. El análisis de los 30 microsatélites puestos a punto muestra claramente el comportamiento de *Desmophyllum dianthus* como un sistema de metapoblaciones, en el que las poblaciones chilenas presentan características genéticas propias. La suma de las características de *Desmophyllum dianthus* en el área de los fiordos chilenos patagónicos aconseja medidas de conservación especiales.

ESTRUCTURA POBLACIONAL DE DOS ESPECIES DE POLIQUETOS SIMBIONTES DE CANGREJOS DEL MEDITERRÁNEO OCCIDENTAL Y ATLÁNTICO ORIENTAL

Patricia Lattig, Pere Abelló, Daniel Martin y Annie Machordom.

Palabras clave: gen mitocondrial Citocromo oxidasa (COI), barreras geográficas, flujo génico.

Los poliquetos simbioses de cangrejos, *Iphitime cuenoti* (Polychaeta: Iphitimidae) y *Ophryotrocha mediterranea* (Polychaeta: Dorvilleidae), se encuentran ampliamente distribuidos en el Mediterráneo Occidental. *Iphitime cuenoti* también se distribuye en el Atlántico Oriental y se ha encontrado dentro de las branquias de varias especies de cangrejos, entre ellas *Liocarcinus depudator* y *Macropipus tuberculatus*, con un amplio rango de profundidad (50-600 metros). Por el contrario, *O. mediterranea* sólo se ha registrado en el cangrejo *Geryon longipes*, el cual vive a partir de los 550 metros de profundidad. Con el fin de evaluar el efecto de los frentes oceanográficos Almería-Orán (AOF) y Canal de Ibiza (ICF) en la diversidad genética y estructura poblacional de *I. cuenoti* y *O. mediterranea*, se analizaron las secuencias de una porción del gen mitocondrial COI de 108 individuos de *I. cuenoti* recolectados a lo largo de toda la costa mediterránea y Golfo de Cádiz, y 74 individuos de *O. mediterranea*. Adicionalmente, se evaluó si la profundidad y la especificidad por hospedador ejercen algún efecto sobre la estructura poblacional de la especie *I. cuenoti*. Los resultados indican que en *I. cuenoti*, ni la profundidad, ni el hospedador parecen tener un efecto significativo sobre su estructura poblacional. Ni el Estrecho de Gibraltar, ni el frente oceanográfico del Canal de Ibiza ejercen de barrera genética sobre esta especie. El análisis de varianza molecular indica que el porcentaje de variación es muy bajo entre poblaciones (6.85%) mientras que la

variación se concentra dentro de cada población (93.15%). La divergencia genética estimada utilizando diferencias pareadas (F_{st}) entre poblaciones indica que existen diferencias significativas entre las poblaciones separadas por el frente oceanográfico AOF y Cádiz con respecto a las del Canal de Ibiza y Norte. Para *O. mediterranea*, ninguno de los dos frentes, Almería-Orán y Canal de Ibiza, actúan como barrera genética. Sin embargo, se encontraron dos linajes, aunque repartidos simpátricamente, que posiblemente puedan diferenciarse por su estrategia reproductiva, como sucede con otras especies del género, pero por ahora, ese dato se desconoce para esta especie.

ASSESSING CLIMATE EFFECTS ON LIFE HISTORY TRAITS: EXPERIMENTAL STUDIES ON POPULATION DYNAMICS OF COMMON LIZARDS (*ZOOTOCA VIVIPARA*)

C. Romero-Díaz, M. Peñalver-Alcázar, M. Breedveld & P.S. Fitze

Keywords: Climate, population dynamics, *Zootoca vivipara*

The common lizard (*Zootoca vivipara*) is a lacertid that inhabits peat bogs and moist heathlands across Eurasia. The species' biology determines its preference for hygrophilic and mesophilic habitats. Experimental evidence suggests that any suitable habitat must provide a sufficient level of humidity to fulfill the species' water requirements. Rough consensus of future scenarios in models of climatic change for the temperate region predict a) a raise in annual mean temperature accompanied by a proportional raise in evaporation, b) a drop in annual mean precipitation, and c) a general drop and redistribution of precipitation frequency towards extreme events (i.e. increased intensity), all of which can result in drier soils, leading to increased incidence of drought, especially during summer, a critical period for reproduction and juvenile recruitment. Under these premises, and over the last two years, I have monitored the progress of 12 populations of common lizards under semi-natural conditions, using a complex experimental system that has allowed me to manipulate environmental conditions to test the effects of climate (i.e. humidity) and adult male polymorphism on life history traits and sexual selection at both the individual and population levels. The aim of this project has been to analyze the possible consequences of the foreseen environmental changes in life history traits and, long term, on the evolution of population dynamics of natural populations of this vertebrate ectotherm, using experimental approaches. Here I present a summary of the work carried out, the different types of data obtained and the very early-preliminary findings on the effects of some of the experimental conditions on the most relevant traits of study.

ANÁLISIS MOLECULAR DEL GÉNERO *SQUALIUS* BONAPARTE, 1837 (ACANTHOPTERYGII, CYPRINIDAE) REVELA LA EXISTENCIA DE UNA ESPECIE CRÍPTICA DE PECES DE AGUA DULCE EN EL SUR DE ESPAÑA

Marta Cobo, Silvia Perea e Ignacio Doadrio

Palabras clave: Cyprinidae, agua dulce, especie críptica, *Squalius malacitanus*, Sur de España

La Península Ibérica se caracteriza, desde un punto de vista ictiológico, por un alto nº de endemismos (Machordom y Doadrio, 2001) como consecuencia, principalmente, de su

aislamiento geográfico durante la mayor parte del Cenozoico. La taxonomía de los peces de agua dulce españoles fue excluida en su mayor parte en el enorme estudio realizado por Lozano Rey (1935). Este estudio supuso un origen común entre la ictiofauna ibérica y la del resto de Europa y atribuyó las diferencias morfológicas a pequeñas variaciones locales. De este modo, las poblaciones españolas se clasificaron taxonómicamente como subespecies de las bien soportadas especies del norte y centro de Europa. Esta visión de los peces españoles de agua dulce ha cambiado a causa de la Sistemática Molecular. Gracias a ella ha sido posible encontrar una alta diversidad y diferentes orígenes de esta ictiofauna. El número de especies de peces continentales de agua dulce se ha ido incrementando desde 1980 y un ciprínido endémico, *Squalius malacitanus* (Doadrio y Carmona, 2006) ha sido descrito recientemente. Como consecuencia de un estudio filogeográfico de todas las poblaciones de *Squalius malacitanus* utilizando marcadores moleculares nucleares y mitocondriales, se encontraron dos grupos altamente diferenciados. Estos dos grupos presentan una divergencia mayor que otras especies españolas del mismo género y están distribuidos, uno en la vertiente atlántica del Estrecho de Gibraltar y el otro en la vertiente mediterránea. Por ello, se ha llevado a cabo un estudio molecular y morfométrico para caracterizar las poblaciones atlánticas y mediterráneas desde un punto de vista taxonómico.

RADSEQ PHYLOGENOMIC APPROACH REVEALS THE RECENT DIVERSIFICATION HISTORY OF A POLYMORPHIC SONGBIRD (*ZOSTEROPS BORBONICUS*) ON THE ISLAND OF REUNION

Borja Milá, Yann Bourgeois, Boris Delahaie, Josselin Cornuault, Joris Bertrand and Christophe Thébaud

Keywords: phylogeography, phylogenomics, gradients, SNP, ecomorphology, Mascarenes

Remote oceanic islands provide unique scenarios in which to study the factors involved in population divergence and speciation. The Mascarene gray white-eye (*Zosterops borbonicus*) shows a striking, geographically structured plumage polymorphism on the small yet topographically and ecologically complex island of Reunion. We use mtDNA, microsatellites, genome-wide SNP loci and morphometrics to investigate the evolutionary history of this unique radiation. A preliminary tree based on 20,000 SNP loci obtained by RAD (Restriction-site Associated DNA) sequencing, reveals that *Z. borbonicus* is divided into two main clades corresponding to ecologically different highlands and lowlands. In turn, the three lowland morphs (lowland brown, gray-headed brown, and gray-headed brown-naped) form reciprocally monophyletic clades. Phylogenetic analysis as well as pedigree analysis based on microsatellite data revealed that the sympatric gray and brown morphs in the highlands are due to a genetic polymorphism. In contrast, the brown birds from the western lowlands and the highlands represent two well differentiated yet cryptic morphs, with populations showing significant differentiation even if separated by only 10 km. Our genetic and morphometric results for Reunion show the early role of ecology in dividing populations into highland and lowland forms, and the existence of independent lineages in the lowlands suggests the existence of premating isolating barriers to reproduction, likely due to sexual selection on plumage traits. Despite being good flyers, our results indicate that dispersal in the gray white-eye is extremely limited and suggest the role of selection in restricting gene flow between incipient evolutionary lineages.

SISTEMÁTICA MOLECULAR DEL GÉNERO *PHOXINUS RAFINESQUE*, 1820 (ACTYNOPTERYGII: CYPRINIDAE) EN LA PENÍNSULA IBÉRICA

Irene Cobo-Simón & Ignacio Doadrio

Palabras clave: Cyprinidae, agua dulce, *Phoxinus bigerri*, Norte de España

El género *Phoxinus* ha sufrido numerosos cambios taxonómicos en los últimos años. Desde principios del siglo XX se ha aceptado que existía una sola especie en Europa, *Phoxinus phoxinus*. Una reciente revisión sistemática (Kottelat, 2007) basada en caracteres morfológicos, diferenció tres especies europeas dentro de este género: *P. bigerri* en las Cuenca del Adour (Francia) y del alto Ebro (España), *P. septimaniae* en Languedoc (Francia), y *P. strymonicus* en la Cuenca del Strymon (Grecia). Kottelat y Freyhof (2007) señalaron que la identificación de las poblaciones de Foxino Ibérico como *P. bigerri* era provisional, debido a que Kottelat (2007) no analizó ejemplares ibéricos. Sin embargo, en una reciente estandarización internacional de nombres comunes de endemismos de peces de agua dulce ibéricos, las poblaciones de Foxino Ibérico han sido renombradas como Foxino del Pirineo *P. bigerri* Kottelat, 2007 (Leunda et al. 2009). Esta especie es considerada endémica de las Cuencas del Adour (Suroeste de Francia) y Ebro (Noreste de España), así como de algunos pequeños ríos del Norte de España (Kottelat 2007; Kottelat y Freyhof 2007) formando un continuo en la Vertiente Cantábrica (Doadrio 2001). Un estudio reciente (Sánchez-Fernández et al., 2012) incluyó la Vertiente Atlántica de Galicia dentro de la distribución endémica de *P. bigerri*. De este modo, la sistemática del género *Phoxinus* en el Sur de Europa en general, y de la Península Ibérica en particular, está basada únicamente en caracteres morfológicos. No existen estudios moleculares previos que analicen estas poblaciones. El objetivo de este estudio es ofrecer información molecular para la mejor comprensión de la taxonomía de este género en la Península Ibérica.

EVOLUCIÓN DEL COMPLEJO MAYOR DE HISTOCOMPATIBILIDAD (MHC IIB) DE CÍCLIDOS DE NICARAGUA

Melinda J. Hofmann, Seraina E. Bracamonte, Christophe Eizaguirre & Marta Barluenga

Palabras clave: MHC IIB, Cíclidos, Especiación, polimorfismo entre especies (TPS)

El Complejo Mayor de Histocompatibilidad (MHC) es crucial en la respuesta del Sistema Inmune a parásitos del ambiente. El objetivo de mi trabajo es caracterizar la parte más variable de este complejo (la subunidad B) de las especies del complejo del Cíclido de Midas de varias lagunas cratéricas en Nicaragua. La diversidad de alelos de esta región es crucial para la capacidad de respuesta condiciones del ambiente. Para ello utilizando ADN genómico y ADN complementario (a partir de RNA) de 13 individuos he diseñado *primers* o cebadores específicos de esta región (5 obtenidos de la literatura y 14 generados específicamente para este estudio), y he amplificado y clonado los fragmentos obtenidos. He secuenciado un total de 1180 clones. El fragmento amplificado incluye los exones del 1 al 5, pero mi análisis se ha enfocado principalmente al exón 2 que es el más variable. Mis datos confirman que se da un fenómeno de polimorfismo entre especies ('transpecies polymorphism') en el Cíclido de Midas, que comparte alelos con especies filogenéticamente muy alejadas, separadas en la deriva continental de Gondwana. El

MHC es una herramienta importante para estudiar procesos de adaptación a nuevos ambientes, propuesto incluso como un mecanismo de especiación.

COMPARACIÓN DEL DESARROLLO ONTOGÉNICO DE CÍCLIDOS DEL COMPLEJO DE MIDAS DE LAS LAGUNAS CRATÉRICAS NICARAGÜENSES

Marta Barluenga y **Víctor García**

Palabras clave: cíclidos, morfometría geométrica, radiación adaptativa.

Los peces del grupo de los cíclidos son conocidos por sus espectaculares radiaciones adaptativas y su gran plasticidad fenotípica. Además han sido objeto de estudio en numerosas investigaciones sobre procesos de adaptación ecológica y de especiación. Las jóvenes lagunas cratéricas de Nicaragua, en América central, contienen grupos de cíclidos muy diversos. El complejo del cíclido de Midas está compuesto por un conjunto de especies de origen reciente que se han adaptado rápidamente a diferentes nichos ecológicos en estas lagunas. Estas especies difieren en su forma corporal, que refleja preferencias ecológicas alternativas. Con objeto de comparar cambios en la forma del cuerpo a lo largo del desarrollo entre varias especies simpátricas adaptadas a diferentes nichos ecológicos, he analizado la forma del cuerpo de individuos de especies de dos lagunas cratéricas (L. Apoyo y L. Xilohuacán), a lo largo del desarrollo ontogénico mediante morfometría geométrica. Se fotografiaron semanalmente durante diez meses varios especímenes de cada una de las especies criados en cautividad y se analizaron con técnicas de morfometría geométrica usando diez “landmarks” sobre el cuerpo del pez. La forma del cuerpo varía a lo largo del desarrollo ontogénico, y a medida que los peces crecen su forma cambia adoptando rasgos que favorecen el uso de los recursos que explotan los adultos de su especie.

DELIMITACIÓN DE ESPECIES EN EL GÉNERO *PSEUDOCEROS*: ¿ES EL PATRÓN DE COLORACIÓN UN CARÁCTER POLIMÓRFICO O TAXONÓMICO?

Daniel Marquina, Maria Teresa Aguado y Carolina Noreña

Palabras clave: *Pseudoceros*, coloración, COI.

¿Es el color un carácter determinante en la diferenciación taxonómica de especies en invertebrados? Por ejemplo, en el caso del género *Pseudoceros* (orden Polycladida, Platyhelminthes), debido a la gran homogeneidad anatómica interna a nivel de especie, la identificación se realiza casi exclusivamente en base a la morfología externa, como son los diferentes patrones de coloración. Debido a la extensa variedad de patrones encontrados en este género, y en otros similares, el número de especies crece rápidamente, pero presentan distribuciones muy locales. Este hecho supone, en cierta medida, que los patrones de color específicos reflejan procesos adaptativos limitados al sustrato o a las condiciones que los caracterizan, pero que pueden derivar en sucesos de especiación. El objetivo de este trabajo es determinar, mediante herramientas moleculares (COI y 16S), si existe correlación entre especie y patrón de coloración, o si, por el contrario, una misma especie puede mostrar diferentes patrones. De forma secundaria aparece el objetivo de establecer una metodología para solucionar el mismo problema cuando se presenta en otros géneros y familias del mismo orden (como como es el caso en los géneros *Pseudobiceros* o *Prostheceraeus* que presentan una problemática parecida al género *Pseudoceros*). La correcta delimitación de estas especies puede contribuir de

manera significativa a aclarar la sistemática y distribución del género, así como establecer una base para el estudio de los mecanismos de especiación que tienen lugar dentro de este/estos generos.

POPULATION PROTEOMICS IN HAKE: FINDING MOLECULAR MARKERS THAT MATTER

Elena G. González

Palabras clave: Protein expression, hake populations, environmental proteomics

Population proteomics is becoming a powerful tool enabling the study of the population structures and functional adaptations to environment from human settlement to animal natural populations. A proteome scan approach based on 2-dimensional fluorescence difference gel electrophoresis (DIGE) technology has been applied to generated thousands of protein markers that allow the identification of different hake (*Merluccius merluccius*) population. Based on quantitative differential analysis of hake populations several protein markers has been selected that reliably assigned individuals to the populations of origin. The results obtained exploring novel tools for traceability hold the promise to further advance our ability to identify the population of origin for individual fish. These new methods have the potential to complement, and in some cases, even supplement more established approaches, as they rapidly respond to the environment where the fish was living just prior to capture, and therefore provide information on geographic origin, etc.

RESÚMENES – CHARLAS

Jueves 21-11-2013

TENDENCIAS DE LA BIODIVERSIDAD MARINA MEDITERRÁNEA

José Templado

Esta presentación se centra en el análisis de la biodiversidad actual del mar Mediterráneo y de los cambios que se están produciendo a una escala temporal humana (décadas). Aunque la mayor parte de los cambios observados se atribuyen a la acción humana, para una correcta interpretación de los mismos es preciso tener también en cuenta los cambios naturales (cíclicos, episódicos o catastróficos). Se conocen relativamente bien los efectos directos que sobre la biodiversidad originan los principales impactos antropogénicos (fragmentación y pérdida de hábitats, sobrepesca y explotación de los recursos vivos, contaminación, introducción de especies foráneas y otros) de forma individualizada, a los que se añaden los efectos del "cambio global" (calentamiento y acidificación del océano), pero se desconoce cómo todo ello interacciona de forma sinérgica y superpuesto a los cambios naturales. Del análisis de todo lo anterior pueden extraerse una serie de predicciones sobre el futuro de la biodiversidad marina en el Mediterráneo. Por último, se apuntan algunas sugerencias para abordar el problema.

GRUPO DE INVESTIGACIÓN “HISTORIA Y DOCUMENTACIÓN DE LAS CIENCIAS NATURALES”: QUIÉNES SOMOS Y QUÉ HACEMOS

Isabel Izquierdo, **Carolina Martín** & José Enrique González

Palabras clave: Historia de la Ciencia, documentación, Museo Nacional de Ciencias Naturales Grupo de investigación “

La Historia de la Ciencia tiene como propósito estudiar el desarrollo de los conocimientos científicos y tecnológicos, así como su impacto sobre las sociedades humanas. El grupo de investigación del MNCN "Historia y documentación de las Ciencias Naturales" se centra en la documentación y el análisis de la historia de las Ciencias Naturales en España, considerando este un objetivo inexcusable en una institución como la nuestra, con tan dilatada y significativa trayectoria científica en esta ciencia en nuestro país y para la que ha sido centro y motor desde su creación en 1771. Nuestra investigación se dirige más concretamente al estudio de la Zoología, en especial la Entomología, a la propia historia del Museo Nacional de Ciencias Naturales y a los autores y personajes relacionados con esta institución. Como objetivo general del grupo se persigue profundizar en periodos, hechos, instituciones y personajes con un significado especial en el desarrollo de las ciencias de la Naturaleza en nuestro país; y paralelamente a ello, la recuperación de otros insuficientemente conocidos cuya relevancia y repercusión parece obligado valorar, contextualizar y dar a conocer. Teniendo en cuenta el marco institucional en que se lleva a cabo nuestra investigación, contemplamos entre nuestros fines más concretos el estudio y puesta en valor de los recursos patrimoniales del Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN), como son las colecciones científicas y los fondos documentales, así como la publicación y difusión de los mismos, sirviendo con ello a los fines de la historia. Se pretende por otra parte la evaluación de estos fondos

como herramienta científica para otras disciplinas y también la implementación y desarrollo de Sistemas de Gestión del Conocimiento dirigidos a facilitar estudios histórico-científicos y sociológicos.

EVIDENCIA DE EFECTO FUNDADOR EN LA HISTORIA EVOLUTIVA DE PECES VIVÍPAROS ENDÉMICOS DE MÉXICO EN EL PERIODO PRE-HISPÁNICO: IMPLICACIÓN FILOGEOGRÁFICA, TAXONÓMICA Y DE CONSERVACIÓN.

Diushi Keri Corona Santiago, Ignacio Doadrio & Omar Domínguez Domínguez

El impacto biológico de las culturas prehispánicas en México es poco conocido. Evidencia molecular ha proporcionado una excelente oportunidad para describir la historia evolutiva y la influencia de los efectos fundadores en la diversidad genética en los organismos. Las especies *Allotoca diazi*, *A. meeki* y *A. catarinae* distribuidas en cuencas independientes de importancia biológica y económica en México: Lago de Pátzcuaro, el lago Zirahuén y el río Cupatitzio, respectivamente. El complejo está estrechamente relacionado genética y morfológicamente y varias hipótesis han intentado explicar la conexión histórica y la desconexión de las cuencas en que se distribuyen, pero no con claridad. Se utilizó un marcador molecular de ADN mitocondrial y 7 microsatélites para describir la historia evolutiva del complejo. Implementamos modelos de nicho ecológico para predecir las posibles áreas de hábitat en el pasado y sus efectos en la historia demográfica. El complejo tiene nivel genético baja o nula diferenciación. La separación de *A. diazi* de *A. meeki* se produjo en los últimos 30.000 años por un proceso geológico. *Allotoca diazi* muestran una reducción significativa en el tamaño efectivo de la población y la diversidad genética atribuye a las recientes fluctuaciones climáticas y las actividades humanas. El aislamiento de *A. catarinae* se produjo en los últimos mil años, y es congruente con los asentamientos de la cultura P'urhépecha en la región y no a procesos geológicos. La respuesta de *A. diazi* y *A. meeki* a las fluctuaciones climáticas y las actividades humanas es indicativo de su vulnerabilidad y se debe tomar en cuenta para los programas de conservación. *Allotoca catarinae* representan el primer registro de especies de peces translocación de las culturas prehispánicas de México y la oportunidad de evaluar el impacto biológico. La información obtenida en esta investigación propone establecer considerar a los miembros del complejo como una única especie (*Allotoca diazi*) con 2 poblaciones naturales y una introducida.

CAMBIO CLIMÁTICO, RECORTES SOCIALES Y ENFERMEDADES ERRADICADAS

Óscar Soriano

Los artrópodos, y principalmente los insectos, conforman el grupo más diverso de seres vivos. Sus múltiples adaptaciones les ha permitido colonizar todos los ecosistemas del planeta y estar presentes en todas las redes tróficas. Muchos de ellos son parásitos o vectores de un gran número de enfermedades. En la actualidad los desequilibrios causados por el ser humano en los ecosistemas han permitido el desarrollo alarmante de poblaciones de diferentes especies que resultan un peligro para la agricultura, la ganadería y la salud humana. El control de esas poblaciones se hace necesario, al igual

que mantener sistemas de alerta temprana, que eviten los efectos de su invasión e implantación. Los efectos del cambio climático han inducido respuestas muy acusadas, como es el caso de algunas mariposas que han adelantado hasta siete semanas la emergencia de los adultos, teniendo estos cambios importantes consecuencias sobre sus plantas nutricias. De igual manera, otros insectos polinizadores se pueden ver afectados si se producen cambios en la floración de las especies a ellos asociadas. En el caso de los artrópodos parásitos o vectores de enfermedades, un ligero aumento de la temperatura ambiental puede cambiar su ciclo permitiendo que sus poblaciones aumenten exponencialmente y, como consecuencia, que la posibilidades de transmisión de una enfermedad aumente paralelamente, como sería el caso de la malaria. El efecto de ese ligero aumento de la temperatura también está facilitando la colonización y establecimiento de especies antes no registradas en determinadas zonas geográficas, como sería el caso del mosquito tigre. Su llegada a una determinada área no implica directamente una exposición a un posible microorganismo patógeno, ya que la inexistencia de reservorios tanto animales como humanos, y la vacunación, en muchos casos, y el diagnóstico y tratamiento precoz, hacen que no exista transmisión. Pero en la actualidad, las oleadas de inmigrantes afectados por estas enfermedades, y sobre todo los recortes sanitarios que impiden el tratamiento de estas personas, pueden llevarnos a una nueva situación, que nos expone a un buen número de enfermedades que habían sido erradicadas de nuestra geografía, y a otras nuevas que fácilmente podemos empezar a sufrir.

EL ENIGMA DEL GÉNERO ASTERINA EN LOS MARES DE EUROPA

Iván Acevedo, Violeta López-Márquez, José Templado y Annie Machordom

Palabras clave: Filogeografía, diversidad morfológica y genética

El género *Asterina* Nardo, 1834 cuenta con tres especies conocidas en el Atlántico nororiental y Mediterráneo: *Asterina gibbosa* (Pennant, 1777), *Asterina pancerii* (Gasco, 1870) y *Asterina phylactica* Emson y Crump, 1979. Dichas especies viven en fondos rocosos y en praderas de fanerógamas marinas, preferentemente en aguas someras, presentan actividad nocturna y carecen de una fase larvaria libre. Morfológicamente se diferencian por caracteres poco conspicuos relacionados con la disposición y forma de las placas de su endoesqueleto y pedicelarios. Otros caracteres, como la forma del individuo (más o menos pentagonal), el tamaño o el color son variables y se solapan entre las especies. Por otro lado, se han observado diferencias en detalles de su comportamiento, como el hecho de incubar o no sus puestas. La ausencia de una fase planctónica en su ciclo de vida presupone una capacidad de dispersión reducida, lo que supondría una marcada estructura genética en sus poblaciones. En el presente trabajo se aborda el estudio morfológico y genético de estas especies. Se han recolectado muestras en 97 localidades y un total de 1157 individuos, de los que se han seleccionado para el estudio genético 281 de ellos representativos de todas las localidades, especies, linajes y formas diferentes. Se ha analizado la variabilidad genética a través de la secuenciación de genes mitocondriales (ARNr 16S y COI) y nucleares (18S, H3, ANT, GPI, nueve microsatélites y seis fragmentos anónimos). La variación morfológica fue estudiada mediante lupa binocular y microscopio electrónico. El comportamiento reproductor (incubador / no incubador) se observó en acuarios. A la luz de la información obtenida se validan las tres especies descritas, se observan linajes dentro de las mismas, se sugiere la presencia de

especies crípticas y se proponen dos especies nuevas. Además se aportan nuevos datos sobre su distribución y abundancia y se aborda la revisión del género. Asimismo, la estructura filogeográfica observada hace pensar en un transporte pasivo mediante la intervención humana, posiblemente a través de la utilización de piedras de lastre en el transporte marítimo de épocas pasadas. Finalmente, se proponen medidas de conservación y gestión para este grupo de estrellas, basadas en el uso de herramientas moleculares y morfológicas.

FILOGEOGRAFÍA DEL GENERO JUNCO, COMPARANDO LINAJES ANTIGUOS CON UN EPISODIO DE DIVERSIFICACIÓN FENOTÍPICA RECIENTE.

Pau Mallol Aleixandre, Guillermo Friis y Borja Milá

Los linajes evolutivos jóvenes nos brindan la oportunidad de estudiar los mecanismos evolutivos subyacentes al proceso de especiación y estimar el peso relativo de la selección y la deriva como motores de divergencia. Los passeriformes del género *Junco*, distribuido a lo largo de toda Norteamérica, presentan tanto linajes recientes, originados tras el último máximo glacial, hace unos 10.000 años como linajes antiguos que han permanecido aislados durante centenares de miles de años en refugios montañosos de México y Centroamérica. Actualmente, el género está dividido en 3 especies: *Junco hyemalis*, el junco ojioscuro, se encuentra desde Canadá al sur de Estados Unidos y en la isla del pacífico mexicano de Guadalupe, y presenta siete morfos de coloración con una clara estructura geográfica; *Junco phaeonotus*, el junco ojilumbre, se distribuye por los sistemas montañosos desde el sur de Estados Unidos hasta los altos de Guatemala; y *Junco vulcani*, junco paramero, se encuentra en los volcanes de Costa Rica y Panamá. Esta es la primera filogenia molecular completa del género, basada en secuencias mitocondriales y nucleares, y sobre ella revisamos la divergencia en los caracteres fenotípicos clásicos en la taxonomía del grupo y establecemos una primera estimación temporal de los distintos puntos de divergencia dentro del género.

FILOGENIAS MORFOLÓGICAS Y MOLECULARES, CONCORDANCIAS Y CONTRADICCIONES DENTRO DEL FILO TARDIGRADA

Noemí Guil

Palabras clave: Filogenia, Molecular, Morfología, Tardigrada

Los tardígrados constituyen un filo de microeucariotas que comprende algo más de 1000 especies distribuidas por todo el Globo Terráqueo, desde los Polos al Ecuador, y desde los picos más altos hasta las fosas oceánicas, en todos los hábitats conocidos, a saber, terrestres, dulceacuícolas, marinos y aéreos. A pesar de ser un filo clave para el entendimiento de las relaciones filogenéticas dentro del superfilo Ecdysozoa (que incluye a los invertebrados que mudan la cutícula), y, probablemente, entre los metazoos (animales), su conocimiento es escaso, incluso en los aspectos más básicos (taxonómicos), y, especialmente, en sus relaciones filogenéticas internas, en todas las categorías taxonómicas. La importancia de estas filogenias, además de contribuir al entendimiento de la evolución de los tardígrados, en un ámbito más general, estriba en la

selección de la diversidad que luego será analizada en las filogenias más generales. En el caso de los tardígrados, la selección de la diversidad que luego será considerada en los análisis filogenéticos realizados entre los filos animales, posiblemente sea determinante a la hora de resolver las relaciones filogenéticas entre los ecdysozoos. Paradójicamente, en tardígrados la mayoría de las filogenias que se han realizado son moleculares, con alguna incursión esporádica a las filogenias morfológicas. En esta presentación veremos algunos ejemplos de las contradicciones y concordancias entre ambos tipos de filogenias, morfológicas y moleculares, con especial énfasis en la evolución de los géneros de la clase Eutardigrada. Recientemente ha sido publicada la primera filogenia morfológica entre los eutardígrados, descubriéndose una evolución homoplásica de las estructuras relacionadas con el aparato bucofaringeo (sistema de alimentación de los tardígrados), que compararemos con los últimos datos y filogenias moleculares en los que estamos trabajando.

LONG TERM ECOLOGICAL RESEARCH OF ACQUATIC ECOSYSTEM AT GUADALQUIVIR ESTUARY (1997-2014): COMMUNITY STRUCTURE EVOLUTION AND FOOD WEB.

Cesar Vilas, Baldó F, González-Ortegón E, Cuesta JA, Arias AM, Fernández-Delgado C, Sobrino I & Drake P

The Guadalquivir estuary and adjacent marine habitats make up the main nursery ground for young stages of marine species caught by the fleet of the Gulf of Cadiz. A long term ecological research program is developed monthly at the Guadalquivir since 1997 to date. Data show a well-mixed temperate estuary with a gradual horizontal change in salinity and a clear seasonal trend in water temperature. Originally estuarine marshlands covered an area of $\approx 136,000$ ha, but during the 20th century they were transformed for agricultural purposes or isolated from the river by sluice gates to retain freshwater into Doñana National Park. Now only the main channel functions as an estuary. Mysids and copepods are key taxa in the estuarine food web and the spatial/seasonal coincidence of their maximal density with that of their predators suggests food availability as a key factor in the estuarine nursery function. Inter- and intra-specific euryhalinity differences both in prey and predators seem to determine their spatial estuarine distributions: the less euryhaline species (marine recruits) tends to occur at physiologically more favourable salinities (lower osmotic stress and mortality risk); whereas most euryhaline species (estuarine species) occurred at ecologically more favourable salinities (lower inter-specific competition and predation). Likewise, inter-specific differences in spawning periods cause certain temporal segregation of those marine recruits that use the estuary. According to their estuarine distribution during the last decade, only the estuarine stretch situated seaward from the 5 isohaline position is really used as a nursery ground, and mainly during the warm period ($T > 15$ °C). Thus, the human management of the freshwater input to the estuary (at a 110 km upstream dam) modifies the nursery ground extent due to seaward/upstream displacements of the estuarine salinity gradient. During droughts, this freshwater control may also lead to a partial loss of the estuarine nursery function due to a decrease of prey availability linked to extremely high-turbidity events. New studies on the genetic structure of European anchovy *Engraulis encrasicolous* and food web biomarkers analysis (stable isotopes and fatty acids) are complementing this LTER program trying to quantify real contribution of the Guadalquivir estuary as nursery area to the Gulf of Cádiz populations.

LAS NÁYADES O ALMEJAS DE RÍO: UNA PERSPECTIVA DESDE EL SUR DE EUROPA

Rafa Araujo

Tras una breve introducción a las náyades (Mollusca: Bivalvia: Unionoida) para dar a conocer su apasionante historia natural, hablaré sobre los cambios que está sufriendo su taxonomía en Europa y el norte de África. Aunque el libro de Haas (1969) sigue siendo “la Biblia” para los estudiosos de las náyades, la descripción de nuevos caracteres, sobre todo moleculares, está siendo fundamental para resolver problemas taxonómicos y filogenéticos de este grupo de moluscos tan polimórfico. Por ejemplo, solamente en la Península Ibérica (Araujo et al, 2009) y Norte de África, se han redescrito recientemente las siguiente 7 especies (entre paréntesis los nombres utilizados por Haas): *Margaritifera marocana* (*M. Pseudunio auricularia marocana*), *Unio gibbus* (*U. pictorum delphinus*), *U. tumidiformis* (*U. crassus batavus*), *U. delphinus* (*U. pictorum mucidus* y *U. p. delphinus*), *U. mancus* (*U. elongatulus aleroni* y *U. e. valentinus*), *U. ravoisieri* (*U. elongatulus penchinatianus*, *U. e. durieui* y *U. p. ravoisieri*) y *U. durieui* (*U. elongatulus durieui*). Para terminar, hablaremos de los problemas de conservación de estos moluscos, uno de los grupos animales más amenazados del planeta, y de los principales proyectos de recuperación de náyades amenazadas que se están realizando en diferentes países.

RESÚMENES – PÓSTERES

STATE OF KNOWLEDGE OF THE ACOTYLEA (POLYCLADIDA, PLATYHELMINTHES) FROM THE MEDITERRANEAN COASTS OF SPAIN: NEW RECORDS AND NEW SPECIES.

Daniel Marquina, Maria Teresa Aguado, Cristina Grande & Carolina Noreña

Se asume que existe una gran diversidad de especies a lo largo de las costas mediterráneas, pero nuestro conocimiento de los policládidos ibéricos es muy limitado. Este estudio es una contribución al orden Polycladida (Platyhelminthes) de la Península Ibérica, en particular, de las costas mediterráneas. Nueve especies, principalmente especies nuevas o nuevas citas, son descritas. *Imogine stellae* sp. nov. del Mar Menor (Murcia) es descrita e *I. mediterranea* Galleni, 1976 citada por primera vez en España. Se revisa el género *Planocera* Balinville, 1828 en la cuenca mediterránea; *Planocera graffi* Lang, 1879 es redescrita y se sugiere su sinonimización con *Planocera pellucida* (Mertens, 1833). El género *Notoplanella* Bock, 1931 de Sudáfrica, está representado por *N. inarmata* (especie tipo) y *N. estelae* sp. nov., ambas encontradas en el Mar Menor. *Trigonoporus cephalophtalmus* Lang, 1884 es citado por primera vez desde su descubrimiento y, junto con *Stylochus pilidium* (Goette, 1881), son redescritos. *Stylochus neapolitanus* Lang, 1884 y *Leptoplana mediterranea* (Bock, 1913) son citadas por primera vez para la Península Ibérica.

PRELIMINARY APPROACH OF THE PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS OF THE ORDER POLYCLADIDA (PLATYHELMINTHA)

Maria Teresa Aguado, Cristina Grande, Daniel Marquina & Carolina Noreña

El orden Polycladida tiene más de 900 especies y se distribuye por todo el mundo. Este orden, descrito originalmente por Lang en 1881, tiene una clasificación controvertida con dos propuestas en conflicto (Prudhoe (1985) y Faubel (1983-1984)), lo que dificulta la determinación y el conocimiento acerca de la distribución de muchas especies. Este estudio sobre la filogenia del orden Polycladida tiene dos objetivos. Primero, conocer las relaciones entre los diferentes taxones dentro del orden, y segundo, proponer una nueva clasificación basada en análisis morfológicos y moleculares. El orden fue dividido por Lang en 1885 en dos subórdenes: Cotylea y Acotylea. Mientras que dos de las cuatro superfamilias de Cotylea propuestas por Faubel (1984) están bien representadas, las otras dos son monoespecíficas y dudosas. Por otra parte, en el suborden Acotylea podemos encontrar tres superfamilias bien representadas, pero con algunos géneros e incluso familias monoespecíficas, cuya determinación está basada únicamente en caracteres de la morfología externa, muy subjetivos desde el punto de vista taxonómico. El presente estudio trata de caracterizar las diferentes familias y géneros desde un punto de vista morfológico (interno y externo) y molecular (COI y 16S). Posteriormente, análisis de parentesco y distancia serán llevados a cabo para estudiar las relaciones y el grado de similitud. Estos resultados nos permitirán avalar o refutar las clasificaciones actuales y presentar una clasificación efectiva.

MOLECULAR SYSTEMATIC OF THE GENUS PHOXINUS RAFINESQUE, 1820 (ACTYNOPTERYGII: CYPRINIDAE) IN THE IBERIAN PENINSULA

Irene Cobo-Simón & Ignacio Doadrio

Keywords: Cyprinidae - fresh-water - Phoxinus bigerri - North-Spain

Genus *Phoxinus* has undergone numerous taxonomic changes in the last times. Since the early 20th century, it has been accepted that there is a single species in Europe, *Phoxinus phoxinus*. A current systematic revision (Kottelat, 2007) based on morphological characters which differentiate three European species within the genus: *P. bigerri* from Adour drainage, France and the upper Ebro drainage, Spain, *P. septimaniae* from Languedoc, France, and *P. strymonicus* from Strymon drainage, Greece. Kottelat and Freyhof (2007) warn that the identification of the Iberian minnow populations as *P. bigerri* is tentative, as Kottelat (2007) did not analyze samples from Iberia. However, in a recent international standardization of common names of Iberian endemic freshwater fishes, Iberian minnow populations have been renamed as Pyrenean minnow *P. bigerri* Kottelat, 2007 (Leunda et al. 2009). The species is considered to be endemic to the Adour (SW France) and Ebro (NE Spain) basins, as well as some small watersheds in North Spain (Kottelat 2007; Kottelat and Freyhof 2007) forming a continuum in its Northern distribution, in the cantabric slope (Doadrio 2001). A recent study (Sánchez- Fernández et al., 2012) include the atlantic slope of Galicia (Northeast of Spain) within the endemic distribution of *P. bigerri*. Thus, systematic of genus *Phoxinus* in South Europe in general, and in the Iberian Peninsula in particular, is based only on morphological characters. There are no previous molecular studies that analyze these populations. The aim of this study was to offer nuclear and mitochondrial molecular data to our better comprehension of the taxonomy of the genus *Phoxinus* in the Iberian Peninsula.

MOLECULAR ANALYSIS OF THE GENUS SQUALIUS BONAPARTE, 1837 (ACANTHOPTERYGII, CYPRINIDAE) REVEALS THE EXISTENCE OF A CRYPTIC SPECIES OF FRESHWATER FISHES IN SOUTHERN SPAIN

Marta Cobo-Simón, Silvia Perea & Ignacio Doadrio

The Iberian Peninsula is characterized from an ichthyological point of view for a high number endemisms (Machordom and Doadrio, 2001) as consequence, principally, of its geographical isolation during main part of the Cenozoic. The taxonomy of the Spanish freshwater fishes was mainly precluded for the monumental work of Lozano Rey (1935). This work considered the same origin to the Iberian and the rest of European fish fauna. Differences in morphology many times were assigned to small local variations and Spanish populations were assigned taxonomically to subspecies of well recognized central and north European species. This vision of Spanish freshwater fishes has changed because of Molecular Systematics, which found a high diversity and different origins to this fish fauna. The number species of fishes in the inland freshwater was increasing since 1980 and an endemic cyprinid *Squalius malacitanus* (Doadrio and Carmona, 2006) was currently described. As consequence of a phylogeographical approach to all populations of *Squalius malacitanus* using nuclear and mitochondrial molecular markers, we found two deep divergent groups. These two groups have higher divergences than other Spanish species of same genus (*Squalius pyrenaicus*) and are distributed one by the Atlantic scope of Gibraltar Strait and the other by the Mediterranean ones. We conducted a molecular and morphometric study of Atlantic and

Mediterranean populations to characterize the two populations since a taxonomic point of view. Key words: - Cyprinidae – freshwater – cryptic species- *Squalius malacitanus* – southern Spain.

PHYLOGENETIC SIGNAL OF ADVERTISEMENT CALL IN TROPICAL HYLIDS (SMILISCA AND TRIPRION)

Roberto García-Roa, Diego Llusia, David Buckley y Rafael Márquez

Advertisement calls are important in species recognition and reproduction in many animal taxa and, hence, sexual selection drives sound signals to be species-specific traits. However, the evolution of these sexual traits also likely reflects the evolutionary history of taxa. Here, we study the phylogenetic signal underlying advertisement calls in tropical hylids (*Smilisca* and *Triprion*), which may provide insights into the evolution of sound signals and the debated phylogenetic relationships of species within these genera. We generate a phylogenetic hypothesis based on datasets available from GenBank and the Animal Sound Library of MNCN (Fonozoo). We compare our results with previously published studies, discussing the utility of advertisement calls in phylogenetic reconstruction. Moreover, we reconstruct, on the proposed phylogeny, the ancestral character states of advertisement calls (i.e., temporal and spectral features), and we perform phylogenetic generalized least squares (PGLS) analyses to examine the evolutionary changes in the characters and their correspondence with the phylogenetic history of the group. We discuss the results of the phylogenetic and comparative study in reference to the historical scenarios for the diversification within the group and the current distribution of species to understand the different evolutionary processes shaping the evolution of sound signals in these tropical hylids.

PRESENCIA DE *OBAMA MARMORATA* (SCHULTZE & MÜLLER, 1857) SF GEOPLANINAE EN LA PENÍNSULA IBÉRICA. PRIMER REGISTRO DE ESTE GÉNERO PARA EUROPA.

Fernando Fernandez, Domingo Lago, Lisandro Negrete, Francisco Brusa, Cristina Damborenea y Carolina Noreña.

El genero *Obama*, como el resto de los géneros de la subfamilia Geoplaninae presenta una distribución neotropical. La mayoría de sus especies son brasileñas. Hasta la fecha, no existen registro de Geoplanines naturales fuera del continente Americano, y en su caso, siempre se trata de especies introducidas como es el caso de 1 ejemplar de *Paraba multicolor* citado por primera y única vez en Hamburgo, Alemania, en 1901 (Kraepelin 1901). Tres ejemplares de *Obama marmorata* (Schultze & Müller, 1857), han sido encontrados en Muros de Nalón (Asturias), un pueblo de la costa cantábrica. El estudio de esta especie se basó en: 1. Comparación morfológica a partir de cortes seriados de *Obama marmorata* “iberica” con *Obama marmorata* “americana”. 2. Análisis molecular. 3. Determinar cuál es su estatus como especie alóctona: ¿se trata de una especie introducida o una especie invasora?

1. Después del primer análisis morfológico, se llegó a la conclusión de que se trataba de *Obama marmorata* (Schultze & Müller, 1857). Se realizó una revisión bibliográfica de esta especie y su distribución actual. Además se estudiaron las posibles diferencias morfológicas entre el material americano y el encontrado en Asturias. 2. Para el análisis molecular se seleccionó un fragmento del gen mitocondrial Cox I. El análisis de secuencias de este grupo revela una variabilidad interespecífica (distancias $p=0.055-0.181$, $\mu=0.129$) muy superior (43 veces en valor medio) que la distancia a nivel intraespecífico (distancias $p=0.000-0.016$, $\mu=0.003$). La presencia de este barcoding gap posibilita el uso de este locus como barcode. Por lo tanto, se utiliza la técnica del DNA barcoding (o código de barras genético) para la caracterización molecular del material ibérico de *O. marmorata*. 3. El último objetivo trata estudiar la introducción o supuesta invasión tricládidos terrestres. Actualmente no se conoce ninguna especie de la SF Geoplaninae en la península Ibérica. En Asturias, los ejemplares de *O. marmorata* han sido hallados en dos arquetas de un mismo jardín. Se ha observado un aumento de la población de cochinillas de la humedad (isópodos del suborden Oniscidea Latreille, 1802) desde que se recolectaron los 3 ejemplares. Es posible que este aumento en la población de las cochinillas esté relacionado con la eliminación de este potencial depredador. *O. marmorata* es una especie asociada a plantas tropicales o semitropicales. Se trata de una especie introducida artificialmente por el hombre, pero que tiene limitada su expansión a la de su hábitat (plantas). No se puede hablar por tanto de especies invasoras, solo en el grado que sea “invasor” el sustrato.

CARACTERIZACIÓN DE ESPECIES DE LA FAMILIA LOTTIIDAE EN BAHÍA MÁLAGA E ISLA GORGÓNA, COLOMBIA.

Ana María Echeverry Ospina* Luz Ángela López de Mesa. Fanny Lorena González Zapata. Edgardo Londoño Cruz. Grupo de Investigación Ecomanglares. *Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira

Palabras claves: Lottiidae, 16S, Bahía Málaga and Isla Gorgona – Colombia.

La biodiversidad marina es muy importante en los planos económico y ecológico, pues es fuente de recursos alimenticios, y sirve como indicadora de la calidad ambiental y el funcionamiento de los ecosistemas (redes tróficas). Las especies de la familia Lottiidae, la cual pertenece a los moluscos, son generalmente identificadas a partir de caracteres morfológicos de la concha (Keen, 1971). Sin embargo, en muchas ocasiones la identificación puede presentar ambigüedades y conducir a veredictos errados. El presente trabajo pretende identificar especies de Lottiidae de ecosistemas rocosos en Bahía Málaga e Isla Gorgona utilizando una combinación de datos morfológicos y moleculares. En el intermareal rocoso de las zonas antes mencionadas, se colectaron 228 individuos de lapas de diferentes morfotipos. Los individuos fueron debidamente rotulados y preservados en alcohol al 99% y se mantuvieron en cadena de frío. Utilizando características externas e internas de la concha, los especímenes fueron identificados mediante las descripciones de Keen (1971). El 80% pertenecen a *Lottia mesoleuca*, 15% a *Scurria stipulata*. El 5% restante no se pudo identificar a nivel de especie. Por otro lado, se realizó extracción de ADN y se amplificó el gen 16S para submuestras de los individuos identificados y para el total de los individuos sin identificar, con el objetivo de corroborar las secuencias de los individuos colectados con el banco de genes y así poder confirmar la identificación basada en caracteres morfológicos. Además, esto permitió asignar cada uno de los individuos no identificados utilizando caracteres morfológicos a una especie particular.

PHYLOGENY AND PHYLOGEOGRAPHY OF THE FRESHWATER FISH GENUS *SQUALIUS* (TELEOSTEI, CYPRINIDAE) IN BALKAN REGION

Silvia Perea, Primoz Zupancic & Ignacio Doadrio

The Balkan region is one of the most interesting areas of the Mediterranean slope due to it shares ichthyofauna from two different and isolated regions: independent small/medium size rivers with a Mediterranean fluvial regime, and probably a shared paleogeographic history, and the Danube basin. One of the genera inhabiting this region is *Squalius*, which is widely distributed in Eurasia. Some studies have deal with the phylogenetic relationships of this genus at interspecific level in Balkan Peninsula; however, to date not hard efforts have been done to explore their intraspecific relationships and phylogeography. Besides, new species has been described in the last few years, which phylogenetic position is not known yet. In this study, we investigate the phylogeny and phylogeography of the species of the genus *Squalius* occurring in Balkan region. Thereby, we analyze mitochondrial and nuclear genes to infer the species tree and the phylogeographical structure of Balkan *Squalius* species, the estimated time of their main cladogenetic events and the historical processes that shaped the evolutionary history of this genus in the Balkan region.

GENETIC DIVERSITY OF THE THREE-SPINE STICKLEBACK (*GASTEROSTEUS ACULEATUS*, LINNAEUS 1758) IN EUROPE: EVIDENCE FOR A HIGHLY DIVERGENT EVOLUTIONARY LINEAGE IN THE ADRIATIC-BALKAN REGION

Silvia Perea & Ignacio Doadrio

The three-spine stickleback (*Gasterosteus aculeatus* Linnaeus, 1758) is a model species that has been object of numerous studies on evolution. This is a widespread species occupying marine, brackish and freshwater habitats all over the northern hemisphere. Morphologically, the three-spine stickleback shows a high level of phenotypic variability between marine and freshwater morphotypes. It has been considered that *G. aculeatus* represents a complex of two or more species, although its systematic status is not clear yet. From a molecular point of view, traditionally, three genetic lineages have been recognized: the transatlantic lineage (from North America to Northern Europe), the European lineage (Central and Northern Europe and some Mediterranean areas) and the Black Sea lineage. During last years, freshwater populations from some Adriatic drainages have been identified as forming an independent group that encompass highly mitochondrial divergent haplotypes. Here we complete the geographical sampling to include some freshwater populations from Albania, Bosnia-Herzegovina and Montenegro along with some other European areas to perform a phylogenetic analysis of these freshwater populations based on mitochondrial and nuclear genes. Our analysis rendered a concatenated phylogenetic hypothesis that supports the existence of a highly divergent lineage in the Adriatic-Balkan region that probably had a different evolutionary history relative to other European lineages. We also estimate the origin of this Adriatic-Balkan lineage on the basis of a relaxed molecular clock.

CHANGES ON THE MOROCCAN FISH BARBELS (LUCIOBARBUS, CYPRINIDAE) SYSTEMATICS THROUGH A MOLECULAR APPROACH BASED ON NUCLEAR MARKERS

Miriam Casal, Ahmed Yahyoui, Lourdes Alcaraz & Ignacio Doadrio

As a French protectorate, throughout the first years of the 20th century, the French Geographical Society began to study Morocco. In most cases and as a consequence of being a different and unknown territory, Moroccan continental ichthyological diversity was overestimated and several species and varieties were described, by taking into account few morphological characters. Later, further morphological studies, along with population and character variation studies, lead to accept most of these species as a synonymy of *Luciobarbus callensis* (Pellegrin, 1913). Following molecular studies, based on mitochondrial genes and protein electrophoresis, widen the scope and many species were revalidated. Nonetheless, due to tetraploidy condition of the species comprising the genus *Luciobarbus*, the use of nuclear sequences for the systematics of the genus *Luciobarbus* was restricted. Here, we provide mitochondrial and nuclear genetic information to Moroccan *Luciobarbus* systematics, which gives a higher support and stability to the classification of *Luciobarbus* from Morocco.

PHYLOGENETIC SIGNAL OF ADVERTISEMENT CALL IN TROPICAL HYLIDS (*SMILISCA* AND *TRIPRION*)

Roberto García-Roa, Diego Llusia, David Buckley y Rafael Márquez

Advertisement calls are important in species recognition and reproduction in many animal taxa and, hence, sexual selection drives sound signals to be species-specific traits. However, the evolution of these sexual traits also likely reflects the evolutionary history of taxa. Here, we study the phylogenetic signal underlying advertisement calls in tropical hylids (*Smilisca* and *Triprion*), which may provide insights into the evolution of sound signals and the debated phylogenetic relationships of species within these genera. We generate a phylogenetic hypothesis based on datasets available from GenBank and the Animal Sound Library of MNCN (Fonozoo). We compare our results with previously published studies, discussing the utility of advertisement calls in phylogenetic reconstruction. Moreover, we reconstruct, on the proposed phylogeny, the ancestral character states of advertisement calls (i.e., temporal and spectral features), and we perform phylogenetic generalized least squares (PGLS) analyses to examine the evolutionary changes in the characters and their correspondence with the phylogenetic history of the group. We discuss the results of the phylogenetic and comparative study in reference to the historical scenarios for the diversification within the group and the current distribution of species to understand the different evolutionary processes shaping the evolution of sound signals in these tropical hylids.

ESTUDIO POBLACIONAL DE *GIBBULA DIVARICATA* (GASTROPODA: TROCHIDAE) Y *CLADOCORA CAESPITOSA* (SCLERACTINIA: INCERTAE SEDIS) EN EL MAR MEDITERRÁNEO Y MAR NEGRO.

Violeta López-Márquez, José Templado y Annie Machordom.

Palabras clave: invertebrados, áreas marinas protegidas, marcadores moleculares y diversidad genética.

El estudio poblacional del gasterópodo marino *Gibbula divaricata* y del coral *Cladocora caespitosa*, se enmarca como uno de los objetivos del Proyecto Europeo CoCoNet: Towards COast to COast NETworks of Marine Protected Areas Coupled With Sea-based Wind Energy Potential (www.coconet-fp7.eu). Una de las principales finalidades de este proyecto consiste en estudiar los patrones de conectividad en una serie de especies clave que respondan a diferentes características biológicas, para el adecuado el establecimiento de redes de áreas marinas protegidas. Los microsatélites son los marcadores moleculares elegidos a través de los cuales se procederá al estudio de la diversidad genética intra e interpoblacional, así como de la estructura poblacional, del flujo génico y de migrantes. La medida de la estructura genética permitirá conocer la conectividad de las poblaciones a escala local y regional (Mediterráneo y Mar Negro), detectar las posibles barreras para la dispersión así como los procesos de diferenciación genética. El análisis de las características genéticas de las dos especies, de diferentes grupos taxonómicos, con distintas funciones ecológicas y mecanismos de dispersión, aportarán una información clave para el desarrollo del proyecto.

FROG CALLS OF THE WORLD, THE WEB-BASED REFERENCE CHECKLIST OF FONOOZOO.COM

Rafael Márquez, Diego Llusia, Almudena González & Ana Lozano

Most anuran species rely on their advertisement calls as a key mechanism of species recognition and mate attraction in nature. Thus, bioacoustic tools that enable us to confirm the specific status of individuals may be a powerful ally for researching in anuran behaviour, ecology or conservation. We present the first world audio checklist of anuran calls within www.FonoZoo.com, the web site of the Fonoteca Zoológica del Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC), Madrid, Spain. In the checklist FCW, the users will be able to find at least one sample of the advertisement calls of each species of anurans and one sample picture to help in the identification of species heard or recorded. The list of audio samples (mp3) is open access in the web with a simple browser allowing taxonomic searches. The samples are linked to www.amphibiaweb.org, which is at the same time the official provider of general amphibian information for the Encyclopedia of Life (EoL). Currently, FCW includes calls of more than 700 species (more than 11.8% of the 5927 species described) from more than 23 countries but we expect a fast increase in numbers from new contributors. We present statistical data on the number of species included in both collections and emphasize the usefulness of the FZ in the study of anurans including the sound guides published and in progress.