



XXIII • SGPE

Seminario de Genética de Poblaciones y Evolución

18-20 de enero 2023
Las Caldas, Oviedo



Yaisel Juan Borrell Pichs
Gonzalo Machado-Schiaffino Ferrer
María Trinidad Pérez Méndez
(editores)

MCI-20- PID2019-108481RB-I00
MCI-20-PID2019-108347RB-I00
SV-PA-21-AYUD/2021/50967

XXIII SGPE

Libro de resúmenes

Patrocinadores



Universidad de
Oviedo



XXIII Seminario de Genética de Poblaciones y Evolución

Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2022

Libro de resúmenes

**Yaisel Juan Borrell Pichs
Gonzalo Machado-Schiaffino Ferrer
María Trinidad Pérez Méndez
(editores)**



Universidad de Oviedo



Reconocimiento-No Comercial-Sin Obra Derivada (by-nc-nd): No se permite un uso comercial de la obra original ni la generación de obras derivadas.



Usted es libre de copiar, distribuir y comunicar públicamente la obra, bajo las condiciones siguientes:



Reconocimiento – Debe reconocer los créditos de la obra de la manera especificada por el licenciador:

Yaisel Juan Borrell Pichs, Gonzalo Machado-Schiaffino Ferrer y María Trinidad Pérez Méndez (coords.) (2022). *XXIII Seminario de Genética de Poblaciones y Evolución. Libro de resúmenes* Universidad de Oviedo.

La autoría de cualquier artículo o texto utilizado del libro deberá ser reconocida complementariamente.



No comercial – No puede utilizar esta obra para fines comerciales.



Sin obras derivadas – No se puede alterar, transformar o generar una obra derivada a partir de esta obra.

© 2022 Universidad de Oviedo

© Los autores

Algunos derechos reservados. Esta obra ha sido editada bajo una licencia Reconocimiento-No comercial-Sin Obra Derivada 4.0 Internacional de Creative Commons.

Se requiere autorización expresa de los titulares de los derechos para cualquier uso no expresamente previsto en dicha licencia. La ausencia de dicha autorización puede ser constitutiva de delito y está sujeta a responsabilidad.

Consulte las condiciones de la licencia en: <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/legalcode.es>

Servicio de Publicaciones de la Universidad de Oviedo

Edificio de Servicios - Campus de Humanidades

ISNI: 0000 0004 8513 7929

33011 Oviedo - Asturias

985 10 95 03 / 985 10 59 56

servipub@uniovi.es

www.publicaciones.uniovi.es

ISBN: 978-84-18482-65-6



Prólogo

EL ESPÍRITU DE MARIÑÁN

El 26 de julio de 1979 se inauguró en el Pazo de Mariñán (A Coruña) el primer Seminario de Genética de Poblaciones y Evolución. El motivo del mismo era reunir a todos los grupos españoles que entonces cultivábamos esta disciplina para conocernos mejor, tratando de suscitar discusiones sobre nuestra investigación y establecer posibles vínculos de colaboración. Después del truncamiento que supuso la guerra civil para el desarrollo de la genética de poblaciones se inició un resurgir de esta disciplina que en la década de los 70 del siglo pasado cristalizó ya en algunos grupos de importancia (ver eVOLUCIÓN 9(2): 7-25 (2014) en <https://sesbe.org/evolucion-boletin-electronico-de-la-sesbe>). Sin embargo, en ese momento reuniones minoritarias relevantes de nuestra disciplina no existían en nuestro país y el desarrollo alcanzado por varios grupos que la cultivaban merecía un encuentro estrecho en un entorno cuyo esplendor y recogimiento favoreciese el intercambio de ideas. El paraje de Mariñán, junto a la exuberante ría de Betanzos, con sus jardines versallescos y sus nobles estancias contribuyeron a que el éxito de esta reunión fuera completo. Acudieron grandes investigadores, tanto consagrados como noveles, junto a estudiantes de alto nivel, participando activamente como conferenciantes a la par que como activos tertulianos en las discusiones científicas en los entreactos y eventos de confraternización. El espíritu de Mariñán se ha mantenido durante 43 años, como evidencia la XXIII edición que ahora celebramos en Las Caldas villa termal en Asturias. Durante más de cuatro décadas hemos recorrido los parajes más diversos de la geografía española, eligiendo siempre lugares de gran belleza y recogimiento como el presente, convocando los grupos más representativos de la genética de poblaciones y de otras disciplinas evolutivas.

Estos seminarios han servido también para testimoniar el grado de desarrollo que ha alcanzado nuestra disciplina durante las cuatro últimas décadas, del cual son herederos muchos de los investigadores jóvenes actuales. Al mismo tiempo los grupos han ido diversificándose a partir de un núcleo original de genética de poblaciones, abarcando actualmente muchas líneas de investigación evolutiva en ecología, filogenia, genómica, biología comparada, especiación, por no citar más que algunas. El número original de 32 participantes de Mariñán ha ido incrementándose por esta razón en los sucesivos eventos llegando en algunas ocasiones a superar los cien; sin embargo, las comunicaciones presentadas raramente han superado las cuarenta, lo cual ha permitido mantener una única sesión. La idea original fue tratar de concentrar el desarrollo de cada grupo en una o unas pocas comunicaciones de síntesis. Hasta la edición XIII (año 2000) nunca se superó el número de 26 comunicaciones. A partir de entonces atravesamos un periodo en que proliferaron las comunicaciones, aunque nunca mucho más allá de las 50, fruto de la gran expansión que experimentó nuestro ámbito científico. Debemos congratularnos de dicha expansión, tanto cuantitativa como cualitativa, que enriqueció nuestros encuentros. Sin embargo, este seminario no



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de Poblaciones y Evolución

Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



ha pretendido nunca ser un congreso convencional con sus sesiones múltiples, plagadas de innumerables comunicaciones detalladas de temas muy especializados, para eso ya existen otros foros. No se trata de demostrar nuestra pericia en determinadas técnicas o protocolos, más bien estamos interesados en el desarrollo de nuevas ideas sobre temas evolutivos que respondan a preguntas que todavía tenemos pendientes en nuestro campo. Y sobre todo estamos interesados en conocernos entre nosotros aparcando tiempo suficiente para discutir e intercambiar conocimientos que permitan reforzar y dinamizar el progreso científico evolutivo en nuestro país.

Lo antedicho representa muy someramente lo que pretendimos que fuera el espíritu de este seminario. Creo que lo hemos conseguido en gran parte, aunque desde aquí me gustaría impulsar nuevos bríos a las nuevas generaciones para que entiendan lo importante que es para una comunidad científica mantenerse unida y comunicada para avanzar sinérgicamente. Este localismo no impide la globalización actual que favorece la comunicación a escala planetaria y a este desafío no ha estado ajeno nuestro seminario. Todas las ediciones del seminario han gozado también de la presencia de científicos ilustres invitados, tanto nacionales como internacionales, un total que excede los 80, entre los que podemos citar Danko Brncic, Osvaldo Reig, Antonio Garcia.Bellido, Ramón Margalef, Francisco J. Ayala, Ledyard Stebbins, Ary Hoffman, Pere Alberch, Rusell Lande, John F. McDonald, Antonio Prevosti, Carlos Herrera, Brian Charlesworth, Godfrey M. Hewitt, Angel Carracedo, James F. Crow, John C. Avise, Martin Kreitman, Andreas Wagner, Dimitri Petrov, Adam Eyre-Walkery y Eos Szathmary, entre otros muchos. Una muestra de la apertura de nuestro seminario a la voz global del conocimiento evolutivo, lejos del endemismo tan negativo al progreso científico.

Como fundador de este seminario me siento muy satisfecho, en este momento de la avanzada etapa de mi carrera, del desarrollo que ha alcanzado este evento, el cual no hubiera sido posible sin la colaboración y entusiasmo de innumerables colegas a los que agradezco efusivamente su apoyo y dedicación. Es imposible enumerar aquí todos los que han contribuido al éxito de este seminario, pero aprovechando el presente merecido homenaje debo resaltar como ejemplo relevante el papel que Carlos Lopez Fanjul y Miguel Toro han desempeñado en la continuidad y el prestigio de este seminario. Su impulso decidido ha sido y es un gran acicate para que las nuevas generaciones sigan manteniendo el interés de estos encuentros con aportaciones de primer nivel en el explosivo desarrollo que está experimentando el conocimiento evolutivo. El XXIII evento que ahora celebramos es un índice significativo de la vitalidad de dicho desarrollo, por lo que debemos agradecer a Yaisel J. Borrell, Gonzalo Machado-Schiaffino y Trinidad Pérez Méndez, bajo la dirección científica de la Catedrática en Genética Eva García-Vázquez, de la Universidad de Oviedo, que hayan hecho posible, superando las dificultades impuestas por la pandemia que sufrimos, que podamos reunirnos de nuevo para conocernos mejor, intercambiando nuestras ideas



Universidad de Oviedo

*XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución*
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



y favoreciendo la colaboración. Todo ello en un entorno natural de alta belleza y recogimiento científico acorde con el espíritu que iniciamos en Mariñán y continuado hasta el presente.

Antonio Fontdevila Vivanco
Catedrático Emérito-Honorario de Genética
Grupo de Genómica, Bioinformática y Biología Evolutiva
Universidad Autónoma de Barcelona



Índice

Programa

Martes 17 de enero	2
Miércoles 18 de enero	2
Jueves 19 de enero	3
Viernes 20 de enero	4

Conferencias invitadas y Plenarias

CI01: La domesticación del caballo a través de la paleogenómica. Librado, P.	6
CI02: Population genomics of deep sea organisms and their symbionts to aid in their conservation. Riesgo, A.	7
CI03: Integrando genética y genómica para la mejora de la Resistencia a enfermedades en la acuicultura. Robledo, D.	8
CP01: Local adaptation, phenotypic plasticity, and species coexistence. Santos, M. y col.	9

Comunicaciones

Variación Genética (miércoles 18 de enero)

VA01: PopLife: un navegador de genómica de poblaciones para humanos, Drosophila, Vibrio y un creciente número de especies. Barbadilla, A. y col.	12
VA02: Una evaluación experimental de la estimación de la depresión consanguinea con marcadores moleculares. Pérez-Pereira, M. y col.	13
VA03: Consecuencias genómicas del tamaño reducido y los cuellos de botella recientes en lince: patrones de diversidad y carga genética. Kleinman-Ruiz, D. y col.	14
VA04: Functional implications of extreme demography in underrepresented human populations. the paradigmatic example of the Roma. Comas, D.	15
VA05: Integridad genética de las poblaciones del bagre catalán (Squalius laietanus) en cuencas de Cataluña. García-Marín, J.L. y col.	16
VA06: La genética en la gestión sostenible de las pesquerías de invertebrados en la zona central del sur del Golfo de Vizcaya, España. Parrondo, M. y col.	17



VA07: Global and local ancestry in hatchery impacted Mediterranean brown trout populations: Implications for conservation in the Iberian Peninsula. Casanova, A. y col.18

VA08: Caracterización de la estructura genética poblacional de dos especies de merluzas africanas (*Merluccius polli* y *M. senegalensis*) en el noroeste de África. Blanco-Fernández, C. y col.19

VA09: Estudios de Diversidad Genética y Estructuración para la Conservación de *Arnica montana* en la Península Ibérica. Vera, M. y col.20

VA10: Análisis de los estratos de mezcla de los canarios actuales a partir del análisis de mitogenomas completos. García-Olivares, V. y col.21

VA11: Genetic diversity in traditional sheep breeds in North-West Europe: can they be considered an historical genetic resource?. Manunza, A. y col.23

VA12: Señal putativa de selección positiva en el locus 1q21.3 en la población humana actual de las Islas Canarias. Rubio-Rodríguez, L.A. y col.25

VA13: Genetic diversity and population structure in tropical creole cattle. Somenzi, E. y col.27

Evolución (jueves 19 de enero)

EV01: Estructura de la población y análisis de selección en datos exómicos de Camerún. Alonso, S y col.30

EV02: Comparative and population genomics of an adaptive radiation using highly continuous genome assemblies. Guirao-Rico, S. y col.32

EV03: Venómica de la adaptación en los caracoles de la familia Conidae. Pardos-Blas, J.R. y col.33

EV04: Impact of the heat stress on the expresión of Transposable Elements and small RNAs in *Drosophila subobscura*. Bodelón, A. y col.34

EV05: Identificación de huellas de selección natural y adaptación en el genoma de los canarios contemporáneos e implicaciones biomédicas. Lorenzo-Salazar, J.M. y col. ..35

EV06: Origen y expansión epidémica inicial de un nuevo alelo de resistencia a antibióticos en *Klebsiella pneumoniae*. García-González, N. y col.36

EV07: MHC evolution in the Neotropical the Midas cichlid. Lozano-Martín, C. y col. ..37

EV08: La filogenia como herramienta epidemiológica en las enfermedades infecciosas de animales silvestres en Asturias. Royo, L. y col.38



EV09: Tracing the evolutionary history of *Treponema pallidum* through the study of ancient and modern genomes. Pla-Díaz, M. y col.40

EV10: Speciation on islands: genome-wide divergence between and within-island populations upon colonization of Macaronesia by the common chaffinch. Recuerda, M. y col.41

Mejora Genética (viernes 20 de enero)

ME01: Management of subdivided populations subject to conservation programs using genomic information. Morales-González, E. y col.43

ME02: A chromosome-level genome assembly enables the identification of the follicle stimulating hormone receptor as the master sex determining gene in *Solea senegalensis*. Martínez, P. y col.44

ME03: Los datos de metagenómica son composicionales. El problema y la solución. Blasco, A. y col. 45

Fast Speed Talks (viernes 20 de enero)

Fst01: Contribución de la sobredominancia a la evolución del lastre de consanguinidad en modelos de viabilidad y fecundidad. González-Castellano, I. y col.47

Fst02: Niveles de hibridación dispares entre las regiones ártica y subalpina en dos complejos de especies de peces lacustres del género *Coregonus*. Llaberia, M. y col. .48

Fst03: Detecting archaic and recent introgression between the Iberian and the Eurasian *Lynx*. Bazzicalupo, E. y col.49

Fst04: The role of transposable elements (TEs) in the worldwide invasion success of the ladybug *Harmonia axyridis*. Bogaerts-Márquez, M. y col.50

Fst05: Análisis de herramientas bioinformáticas para la clasificación de haplogrupos mitocondriales humanos a partir de datos de secuenciación masiva. Muñoz-Barrera, A. y col.51

Fst06: In search of genetic variants associated with juvenile idiopathic epilepsy in the Iberian *linx*. Mayor-Fidalgo, L. y col.53

Fst07: Evaluación comparativa de herramientas de clasificación de haplogrupos del cromosoma Y a partir de datos de secuenciación masiva. Jáspez, D. y col.54

Fst08: Divergencia inter e intraespecífica en el género *Lynx*. Lorenzo, L.56

Fst09: Evaluación de herramientas de ensamblado de novo de genomas humanos a partir de datos de secuenciación de tercera generación. Muñoz-Barrera, A. y col.57



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Comités científico y organizador

Comité científico	59
Comité organizador	59

Asistentes

Email de contacto	61
--------------------------------	-----------



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Programa



XXIII Seminario de Genética de Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Martes, 17 de Enero de 2022		
Recepción (Comité Organizador)		
18:30-19:30	Registro participantes y acreditación. Hotel Las Caldas.	
Miércoles, 18 de Enero de 2022		
Variación Genética (Chair: Eva García, Univ. Oviedo)		
09:00-09:30	Registro participantes y acreditación. Hotel Las Caldas. (Comité Organizador)	
09:30-10:00	BIENVENIDA.	Eva García Vázquez. Presidenta Comité Científico SGPE2023 Rep. Universidad de Oviedo. Rep. Principado de Asturias
10:00-10:50	Conferencia Invitada (CI01): La domesticación del caballo a través de la paleogenómica.	Pablo Librado. Instituto de Biología Evolutiva (CSIC-UPF)
10:50-11:10	VA01: PopLife: un navegador de genómica de poblaciones para humanos, Drosophila, Vibrio y un creciente número de especies.	Barbadilla A et al. Universitat Autònoma de Barcelona.
11:10-11:30	VA02: Una evaluación experimental de la estimación de la depresión consanguínea con marcadores moleculares.	Pérez-Pereira M et al. (Caballero A). Universidade de Vigo.
11:30-12:00	DESCANSO PARA CAFÉS.	
12:00-12:20	VA03: Consecuencias genómicas del tamaño reducido y los cuellos de botella recientes en lincos: patrones de diversidad y carga genética.	Godoy JA et al. Estación Biológica de Doñana. Sevilla.
12:20-12:40	VA04: Functional implications of extreme demography in underrepresented human populations: the paradigmatic example of the Roma.	Comas D. Instituto de Biología Evolutiva (CSIC-Universitat Pompeu Fabra).
12:40-13:00	VA05: Integridad genética de las poblaciones del bagre catalán (<i>Squalius laietanus</i>) en cuencas de Cataluña.	García-Marín JL et al. Universitat de Girona.
13:00-13:20	VA06: La genética en la gestión sostenible de las pesquerías de invertebrados en la zona central del sur del Golfo de Vizcaya, España.	Parrondo M et al. Universidad de Oviedo.
13:20-13:40	VA07: Global and local ancestry in hatchery impacted Mediterranean brown trout populations: Implications for conservation in the Iberian Peninsula.	Casanova A et al. Universitat de Girona.
13:40-16:00	COMIDA.	
Variación Genética (Chair: Paulino Martínez, Univ. Santiago Compostela)		
16:00-16:20	VA08: Caracterización de la estructura genética poblacional de dos especies de merluzas africanas (<i>Merluccius polli</i> y <i>M. senegalensis</i>) en el noroeste de África.	Blanco-Fernández C et al. Universidad de Oviedo.
16:20-16:40	VA09: Estudios de Diversidad Genética y Estructuración para la Conservación de <i>Arnica montana</i> en la Península Ibérica.	Vera M et al. Universidad de Santiago de Compostela.
16:40-17:00	VA10: Análisis de los estratos de mezcla de los canarios actuales a partir del análisis de mitogenomas completos.	García-Olivares V et al. Instituto Tecnológico y de Energías Renovables (ITER). Santa Cruz de Tenerife.
17:00-17:20	VA11: Genetic diversity in traditional sheep breeds in North-West Europe: can they be considered an historical genetic	Manunza A et al. Institute of Agricultural Biology and



XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



	resource?	Biotechnology – Italian National Research Council.
17:20-17:50	DESCANSO PARA CAFÉS.	
17:50-18:10	VA12: Señal putativa de selección positiva en el locus 1q21.3 en la población humana actual de las Islas Canarias.	Rubio-Rodríguez LA et al. Instituto Tecnológico y de Energías Renovables (ITER). Santa Cruz de Tenerife.
18:10-18:30	VA13: Genetic diversity and population structure in tropical creole cattle.	Somenzi E et al. Università Cattolica del S. Cuore, Piacenza, Italy.
20:00-22:00	CENA	

Jueves, 19 de Enero de 2022

Evolución (Chair: Julio Rozas, Univ. de Barcelona)

09:30- 10:20	Conferencia Invitada (CI02): Population genomics of deep sea organisms and their symbionts to aid in their conservation	Ana Riesgo. Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC).
10:20-10:40	EV01: Estructura de la población y análisis de selección en datos exómicos de Camerún.	Alonso S et al. Universidad del País Vasco (UPV/EHU).
10:40-11:00	EV02: Comparative and population genomics of an adaptive radiation using highly continuous genome assemblies.	Guirao-Rico S et al. Universitat de Barcelona.
11:00-11:20	EV03: Venómica de la adaptación en los caracoles de la familia Conidae.	Pardos-Blas JR et al. Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC).
11:20-11:50	DESCANSO PARA CAFÉS.	
11:50-12:40	Conferencia Plenaria (CP01): Local adaptation, phenotypic plasticity, and species coexistence.	Mauro Santos et al. Universitat Autònoma de Barcelona.
12:40-13:00	EV04: Impact of the heat stress on the expression of Transposable Elements and small RNAs in <i>Drosophila subobscura</i> .	Bodelón A et al. Universitat Autònoma de Barcelona.
13:00-13:20	EV05: Identificación de huellas de selección natural y adaptación en el genoma de los canarios contemporáneos e implicaciones biomédicas.	Lorenzo-Salazar JM et al. Instituto Tecnológico y de Energías Renovables (ITER), Santa Cruz de Tenerife.
13:30-16:00	COMIDA.	
Evolución (Chair: Cori Ramon, Univ. de les Illes Balears)		
16:00-16:20	EV06: Origen y expansión epidémica inicial de un nuevo alelo de resistencia a antibióticos en <i>Klebsiella pneumoniae</i> .	García-González N et al. (González-Candelas F). FISABIO-Universitat de València.
16:20-16:40	EV07: MHC evolution in the Neotropical the Midas cichlid.	Lozano-Martín C et al. Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC).
16:40-17:00	EV08: La filogenia como herramienta epidemiológica en las enfermedades infecciosas de animales silvestres en Asturias.	Royo L. et al. University of Oviedo, NySA-SERIDA.
17:00-17:30	DESCANSO PARA CAFÉS	
17:30-17:50	EV09: Tracing the evolutionary history of <i>Treponema pallidum</i> through the study of ancient and modern genomes.	Pla-Díaz M et al. (González-Candelas F). FISABIO-Universitat de València.
17:50-18:20	EV10: Speciation on islands: genome-wide divergence between and within-island populations upon colonization of Macaronesia by the common chaffinch.	Recuerda M et al. Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC).



XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



20:00	Salida para CENA DE GALA	
Viernes 20 de Enero de 2022		
Mejora Genética (Chair: Armando Caballero, Univ. Vigo)		
09:30- 10:20	Conferencia Invitada (CI03): Integrando genética y genómica para la mejora de la resistencia a enfermedades en la acuicultura.	Diego Robledo. University of Edinburgh.
10:20-10:40	ME01: Management of subdivided populations subject to conservation programs using genomic information.	E. Morales-González et al. (Fernandez J). INIA-CSIC, Madrid.
10:40-11:00	ME02: A chromosome-level genome assembly enables the identification of the follicle stimulating hormone receptor as the master sex determining gene in <i>Solea senegalensis</i> .	Martínez P et al. Universidade de Santiago de Compostela.
11:00-11:20	ME03: Los datos de metagenómica son composicionales. El problema y la solución.	Blasco A et al. Instituto de Ciencia y Tecnología Animal. Universitat Politècnica de València
11:20-11:50	DESCANSO PARA CAFÉS.	
11:50-12:20	Round Table 1 para Fast Speed Talks: Fst 01-05: (Chair: Rafael Zardoya, Museo Nac. de Ciencias Naturales) Fst01: Contribución de la sobredominancia a la evolución del lastre de consanguinidad en modelos de viabilidad y fecundidad. Fst02: Niveles de hibridación dispares entre las regiones ártica i subalpina en dos complejos de especies de peces lacustres del género <i>Coregonus</i> . Fst03: Detecting archaic and recent introgression between the Iberian and the Eurasian lynx. Fst04: The role of transposable elements (TEs) in the worldwide invasion success of the ladybug <i>Harmonia axyridis</i> . Fst05: Análisis de herramientas bioinformáticas para la clasificación de haplogrupos mitocondriales humanos a partir de datos de secuenciación masiva.	Fst01-González-Castellano I et al. Universidade de Vigo Fst02-Llaberia M et al. Universitat de València. Fst03-Bazzicalupo E. et al. Estación Biológica de Doñana. Sevilla. Fst04-Bogaerts-Márquez M. et al. Université de Montpellier. Fst05-Muñoz-Barrera A et al. (González-Montelongo R (ITER). Santa Cruz de Tenerife.
12:20-12:50	Round Table 2 para Fast speed talks: Fst 06-10: (Chair: José A. Godoy, Estación Biológica de Doñana) Fst06: In search of genetic variants associated with juvenile idiopathic epilepsy in the Iberian lynx. Fst07: Evaluación comparativa de herramientas de clasificación de haplogrupos del cromosoma Y a partir de datos de secuenciación masiva. Fst08: Divergencia inter e intraespecífica en el género <i>Lynx</i> . Fst09: Evaluación de herramientas de ensamblado de novo de genomas humanos a partir de datos de secuenciación de tercera generación.	Fst06-Mayor-Fidalgo L et al. E.Biológica de Doñana (EBD-CSIC). Fst07-Jáspez D et al. (ITER). Santa Cruz de Tenerife. Fst08-Lorenzo L. Estación Biológica de Doñana (CSIC). Fst09-Muñoz-Barrera A et al. (ITER). Santa Cruz de Tenerife.
12:50-13:15	Homenaje a Carlos López-Fanjul y Miguel Toro (Chair: A. Caballero, UVigo)	
13:15-13:30	Reunión de la Sección de Genética de Poblaciones y Evolución.	
13:30-16:00	COMIDA.	
16:00	Salida	



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Conferencias invitadas y plenarias



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Conferencia Invitada

CI01: La domesticación del caballo a través de la paleogenómica.

[Pablo Librado](#)

[Correo electrónico: plibradosanz@gmail.com](mailto:plibradosanz@gmail.com)

Institute of Evolutionary Biology (CSIC-Universitat Pompeu Fabra), Passeig Marítim de la Barceloneta, 37-49, 08003, Barcelona, Spain.

La domesticación del caballo revolucionó nuestra movilidad, así como también el arte de la guerra, siendo uno de los procesos más transformadores de nuestra historia. A pesar de su trascendencia, la comprensión de dicho proceso era limitada, basada en investigaciones arqueológicas que se tambalearon al aplicar las técnicas más avanzadas en paleogenómica. En 2018, secuenciamos los primeros caballos arqueológicamente catalogados como domésticos, de ~5.500 años de antigüedad. Inesperadamente, descubrimos que éstos pertenecieron a un linaje diferente, no ancestral a las razas modernas, refutando así la principal hipótesis sobre el origen del actual caballo doméstico. Para identificar dónde y cuándo se domesticó al caballo, decidimos caracterizar el genoma de 273 especímenes de hasta ~50.000 años de antigüedad, a partir de sus restos fósiles recolectados por toda Eurasia. Desvelamos que, hasta bien entrada la Edad de Bronce, la diversidad genética de los caballos estuvo marcada por un fuerte patrón de aislamiento por distancia. Hace ~4.200 años, sin embargo, todo cambió. Una crisis climática incentivó innovaciones tecnológicas, incluyendo el desarrollo de carros ligeros, con ruedas de radios, adecuado para otros animales además de bueyes. Fue entonces cuando el linaje de los caballos domésticos actuales, originalmente confinado entre los ríos Volga y Don, se expandió por toda Eurasia, reemplazando en unos pocos siglos a casi toda la diversidad pre-existente. Comparando el genoma de los caballos que vivieron antes y después de 4.200 años, identificamos además dos genes altamente diferenciados, y funcionalmente implicados en su docilidad y movilidad. Los caballos modernos, por tanto, no solo se originaron y dispersaron desde las estepas Pónticas gracias a innovaciones tecnológicas, sino también a importantes adaptaciones biológicas.



Conferencia Invitada

CI02: Population genomics of deep sea organisms and their symbionts to aid in their conservation.

Ana Riesgo Gil

Correo electrónico: anariesgogil@mncn.csic.es

Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva. Museo Nacional de Ciencias Naturales CSIC. C/José Gutiérrez Abascal, 2. 28006. Madrid, Spain.

The deep-sea is the last human frontier. It is poorly explored and therefore its conservation is far from being properly managed. One of the goals of the implementation of marine protected areas (MPAs) is the preservation of the genetic diversity of the organisms, but this is hardly achieved because of a major lack of information for most areas. Indeed, only 3% of the ocean is contained in MPAs and only 1% of the high seas areas are protected. Genetic connectivity is the basic substrate for species resilience, maintaining high genetic diversity which ensures plasticity to cope with environmental disturbance. However, we are still far from understanding the major drivers of the spatial distribution of the genetic diversity and connectivity, especially in the deep sea. One of the most vulnerable ecosystems in the North Atlantic Ocean are deep-sea sponge grounds, which are massive areas containing large amounts of sponge biomass and diversity that provide fundamental ecosystem services: maintaining high biodiversity, creating shelter, serving as a food source, influencing the flow of essential nutrients, and driving biogeochemical cycles of carbon, nitrogen, and silica. Sponges play a fundamental role as early indicators of ecosystem health, and they can be regarded as the “canaries in the coal mine”. In our group, we have assessed the genetic connectivity and diversity of several keystone sponge species in different sponge grounds of the NA, most considered as VMEs, including the Avilés Canyon and Le Danois Bank. We used low-coverage genome sequencing to screen for a battery of SNPs and particle tracking modeling to investigate the gene flow between populations and levels of genetic diversity, which are fundamental to implement conservation strategies efficiently. We have also combined our analysis of the host sponge with those in the microbiome, to assess whether evolutionary histories are shared between them. Our results point to remarkable genetic connectivity over large geographic scales in the NA, but a strong impact of physical barriers isolating the populations in the Cantabrian Sea from those in more northern areas. The most important barrier was notably the depth, specifically the isobath at 1300 m, which involves a major change in salinity of the water masses. This co-occurs in the microbial dataset, pointing to a shared evolutionary scenario for both the host and the symbionts. Although the unexpected high gene flow over most of the North Atlantic sponge populations is clearly a hopeful result in the current climate change scenario to establish a network of MPAs, the fact that there is a strong genetic break between the sponge ecosystems in the Cantabrian Sea and those in the North and Barents Sea calls for specific strategies to preserve the sponge populations in these areas.



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Conferencia Invitada

CI03: Integrando genética y genómica para la mejora de la Resistencia a enfermedades en la acuicultura.

Diego Robledo

Correo electrónico: diego.robledo@roslin.ed.ac.uk

The Roslin Institute and Royal (Dick) School of Veterinary Studies, University of Edinburgh, Edinburgh, United Kingdom.

Las enfermedades causadas por bacterias, virus y parásitos son actualmente la principal amenaza para la sostenibilidad de la acuicultura, causando enormes pérdidas económicas y comprometiendo la seguridad alimentaria de muchas comunidades. a nivel mundial. La mejora genética puede contribuir significativamente a reducir tanto la severidad como la frecuencia de las enfermedades. La incorporación de herramientas genómicas es fundamental para aumentar la velocidad de la mejora genética; en esta charla discutiremos los últimos avances en selección genómica y edición genómica, utilizando ejemplos en salmón Atlántico y trucha arcoiris para ilustrar cómo la integración de genética y genómica puede producir poblaciones resistentes a enfermedades.



Conferencia Plenaria

CP01: Local adaptation, phenotypic plasticity, and species coexistence.

[Mauro Santos](#)¹, [Margarida Maños](#)², [José F. Fontanar](#)³

Correo electrónico: mauro.santos@uab.es

¹ Departament de Genètica i de Microbiologia, Grup de Genòmica, Bioinformàtica i Biologia Evolutiva (GBBE), Universitat Autònoma de Barcelona, Spain.

² cE3c – Centre for Ecology, Evolution and Environmental Changes, Faculdade de Ciências, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal.

³ Instituto de Física de São Carlos, Universidade de São Paulo, Caixa Postal 369, 13560-970 São Carlos, São Paulo, Brazil.

Understanding the mechanisms of species coexistence has always been a fundamental topic in ecology. Classical theory predicts that interspecific competition may select for traits that stabilize niche differences, although recent work shows that this is not strictly necessary. Here we ask whether adaptive phenotypic plasticity could allow species coexistence (i.e., some stability at an equilibrium point) without ecological differentiation in habitat use. We used individual-based stochastic simulations defining a landscape composed of spatially uncorrelated or autocorrelated environmental patches, where two species with the same competitive strategies, not able to coexist without some form of phenotypic plasticity, expanded their ranges in the absence of a competition-colonization trade-off (a well-studied mechanism for species diversity). In such a scenario, only local adaptation and gene flow may interact to promote genetic variation and coexistence in the metapopulation. Results show that a competitively superior nonplastic species cannot always displace from the metapopulation an inferior competitor that displays some adaptive phenotypic plasticity. This plastic and inferior competitor has also some chances of invading a metapopulation already occupied by the ecologically superior native species. Our results challenge predictions from classical ecological theory by showing that a competitively superior species cannot always displace an inferior competitor in absence of niche differentiation and in a standard scenario of density- and frequency independent viability selection.



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



COMUNICACIONES



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Variación Genética

Miércoles 18 de enero



Variación Genética

VA01: PopLife: un navegador de genómica de poblaciones para humanos, *Drosophila*, *Vibrio* y un creciente número de especies.

Antonio Barbadilla, Jaime Martínez-Urtaza, Sònia Casillas

Correo electrónico: antonio.barbadilla@uab.es

*Institut de Biotecnologia i Biomedicina, Edifici MRB / Dpt. Genètica i Microbiologia, Facultat de Biociències.
Campus UAB, 08193 Cerdanyola (Barcelona), Spain.*

El desarrollo de herramientas bioinformáticas para la representación y análisis de la diversidad genética, incluidos bases de datos, servidores de análisis y buscadores de genomas, han sido un objetivo y un resultado importante de nuestra investigación. Entre las últimas aplicaciones que hemos implementado, se encuentran PopFly y PopHuman, dos buscadores de genomas poblacionales en *Drosophila* y humanos, respectivamente, en los que se reúnen las estimas de los parámetros sumarios que cuantifican la diversidad nucleotídica a lo largo del genoma de ambas especies.

En nuestro actual proyecto de investigación pretendemos seguir haciendo hincapié en el desarrollo de procesamientos (pipelines) bioinformáticos para el análisis de datos genómicos de poblaciones, así como el análisis estadístico de la distribución y cuantificación de la variabilidad genética en un número creciente de especies. Estamos desarrollando un procesamiento bioinformático totalmente automático para el análisis masivo de datos genómicos en cualquier especie con el fin de implementar el navegador PopLife, un recurso en línea de libre acceso a la comunidad de investigadores que trabajan en la variación poblacional de genomas. El navegador PopLife se estructura en diferentes subnavegadores de taxones, cuya lista se ampliará a medida que se añadan secuencias genómicas poblacionales de nuevas especies.

Uno de los retos que nos hemos propuesto en PopLife es incluir grafos de recombinación ancestral (ARGs, de sus siglas en inglés) para la descripción exhaustiva de la diversidad genómica. Las ARGs son representaciones completas de las genealogías de muestras de secuencias genómicas, se describen como una serie de eventos de coalescencia, mutación y recombinación, y puede demostrarse que son al menos tan informativos como cualquier combinación de los estadísticos sumarios tradicionales usados para inferir los procesos evolutivos. Los recientes avances en la escalabilidad a todo el genoma de los grafos evolutivos posibilitan su aplicación al análisis de muestras de secuencias genómicas obtenidas con las técnicas de secuenciación masivas, complementando a los estadísticos sumarios en la inferencia de la historia evolutiva de las poblaciones y de la acción de la selección natural. Los ARGs permiten inferir la historia demográfica de las poblaciones (incluyendo tiempos de divergencia, tamaños efectivos de población o flujo génico), estimar la tasa de recombinación y la edad de los alelos (tiempo hasta el antecesor común más reciente, o TMRCA), así como también encontrar huellas de la acción de la selección natural sobre distintas regiones del genoma en base a desviaciones en los patrones de coalescencia y recombinación esperados bajo la teoría neutralista. Nuestro objetivo final es que el navegador PopLife sea un recurso de referencia en genómica de poblaciones, tanto para eucariotas como para procariotas.



Variación Genética

VA02: Una evaluación experimental de la estimación de la depresión consanguínea con marcadores moleculares.

Noelia Pérez-Pereira, Humberto Quesada, Armando Caballero

Correo electrónico: armando@uvigo.es

Centro de Investigación Mariña, Universidade de Vigo, Facultade de Bioloxía, 36310 Vigo, Spain.

La depresión consanguínea es un fenómeno ubicuo en la naturaleza con gran relevancia en múltiples campos, como la biología evolutiva y la genética de la conservación. Las estimaciones de la tasa de depresión consanguínea se pueden obtener a partir de los valores de un carácter de eficacia y los coeficientes de consanguinidad de los individuos. Estos últimos pueden obtenerse a partir de información genealógica, pero es raro disponer de dicha información en poblaciones naturales. En este sentido, la creciente disponibilidad de marcadores moleculares, como los polimorfismos nucleotídicos (SNP), permite obtener medidas de consanguinidad molecular y, por tanto, de la depresión consanguínea. Diversos estudios empíricos han demostrado que los estimadores moleculares generalmente proporcionan estimas más precisas de la depresión consanguínea que los basados en las genealogías. Sin embargo, la precisión de estos estimadores se evalúa generalmente a partir de un número relativamente elevado de individuos muestreados en diferentes generaciones, por lo que exhiben una variación sustancial en consanguinidad, lo que aumenta la potencia para estimar la depresión consanguínea. En el presente estudio se ha evaluado empíricamente el comportamiento de varios estimadores moleculares de la consanguinidad para estimar la depresión consanguínea de dos caracteres de eficacia en una población de laboratorio de *Drosophila melanogaster* con un censo elevado, cuando solo se dispone de una pequeña muestra de individuos pertenecientes a una única generación. Este es un escenario común, especialmente para las especies silvestres, donde los marcadores moleculares se obtienen de una sola muestra de la población contemporánea. Los resultados indican que es posible obtener estimaciones de la depresión consanguínea cercanas a las obtenidas con las genealogías en esta situación, lo que demuestra la potencia de las herramientas genómicas.



Variación Genética

VA03: Consecuencias genómicas del tamaño reducido y los cuellos de botella recientes en lince: patrones de diversidad y carga genética.

Daniel Kleinman-Ruiz^{1,2}, María Lucena-Pérez¹, Aurora García-Dorado², Jesús Fernández³, José A. Godoy¹

Correo electrónico: godoy@ebd.csic.es

¹ Departamento de Ecología y Evolución, Estación Biológica de Doñana, CSIC, 41092 Sevilla, Spain.

² Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología, Facultad de Biología, Universidad Complutense, 28040 Madrid, Spain.

³ Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, CSIC, 28040 Madrid, Spain.

El lince ibérico es una de las especies más erosionadas genéticamente debido a la conjunción de tamaños de población pequeños a largo de su historia y cuellos de botella en los últimos siglos. Afortunadamente, esto también ha resultado en una menor carga de variación altamente deletérea, probablemente recesiva, en comparación con su especie hermana, el lince euroasiático, globalmente abundante. Esta carga reducida no se observa en centrómeros o en el cromosoma X, lo que soporta la idea de la purga genética como causa de las diferencias observadas. A su vez, los cuellos de botella recientes también han resultado en la acumulación de variación moderadamente deletérea en poblaciones de las dos especies que han pasado por un cuello de botella reciente. Este proceso se evidencia en una menor diferencia de diversidad respecto a poblaciones que no han pasado un cuello de botella en las unidades genómicas sometidas a una selección purificadora más intensa, como regiones codificantes y elementos ultra-conservados, especialmente en regiones genómicas con altas tasas de mutación. Las evidencias directas de depresión consanguínea han estado limitadas en el pasado por la escasez de datos de eficacia biológica, pero los indicios disponibles sugieren una mayor tasa de reproducción en los descendientes del cruce de las dos poblaciones remanentes. El proyecto de conservación en curso LIFE “Lynxconnect” incluye un programa de seguimiento intensivo de poblaciones basado en el muestreo y caracterización genética de excrementos, lo que generará abundantes datos de supervivencia y reproducción en libertad. La combinación de estos datos con datos de variación de genoma completo y un nuevo genoma de referencia de alta calidad y contigüidad permitirá en los próximos años abordar las relaciones entre erosión genética y eficacia biológica y estudiar las bases genéticas de la depresión consanguínea y el rescate genético en el lince ibérico.



Variación Genética

VA04: Functional implications of extreme demography in underrepresented human populations. the paradigmatic example of the Roma.

David Comas

Correo electrónico: david.comas@upf.edu

Institut de Biologia Evolutiva (IBE, CSIC-Universitat Pompeu Fabra), Passeig Marítim de la Barceloneta, 37-49, 08003, Barcelona, Spain.

During the last decade several genome projects have focused on the variation of human populations providing extensive information about the diversity of our species. However, it has been claimed that these projects are biased towards European variation and they have usually ignored non-European ancestry groups and minorities, which challenges the genome description of humans. On top of that, the extreme demographic processes (such as bottlenecks, isolation, expansions and admixture) that have suffered some of these underrepresented groups might have had functional implications involved in biomedical outputs.

In this sense, the Roma (also known as the misnomer of Gypsies) are a paradigmatic example and a natural model in our species for the study of extreme demographic processes and their implications in functional variation in a short span time. We have been analyzing the genome variation of European Roma during the last decade and we have dissected their complex demography. Our genome analyses (based on uniparental data, genomewide data and complete exomes) have shown that Roma groups, which have a common origin in the Indian subcontinent, have suffered several extensive bottlenecks during their diaspora towards Europe. Besides these bottlenecks they have fragmented in small groups once in Europe and subsequently experienced major admixture with local populations.

The complex demography of Roma might have had functional implications since population history shapes differences across populations in mutational load, since the accumulation of deleterious variants might be the result of genetic drift and the reduced efficacy of purifying selection. Our high-coverage whole exome sequence analysis in a Roma group has shown that gene flow has counteracted the increase in mutational load expected in a population such as the Roma. Besides that, ancestry-specific patterns of accumulation of homozygous deleterious variants and pre-admixture adaptation signals have been also detected in the exome analysis.

In sum, the analysis of an underrepresented population such as the Roma is a natural model example of extreme demography and adaptation in the human species.



Variación Genética

VA05: Integridad genética de las poblaciones del bagre catalán (*Squalius laietanus*) en cuencas de Cataluña.

Alba Abras, Sandra Heras Mena, Nurià Pérez Bielsa, Jose Luis García Marín

Correo electrónico: joseluis.garcia@udg.edu

Laboratorio de Ictiología Genética, Departamento de Biología, Universitat de Girona. Edificio AC-LEAR, M.Aurelia Capmany-40, 17003-Girona, Spain.

El bagre catalán (*Squalius laietanus*) es un pez de aguas dulces descrito en 2007 en base a caracteres morfológicos y moleculares (DNA mitocondrial) que le diferencian de otras especies de bagres endémicos de la península ibérica. Desde el río Ebro, la especie se presenta en los ríos catalanes hasta el Agly, ya en Francia. Sorprendentemente, la filogenia en base a la secuenciación de los genes mitocondriales del citocromo b (cytb) y la subunidad I del citocromo oxidasa c (COI) relaciona esta especie con *Squalius orpheus*, presente en Grecia y Turquía, y la separan de las otras especies de *Squalius* endémicos de la península ibérica. Esta distinción ha sido posteriormente confirmada mediante la secuenciación de genes nucleares. Sin embargo, los genes nucleares han sugerido posibles híbridos entre *S. laietanus* y el bagre europeo, *S. cephalus*, en los ríos Agly y Tec de Francia. En el presente estudio, se han tipificado mediante la secuencia del gen COI los ejemplares de bagre capturados en un muestreo en 2021 en 15 tramos de 9 cuencas fluviales catalanas (Muga, Fluvià, Ter, Tordera, Besòs, Llobregat, Gaià, Francolí y Ebro). La variación nucleotídica en los genes nucleares para la proteína Ribosomal S7 (S7) y la proteína 1 Activadora de Recombinación (RAG1) se han utilizado posteriormente para confirmar esos resultados, dado su uso previo en especies del género *Squalius*. En un afluente menor del Ebro, los 14 ejemplares analizados presentaron un haplotipo similar al de *S. pyrenaicus*, especie endémica de la península. En el resto de los tramos, la mayoría de los ejemplares (166) presentaron haplotipos de COI similares a los descritos para *S. laietanus* y 64 tenían haplotipos similares a los de *S. cephalus*. En 8 tramos se detectaron exclusivamente haplotipos de *S. laietanus*, y en 2 sólo los de *S. cephalus*, mientras que en 4 concurrían haplotipos de ambas especies. Sin embargo, los genes nucleares sugieren la hibridación entre ambas especies en 11 de los tramos. Tan sólo 3 tramos de los 15 analizados mantendrían por tanto poblaciones puras de bagre catalán. La especie está actualmente catalogada como de baja preocupación (LC) en la lista roja de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN), pero el hecho de que en la mayoría de los tramos analizados pueda estar hibridando con el bagre europeo añade una nota de preocupación para su conservación.



Variación Genética

VA06: La genética en la gestión sostenible de las pesquerías de invertebrados en la zona central del sur del Golfo de Vizcaya, España

Marina Parrondo¹, Jose L. Acuña², Ruth Coya¹, María del Pino Fernández², Lucía García-Florez², Laura Miralles¹, Trinidad Pérez¹, Yaisel J. Borrell³

Correo electrónico: parrondomarina@gmail.com

¹Departamento de Biología Funcional, Universidad de Oviedo, Oviedo/Uviéu, Spain.

²Departamento de Biología de Organismos y Sistemas, Universidad de Oviedo, Oviedo/Uviéu, Spain.

³Centro de Experimentación Pesquera, Consejería de Desarrollo Rural y Recursos Naturales del Principado de Asturias, Gijón/Xixón, Spain.

Los sectores de la pesca y la acuicultura son una importante fuente de desarrollo y vida para millones de personas en todo el mundo. En Asturias (España), la diversidad y riqueza de los caladeros del Cantábrico favoreció el asentamiento histórico de un gran número de comunidades fuertemente vinculadas al medio marino y a los recursos pesqueros, constituyendo una parte indisoluble del patrimonio cultural y natural de la región. Sin embargo, los ecosistemas acuáticos se enfrentan actualmente a importantes amenazas derivadas de actividades antropogénicas. Para hacer frente a estos problemas y evitar, su impacto sobre las actividades pesqueras, es fundamental conocer el estado ecológico y genético de las especies. En este trabajo se presentan datos sobre el uso de marcadores genéticos en algunas especies marisqueras de gran valor comercial y cultural en Asturias para generar datos que apoyen el diseño de planes de gestión pesquera sostenibles.

Nuestros resultados sugieren que la trazabilidad y el control sobre los productos provenientes de las actividades pesqueras son aún deficientes y mejorables. Hemos encontrado irregularidades en el etiquetado y niveles elevados de fraude por sustitución en el análisis de pectínidos comercializados. Se ha constatado también la existencia de diferenciación genética temporal y espacial de las poblaciones en la especie *P. pollicipes* a escala regional, por un lado, y una reducción significativa de la diversidad genética en los juveniles, por otro, indicando una estructuración en patrones de parches genéticos caóticos. Parece necesario establecer una gestión integral de la zona costera basada en el conocimiento de los stocks pesqueros y la implantación en Asturias de posibles áreas marinas protegidas cerca de la costa. Por otro lado, en el occidente de Asturias, las pesquerías artesanales de *O. vulgaris* están relativamente bien controladas y cuentan con la ecoetiqueta condicional del Marine Stewardship Council (MSC). A pesar de ello, las poblaciones asturianas de pulpo no habían sido evaluadas genéticamente hasta ahora. Los resultados de los primeros análisis sugieren que las poblaciones atlánticas de muestran una importante estructuración genética a gran escala geográfica que encaja con un modelo clásico de aislamiento por distancia y donde la retención local de paralarvas hace que las poblaciones sean pequeñas en comparación con la distribución geográfica de la especie. Esto refuerza la necesidad de planes locales y regionales para garantizar la sostenibilidad a largo plazo. No obstante, los análisis temporales mostraron estabilidad en términos de variación genética y números efectivos altos durante varias generaciones lo que apunta a niveles de explotación pesquera sostenibles. Los resultados de estos estudios proporcionan una línea base para futuros estudios genómicos en invertebrados de alto valor comercial en Asturias que contribuyan a esquemas de seguimiento genético sistemáticos como parte de una estrategia de regulación pesquera regional eficiente basada en I+D+i y también en estrategias educativas sobre consumidores, pescadores y reguladores.



Variación Genética

VA07: Global and local ancestry in hatchery impacted Mediterranean brown trout populations: Implications for conservation in the Iberian Peninsula.

*Adrián Casanova¹, Manuel Vera², Sandra Heras¹, Alba Abra¹, María Inés Roldán¹, Carmen Bouza²,
Paulino Martínez², José Luis García-Marín¹*

Correo electrónico: adrian.casanova@udg.edu

¹Laboratory of Genetics Ichthyology, University of Girona (UdG), ES-17003 Girona, Spain.

²Department of Zoology, Genetics and Physical Anthropology, Faculty of Veterinary, University of Santiago de Compostela (USC), ES-27002 Lugo, Spain.

Brown trout (*Salmo trutta* L.) is a cold-adapted freshwater species with ecological and socioeconomic importance, being categorized as umbrella species. The species is distributed throughout the river basins of the Iberian Peninsula on both the Atlantic and Mediterranean slopes, with a current distribution limited mainly to the headwaters. Since the last century, Mediterranean populations declined due to different anthropogenic pressures (e.g., water pollution, river fragmentation, overfishing). To counteract these declines, these brown trout populations have been extensively reinforced for decades with nonindigenous hatchery stocks of central European origin. Such management action led to the loss of the genetic integrity by introgressive hybridization, previously evaluated with different genetic markers (e.g., *LDH-C** locus, microsatellites, mitochondrial DNA polymorphisms).

In the present research, a genomic approach to analyse brown trout populations from the Iberian Peninsula was used for the first time. Using the 2b restriction site-associated DNA sequencing (2b-RADseq) and the Stacks 2 software with the brown trout reference genome, we obtained a robust molecular panel composed of 19,297 single nucleotide polymorphisms (SNPs) identified in 32 wild Mediterranean locations and the alien hatchery stock used in the reinforcement of wild populations in the studied region. Two different approaches to estimate ancestry components in wild populations were performed: (1) global ancestry, which represents the overall proportion from each cluster (i.e., native and hatchery clusters), over the individual admixed genome, and (2) local ancestry with Ancestry Informative Markers (AIMs), to identify genomic regions with the lowest or highest introgression levels within the impacted populations. These analyses suggested that introgression impact is not homogeneous along the *S. trutta* genome, identifying regions both more resistant and more prone to introgression. Functional enrichment analyses considering the genes located in these genomic regions will be performed to identify candidate biological processes implied in introgression processes. The genomic information obtained will be useful to improve management practices for the conservation of the remnant native resources.



Variación Genética

VA08: Caracterización de la estructura genética poblacional de dos especies de merluzas africanas (*Merluccius polli* y *M. senegalensis*) en el noroeste de África.

Carmen Blanco-Fernández¹, Jorge Roche-Rodríguez¹, Kaarim Erzin², Eva García-Vázquez¹, Gonzalo Machado-Schiaffino¹.

Correo electrónico: blancofmaria@uniovi.es

¹Departamento de Biología Funcional, Universidad de Oviedo, Oviedo, Spain.

²Centro de Ciências do Mar (CCMAR), Universidade do Algarve, Faro, Portugal.

La conservación de los recursos pesqueros requiere caracterizar correctamente los stocks. El caso de especies filogenéticamente cercanas cuyo rango de distribución solapa puede plantear retos para su conservación. En dichos casos, es frecuente que se gestionen como un solo stock, sin tener en cuenta posibles diferencias biológicas, la estructura genética poblacional de las especies o el posible flujo génico entre especies filogenéticamente cercanas.

En este estudio nos centramos en las especies de merluza negra *Merluccius polli* y *M. senegalensis*, dos especies de interés comercial que se pescan de manera conjunta en el noroeste de África. El rango de distribución de ambas especies solapa en dicha zona, coincidiendo con el límite sur de la distribución de *M. senegalensis* y el norte de la distribución de *M. polli*. A pesar de su interés como recurso pesquero, no existe información hasta la fecha de estructura genética poblacional de ninguna de las dos especies que conforman este stock pesquero. Se obtuvieron muestras de ambas especies a lo largo de la costa de Mauritania y Senegal (entre 20°45'N y 14°57'N) con el fin de determinar y comparar la estructura genética poblacional de ambas especies a escala local, como así también la existencia de potenciales híbridos. Con este objetivo, se secuenció y anotó el genoma de *M. polli*, que se utilizó como referencia para desarrollar un panel de SNPs mediante ddRadSeq que permita analizar la estructura genética poblacional de ambas especies. Esta metodología permite estudiar con mayor resolución tanto el patrón genético poblacional como la detección de potenciales híbridos. Dentro del género *Merluccius* ya se han identificado otros fenómenos de hibridación entre especies con rangos de distribución que solapan (e.g. *M. bilinearis* y *M. albidus* en América del Norte, y *M. capensis* y *M. paradoxus* en Sudáfrica).

Muy probablemente debido al cambio global, las distribuciones de estas especies han cambiado recientemente. Los registros muestran que *M. polli* ha avanzado en los últimos años hacia al norte, en contraposición con la distribución de *M. senegalensis*. Por este motivo, el patrón genético poblacional actual de ambas especies se contrasta mediante el uso de muestras históricas para determinar si reflejan las mismas tendencias encontradas en los datos demográficos.



Variación Genética

VA09: Estudios de Diversidad Genética y Estructuración para la Conservación de *Arnica montana* en la Península Ibérica.

*Manuel Vera*¹, *Adrián Casanova*¹, *Manuel A. Rodríguez-Gutián*², *Carlos Rea*³, *Pablo Velasco*⁴, *Víctor Manuel Rodríguez*⁴, *Rosa Romero*², *Carmen Bouza*¹

Correo electrónico: manuel.vera@usc.es

¹ Departamento de Zoología, Genética y Antropología Física. Facultad de Veterinaria. Universidad de Santiago de Compostela. Campus de Lugo. 27002 Lugo, Spain.

² Departamento de Producción Vegetal, Escuela Politécnica Superior de Ingeniería, Universidad de Santiago de Compostela. Campus de Lugo, 27002 Lugo, Spain.

³ Departamento de Biología Funcional, Escuela Politécnica Superior de Ingeniería, Universidad de Santiago de Compostela. Campus de Lugo, 27002 Lugo, Spain.

⁴ Departamento de Mejora y Genética Vegetal, Misión Biológica de Galicia (MBG), Centro Superior de Investigaciones Científicas (CSIC). Salcedo, 36143 Pontevedra, Spain.

Arnica montana L. (árnica) es una planta asterácea con un gran interés para la industria farmacéutica, debido a las propiedades terapéuticas de sus metabolitos secundarios, entre los que destacan las lactonas sesquiterpénicas y en particular los ésteres de helenalina y dihidrohelenalina, que se concentran en grandes cantidades en sus capítulos florales. Las flores se recogen fundamentalmente de manera artesanal en las poblaciones naturales. La extracción intensa y continuada junto a los cambios de uso del territorio ha llevado a una disminución constante de muchas de sus poblaciones, estando recogida en las listas rojas de especies amenazadas en distintos países europeos. España, y concretamente Galicia, es uno de los principales suministradores mundiales, pero no existe ningún tipo de legislación para la recolección y comercialización de la planta. Los estudios bioquímicos han mostrado la presencia de dos quimiotipos, uno de ellos circunscrito a la Península Ibérica (ibérico), menos alergénico que el centroeuropeo, lo que aumenta el interés por estas poblaciones. Los análisis genéticos previos a nivel de secuencia de ADN cloroplastídico (ADNcp) sugirieron la presencia de dos grupos poblacionales, relacionados con los datos bioquímicos, en poblaciones gallegas. Estos resultados se vieron corroborados con el análisis de loci microsatélites, donde hasta cuatro grandes grupos genéticos, geográficamente distribuidos, se identificaron en Galicia, con una elevada estructuración poblacional ($F_{ST} = 0.441$) y diversidad genética baja ($H_e = 0.245$) que sugieren un elevado efecto de la deriva genética. La incorporación de muestras del Norte Peninsular (cubriendo la Cordillera Cantábrica y los Pirineos) permitió precisar la distribución de los dos grupos de ADNcp, asociándose uno de ellos a la zona costera y el otro al interior de las áreas estudiadas, con niveles de diversidad ($H_e = 0.280$) y estructura genética ($F_{ST} = 0.590$) similares a los de las muestras gallegas utilizando microsatélites. A pesar del importante efecto de la deriva genética, factores ambientales y bioquímicos se relacionaron también con la diferenciación genética, sugiriendo posibles adaptaciones locales. Por este motivo, se han utilizado técnicas de secuenciación masiva y genotipado por secuenciación (con tecnología 2b-RAD) que han permitido la identificación de miles (~ 5,000) de polimorfismos de nucleótido único (*Single Nucleotide Polymorphisms*, SNPs) que se pretenden anclar en el genoma de *A. montana* que se está desarrollando actualmente, para identificar regiones genómicas asociadas a las diferencias entre los distintos grupos poblacionales identificados. Los estudios presentados son fundamentales para realizar estrategias de gestión, incluyendo el cultivo de la planta en condiciones controladas, que permitan la conservación de este valioso recurso natural.



Variación Genética

VA10: Análisis de los estratos de mezcla de los canarios actuales a partir del análisis de mitogenomas completos.

Victor García-Olivares^{1,2}, Luis A. Rubio-Rodríguez¹, Adrián Muñoz-Barrera¹, Ana Díaz-de Usera¹, David Jáspez¹, Antonio Íñigo-Campos¹, María del Cristo Rodríguez-Pérez³, Antonio Cabrera de León^{3,4}, José M. Lorenzo-Salazar¹, Rafaela González-Montelongo^{1,2}, Vicente M. Cabrera⁵, Carlos Flores^{1,2,3,6}

Correo electrónico: victor.garcia.olivares@gmail.com

¹Área de Genómica, Instituto Tecnológico y de Energías Renovables (ITER), Santa Cruz de Tenerife, España.

²Plataforma Genómica de Alto Rendimiento para el Estudio de la Biodiversidad, Instituto de Productos Naturales y Agrobiología (IPNA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas, San Cristóbal de La Laguna, España.

³Unidad de Investigación, Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria, Santa Cruz de Tenerife, España.

⁴Área de Medicina Preventiva y Salud Pública, Universidad de La Laguna, Santa Cruz de Tenerife, España

⁵Freelance Researcher, Santa Cruz de Tenerife, España.

⁶CIBER de Enfermedades Respiratorias, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España.

La conquista de las Islas Canarias se inició a principios del siglo XV y culminó en 1496 con la rendición de la población aborigen. El colapso de la población aborigen durante la conquista y la llegada de un importante número de colonos procedentes del continente europeo provocaron un cambio drástico en la composición demográfica de la población del archipiélago. Para profundizar en este proceso histórico, hemos analizado el genoma mitocondrial completo de la población canaria contemporánea. Para ello se ha obtenido el mitogenoma de 896 canarios no emparentados de las siete islas principales mediante secuenciación masiva, generando la mayor y más completa caracterización genética de la línea materna de la población canaria hasta la fecha. Nuestros resultados revelan, tanto la continuidad de las contribuciones maternas aborígenes como la persistencia de sus huellas genéticas en la población actual, aunque con niveles más altos (>60% de media) que los inferidos en estudios anteriores. Además, las estimaciones de edad para la mayoría de los linajes fundadores autóctonos apuntan a una primera llegada aborigen a las islas a principios del primer milenio, aunque con amplios intervalos de confianza que abarcan desde siglos antes de la Era Común hasta después del inicio de la colonización europea. Por otro lado, los resultados obtenidos a partir de los análisis de reconstrucción demográfica mediante inferencia bayesiana de los linajes de probable origen aborigen evidencian un marcado crecimiento poblacional tras la conquista europea. El presente estudio nos permite revelar por primera vez las principales influencias genéticas continentales europeas, destacando las influencias portuguesa y gallega en la población de todo el archipiélago, excepto en la isla de Lanzarote, donde prevalece la influencia norteafricana. La influencia genética atlántica es más elevada en las poblaciones de las islas occidentales de El Hierro y La Palma. Por otro lado, inferimos una alta prevalencia de linajes más propios del África subsahariana en la isla de Gran Canaria. Además, se observan evidencias que respaldan una importante conectividad genética entre el continente americano y las Islas Canarias, fruto del comercio histórico de esclavos procedentes del África subsahariana (uno de cada tres linajes africanos tiene conexiones próximas con población afroamericana) y las migraciones bidireccionales. En conjunto, proporcionamos el estudio más amplio y completo realizado hasta la fecha de la variación del ADN mitocondrial de la población de las Islas Canarias, revelando la persistencia del acervo genético aborigen en la población actual y la identificación de las diferentes contribuciones genéticas de procedencia europea tras la conquista.

Financiación: Ministerio de Ciencia e Innovación (RTC-2017-6471-1), cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional “Una manera de hacer Europa” de la Unión Europea; Fundación CajaCanarias y Fundación Bancaria “La Caixa” (2018PATRI20); Acuerdo ITER OA17/008; Cabildo



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Insular de Tenerife (CGIEU0000219140); Ministerio de Educación, Cultura y Deportes (FPU16/01435);
Convenio Marco de Cooperación entre la Consejería de Educación y el Cabildo Insular de Tenerife 2021-
2025 (CGIAC0000014697).



Variación Genética

VA11: Genetic diversity in traditional sheep breeds in North-West Europe: can they be considered an historical genetic resource?.

*Arianna Manunza¹, Johanna Ramirez Diaz¹, Tania Bobbo¹, Paolo Cozzi¹, Anna A. Schönherz²,
Goutam Sahana³, Bernt Guldbrandtser⁴, Alessandra Stella¹*

Correo electrónico: arianna.manunza@ibba.cnr.it

¹*Institute of agricultural biology and biotechnology (IBBA), National Research Council, c/o CNR - Area della Ricerca Milano I, Via Edoardo Bassini, 15 - 20133 Milano (MI), Italy.*

²*Department of Animal and Veterinary Sciences, Aarhus University Blichers Alle 20 DK-8830 Tjele, Denmark.*

³*Center for Quantitative Genetics and Genomics, Aarhus University, Blichers Allé 20, 8830 Tjele, Denmark.*

⁴*Department of Veterinary and Animal Sciences, University of Copenhagen, Grønnegårdsvej 8, 1870 Frederiksberg C, Denmark.*

It is well known that autochthonous breeds constitute an important genetic resource because of their uniqueness and for carrying alleles that contribute to maintain adaptive traits. Northern European short-tailed (NEST) sheep breeds were spread by the Norse tribes during the Viking Age (VA): it is considered as an example of secondary dispersion that involved mainly the British Isles and Scandinavian countries. Most of these present-day local breeds have a small effective population size and are classified as “endangered”. Here we propose to analyse the genetic variability of 30 sheep breeds belonging to three areas historically known for their importance during the Bronze Age (BA) trades, a timeframe greater than expected to look for past introgression involving NEST sheep. We built our dataset using genotypes ([Smarter Project; QGG Aarhus University](#)) and the mtDNA control region ([GenBank](#)) of sheep breeds from North Italy, the British Isles and Scandinavia, including Finland and the European mouflon. Our results showed an important genetic contribution coming from Scandinavian and Welsh populations into the Italian ones. All breeds revealed quite high levels of heterozygosity and a fixation index (Fst) ranging from 0.398 (EMF=European mouflon vs FJA = Fjallnas, Sweden) to 0.008 (BIE = Biellese vs BER = Bergamasca). Interestingly, looking at the comparison between these two Italian breeds and the Finnish, Norwegian and some Welsh populations, we retrieved quite low Fst values (<0.07). Other values confirmed a Scandinavian influence into the genome of some populations from Wales and Ireland. In the PCA analysis, populations clustered according to our hypothesis of previous contacts between these breeds related to human displacements rather than to their geographical origin. The migration events inferred using the TREEMIX analysis agree with a most recent genetic exchange linked to the VA. The ADMIXTURE analysis (K 2-10) revealed a clear Norse component in the rest of the breeds in different percentage. Increasing the number of K (K 11-36), some traces of Swedish ancestry component into the Italian breeds mainly from Gotland and a minor one from the Danish Landrace are still quite evident. We highlight the gene flow between the Galway population from Ireland and most of the Welsh breeds and we can speculate that it can be correlated to the documented metal trade during the BA for exchanging tin and copper from the British Isles ores. The Icelandic landrace kept a clear Norwegian ancestry whose origin is maybe more recent (VA) together with some Welsh one. Finally, checking the maternal contribution, we observed some clade supported by high bootstrap values joining Scandinavian populations with Italian and Welsh ones. Analysing the population structure, gene flow, the individuals’ ancestral composition and the maternal contribution, we retrieved some trace of their past contacts. Although these clues are weak in the case of the Italian breeds and evident but not easily time-discernible for dating them (using only this kind of analysis) in the case of Irish and Welsh breeds, it is



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



worth continuing investigating how human migrations and cultural interactions shaped the modern genetic diversity of these sheep.

Funding: This project was funded by the European Union's Horizon 2020 research and innovation program under grant agreement No 772787 (SMARTER).



Variación Genética

VA12: Señal putativa de selección positiva en el locus 1q21.3 en la población humana actual de las Islas Canarias.

Luis A. Rubio-Rodríguez¹, Ana Díaz-de Usera¹, José M. Lorenzo-Salazar¹, Adrián Muñoz-Barrera¹, Beatriz Guillen-Guio², David Jáspez¹, Víctor García-Olivares^{1,3}, Almudena Corrales^{2,5}, Antonio Íñigo-Campos⁴, Itahisa Marcelino-Rodríguez⁴, Antonio Cabrera de León^{2,4}, Raquel González-Montelongo^{1,3}, Carlos Flores^{1,2,3,5}

Correo electrónico: lrubio@iter.es

¹Área de Genómica, Instituto Tecnológico y de Energías Renovables (ITER), Santa Cruz de Tenerife, España

²Unidad de Investigación, Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria, Santa Cruz de Tenerife, España

³Plataforma Genómica de Alto Rendimiento para el Estudio de la Biodiversidad, Instituto de Productos Naturales y Agrobiología (IPNA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas, San Cristóbal de La Laguna, España

⁴Área de Medicina Preventiva y Salud Pública, Universidad de La Laguna, Santa Cruz de Tenerife, España

⁵CIBER de Enfermedades Respiratorias, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España

La población actual de las Islas Canarias destaca por su acervo genético tan particular en el contexto de las poblaciones europeas, determinado, en gran medida, por su situación geográfica, así como por fenómenos de mezcla reciente, aislamiento y endogamia. Estimaciones recientes de la mezcla genética poblacional apuntan a valores promedio del 75-83% de ascendencia europea (EUR), 17-23% norteafricana (NAF) y menos de un 3% del África subsahariana (SSA).

El objetivo de este estudio ha sido la identificación de posibles señales de selección positiva mediante estudios del exoma completo en la población actual de Canarias debido a las posibles implicaciones biomédicas del componente genético africano en poblaciones europeas.

Se secuenció el exoma completo de 920 canarios no emparentados (CAN) con, al menos, dos generaciones de ancestros nacidos en el archipiélago. Se realizó un análisis discriminante de componentes principales para priorizar las variantes compartidas entre las obtenidas en la población canaria y datos de genomas completos de poblaciones EUR, SSA y NAF. Sobre el total de variantes priorizadas, se evaluaron las diferencias en las frecuencias alélicas mediante la prueba de Fisher aplicando la corrección de Bonferroni. Para aquellas variantes exónicas con diferencias significativas entre CAN o NAF con las poblaciones EUR, pero sin diferencias significativas entre CAN y NAF, se calcularon divergencias genéticas de CAN en términos del *Population Branch Statistics* (PBS). Finalmente, se realizó un análisis de barrido selectivo mediante el *software* iSAFE y la anotación de la predicción del efecto de las variantes flanqueantes a la variante que mostró el mayor valor de PBS.

Se detectaron seis variantes con frecuencias alélicas similares entre CAN y NAF, pero significativamente diferentes a EUR, destacando una variante en la región 1q21.3 en el gen *PRUNE1* con frecuencia alélica cercana a la fijación en CAN y NAF (CAN=0,872; NAF=0,912). Los valores de PBS observados en la región (0,303) apuntaron a una marcada diferenciación de CAN y NAF respecto a EUR para esta variante. El análisis de barrido selectivo en esta región señaló la existencia de una posible señal de selección positiva en la población canaria, ausente en EUR, incluyendo a la población de la Península Ibérica. El análisis estadístico anterior, combinado con la anotación funcional, priorizó un total de 36 variantes en esta región genómica, que han sido relacionadas con índice de masa corporal, diabetes y enfermedades cardiovasculares.



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de Poblaciones y Evolución

Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Por primera vez, se ha identificado una región sometida a posible selección positiva en población canaria cerca del gen *PRUNE1*. Variantes presentes en esta región han sido asociadas previamente con factores de riesgo de diabetes y enfermedad cardiovascular.

Financiación: Ministerio de Ciencia e Innovación (RTC-2017-6471-1), cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional “Una manera de hacer Europa” de la Unión Europea; Acuerdo ITER OA17/008; Fundación CajaCanarias y Fundación Bancaria “La Caixa” (2018PATRI20); Cabildo Insular de Tenerife (CGIEU0000219140); Ministerio de Educación y Formación Profesional (FPU16/01435). Convenio Marco de Cooperación Consejería de Educación-Cabildo de Tenerife 2021-2025 (CGIAC0000014697).



Variación Genética

VA13: Genetic diversity and population structure in tropical creole cattle.

Elisa Somenzi¹, Johanna Ramirez-Díaz², Eileen Armstrong³, Axel Villalobos-Cortés⁴, Arnulfo Gutiérrez⁴, Edgar Lenin Aguirre⁵, Luisa Echavarría⁶, Yuri Utsonomiá⁷, Fernando García⁷, Mario Pol⁸, Tad Sonstegard⁹, Licia Colí¹⁰, Riccardo Negrini¹, Paolo Ajmone-Marsan^{1,11}

Correo electrónico: elisa.somenzi@unicatt.it

¹DIANA Dipartimento di Scienze Animali, della Nutrizione e degli Alimenti, Università Cattolica del S. Cuore, Piacenza, Italy.

²Institute of Agricultural Biology and Biotechnology - Italian National Research Council - IBBA-CNR

³Department of Genetics and Animal Breeding, Faculty of Veterinary Medicine, University of the Republic, Montevideo, Uruguay.

⁴Applied Molecular Biology and Analysis Laboratory, Agricultural Research Institute of Panama - IDIAP Panamá

⁵Faculty of Veterinary Medicine and Animal Science, National University of Loja -UNL, Loja – Ecuador

⁶Faculty of Veterinary Medicine and Zootechnics, Universidad Peruana Cayetano Heredia Faculty of Veterinary Medicine, Araçatuba, Department of Animal Production and Health, University of the State of São Paulo (unesp), Araçatuba, Brazil.

⁸National Institute of Agricultural Technology, CICVyA-CNIA, Institute of Genetics "Ewald A. Favret". Hurlingham, Buenos Aires, Argentina

⁹Recombinetics, Inc., St. Paul, MN 55104, USA.

¹⁰Centro di Ricerca sulla Biodiversità e sul DNA Antico-BioDNA, Università Cattolica del Sacro Cuore, Piacenza, Italia.

¹¹Centro di Ricerca Nutrigenomica e Proteomica-PRONUTRIGEN, Università Cattolica del Sacro Cuore, Piacenza, Italia.

Unraveling the genetic diversity and population structure of Creole cattle is essential for genetic improvement, use and conservation, as well as in understanding the mechanisms of adaptation to harsh conditions in the tropics. In South America, several breed cattle were imported from the Iberian Peninsula right after the discovery of the New World. Since then, following human colonization, cattle spread all over the continent and adapted, during centuries, to a wide diversity of climatic and farming conditions. Later on, other cattle were imported from Europe: taurine breeds from UK, The Netherlands and occasionally Italy and, more recently, indicine breeds from India and Pakistan. Original Iberian breeds have initially intermixed with these breeds and have now been largely substituted by the more productive taurine breeds in temperate areas and by indicine breeds in the tropics. Nevertheless, they are still reared in extreme environments (e.g. high altitude) using traditional methods. Aiming to assess the molecular diversity and demographic history of South American cattle, we collected samples of 918 criollos from 16 breeds in 8 South American Countries: Brazil (n = 97), Panamá (n = 69), Peru (n = 200), Ecuador (n = 20), Argentina (n = 184), Colombia (n = 89), Uruguay (n = 193), and Venezuela (n = 53). All data except Brazilian samples were genotyped with Illumina Bovine 50K SNP BeadChip, while samples from Brazil were genotyped with BovineHD BeadChip, only consensus markers between the two SNP chips were kept for the analyses. Geographical coordinates of each sampling location were recorded. Markers selected for diversity analysis were required to be located on autosomal chromosomes, with individual and SNP call rate of 0.98, minor allele frequency (MAF) of 0.05 and pruned for linkage disequilibrium (indep-pairwise: 50, 5, 0.2) in all populations included in the study. After application of these selection criteria, 24,831 SNPs were included in the analysis. Genetic diversity and population structure were assessed through multiple approaches. Observed heterozygosity ranged from a minimum of 0.3 (\pm 0.21) recorded for Criollo Curralerio from Brazil to a maximum of 0.392 (\pm 0.164) scored by the cattle population sampled in Ecuador. Results from Principal Component Analysis (PCA) and neighbour net analysis mirrored the geographical distribution of the sampled populations across the continent. Admixture analysis was performed assembling a dedicated



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



dataset including, along with sampled populations also Holstein, Nellore and N'Dama samples as reference populations for European *B. Taurus*, *B. Indicus* and African cattle, respectively. Results showed a wide heterogeneity within individuals of each population, with high frequency of well-defined subclusters. Different percentages of genetic contribution received from African and Indicus cattle were identified in all the sampled populations, highlighting the admixed characteristic of the South American cattle. Taken together our preliminary findings suggest that South American cattle experienced during centuries recursive events of gene flow and admixture from different source populations. Further analyses will be performed to elucidate the genetic contributions that shaped the South American's cattle genome and to identify marker variants associated to adaptation to harsh environments.



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



EVOLUCIÓN
Jueves 19 de enero



Evolución

EV01: Estructura de la población y análisis de selección en datos exómicos de Camerún.

Santos Alonso¹, Oscar García², Neskuts Izagirre³, Alicia García de Galdeano⁴, Rafaela González Montelongo^{5,6}, Jose Miguel Lorenzo-Salazar⁷, Carlos Flores^{8,9,10,11}, Saïoa López¹², Krishna R. Veeramah¹³, Garrett Hellenthal¹⁴, Mark G. Thomas¹⁵

Correo electrónico: santos.alonso@ehu.eus

¹Dept. Genética, Antropología Física y Fisiología Animal, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Barrio Sarriena s/n, 48940 Leioa, Bizkaia, Spain.

²Unidad de Ciencias Forenses, Sección de Genética Forense, Ertzaintza, Erandio, Bizkaia, Spain.

³Dept. Genética, Antropología Física y Fisiología Animal, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Barrio Sarriena s/n, 48940 Leioa, Bizkaia, Spain.

⁴Departamento de Biología Celular e Histología, Facultad de Medicina y enfermería, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Barrio Sarriena s/n, 48940 Leioa, Bizkaia, Spain.

⁵División de Genómica, Instituto Tecnológico y de Energías Renovables (ITER), Santa Cruz de Tenerife, Spain

⁶Instituto de Tecnologías Biomédicas (ITB), Universidad de La Laguna, Santa Cruz de Tenerife, Spain

⁷División de Genómica, Instituto Tecnológico y de Energías Renovables (ITER), Santa Cruz de Tenerife, Spain.

⁸División de Genómica, Instituto Tecnológico y de Energías Renovables (ITER), Santa Cruz de Tenerife, Spain

⁹Instituto de Tecnologías Biomédicas (ITB), Universidad de La Laguna, Santa Cruz de Tenerife, Spain.

¹⁰Research Unit, Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria, Universidad de La Laguna, Santa Cruz de Tenerife, Spain

¹¹CIBER de Enfermedades Respiratorias, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, Spain

¹²Department of Strategy and Data Insights, Wellcome Trust, 215 Euston Road, Bloomsbury, London NW1 2BE, United Kingdom.

¹³Department of Ecology and Evolution, Stony Brook University, Stony Brook, NY 11794-5245, United States.

¹⁴UCL Genetics Institute, University College London (UCL), Gower Street, London WC1E 6BT, United Kingdom.

¹⁵Research Department of Genetics, Evolution & Environment, University College London (UCL), Darwin Building, Gower Street, London WC1E 6BT, United Kingdom.

Camerún se considera una especie de "África en miniatura" no sólo por su gran diversidad geográfica, ecológica, cultural y lingüística, sino también por la gran variedad de estrategias de subsistencia adoptadas por sus habitantes. En este trabajo analizamos los datos de secuenciación del exoma completo (WES) para tratar de comprobar si estos factores ambientales han moldeado la diversidad genética humana de Camerún. Para ello analizamos 100 exomas completos de Camerún, con una muestra de 30 grupos étnicos (incluidos fulani, bassa, kotoko y mambila). Evaluamos la estructura y la diversidad de la población (PCA, FineStructure...) y las firmas de selección (D de Tajima, D de Fu y Li, PBS, ...). Por otra parte, dado la fuente de ADN consistió en hisopos bucales fueron y una proporción de las lecturas no fueron mapeadas (~1%), éstas se han utilizado para identificar el microbioma oral.

Nuestro análisis sugiere que la principal fuerza que ha actuado sobre la diversidad genética de Camerún es la demografía; así, los cameruneses podrían estar genéticamente subdivididos en dos grupos principales de población que se localizan en las regiones del norte por un lado, y el oeste y costa del país por otro. Además, identificamos supuestas señales de selección específicas de la región asociadas a factores ambientales. Nuestros resultados iniciales de selección positiva identifican a *SLC39A4*, un gen implicado en el transporte de zinc y que se ha especulado previamente que podría tener implicaciones inmunológicas, ya que ciertas variantes podrían reducir el acceso al Zn por parte de patógenos, lo que los convertiría en menos virulentos. Asimismo detectamos el gen *BSG*, un gen que se ha descrito como esencial para la invasión eritrocitaria por parte de *P. falciparum*.



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Finalmente, los análisis metagenómicos (a partir de exomas) revela una mayor presencia de *Firmicutes* en los individuos del N de Camerún, lo que puede ser el resultado de una dieta más rica en fibras



Evolución

EV02: Comparative and population genomics of an adaptive radiation using highly continuous genome assemblies.

Sara Guirao-Rico^{1,2}, Vadim A. Pisarenko^{1,2}, Paula Escuer^{1,2}, Marta Olivé-Muñiz^{1,2}, Adriã Boada-Figuera^{1,2}, Miquel A. Arnedo^{2,3}, Alejandro Sánchez-Gracia^{1,2}, Julio Roza^{1,2}

Correo electrónico: sguirao@ub.edu

¹Departament de Genètica, Microbiologia i Estadística, Universitat de Barcelona, Barcelona, Spain

²Institut de Recerca de la Biodiversitat (IRBio), Universitat de Barcelona, Barcelona, Spain

³Departament de Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals, Universitat de Barcelona, Barcelona, Spain

The spider genus *Dysdera* constitutes one of the most striking cases of species radiation in oceanic archipelagos, with ~60 endemic species reported in the volcanic Canary Islands. It has been hypothesized that this radiation is being fueled by a diversification in dietary preferences, as it is mirrored by some remarkable phenotypic changes that predict the level of stenophagy (including morphological, metabolic and behavioral modifications). Previous studies on this genus using a comparative transcriptomics approach yielded a list of candidate genes that show concordant changes in gene expression profiles, and the hallmark of positive selection, in species with higher levels of stenophagy (aka specialists). However, this type of study does not provide information on some other valuable sources of genetic variation that are paramount to obtain a more complete picture of the genomic determinants underlying adaptive radiation, such as SNPs in non-coding regulatory regions, structural variants, repetitive elements, or multigene families. To determine the true impact of these other sources, we have obtained highly continuous reference genome assemblies from various *Dysdera* species sampled from different geographic locations, with different dietary regimes, and at different evolutionary distances. Using these high-quality genomes, we have performed a comparative analysis of the chromosome structure, proportion and composition of TEs between endemic and mainland species, which differ notably in their genome size (about 1.7 and 3.3 Gb, respectively). In addition, we have also performed a genome-wide analysis of the evolutionary rate of non-coding regulatory regions, focusing on the analysis of accelerated regions with a parallel pattern in specialist species. Furthermore, and to determine which evolutionary process are acting on shorter time scale, we have also carried out a population genomics study of a natural population of one of the endemic spiders of Canary Islands. Overall, the results of these analyses are key to our understanding of the genomic basis of adaptive radiations.



Evolución

EV03: Venómica de la adaptación en los caracoles de la familia Conidae.

José Ramón Pardos-Blas¹, Juan Esteban Uribe¹, Ana Herráez¹, Cristina Grande², José Templado¹, Juan Carlos G. Galindo³, Manuel J. Tenorio⁴, Rafael Zardoya¹

Correo electrónico: joserapblas@gmail.com

¹Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC), 28006 Madrid, España.

²Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Madrid, Cantoblanco, 28049 Madrid, España.

³Departamento de Química Orgánica-INBIO, Facultad de Ciencias, Universidad de Cádiz, 11510 Puerto Real, España.

⁴Departamento de CMIM y Química Inorgánica-INBIO, Facultad de Ciencias, Universidad de Cádiz, 11510 Puerto Real, España.

Los caracoles como pertenecientes a la familia Conidae son un grupo de más de 900 especies marinas distribuidas en regiones tropicales y subtropicales en todos océanos, desde zonas intermareales hasta llanuras abisales. Son especies conocidas por su capacidad de producir venenos muy complejos en una glándula especializada e inyectarlos mediante una rádula modificada en forma de arpón para paralizar a sus presas o defenderse de depredadores. Nuestro grupo investiga tanto la diversidad de especies de la familia Conidae mediante una aproximación filogenómica y de genómica de poblaciones, como la diversidad en composición de los venenos mediante una aproximación combinada de genómica, transcriptómica y proteómica (venómica). Los resultados más recientes en esta línea de investigación incluyen el ensamblado de los genomas del cono del mediterráneo, *Lautoconus ventricosus* y de un cono endémico de las Islas Canarias, *Kalloconus canariensis*. El genoma, de nivel cromosómico, nos ha permitido comprobar la presencia de una antigua duplicación de todo el genoma en neogasterópoda, además de describir la expansión de los genes del veneno en los diferentes cromosomas. Además, mediante la secuenciación de transcriptomas y proteomas, hemos analizado la glándula de veneno de dos especies para caracterizar y evaluar las diferencias de expresión de toxinas entre especies hermanas crípticas que viven en simpatria. Por otra parte, estamos analizando mediante SNPs la estructura poblacional y los posibles mecanismos de especiación de la especie *Africonus crotchii*, la cual presenta diferentes morfotipos antes considerados especies separadas y todos ellos localizados a lo largo de las costas de la isla de Boa Vista, en el archipiélago de Cabo Verde. Finalmente, tomando ventaja del genoma del cono y de otros genomas de gasterópodos de nivel cromosómico, estamos analizando en colaboración con el grupo de Genómica Evolutiva y Bioinformática de la Universitat de Barcelona, el sistema quimiosensorial, importante para la detección de presas en los conos, y hemos descrito las diferentes familias de receptores presentes y expandidos en esta especie.



Evolución

EV04: Impact of the heat stress on the expresión of Transposable Elements and small RNAs in *Drosophila subobscura*.

[Alejandra Bodelón](#)¹, [Marie Fablet](#)², [Cristina Vieira](#)², [María Pilar García Guerreiro](#)¹

Correo electrónico: alejandra.bodelon@uab.cat

¹Departament de Genètica i Microbiologia. Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra (Barcelona), Spain.

²Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, UMR5558, Université Lyon 1, Villeurbanne, France.

Transposable elements (TEs) are DNA sequences able to move to different locations in the genome, inducing mutations. Previous studies have found that thermal stress could deregulate the expression of some specific TE families, but no global transcriptomic studies were performed, ignoring the global impact on the whole genome and the mechanisms involved in their deregulation. It is known that heat shock proteins (*hsp70* and *hsp83*), which are well-known chaperones helping protein re-folding after a stress, also have an active role in the piRNA pathway. Since this pathway is the main one in the TE repression in *Drosophila* germ line, we hypothesize that after a heat stress, most of the heat shock proteins could be involved in re-folding, neglecting their role in the piRNA pathway, and contributing to TE deregulation.

Our main goal is to know the real global impact of heat stress in the male and female germ line transcriptome (mRNA and small-RNA) from two populations of *Drosophila subobscura*. We obtained for the first time a *D. subobscura* transcriptome and annotated *de novo* their TE families. We found that some TEs and genes, whose functions could be related to their adaptation to different environments, were differentially expressed in these populations. Under heat stress conditions, an overexpression of heat shock protein genes and other genes related to stimulus response, biological regulation and cellular and metabolic processes, was observed compared to the same populations in control conditions. A deregulation of some TE families after the heat shock, mainly towards overexpression, together with some siRNA and piRNA expression changes in stressed individuals was also observed. We annotated 85 putative piRNA clusters in this species, of which fifteen produced more than 70% of the total piRNAs. Additionally, we showed that heat stress affected the piRNA production of some piRNA clusters but these changes in small RNA amounts were not clearly correlated to TE deregulation, indicating that other factors as heat-shock dependent chromatin modulation, could also be involved.



Evolución

EV05: Identificación de huellas de selección natural y adaptación en el genoma de los canarios contemporáneos e implicaciones biomédicas.

José M. Lorenzo-Salazar¹, Raquel González-Montelongo¹, Adrián Muñoz-Barrera¹, Luis A. Rubio-Rodríguez¹, Ana Díaz-de Usera¹, Víctor García Olivares¹, Antonio Iñigo Campos¹, Alejandro Mendoza-Alvarez², Beatriz Guillen-Guio², Itahisa Marcelino-Rodríguez², Almudena Corrales^{2,3}, Gerard Serra-Vidal⁴, David Comas⁴, Carlos Flores^{1,2,3}.

Correo electrónico: jlorenzo@iter.es

¹Área de Genómica, Instituto Tecnológico y de Energías Renovables (ITER), Santa Cruz de Tenerife, España.

²Unidad de Investigación, Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria, Universidad de La Laguna, Santa Cruz de Tenerife, España.

³CIBER de Enfermedades Respiratorias, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España.

⁴Departament de Ciències Experimentals i de la Salut, Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-UPF), Universitat Pompeu Fabra, Barcelona, España.

La singularidad genética de la población canaria contemporánea se explica por la mezcla reciente con poblaciones de origen europeo y africano, entre otros factores, como el aislamiento y la endogamia. En este trabajo hemos utilizado tecnologías masivas de secuenciación para identificar regiones del genoma de la población canaria contemporánea sometida a procesos selectivos y estudiar sus posibles asociaciones con diferentes fenotipos de interés, en particular la enfermedad.

Para ello se ha obtenido el genoma completo a alta profundidad (~30x) de 72 canarios y 72 norteafricanos, y se han procesado los genomas secuenciados de 72 europeos (IBS) del proyecto 1000 genomas. La variación genética se ha identificado desarrollando y validando *pipelines* bioinformáticos basados en BWA-GATKv4 utilizando hg19 como genoma de referencia. Para identificar señales putativas de selección se realizaron barridos de pruebas de neutralidad y diversidad genética (D-Tajima, Fst, PBS) con varias resoluciones, empleando tamaños de ventana y pasos diferentes. Una vez obtenidas las distribuciones estadísticas de estas pruebas, se priorizaron valores en las colas y los resultados obtenidos se utilizaron en el estudio de enriquecimiento de fenotipos en los genes identificados.

En este estudio se identificaron aproximadamente 25 millones de variantes en los genomas completos de los canarios, de las cuales en torno al 18% no están presentes en dbSNP (avsnp150) y un 43% no está descrita en TOPMed freeze3. Utilizando como criterio de corte el 0,1% de la distribución de D-Tajima, se han identificado más de 1300 regiones putativas de selección, incluyendo regiones altamente polimórficas como el HLA y regiones para las que existen evidencias previas de selección en otras poblaciones. Los términos más enriquecidos en las regiones priorizadas incluyen enfermedades autoinmunes, oftalmológicas y oncológicas, entre otras.

Financiación Ministerio de Ciencia e Innovación (RTC-2017-6471-1), cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional “Una manera de hacer Europa” de la Unión Europea; Fundación CajaCanarias y Fundación Bancaria “La Caixa” (2018PATRI20); Acuerdo ITER OA17/008; Cabildo de Tenerife (CGIEU0000219140); Ministerio de Educación y Formación Profesional (FPU16/01435); Convenio Marco de Cooperación Consejería de Educación-Cabildo Insular de Tenerife 2021-2025 (CGIAC0000014697).



Evolución

EV06: Origen y expansión epidémica inicial de un nuevo alelo de resistencia a antibióticos en *Klebsiella pneumoniae*.

Neris García-González, Beatriz Beamud, Fernando González-Candelas

Correo electrónico: fernando.gonzalez@uv.es

Unidad Mixta Infección y Salud Pública FISABIO-Universitat de València. Instituto de Biología Integrativa de Sistemas I2SysBio (UV-CSIC) Valencia, Spain.

La resistencia a antibióticos representa uno de los mayores problemas de salud pública en la actualidad y está previsto que se agrave en los próximos años. Además de sus implicaciones clínicas y sociales, la resistencia es uno de los mejores ejemplos de evolución en acción, en los que podemos analizar procesos evolutivos en condiciones “naturales” y no bajo sistemas controlados en el laboratorio. Entre los organismos que presentan mayores niveles de resistencia a antibióticos se encuentra *Klebsiella pneumoniae*, presente en muchos entornos y que está incluida entre las bacterias para las que la OMS indica la necesidad urgente de desarrollo de nuevos antibióticos (grupo ESKAPE). Entre las resistencias más graves en esta bacteria se encuentran las producidas por un grupo diverso de enzimas, las carbapenemasas, que proporcionan resistencia a antibióticos de último recurso, como los carbapenems. En esta comunicación presentamos el detalle molecular y las etapas iniciales de la expansión epidémica de un nuevo alelo de una carbapenemasa, bla_{NDM-23} (alelo 23 de una beta-lactamasa del tipo metaloproteasa de Nueva Delhi). Este alelo aparece por mutación puntual de un alelo bla_{NDM-1} durante la transmisión de un plásmido de 97 kb multirresistente (19 genes que proporcionan resistencia a 9 familias de antibióticos diferentes). Este plásmido aparece asociado a un linaje de *K. pneumoniae*, ST437, que fue identificado por primera vez en un hospital de Madrid, en un viajero procedente de Pakistán y con residencia habitual en Valencia. Tras el traslado del paciente a Valencia, se detectó un brote de esta bacteria con multirresistencia cuya fuente, gracias a la secuenciación genómica, hemos podido identificar en ese caso. La secuencia genómica también nos ha revelado que otras cepas de *K. pneumoniae* del mismo ST, aparecidas en fechas próximas en nuestro país, no tienen relación con la comentada. El gen plasmídico bla_{NDM} se encuentra incluido en un integrón de la clase compleja 1 con un entorno genético poco habitual. La comparación de la secuencia de este integrón y del resto del plásmido con secuencias depositadas en la base de datos nos permite plantear un escenario de transferencia del integrón entre plásmidos de diferente localización geográfica (con representantes identificados en Chequia y Pakistán), sin que apenas se hayan acumulado diferencias a nivel nucleotídico entre los elementos genéticos implicados. La dinámica de los genes de resistencia se ve acelerada por su incorporación a plásmidos y otros elementos móviles que se transfieren con facilidad, incluso más allá de los límites específicos. El estudio de su dinámica no sigue los modelos de cambio molecular habituales y las tasas de movilización superan en ocasiones las de sustitución nucleotídica. Es poco habitual asistir al inicio de un nuevo escenario de evolución en tiempo real.



Evolución

EV07: MHC evolution in the Neotropical the Midas cichlid.

Carlos Lozano-Martín, Seraina E. Bracamonte, Marta Barluenga

Correo electrónico: clozano@mncn.csic.es

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

The antagonistic interaction between hosts and parasites is recognized as one major driver of animal diversification. Parasites impose strong selective pressures on their hosts, which induce immune responses that have the potential to cause local adaptation in host populations, and ultimately diversification and even speciation. The adaptive immune response is partly mediated by the Major Histocompatibility Complex (MHC), a gene family which represents one of the most variable genomic regions in vertebrates. MHC variability is generated, to some extent, by parasite diversity and maintained by balancing selection resulting from the interplay between MHC and parasites. Hosts inhabiting alternative habitats are exposed to different parasite communities, and these contrasting pressures should generate MHC heterogeneity and local signatures across host populations. Here we studied the role of host-parasite interactions in generating diversity in the recent adaptive radiation of The Midas cichlid fish (*Amphilophus* spp.) in the Nicaraguan lakes. Sympatric Midas cichlid species have evolved in parallel in different lakes adapting to exploit alternative habitats and trophic resources. Parallelism is also reflected in phenotypic variation affecting body shape and trophic structures. We already recognized that there is a lake-specific MHC signature. Here we analyzed MHC variation across Midas cichlid species and populations and evaluated MHC signatures associated to parallel ecotypes. Moreover, we analyzed temporal variability of MHC population signatures. We compare this data with parasite communities and their temporal variability.



Evolución

EV08: La filogenia como herramienta epidemiológica en las enfermedades infecciosas de animales silvestres en Asturias.

Luis J. Royo^{1,2}, Alvaro Oleaga³, Gloria Herrero-García⁴, Debby Bonnaire⁵, Ana Soldado⁶, Iris Domingo⁶, Israel Espinoza⁴, Ramón Balseira⁷, Ana Balseiro^{1,4,8}

Correo electrónico: royoluis@uniovi.es

¹Grupo Investigación NySA-SERIDA. Ctra AS-267, PK 19, 33300- Villaviciosa, Asturias, España.

²Departamento de Biología Funcional, Genética. Universidad de Oviedo, 33006 Oviedo, Asturias, España.

³Sociedad de Servicios del Principado de Asturias S.A. (SERPA), Gijón, España.

⁴Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de León, León, España.

⁵Ecole Supérieure d'Ingénieurs Agroalimentaires de Bretagne atlantique, Université de Bretagne Occidentale, Brest, France

⁶Departamento de Química Física y Analítica. Universidad de Oviedo, 33006 Oviedo, Asturias, España.

⁷Consejería de Medio Rural y Cohesión Territorial del Principado de Asturias, Oviedo, Asturias, España..

⁸Departamento de Sanidad Animal, Instituto de Ganadería de Monaña, CSIC-Universidad de León, León, España.

Dentro del Plan de Vigilancia Sanitaria de la fauna silvestre del Principado de Asturias se investiga de forma rutinaria la presencia de virus que han causado mortalidad previamente en diferentes especies de carnívoros silvestres, como el zorro, el tejón, la marta o el oso. Estos virus incluyen el virus de la hepatitis canina CadV-1: Adenovirus canino tipo I, virus ADN bicatenario) y el del moquillo canino (CDV: *Canine Distemper virus*, virus ARN monocatenario). Todo ello, con el fin de monitorizar el estado sanitario global de los ecosistemas de la Cordillera Cantábrica. El objetivo de este trabajo es poner de manifiesto cómo el estudio filogenético de los virus identificados en muestras de animales puede aportar información sobre la epidemiología de las enfermedades.

Se obtuvieron muestras de carnívoros silvestres de Asturias, que bien fueron cazados oficialmente, atropellados, o encontrados enfermos o muertos en el medio natural. A todos los animales se les realizó la necropsia y se tomaron muestras de encéfalo, hígado y/o bazo. Posteriormente, se extrajo ADN y ARN totales, y se realizó la PCR o RT-PCR (en el caso de virus ARN) para la detección de los virus.

CAdV-1. Se secuenciaron 500 pb de ADN vírico de 10 individuos diferentes (ocho lobos y dos osos), positivos al virus CAdV-1, encontrándose una sola mutación que da lugar a dos variantes. Una de las variantes del CAdV-1 resultó idéntica a las secuencias de referencia del virus. Se desarrolló un test diagnóstico simultáneo de las dos variantes, que se utilizó para testar el papel del lobo en la epidemiología de la enfermedad. De 149 muestras de lobo y cuatro de oso analizadas se identificaron 23 animales positivos (21 lobos y dos osos), de los cuales solo dos lobos tenían la variante con la mutación. Estos lobos habían sido muestreados en años diferentes pero en la misma localización geográfica. En general los resultados obtenidos permitieron mostrar que la presencia de Adenovirus canino en Asturias sigue un gradiente de más a menos en dirección Occidente - Oriente.

CDV. Se secuenciaron 400 pb de 13 individuos diferentes (siete tejones, cuatro zorros, una marta y un turón) positivos al virus CDV y se encontraron cuatro variantes distintas. Se compararon las 4 variantes encontradas con las secuencias disponibles en las bases de datos (n=66), resultando todas ellas diferentes a las publicadas hasta el momento. Esta mayor diversidad encontrada en las secuencias de virus ARN permitió por un lado construir árboles filogenéticos y, por otro, estimar las distancias genéticas entre pares de secuencias. Las secuencias obtenidas en este trabajo se agrupaban con otras secuencias publicadas de la península ibérica, y además tenían menor distancia genética con ellas, lo que es compatible con un escenario de moquillo endémico en la Península Ibérica.



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



El análisis filogenético de secuencias ha resultado ser útil en la epidemiología de las enfermedades infecciosas, y se ha incorporado en el protocolo del Plan de Vigilancia Sanitaria de la fauna silvestre del Principado de Asturias.



Evolución

EV09: Tracing the evolutionary history of *Treponema pallidum* through the study of ancient and modern genomes.

Marta Pla-Díaz^{1,2}, *Gülfride Akgüß*³, *Martyna Molak*^{4,5}, *Louis du Plessis*^{6,7}, *Natasha Arora*⁸, *Kerttu Majander*^{3,9}, *Verena J. Schuenemann*^{3,9}, *Fernando González-Candelas*^{1,2}

Correo electrónico: fernando.gonzalez@uv.es

¹Unidad Mixta Infección y Salud Pública FISABIO/Universidad de Valencia-I2SysBio, Valencia, Spain.

²CIBER in Epidemiology and Public Health, Spain.

³Institute of Evolutionary Medicine, University of Zurich, Zurich, Switzerland.

⁴Centre of New Technologies, University of Warsaw, Warsaw, Poland.

⁵Museum and Institute of Zoology, Polish Academy of Sciences, Warsaw, Poland.

⁶Department of Biosystems Science and Engineering, Swiss Federal Institute of Technology in Zürich, Basel, Switzerland.

⁷Swiss Institute of Bioinformatics, Switzerland.

⁸Zurich Institute of Forensic Medicine, University of Zurich, Zurich, Switzerland.

⁹Department of Evolutionary Anthropology, University of Vienna, Austria.

The treponemal diseases yaws, bejel and syphilis, all caused by the bacterium *Treponema pallidum*, are re-emerging worldwide. Syphilis has been notorious since the devastating pan-European epidemic at the end of the 15th century, but its origins and spread, like that of the rest of the treponematoses, still remain unresolved. While most evolutionary and epidemiological studies of treponemes have focused on just one subspecies at a time, and commonly employed only modern genomes, ancient genomes of various *T. pallidum* strains can now complement them with novel discoveries. Here, we obtain a new high-coverage (35X) historical genome of *Treponema pallidum* subsp. *pallidum*. Combining this new lineage with a comprehensive set of 76 previously published genomes of both modern and ancient strains, enables us to investigate the treponemal evolution on a wide variation across all human infecting strains. Furthermore, a detailed analysis on recombination and positive selection, and on the divergence history of *T. pallidum* subspecies are facilitated by this novel addition to the still rarely reconstructed ancient treponemal genomes. We detect 18 recombinant genes, potentially responsible for virulence and immunity evasion, many of which have evolved under positive selection. Both the involvement of ancient genomes in several recombination events and the molecular clock dating underline the importance of recombination in the past adaptations of all *T. pallidum* genomes, before its divergence into current subspecies. Moreover, we find recombination to have a profound impact in the diversification of the yaws- and bejel-causing clades: exclusion of recombinant genes from phylogenetic analysis notably affects the estimated topology, and groups these traditionally well-separated subspecies in a single clade. These findings provide resolution to the evolutionary dynamics of *T. pallidum* beyond what could be achieved with modern genomic data alone.



Evolución

EV10: Speciation on islands: genoma-wide divergence between and within-island populations upon colonization of Macaronesia by the common chaffinch.

[María Recuerda, Javier Sala, Borja Milá](#)

Correo electrónico: mariarecuerdacarrasco@gmail.com

Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC), C/ José Gutiérrez Abascal 2, Madrid 28006, Spain

Avian radiations provide ideal systems for the study of the speciation process. The common chaffinch (*Fringilla coelebs*) is a widespread Eurasian species that has sequentially colonized the Atlantic archipelagos of Azores, Madeira and finally the Canary Islands from the continent. Our phenotypic and pylogenomic analyses reveal that along this circuitous colonization route, the common chaffinch has diverged in phenotype and genotype, resulting in a species-level radiation. The sequential route has left a genomic signature of a reduction of genetic diversity at each step of the colonization due to consecutive founder events. Interestingly, at the last step of this radiation, specifically in the small island of La Palma (Canary Islands), the common chaffinch has expanded its range from the cloud forest to the pine forest, and this habitat-shift has led to a process of local adaptation. Local adaptation has the potential to drive the formation of independent evolutionary lineages at small spatial scales when populations occupy contrasting habitats, where differences in food resources and climatic conditions can promote the divergence of morphological, behavioral and physiological traits and the genomic regions associated with them. Birds in the two habitats show significant differences in diet (measured with carbon isotope ratios in feathers), plumage color, and morphology, the latter showing differences that are consistent with ecomorphological predictions. A genome-wide survey of genetic variation using SNP (single nucleotide polymorphism) loci from a genotyping-by-sequencing approach revealed that the structure of neutral SNP loci between localities was consistent with geography, showing significant isolation by distance and indicating highly restricted natal dispersal. Genome-Wide Association Study (GWAS) and Genotype-Environment Association (GEA) methods revealed the existence of numerous loci involved in local adaptation which were distributed across the entire genome, as expected for polygenic traits. Among the candidate genes we find some involved in craniofacial development and metabolism, which are consistent with the phenotypic differences identified. Preliminary analysis of whole-genome assemblies reveals past selective sweeps at various genomic regions as well as inter-island introgression events. Our results suggest a strong role for local adaptation in driving lineage divergence in the chaffinch of La Palma, an excellent model for studying the evolutionary mechanisms of adaptive phenotypic divergence.



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Mejora Genética
Viernes 20 de enero



Mejora Genética

ME01: Management of subdivided populations subject to conservation programs using genomic information.

Elisabeth Morales-González¹, Beatriz Villanueva¹, Miguel A. Toro² & Jesús Fernández¹

Correo electrónico: jmj@inia.csic.es

¹INIA-CSIC, Ctra. de La Coruña, km 7.5, 28040, Madrid, Spain.

²UPM, Ciudad Univesitaria s/n, 28040, Madrid, Spain.

The main objective in conservation programs is to maximize the global genetic diversity while restricting the levels of inbreeding. This can be achieved by using the Optimal Contribution method (OC). Most populations of endangered species or breeds are subdivided into different breeding groups. To cope with this, OC methodology was extended to optimally manage subdivided populations, originally using pedigree-based coancestries. This method determines the optimal contribution of each individual to the next generation to maximize the global genetic diversity while balancing the relative levels of coancestry between and within subpopulations. In the context of single population management, it has been proven that the use of marker-based coancestries could lead to a more efficient management. However, different molecular estimators have different effects on the genetic diversity maintained and in the evolution of the allelic frequencies. In this simulation study we tested the different outcomes from OC performed using different genomic coancestry matrices computed using over 50,000 SNPs. Two genomic matrices estimated were evaluated: i) the matrix describing the excess in the observed number of alleles shared by two individuals relative to the expected number under Hardy-Weinberg equilibrium ($\Theta_{L\&H}$); ii) the genomic relationship matrix obtained using method 2 described by VanRaden (Θ_{VR2}). Both $\Theta_{L\&H}$ and Θ_{VR2} depend on allele frequencies of the base population but in the case of a subdivided population, it is unclear which frequencies should be used. We compared two approaches: i) using initial frequencies in the global population; and ii) using the average initial frequencies of the subpopulations involved in the calculation of each particular coancestry. The consequences of using these coancestry matrices (as well as the pedigree-based coancestry matrix, Θ_{PED}) in the management of a subdivided population during ten discrete generations were evaluated in terms of the global levels of genetic diversity maintained (either expected heterozygosity or allelic diversity), its distribution within- and between-subpopulations, the trajectory of allele frequencies and the migration flow between subpopulations. Allelic diversity was measured as the percentage of loci that continued segregating at a given generation. The use of $\Theta_{L\&H}$, giving an appropriate weight to the coancestry within-subpopulation, led to the highest values of global and within-subpopulations expected heterozygosity, lower inbreeding levels and a similar allelic diversity than the use of Θ_{PED} or Θ_{VR2} . In general, computing the genomic coancestry matrices using subpopulations allele frequencies instead of the global frequencies led to lower values of global and within-subpopulations expected heterozygosity and higher inbreeding levels.



Mejora Genética

ME02: A chromosome-level genome assembly enables the identification of the follicle stimulating hormone receptor as the master sex determining gene in *Solea senegalensis*.

P. Martínez¹, R. de la Herrán², M. Hermiñá¹, J. Rubioló¹, J. Gómez-Garrido³, F. Cruz³, F. Robles², R. Navajas-Pérez², A. Blanco², P. Rodríguez-Villamayor¹, D. Torres¹, P. Sánchez-Quinteiro⁴, D. Ramírez⁵, M. E. Rodríguez⁵, A. Arias⁵, I. Cross⁵, N. Duncan⁶, T. Martínez-Peña⁷, A. Riazá⁷, A. Millán⁸, M. Gu⁸, C. Bouzá¹, D. Robledo⁹, L. Rebordinos⁵, T. Alioto³, C. Ruíz-Rejón²

Correo electrónico: paulino.martinez@usc.es

¹Departamento de Zoología, Genética y Antropología Física, Universidade de Santiago de Compostela. Lugo, Spain.

²Departamento de Genética, Universidad de Granada, Granada, Spain.

³Centre Nacional d'Anàlisi Genòmica, Barcelona, Spain.

⁴Departamento de Anatomía, Producción Animal y Ciencias Clínicas Veterinarias, Universidade de Santiago de Compostela. Lugo, Spain.

⁵Departamento de Biomedicina, Biotecnología y Salud Pública, Universidad de Cádiz, Cádiz, Spain.

⁶IRTA Sant Carles de la Ràpita, Sant Carles de la Ràpita, Tarragona, Spain.

⁷Stolt Sea Farm SA, Departamento I+D, A Coruña, Spain.

⁸Geneaqua SL, Lugo, Spain.

⁹The Roslin Institute and Royal (Dick) School of Veterinary Studies, University of Edinburgh, Midlothian, UK.

Sex determination shows huge variation among fish. Pleuronectiformes is a group characterized by adaptation to demersal life and compact genomes. We substantially improved the Senegalese sole reference genome, a promising European aquaculture species, by combining long- and short- read sequencing, and further scaffolding using a highly dense genetic map. Mapping integration was completed at cytogenetic level using BAC-FISH. Orthology was assessed by using the chromosome-level genomes of six commercial flatfishes covering the phylogenetic family spectrum of the order: Scopthalmidae, Paralychthyidae, Cynoglossidae, Soleidae and Pleuronectidae. We identified 7936 shared single-gene orthologues that were used to reconstruct phylogeny and identify syntenies that were further used to explore the karyotype evolutionary history of Senegalese sole. Whole genome resequencing of six males and six females enabled the identification of 41 allelic variants in the follicle stimulating hormone receptor (*fhsr*) gene, homozygous in females and heterozygous in males, according to an XX / XY pattern, which allowed tuning a molecular sexing tool for the species. Twenty-four of those variants were non-synonymous and associated with changes in the Y-linked allele, targeting key aa residues involved in the reception of the FSH hormone and its transduction signal. *fhsr* demonstrated differential gene expression between male and female gonads since 86 days post-fertilization when they still were an undifferentiated primordium, even before than other testis and ovary marker genes, such as *amh* and *cyp19a1a* genes, respectively. Interestingly, the Y-linked allele expressed to a higher level at all stages, suggesting a molecular mechanism for hampering the action of the follicle stimulating hormone, driving the undifferentiated gonad toward testis.

Funding grants: Spanish Government: AGL2014-57065-R, RTI2018-096847-B-C21 and RTI2018-096847-B-C22; FEDER-P-20-00938; EU: No 81792 (AQUA-FAANG); Companies: Geneaqua SL and Stolt Sea Farm SA



Mejora Genética

ME03: Los datos de metagenómica son composicionales. El problema y la solución.

Agustín Blasco¹, Marina Martínez Alvaro², Michael Greenacre³

Correo electrónico: ablasco@dca.upv.es

¹Instituto de Ciencia y Tecnología Animal. Universitat Politècnica de València. València 46022, Spain.

²Department of Agriculture, Scotland's Rural College, Scotland EH25 9RG.

³Departament d'Economia i Empresa, Universitat Pompeu Fabra. Barcelona 08005, Spain.

Los datos composicionales (e.g. datos metagenómicos) provienen de variables no negativas expresadas como proporciones que suman 1. En datos composicionales aparecen correlaciones espurias; por ejemplo, imaginemos una composición formada por las proporciones de dos bacterias ambas perjudiciales para la salud; aumentando una disminuye la otra. Si los pacientes empeoran aumentando la proporción de una, parecerá que empeoran disminuyendo la segunda. Además, al extraer un subconjunto de variables y volver a expresarlas como proporciones que suman 1, las relaciones entre las variables cambian, las correlaciones entre ellas ya no son las mismas que en la base de datos original, no hay *coherencia subcomposicional*.

Para evitar los problemas citados, los datos composicionales se analizan como ratios, que no presentan estos problemas. Se usa el logaritmo del ratio para que los datos estén en la recta real evitando que sean porcentajes y además las distribuciones son más simétricas.

Con p variables composicionales, el “espacio completo” está definido por todos los $p(p-1)/2$ log-ratios posibles, pero como en metagenómica hay una enorme cantidad de variables, se usan subconjuntos de menos dimensiones. El más simple y menos recomendado, por el que nos decantaremos, es el log-ratio aditivo (ALR), en donde las variables x_i se representan con respecto a una variable de referencia: $\log(x_i/x_{ref})$. Otra alternativa (CLR) es usar como referencia la media geométrica G de las variables dentro de cada muestra $\log(x_i/G)$ centrando así los $\log(x_i)$, y otra alternativa (ILR) es usar medias geométricas de subconjuntos de variables $\log(G_i/G_k)$, llamados “balances”.

El CLR es *isométrico* respecto al “espacio completo”, conserva las distancias entre variables, pero no tiene coherencia subcomposicional porque cada subconjunto de variables tiene una G diferente. El ILR es isométrico y tiene coherencia subcomposicional, pero los balances son muy difíciles de interpretar.

El ALR tiene ventajas. Si escogemos una x_{ref} que tenga muy poca variabilidad entre individuos de la muestra, comparar dos $\log(x_i/x_{ref})$ es casi como comparar dos $\log(x_i)$, algo fácil de interpretar, y además casi desaparecen las correlaciones espurias. La media geométrica G del CLR es mucho más variable entre individuos y por eso el CLR no tiene esta facilidad de interpretación. Sin embargo, el ALR no está recomendado porque no es isométrico respecto al “espacio completo” y el resultado depende de la x_{ref} . ¿Hasta qué punto los dos espacios son aproximadamente iguales? Podemos proyectar el espacio reducido del ALR en el “espacio completo”, usando *análisis Procrustes*; si la correlación de las coordenadas en ambos espacios es próxima a 1, los dos espacios tienen una geometría similar.

En metagenómica hay tal cantidad de variables, que probablemente encontraremos una poco variable entre individuos y que dé lugar a un ALR con elevada correlación Procrustes con el “espacio completo”. Esto es exactamente lo que hemos hecho; hemos tomado varias bases de datos metagenómicas de diferentes orígenes y para todos ellos hemos encontrado varias posibles variables candidatas a variable de referencia, que permiten trabajar en un espacio aproximadamente isométrico con el completo, pero con variables mucho más fáciles de interpretar.



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Fast Speed Talks
Viernes 20 de enero



Fast speed talks

Fst01: Contribución de la sobredominancia a la evolución del lastre de consanguinidad en modelos de viabilidad y fecundidad.

[Inés González-Castellano](#)^{1,2}, [Aurora García-Dorado](#)³, [Armando Caballero](#)¹

Correo electrónico: ines.gonzalez.castellano@uvigo.es

¹Centro de Investigación Mariña, Universidade de Vigo, Facultade de Bioloxía, Vigo, España

²Universidade da Coruña, A Coruña, España

³Departamento de Genética, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Complutense, Madrid, España

La depresión consanguínea, la reducción de la eficacia debida a la endogamia, es un fenómeno universal crucial en genética de la conservación. La hipótesis más aceptada es que la base genética de la depresión consanguínea es la expresión de la carga de mutaciones deletéreas parcialmente recesivas enmascaradas en individuos heterocigotos y expresadas en homocigosis por la consanguinidad. Sin embargo, algunos trabajos apoyan la contribución de la selección balanceadora en forma de sobredominancia (ventaja de los heterocigotos) a la depresión consanguínea. El objetivo de este trabajo es dilucidar y cuantificar la repercusión que tendría un modelo de loci sobredominantes sobre el lastre de consanguinidad, la varianza aditiva y la varianza dominante para dos componentes de eficacia, viabilidad y fecundidad. Para ello, empleamos programas de simulación propios que generan poblaciones naturales de las que posteriormente se fundan poblaciones más pequeñas mantenidas durante varias generaciones. Llevamos a cabo simulaciones considerando sólo mutaciones deletéreas parcialmente recesivas y otras que también incluían mutaciones sobredominantes. Observamos que la acción de la deriva y la purga genética reduce progresivamente el lastre de consanguinidad atribuible a deletéreos parcialmente recesivos a lo largo de las generaciones. Sin embargo, al introducir la sobredominancia, la reducción del lastre de consanguinidad se ralentiza debido a que las mutaciones sobredominantes no pueden ser purgadas, lo que conlleva mayor severidad de la depresión consanguínea sobre la viabilidad y la fecundidad de las poblaciones. Mediante una comparativa de los resultados de las simulaciones con datos empíricos, concluimos que la aportación real de la sobredominancia a la depresión consanguínea debe ser minoritaria, reforzando la hipótesis de que ésta se debe principalmente a dominancia parcial.



Fast speed talks

Fst02: Niveles de hibridación dispares entre las regiones ártica y subalpina en dos complejos de especies de peces lacustres del género *Coregonus*.

Mar Llaberia Robledillo¹, José Ignacio Lucas Lledó¹, Isabel Blasco Costa², Juan Antonio Balbuena¹

Correo electrónico: mar.llaberia@uv.es

¹Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva, Universitat de València, ES46071, Valencia, Spain.

²Muséum d'Histoire Naturelle de Genève, Switzerland.

En los últimos años, se han empezado a secuenciar porciones representativas del genoma y genomas enteros de peces del género *Coregonus* (Salmonidae) de lagos europeos, para estudiar su diversificación postglaciar. Además de confirmar múltiples casos de especiación simpátrida paralela, la elevada resolución de los datos genómicos ha permitido cuantificar el alcance de la hibridación y desvelar al menos un caso de reversión de la especiación. Con el fin de profundizar en la comprensión de la compleja historia reciente del género, hemos descubierto y genotipado alrededor de 25000 SNPs en 271 peces de al menos 12 especies, en 5 lagos alpinos y 2 lagos árticos, mediante RAD-sequencing. Nuestros datos revelan varios casos de hibridación reciente tanto dentro de un mismo lago como entre lagos comunicados por canales. La mezcla genética observable en lagos como los de Zurich, Walen, Thun y Brienz en Suiza es compatible con la idea de que la reciente especiación es reversible. Este escenario contrasta fuertemente con la profundidad de la estructura genética revelada entre los tres ecomorfos presentes en dos lagos noruegos. Por primera vez, demostramos que los ecomorfos árticos, similares a los alpinos, han evolucionado por separado en cada lago, presumiblemente por especiación ecológica.



Fast speed talks

Fst03: Detecting archaic and recent introgression between the Iberian and the Eurasian Lynx.

Enrico Bazzicalupo¹, Dan Schrider², José A. Godoy¹

Correo electrónico: enrico.bazzicalupo@ebd.csic.es

¹Estación Biológica de Doñana (EBD) – CSIC, 41092 Sevilla, Spain.

²University of North Carolina – Chapel Hill. United States.

Previously believed to be a rare phenomenon, hybridization between lineages that have not reached complete reproductive isolation has been observed in many species across the animal kingdom. The resulting exchange of genetic material between the hybridizing lineages, a process known as introgression, can have important consequences on the genomes of the species involved.

The Iberian and Eurasian lynxes have had overlapping distributional ranges until just few centuries ago. Mounting evidence coming from genomic data has shown that extensive admixture and consequent introgression has been occurring between these two species, but no efforts have been made to detect where along the genome the introgressed genomic segments lie.

In this study we use population data from one of the two remnant Iberian lynx populations together with data from three distinct clades from different areas of the distributional range of the Eurasian lynx to look for introgressed regions within their genomes. We do this using a Machine Learning framework called FILET, developed by Schrider et al. (2018).

With our analysis we aim to reveal how many segments of the genome of each of the species are introgressed and how long these segments are. We also want to understand what kind of function the exchanged genes carry out for the receiving organism, and reveal any possible geographic differences in the history of admixture for the different lynx populations.



Fast speed talks

Fst04: The role of transposable elements (TEs) in the worldwide invasion success of the ladybug *Harmonia axyridis*.

María Bogaerts-Márquez, Mathieu Gautier, Arnaud Estoup

Correo electrónico: maria.bogaerts-marquez@inrae.fr

CBGP, INRA, CIRAD, IRD, Montpellier SupAgro, Université de Montpellier, Montpellier, France.

The environmental characteristics, life history traits and genomic features which enable the invasion success of a species is still an open question in evolutionary biology. To address this question, we used the Harlequin ladybug *Harmonia axyridis*, now considered as a model species for studying biological invasions. This insect species is a top predator that has been used and marketed for many years as a biological control agent (especially against aphids) in America and Europe. Wherever it has acclimatized, it has gradually become an invasive threat causing damages to biodiversity (predation of other ladybirds and non-target prey), outbreaks in homes (causing inconvenience and allergies), and sometimes showing frugivorous behavior (e.g. on grapes) with a risk of degrading the quality of wine. While *H. axyridis* is emblematic species known for being initially used for biological control only to later become invasive and harmful, it is also the champion of coloration polymorphism among beetles. This polymorphism, which is observed at both individual and population levels, essentially corresponds to spatial variations in the elytra of black areas on a red/orange background on adult elytra. It has not been possible to determine whether the quasi-fixation of a single non-melanic color form in the invaded areas is due to historical or demographic contingencies (simple random effects), or to a natural selection process favoring the plastic non-melanic form during the invasion. Transposable elements (TEs) are DNA sequences capable of replicating themselves and moving within genomes independently of the host cell DNA. They are present in virtually all eukaryotic genomes and are known to be important regulatory elements of genome expression which can induce adaptive phenomena on a short time scale, hence their potentially important role in the context of biological invasions. In this work, we aim at deciphering the role of TEs in the worldwide invasion success of *H. axyridis*. To this end, we selected seven *de novo* *H. axyridis* genome assemblies representing the different main color morphs occurring in nature. We first created a *de novo* library of consensus TE sequences representing the variability existing in natural populations. To do that, we used the RepeatModeler2 software to detect putative TE families in all seven assemblies followed by a TE library curation pipeline which includes a manual curation process. Our preliminary results showed that in all seven analyzed assemblies, the putative TE content represents >50% of the genome. During our (still in course) manual curation process, we observed 1987 initial consensus sequences including a majority of LINE-type elements (1056), DNA-type elements (629) and LTR-type elements (214). In a second phase, we will use our *de novo* TE manually curated library to genotype and compare the content and genomic patterns of TE elements in invasive (n=16) and native (n=8) *H. axyridis* populations, for which full genome pooled-seq data has been produced in order to understand their role in the worldwide invasive success of this ladybird species.



Fast speed talks

Fst05: Análisis de herramientas bioinformáticas para la clasificación de haplogrupos mitocondriales humanos a partir de datos de secuenciación masiva.

*Adrián Muñoz-Barrera¹, Víctor García-Olivares^{1,2}, José M. Lorenzo-Salazar¹, Carlos Zaragoza-Trello³,
Luis A. Rubio-Rodríguez¹, Ana Díaz-de Usera¹, Antonio Iñigo Campos¹, Rafaela González-
Montelongo^{1,2}, Carlos Flores^{1,2,4,5}*

Correo electrónico: rfgmont@gmail.com

¹Área de Genómica, Instituto Tecnológico y de Energías Renovables (ITER), Santa Cruz de Tenerife, España.

²Plataforma Genómica de Alto Rendimiento para el Estudio de la Biodiversidad, Instituto de Productos Naturales y Agrobiología (IPNA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas, San Cristóbal de La Laguna, España.

³Estación Biológica de Doñana (EBD-CSIC), Integrative Ecology, E-41092 Sevilla, España.

⁴Unidad de Investigación, Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria, Santa Cruz de Tenerife, España.

⁵CIBER de Enfermedades Respiratorias, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España.

La disponibilidad de secuencias del genoma mitocondrial (ADNmt) obtenidas a partir de la secuenciación de genomas (WGS) y exomas completos (WES) con tecnologías de secuenciación masiva de nueva generación (NGS) aumenta continuamente. Además, los avances en la secuenciación del ADNmt mediante tecnologías de NGS permiten realizar estudios sobre la variabilidad mitocondrial de forma más precisa y exhaustiva, lo que ha posibilitado abordar su estudio desde múltiples perspectivas como la genética evolutiva, médica o forense.

La acumulación de polimorfismos mitocondriales a lo largo de la historia de las poblaciones humanas permite diferenciar una gran diversidad de linajes maternos o haplogrupos que proporcionan información evolutiva, de ancestralidad y relaciones de parentesco. Los avances tecnológicos en la NGS y el desarrollo de una amplia gama de herramientas bioinformáticas han permitido la clasificación de los mitogenomas humanos en haplogrupos mitocondriales.

En este trabajo presentamos los resultados de la evaluación de once de las herramientas utilizadas con mayor frecuencia en la clasificación de los linajes de ADNmt humano. Para ello se han empleado datos de secuenciación de lecturas cortas de WGS y WES de 36 muestras de donantes no emparentados. La herramienta que presentó un mejor rendimiento fue evaluada además utilizando un subconjunto de muestras secuenciadas con tecnología de tercera generación (TGS), o de lecturas largas, basada en nanoporos (Oxford Nanopore Technologies, ONT).

La mayor parte de las herramientas evaluadas mostraron una alta precisión en la clasificación del haplogrupo en secuencias obtenidas a partir de WGS de lectura corta. Este resultado se mantiene independientemente del formato de entrada de los archivos empleados en el análisis (BAM, VCF y FASTA). En el caso de datos de WES de lectura corta, Haplocheck y Mixem fueron las herramientas más precisas.

Haplocheck destacó como la herramienta más completa y precisa por el rendimiento ofrecido con datos procedentes de WGS y WES de lecturas cortas. Haplocheck también fue capaz de detectar de forma precisa los haplogrupos del ADNmt de todas las muestras evaluadas empleando datos de TGS cuando se usaron estrategias basadas en ensamblado de datos de lecturas largas y ruidosas, basado tanto en referencia como en ensamblado híbrido de novo. En conjunto, nuestros resultados ofrecen información objetiva para que los investigadores seleccionen la herramienta más adecuada para realizar los análisis de ADNmt a partir de datos de secuenciación de alto rendimiento.



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Financiación: Ministerio de Ciencia e Innovación (RTC-2017-6471-1), cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional “Una manera de hacer Europa” de la Unión Europea; Fundación CajaCanarias y Fundación Bancaria “La Caixa” (2018PATRI20); Acuerdo ITER OA17/008; Cabildo Insular de Tenerife (CGIEU0000219140); Ministerio de Educación y Formación Profesional (FPU16/01435); Convenio Marco de Cooperación Consejería de Educación-Cabildo Insular de Tenerife 2021-2025 (CGIAC0000014697).



Fast speed talks

Fst06: In search of genetic variants associated with juvenile idiopathic epilepsy in the Iberian lynx.

Lucia Mayor-Fidalgo¹, Enrico Bazzicalupo¹, Raúl López de la Torre², Jesús Fernández², José A. Godoy¹

Correo electrónico: luciamayorfidalgo@gmail.com

¹*Estación Biológica de Doñana (EBD-CSIC), Sevilla, Spain.*

²*Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Madrid, Spain.*

The goal of maintaining a representative genetic diversity of species in captive conservation programs can be compromised by the emergence of genetic disorders, which usually forces the removal of certain individuals from the breeding program. In the Iberian lynx captive population, 20 cubs have been diagnosed with juvenile idiopathic epilepsy, which has a high heritability and seems to be governed by one or few major effect genes. With the aim of finding molecular markers associated with this disease, which may allow a precise identification of carriers of the deleterious variants, we performed a combination of case-control and family-based association approaches. We assayed 336 SNPs, 59 selected in this study for having a predicted functional impact in candidate epilepsy genes, and 277 previously selected for genetic monitoring of populations, in 18 epileptic cubs and 81 unaffected individuals. Our analyses did not reveal any association that remained significant after multiple testing corrections, probably because of the limited sample size and the low density of SNPs that could be genotyped, among other factors. Nonetheless, the most significant SNP reported in this study was found in an intergenic region near the gene TSNARE1, which was previously associated with juvenile epilepsy in humans. Although promising, further research efforts are necessary to validate this association, focusing either on additional genotyping or on the exploration of different potentially causal variants in this genomic region. The identification of the genetic basis of juvenile idiopathic epilepsy and other deleterious traits in the Iberian lynx may be best approached through alternative strategies using higher density genome-wide data in future studies.



Fast speed talks

Fst07: Evaluación comparativa de herramientas de clasificación de haplogrupos del cromosoma Y a partir de datos de secuenciación masiva.

David Jáspez¹, Víctor García-Olivares^{1,2}, Adrián Muñoz-Barrera¹, Luis A. Rubio-Rodríguez¹, Ana Díaz-de Usera¹, Antonio Iñigo-Campos¹, Krishna R. Veeramah³, Santos Alonso⁴, Mark G. Thomas^{5,6}, José M. Lorenzo-Salazar¹, Raquel González-Montelongo^{1,2}, Carlos Flores^{1,2,7,8}.

Correo electrónico: jaspez625@gmail.com

¹Área de Genómica, Instituto Tecnológico y de Energías Renovables (ITER), Santa Cruz de Tenerife, España.

²Plataforma Genómica de Alto Rendimiento para el Estudio de la Biodiversidad, Instituto de Productos Naturales y Agrobiología (IPNA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas, San Cristóbal de La Laguna, España.

³Department of Ecology and Evolution, Stony Brook University, Stony Brook, NY 11794-5245, Estados Unidos.

⁴Departamento de Genética, Antropología Física y Fisiología Animal, Universidad del País Vasco UPV/EHU, Leioa, Bizkaia, España.

⁵UCL Genetics Institute, University College London (UCL), Gower Street, Londres WC1E 6BT, Reino Unido.

⁶Research Department of Genetics, Evolution & Environment, University College London (UCL), Darwin Building, Gower Street, Londres WC1E 6BT, Reino Unido.

⁷Unidad de Investigación, Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria, Santa Cruz de Tenerife, España.

⁸CIBER de Enfermedades Respiratorias, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España.

La región no recombinante del cromosoma Y (NRY) contiene una gran diversidad de polimorfismos que permiten reconstruir con precisión las relaciones de parentesco en pedigrís y la ascendencia paterna de los donantes. El análisis de este marcador es muy útil en estudios de antropología, ciencias forenses y genética médica. La secuenciación de alto rendimiento (HTS) ha aumentado considerablemente la disponibilidad de marcadores genéticos informativos en la genealogía NRY y ha permitido el desarrollo de nuevas herramientas automatizadas de clasificación de haplogrupos. En este estudio presentamos un análisis comparativo de cinco herramientas bioinformáticas que utilizan una interfaz basada en línea de comandos que permiten la clasificación de haplogrupos NRY a partir de datos de HTS.

El análisis se realizó sobre las secuencias de lectura corta obtenidas de 50 donantes no emparentados y con diferentes orígenes étnicos. Las muestras se secuenciaron con la tecnología por síntesis de Illumina de forma pareada mediante las dos aplicaciones de secuenciación más extendidas: la secuenciación del genoma completo (WGS, 2x150 pb) y del exoma completo (WES, 2x75 pb). Además, evaluamos el rendimiento de la herramienta más precisa utilizando secuencias obtenidas con lecturas largas, que suelen presentar mayor cantidad de ruido, generadas con tecnología de tercera generación basada en nanoporos (Oxford Nanopore Technologies, ONT) en un subconjunto de donantes.

Nuestros resultados demuestran que WES puede ser un enfoque eficiente para clasificar el haplogrupo, aunque en la mayoría de los casos analizados proporciona un nivel de resolución genealógica inferior al recuperado mediante WGS. De las herramientas evaluadas, Yleaf ofreció el mejor rendimiento tanto para datos de WGS como de WES con una precisión de clasificación estimada del 96% y del 88%, respectivamente.

Finalmente, demostramos que Yleaf fue capaz de clasificar correctamente todas las muestras secuenciadas con ONT, a pesar de partir de lecturas con un mayor error. Nuestros resultados apuntan a que la tecnología HTS de tercera generación de ONT ofrece un rendimiento equivalente a WGS de Illumina para el estudio de la región NRY.



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



En conjunto, nuestro estudio provee a los investigadores de una guía que les permite elegir la herramienta más adecuada para analizar la región NRY a partir de datos de HTS, tanto de segunda como de tercera generación.

Financiación: Ministerio de Ciencia e Innovación (RTC-2017-6471-1), cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional “Una manera de hacer Europa” de la Unión Europea; Fundación CajaCanarias y Fundación Bancaria “La Caixa” (2018PATRI20); Acuerdo ITER OA17/008; Cabildo Insular de Tenerife (CGIEU0000219140); Ministerio de Educación y Formación Profesional (FPU16/01435); Convenio Marco de Cooperación entre la Consejería de Educación y el Cabildo Insular de Tenerife 2021-2025 (CGIAC0000014697).



Fast speed talks

Fst08: Divergencia inter e intraespecífica en el género *Lynx*.

[Lorena Lorenzo Fernández](#)

Correo electrónico: lorena.lorenzo@ebd.csic.es

Estación Biológica de Doñana (EBD-CSIC), Sevilla, Spain.

La identificación de las regiones genómicas afectadas por la selección positiva ha sido tradicionalmente motivo de interés para los y las biólogos evolutivos. A nivel genético, la adaptación implica un proceso por el que las condiciones ambientales locales favorecerán la propagación de variantes genéticas asociadas a rasgos fenotípicos beneficiosos, lo que conocemos como selección direccional. El género *Lynx*, compuesto por cuatro especies: el lince rojo (*L. rufus*), el lince canadiense (*L. canadensis*), el lince euroasiático (*L. lynx*) y el lince ibérico (*L. pardinus*) proporciona un modelo ideal para investigar los patrones genómicos adaptativos entre especies, debido a sus diferencias en la historia demográfica, el tamaño de la población, la distribución y las relaciones filogenéticas. A partir de secuencias del genoma completo de 80 muestras de las cuatro especies de lince, en este estudio buscamos regiones potencialmente adaptativas dentro y entre las especies de lince a través de métodos de escaneo del genoma centrados en patrones de fuerte desequilibrio de ligamiento, buscando específicamente señales de homocigosidad extendida de los haplotipos. Apoyándonos en la combinación de los resultados de los estadísticos *iHS* y *Lassi*, identificamos las regiones candidatas en cada una de las cuatro especies, analizamos su solapamiento entre especies y comprobamos la sobrerrepresentación de funciones en términos de ontología genética. De esta manera, nuestros resultados arrojan luz sobre cómo la selección modela las diferencias fenotípicas entre las especies de lince en respuesta a las presiones ambientales y ecológicas.



Fast speed talks

Fst09: Evaluación de herramientas de ensamblado de novo de genomas humanos a partir de datos de secuenciación de tercera generación.

Adrián Muñoz-Barrera¹, Víctor García-Olivares^{1,2}, Luis A. Rubio-Rodríguez¹, David Jáspez¹, José M. Lorenzo-Salazar¹, Rafaela González-Montelongo^{1,2}, Carlos Flores^{1,2,3,4}

Correo electrónico: amunoz@iter.es

¹Área de Genómica, Instituto Tecnológico y de Energías Renovables (ITER), Santa Cruz de Tenerife, España.

²Plataforma Genómica de Alto Rendimiento para el Estudio de la Biodiversidad, Instituto de Productos Naturales y Agrobiología (IPNA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas, San Cristóbal de La Laguna, España.

³Unidad de Investigación, Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria, Santa Cruz de Tenerife, España.

⁴CIBER de Enfermedades Respiratorias, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España.

El desarrollo de tecnologías de secuenciación de tercera generación (TGS) basadas en lecturas largas, entre ellas las ofrecidas por Oxford Nanopore Technologies (ONT), ha mejorado en gran medida la calidad de los ensamblados *de novo*, a pesar de aumentar la incertidumbre en el nombrado de las bases secuenciadas (*basecalling*) respecto a tecnologías de segunda generación. En genomas largos y complejos, como el humano, las lecturas largas han permitido dar continuidad de secuencia a genomas que hubieran resultado en ensamblados altamente fragmentados de otro modo. Las continuas mejoras en los algoritmos y el *basecalling* en la TGS están permitiendo el desarrollo de diversos algoritmos capaces de construir ensamblados de mayor calidad, aunque con mayores costes en tiempo y en cómputo. Por esta razón, es necesaria la evaluación y comparación de los algoritmos disponibles para seleccionar aquel con el rendimiento más óptimo.

Presentamos los resultados de la evaluación de cuatro de los algoritmos más empleados para ensamblar *de novo* (Shasta, Flye, Raven y Redbean), utilizando únicamente lecturas largas de ONT a 47x de cobertura del genoma denominado HG002 (NA24385) de la muestra de referencia del consorcio *Genome in a Bottle* (GIAB). La evaluación de los ensamblados se realizó con las herramientas QUAST y BUSCO, estableciendo una puntuación global sobre la base del *C_score* (*Comprehensive score*). La herramienta que obtuvo el mejor resultado se combinó con otras dos herramientas (Racon y Medaka) para llevar a cabo el pulido de la secuencia resultante del ensamblado final. Para comprobar el correcto rendimiento de estas herramientas en una muestra de rutina (CAN0003) y, por tanto, con menor integridad, el mejor ensamblador se usó también para ensamblar el genoma completo de una muestra proveniente de nuestro laboratorio secuenciada con ONT a 34x de cobertura.

Tomando como referencia los ensamblados generados para la muestra HG002, Flye presentó el mayor *C_score*, obteniendo mejores resultados generales en términos de continuidad, con una longitud total de 2,86 Gbp dividida en 845 *contigs* y con un N50 de 38,29 Mbp. Nuestros resultados también demostraron que el empleo de varias rondas de pulido con las herramientas Racon y Medaka permite mejorar ligeramente tanto la continuidad como la precisión del ensamblado, logrando reducir el número de *contigs* (824), mejorando el N50 a un valor de 38,38 Mbp y disminuyendo la cantidad de errores que se producen al realizar el ensamblado. El uso de las mismas herramientas de ensamblado y pulido sobre la muestra CAN0003 proporcionó una longitud total de 2,83 Gbp, con 1578 *contigs* y un N50 de 21,63 Mbp.

Financiación: Ministerio de Ciencia e Innovación (RTC-2017-6471-1), cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional “Una manera de hacer Europa” de la Unión Europea; Fundación CajaCanarias y Fundación Bancaria “La Caixa” (2018PATRI20); Acuerdo ITER OA17/008; Cabildo Insular de Tenerife (CGIEU0000219140); Convenio Marco de Cooperación entre la Consejería de Educación y el Cabildo Insular de Tenerife 2021-2025 (CGIAC0000014697).



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Comités Científico e Investigador



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Comité científico

Eva García Vázquez (U.Oviedo)
Cori Ramon Juanpere (UIB)
Rafael Zardoya San Sebastián (MNCN, CSIC)
Julio A. Rozas Liras (U.Barcelona)
José A. Godoy López (Doñana, CSIC)
Armando Caballero Rua (U.Vigo)
Paulino Martínez Portela (USC)

Comité organizador

Yaisel J. Borrell (U.Oviedo) **Coordinador**
borrellyaisel@uniovi.es
Gonzalo Machado-Schiaffino (U.Oviedo) **Coordinador**
machadogonzalo@uniovi.es
Trinidad Pérez (U.Oviedo) **Coordinadora**
pereztrinidad@uniovi.es
Alba Ardura (U.Oviedo)
Aitor Ibabe (U.Oviedo)
Laura Miralles (U.Oviedo)
María del Carmen Blanco (U.Oviedo)



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Asistentes



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Email de contacto

Alonso Alegre, Santos

santos.alonso@ehu.eus

Universidad del País Vasco UPV/EHU

Ardura Gutiérrez, Alba

arduraalba@uniovi.es

Universidad de Oviedo

Barbadilla Prados, Antonio

antonio.barbadilla@uab.es

Institut de Biotecnologia i de Biomedicina, UAB

Barluenga, Marta

marta.barluenga@mncn.csic.es

Museo Nacional de Ciencias Naturales

Bazzicalupo, Enrico

enrico.bazzicalupo@ebd.csic.es

Estación Biológica de Doñana – CSIC

Blanco Fernández, Carmen

carmen.mbfy@gmail.com

Universidad de Oviedo

Blasco, Agustín

ablasco@dca.upv.es

Universitat Politècnica de València

Bodelón de Frutos, Alejandra

alejandra.bodelon@uab.cat

Universitat Autònoma de Barcelona

Bogaerts Márquez, María

maria.bogaerts-marquez@inrae.fr

INRAE

Borrell Pichs, Yaisel Juan

borrellyaisel@uniovi.es

Universidad de Oviedo



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Caballero Rúa, Armando

armando@uvigo.es

Universidade de Vigo

Casanova Chiclana, Adrián

adrian.casanova@usc.es

Universidad de Santiago de Compostela

Comas Martinez, David

david.comas@upf.edu

Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-Universitat Pompeu Fabra)

Fernández Martín, Jesús

ijm@inia.csic.es

Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC)

Flores Infante, Carlos

cflores@ull.edu.es

Instituto Tecnológico y de Energías Renovables, S.A.

Fontdevila Vivanco, Antonio

antonio.fontdevila@uab.es

Universitat Autònoma de Barcelona

García Guerreiro, M^a Pilar

mariapilar.garcia.guerreiro@uab.es

Universitat Autònoma de Barcelona

Garcia Marin, Jose Luis

joseluis.garcia@udg.edu

Universitat de Girona

García Olivares, Víctor

vgarcia@iter.es

Instituto Tecnológico y de Energías Renovables

García Vázquez, Eva

egv@uniovi.es

Universidad de Oviedo

García-Dorado García, Aurora

augardo@ucm.es

Universidad Complutense de Madrid



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Godoy López, José Antonio

godoy@ebd.csic.es

Estación Biológica de Doñana, CSIC

González Castellano, Inés

ines.gonzalez.castellano@udc.es

Universidade de Vigo

González Montelongo, Rafaela

rgonzalezmontelongo@iter.es

Instituto Tecnológico y de Energías Renovables, S.A.

González-Candelas, Fernando

fernando.gonzalez@uv.es

Universitat de Valencia - FISABIO – CIBERESP

Guirao Rico, Sara

sguirao@ub.edu

Universitat de Barcelona

Herráez Pérez, Ana

ana.herraez@mncn.csic.es

Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC)

Ibabe Arrieta, Aitor

ibabeaitor@gmail.com

Universidad de Oviedo

Izagirre Arribalzaga, Neskuts

neskuts.izagirre@ehu.eus

UPV/EHU

Jáspez Toledo, David

djaspez@iter.es

Instituto Tecnológico y de Energías Renovables

Librado Sanz, Pablo

plibradosanz@gmail.com

CSIC-UPF

Llaberia Robledillo, Mar

mar.llaberia@uv.es

Universitat de València



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



López-Fanjul de Argüelles, Carlos

clfanjul@bio.ucm.es

Universidad Complutense de Madrid

Lorenzo Fernández, Lorena

lorena.lorenzo@ebd.csic.es

Estación Biológica de Doñana (CSIC)

Lorenzo Salazar, José Miguel

jlorenzo@iter.es

Instituto Tecnológico y de Energías Renovables, S.A.

Lozano Martín, Carlos

clozano@mncn.csic.es

Museo Nacional de Ciencias Naturales

Lucas Lledó, José Ignacio

joiglu@uv.es

Universitat de València

Machado-Schiaffino Ferrer, Gonzalo

machadogonzalo@uniovi.es

Universidad de Oviedo

Manunza, Arianna

Arianna.manunza@ibba.cnr.it

Istituto de Biologia e Biotecnologia Agraria

Martínez Portela, Paulino

paulino.martinez@usc.es

Universidad de Santiago de Compostela

Mayor Fidalgo, Lucía

luciamayorfidalgo@gmail.com

Estación Biológica de Doñana, CSIC

Muñoz Barrera, Adrián

amunoz@iter.es

Instituto Tecnológico y de Energías Renovables

Pardos Blas, José Ramón

joserapblas@gmail.com

Museo Nacional de Ciencias Naturales – CSIC



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Parrondo Lombardía, Marina

parrondomarina@gmail.com

Universidad de Oviedo

Pérez Méndez, María Trinidad

pereztrinidad@uniovi.es

Universidad de Oviedo

Quesada Rodríguez, Humberto

hquesada@vigo.es

Universidade de Vigo

Ramon Juanpere, Cori

cori.ramon@uib.es

Universitat de les Illes Balears

Recuerda Carrasco, María

mariarecuerdacarrasco@gmail.com

Museo Nacional de Ciencias Naturales

Riesgo Gil, Ana

anariesgogil@mncn.csic.es

Museo Nacional de Ciencias Naturales CSIC

Robledo Sánchez, Diego

diego.robledo@roslin.ed.ac.uk

University of Edinburgh

Rodríguez Roche, Jorge

uo246970@uniovi.es

Universidad de Oviedo

Rolán Álvarez, Emilio

rolan@uvigo.es

Universidade de Vigo

Royo Martín, Jose Luis

royoluis@uniovi.es

Universidad de Oviedo

Rozas, Julio

jroz@ub.edu

Universitat de Barcelona



Universidad de Oviedo

XXIII Seminario de Genética de
Poblaciones y Evolución
Las Caldas, Oviedo. 18-20 enero 2023



Rubio Rodríguez, Luis Alberto

lrubio@iter.es

Instituto Tecnológico y de Energías Renovables, S.A.

Sánchez Gracia, Alejandro

elsanchez@ub.edu

Universitat de Barcelona

Santos, Mauro

mauro.santos@uab.es

Universidad Autónoma de Barcelona

Somenzi, Elisa

elisa.somenzi@unicat.it

Università Cattolica del Sacro Cuore

Toro Ibañez, Miguel Ángel

miguel.toro@upm.es

Universidad Politécnica de Madrid

Uribe Arboleda, Juan Esteban

juanuribearboleda@gmail.com

Museo Nacional de Ciencias Naturales

Vera Rodríguez, Manuel

manuel.vera@usc.es

Universidad de Santiago de Compostela

Zardoya San Sebastián, Rafael

rafaz@mncn.csic.es

Museo Nacional de Ciencias Naturales-CSIC