

VNIVERSITAT
D VALÈNCIA

IV Jornada Científica del
INSTITUT CAVANILLES DE BIODIVERSITAT I BIOLOGIA
EVOLUTIVA (ICBiBE)



25 de septembre de 2014

Auditori Joan Plaça

Jardí Botànic de la Universitat de València



Programa y resúmenes de las comunicaciones.

Editado por la Comisión Gestora de las Jornadas:

Ana Gutiérrez, Carmen Rojo, Cristina Vilanova, Francesc Mesquita, Francisco Javier Aznar,
José Manuel Cuevas y Josep A. Rosselló

Imagen de portada: Dibujo original de Francisco E. Montero



Fisher Scientific VWR
We Enable Science

Programa de actividades

8:45-9:10. Inauguración de la Jornada: A cargo del Excmo. Sr. Rector Esteban Morcillo, junto con los directores del ICBiBE (Dr. Manuel Serra) y del Jardín Botánico (Dra. Isabel Mateu).

Sesión 1. Modera Javier Aznar.

9:10-9:30. Josep A. Rosselló. La secuenciación de genomas nucleares en gimnospermas: ¿algo más que secuenciación masiva y bioinformática?

9:30-9:50. Enrique Font. ¿Por qué patalean los lagartos? Diversidad, evolución y función de las señales visuales dinámicas en lacértidos

9:50-10:10. Diego Rasskin-Gutman. Redes Anatómicas: un nuevo concepto morfológico

10:10-10:30. Eduardo M. García-Roger. Ecología Evolutiva Genómica en organismos acuáticos: perspectivas de estudio

10:30-10:50. Joan Pedrola-Monfort. Phylodynamic reconstruction of *Pistacia lentiscus* in the Mediterranean Basin

10:50-11:20. Pausa café.

Sesión 2. Modera Francesc Mesquita.

11:20-11:40. Andreu Castillo-Escrivà. Metacomunidades de las lagunas de La Mancha

11:40-12:00. Fernando González-Candelas. Evolución y salud, de la biología básica a la aplicación práctica

12:00-12:20. Miquel De Renzi. Paleoeología, extinción y evolución: bivalvos triásicos y mamíferos cuaternarios

12:20-12:40. Adrià Viñals Domingo. El lirón careto (*Eliomys quercinus*) en los naranjales mediterráneos: Características e impacto de un colonizador exitoso

12:40-13:00. Borja Mercado Casares. El rol ecológico de los hidrozooos

13:00-13:20. Adrián Salazar. Mimetismo agresivo en pulgones

13:20-14:40. Pausa comida y visita a las comunicaciones en panel (Jardines).

Sesión 3. Modera Cristina Vilanova.

14:40-15:00. Fernando Martínez-Alberola. Aproximación interdisciplinar a la complejidad de las simbiosis en los microecosistemas de talos liquénicos: diversidad y genómica de microalgas

15:00-15:20. Pedro Luis Dorado Morales. Unveiling bacterial associations through multidimensional scaling analysis

15:20-15:40. Ohiana Revuelta Avín. Trabajando contra reloj: Conservación de tortugas marinas en República Dominicana

15:40-16:00. Joaquín Baixeras. La conservació de la papallona *Parnassius apollo* (Linnaeus, 1758) a la Comunitat Valenciana: història d'una extinció

16:00-16:20. Mariana Reyes-Prieto. SymbioGenomesDB: Una base de datos para la integración y el acceso al conocimiento de relaciones simbióticas

16:20-16:40. Pausa café.

Sesión 4. Modera Ana Gutiérrez.

16:40-17:00. Paula García Belda. Terapia después de infarto cerebral con células madre mesenquimales dirigidas mediante campos magnéticos

17:00-17:20. Francisco Esteban Montero Royo. Antipiojos para salmones, vermicidas para anguilas, apósitos para carpas Koi. Parásitos de peces en acuicultura y acuarofilia

17:20-17:40. Carla Olmo. Patrones de colonización y dispersión del zooplancton a escala local: el caso de las malladas de El Saler (Parque Natural de l'Albufera de València)

17:40-18:00. Toñi Rodrigo Alacreu. Restauració ecològica d'un humedal costaner (el cas del Tancat de La Pipa)

18:00-19:45. Mesa redonda "Evolución del ICBiBE, su ambiente y su diversidad". A cargo de Dr. Andrés Moya, Dra. Amparo Latorre y Dr. Manuel Serra; modera Dra. Carmen Rojo.

19:45. Acto de clausura: A cargo del Director del ICBiBE, Dr. Manuel Serra.

Presentaciones de 15 minutos más 5 minutos de preguntas.

RESÚMENES DE LAS COMUNICACIONES ORALES

La secuenciación de genomas nucleares en gimnospermas: ¿algo más que secuenciación masiva y bioinformática?

Josep A. Rosselló y Marcela Rosato (ICBiBE-Jardí Botànic, Grupo de Investigación en Biodiversidad Vegetal y Evolución)

Recientemente se ha generado el primer borrador de un genoma nuclear en gimnospermas (*Picea abies*) en el que ha participado nuestro equipo de investigación. Los resultados han puesto de manifiesto aspectos excitantes sobre la génesis de los grandes genomas en las coníferas y su arquitectura molecular. Sin embargo, las técnicas de secuenciación masiva de última generación presentan limitaciones a la hora de caracterizar regiones de ADN altamente repetitivo (elementos móviles, ADN ribosomal) y que constituyen una fracción importante de los genomas nucleares vegetales en general, y de las gimnospermas en particular. En esta comunicación se discuten aspectos técnicos y conceptuales sobre la arquitectura molecular en plantas con semillas que no pueden ser abordados únicamente con plataformas de secuenciación masiva y un análisis bioinformático exhaustivo. El complemento con técnicas citogenéticas basadas en hibridación cromosómica *in situ* (FISH), la determinación del tamaño del genoma nuclear mediante citometría de flujo, e incluso la caracterización del nivel de ploidía son aspectos básicos para una correcta interpretación de la evolución de los genomas nucleares en vegetales.

¿Por qué patalean los lagartos? Diversidad, evolución y función de las señales visuales dinámicas en lacértidos

Enrique Font (ICBiBE, Grupo de Investigación en Etología)

Como etólogo, uno de los temas que más me ha interesado siempre ha sido la comunicación animal. De hecho, nuestro laboratorio ha hecho importantes contribuciones al estudio de la comunicación en una gran diversidad de especies, desde insectos hasta mamíferos. Después de varios años estudiando comunicación química y señales cromáticas en lacértidos, recientemente nuestro interés se ha centrado en el estudio de las señales visuales dinámicas (i.e. que implican movimiento). Ello nos ha llevado a descubrir un sistema de comunicación prácticamente inexplorado hasta la fecha y de una inusitada complejidad. Muchas especies de lacértidos realizan movimientos estereotipados con las patas (pataleos) que funcionan como señales comunicativas. Algunas de estas señales van dirigidas a otros individuos de su especie y son por tanto señales sociales, mientras que otras tienen como receptores a posibles depredadores. Estas últimas constituyen uno de los ejemplos mejor documentados de señalización interespecífica ("pursuit-deterrent signals"). La complejidad y diversidad de las señales comunicativas de los lacértidos pone de manifiesto un grado insospechado de sofisticación en su comportamiento y capacidades cognitivas.

Redes Anatómicas: un nuevo concepto morfológico

Diego Rasskin-Gutman (ICBiBE, Grupo de Investigación en Biología Teórica)

Uno de los puntos centrales de la investigación llevada a cabo en el grupo de Biología Teórica ha sido el desarrollo de un marco conceptual y metodológico completo para el análisis morfológico de las redes de conectividad en sistemas esqueléticos. En la actualidad, dicho trabajo se encuentra prácticamente finalizado y hemos comenzado a aplicarlo para el estudio del desarrollo y la evolución del cráneo. En efecto, hemos desarrollado una serie de protocolos para Matlab y R para el estudio sistemático de los patrones de conectividad, que denominamos AnNA (Anatomical Network Analysis). El uso de AnNA ha dado lugar a numerosos resultados acerca de las restricciones estructurales que han conformado el patrón evolutivo del cráneo a lo largo de 300Ma, su consiguiente aumento en complejidad, así como sobre su modularidad e integración, con especial atención al cráneo humano. En la actualidad estamos analizando el efecto de las sinostosis sobre la morfología del cráneo así como la extensión de las redes para incluir otros elementos anatómicos, como músculos y tendones. Nuestros resultados han dado lugar a la formulación de una serie de generalizaciones acerca de la relación entre el desarrollo y la evolución que nos permite, sobre unas bases bien definidas, seguir profundizando en el estudio del fenómeno evolutivo desde la perspectiva de las redes anatómicas.

Ecología Evolutiva Genómica en organismos acuáticos: perspectivas de estudio

Eduardo M. García-Roger (ICBiBE, Grupo de Investigación en Ecología Evolutiva)

La comprensión de las bases genéticas acerca de cómo los organismos se adaptan a los cambios ambientales es un tema fundamental en la Ecología Evolutiva actual. Este campo está desarrollándose rápidamente gracias a los avances en las tecnologías genómicas, especialmente la secuenciación del DNA. No obstante, los datos genómicos sólo proporcionarán nuevos conocimientos útiles en el estudio de la adaptación si (1) las investigaciones están basadas en hipótesis evolutivas claramente formuladas y cuentan con diseños adecuados (p.ej., analizando la respuesta ecológica a diferentes ambientes selectivos y (2) se es capaz de establecer un vínculo funcional entre genotipos y fenotipos, lo que depende de la caracterización ecológica de los fenotipos bajo selección.

Basándome en investigaciones recientes y proyectos en curso del laboratorio de Ecología Evolutiva del ICBiBE y utilizando organismos acuáticos como modelos para el estudio de la adaptación a ambientes fluctuantes, mostraré cómo la aplicación de estas nuevas herramientas genómicas nos permite abordar algunas preguntas clásicas en Ecología Evolutiva como: ¿qué mecanismos subyacen a la variabilidad en rasgos de la historia vital de los organismos en diferentes ambientes?, ¿qué genes están involucrados en estos procesos adaptativos?, ¿qué tipo de variación genética es responsable de la adaptación?

Phylogenetic reconstruction of *Pistacia lentiscus* in the Mediterranean Basin

Joan Pedrola-Monfort¹, Pablo Ferrer³, Miguel Guara², Antoni Aguilera¹, Fernando Boisset², Emilio Laguna³, María José Ciurana², Isabel Martínez² and Isabel Mateu¹.

¹ICBiBE, Grupo de Investigación en Biología Evolutiva de Plantas, ²Departamento de Botánica, Universidad de Valencia, ³Centro de Investigación y Experimentación Forestal (CIEF)

The Mediterranean basin has been an important arena for speciation, spread of populations, establishment and host of species of different origin. Phylogeographic studies illustrate that the Mediterranean shrubs show great resilience despite the strong geological changes through Cenozoic. The aim of this study is to find out the current hidden spatial genetic structure of *Pistacia lentiscus*, to date back the origin of this Mediterranean species in time and space and to investigate the phylogeographic patterns of spread at different timescales.

Bayesian approach modelling the spatial structure was implemented to find hidden genetic structure. Bayesian, ML and coalescence methods were implemented to obtain a phylogeny based on nITS and a relaxed phylogeny was implemented to estimate divergence times with multiple calibrations from paleobotanical data. Discrete Phylogeographical Analysis (DPA) using Bayesian Stochastic Search Variable Selection (BSSVS) procedure was implemented to both DNA data sets (nITS and cpDNA) to illuminate of spread history in space-time.

The analysis of cpSSR through BAPs suggests a genetic optimal partition into three groups: the western Mediterranean, Balkan Peninsula and the Middle Eastern-Libya. Mismatch analysis shows two distinct patterns: the western populations seem that have recently undergone a demographic expansion, while the Eastern Mediterranean have remained stationary. Phylogenetic analysis show high consistency and congruence in the trees obtained. Analysis of coalescence with a relaxed molecular clock and fossil calibration information indicate the origin of *P. lentiscus* at ~26.5 Ma (13.48-43.32). The analysis implemented with DPA show spread paths in time congruent with results of other phylogeographical methods used (Lagrange, S-Diva). The three methods used support the eastern Mediterranean region as the most likely source of the initial spread westward through the Oligocene-Early Miocene. The same biogeographic analysis performed with a more restrictive dating at ~11.84 Ma (6.22-19.52) show similar patterns of diffusion paths in space but according to different time dating during the Middle Miocene.

Metacomunidades de las lagunas de La Mancha

Andreu Castillo-Escrivà¹, Luis Valls¹, Xavier Armengol¹, Antonio Camacho², Máximo Florín³, José Antonio Gil-Delgado⁴, Rafael U. Gosálvez⁵, Celia Laguna³, Antonio Picazo², Carlos Rochera², Ángel Velasco⁶ y Francesc Mesquita-Joanes¹

¹ICBiBE, Grupo de Investigación en Ecología i Biogeografía de Sistemas Acuáticos, ²ICBiBE, Grupo de Investigación en Limnología, ³Grupo de Investigación en Hidroecología, Universidad de Castilla-La Mancha, ⁴ICBiBE, Grupo de Investigación en Vertebrados Terrestres, ⁵Departamento de Geografía y Ordenación del Territorio, Universidad de Castilla-La Mancha, ⁶Departamento de Ciencias Ambientales, Universidad de Castilla-La Mancha

Las lagunas de la Reserva de la Biosfera de La Mancha Húmeda son consideradas el principal humedal estepario del oeste de Europa. Las lagunas están caracterizadas por un régimen hídrico irregular, siendo sistemas relativamente cerrados con particulares características ecológicas. Los principales factores que afectan a las comunidades biológicas en estos sistemas son la temporalidad de las aguas, la composición iónica y las alteraciones humanas (contaminación, eutrofización y modificación del régimen hídrico). Debido a su estructura espacial, estas lagunas constituyen excelentes modelos para testar hipótesis ecológicas relacionadas con el concepto de metacomunidad, los flujos de organismos, y el tránsito de nutrientes. En esta presentación se expondrán algunos de los resultados del proyecto ECOLAKE, donde se pretende contrastar las diferentes hipótesis sobre la estructuración de las metacomunidades a distintas escalas espaciales según el tipo de dispersión. Esta investigación ha sido subvencionada por el proyecto ECOLAKE (CGL2012-38909).

Evolución y salud, de la biología básica a la aplicación práctica

Fernando González-Candelas y Rafael Sanjuán (ICBiBE, Grupo de Investigación en Evolución y Salud. UMI "Infección y Salud Pública" FISABIO-UV)

Nuestro grupo de investigación, se dedica al estudio de procesos evolutivos a distintos niveles y en la aplicación del conocimiento adquirido en la mejora del estado de salud de las poblaciones humanas, centrándose en varias líneas de trabajo:

- Epidemiología y evolución de microorganismos patógenos. Usamos la información genética para estudiar la historia reciente y los procesos evolutivos que actúan en bacterias y virus para su seguimiento y vigilancia, trazar el origen de rutas de transmisión, la introducción y expansión de genes y variantes de resistencia a fármacos, etc.

- Biología de sistemas evolutiva. Empleamos los datos obtenidos mediante técnicas "ómicas" en organismos patógenos y a sus hospedadores para conseguir una mejor comprensión de la patogenia así como de las alternativas y posibilidades para combatirlos.

- Mutación y evolución viral. Estamos trabajando en la estima de tasas de mutación *in vitro* e *in vivo* de distintos virus humanos de gran relevancia clínica y en salud pública, como el HIV-1 o el VHC. Mediante diversas aproximaciones experimentales, pretendemos identificar los distintos mecanismos que influyen en la generación de la diversidad de los virus de RNA.

- Robustez y complejidad biológica. La robustez mutacional o genética determina la fuerza de la selección natural y juega un papel importante en la evolución. Mediante la técnica de mutagénesis dirigida, hemos caracterizado la distribución de efectos mutacionales sobre la eficacia biológica de diversos virus de RNA. Esto nos ha permitido observar niveles de robustez notoriamente bajos. Además, nuestro grupo ha propuesto la existencia de una correlación entre epistasia (interacción entre genes o loci) y complejidad genómica.

- Evolución experimental de virus oncolíticos. El virus de la estomatitis vesicular (VSV) es un virus de RNA con actividad oncolítica natural. La adaptación de VSV a distintas líneas celulares cancerosas por evolución experimental, siempre que implique una disminución significativa de su eficacia en células primarias, nos permitirá obtener potenciales oncolíticos. Los virus candidatos serán testados *in vivo* mediante infecciones en ratón.

Paleoecología, extinción y evolución: bivalvos triásicos y mamíferos cuaternarios

Miquel De Renzi (ICBiBE, Grupo de Investigación en Paleontología)

La vida no solo se concibe en el espacio, como se hizo hasta comienzos del siglo XIX, sino que se enraíza en el tiempo, y muy profundamente. Los fósiles aportaron al conocimiento la idea de la finitud de las especies: existen especies extintas. Pero también mostraron como surgen especies nuevas en cada momento del tiempo, lo cual condujo a la noción de evolución. Extinción y evolución son conceptos que chocaron en su momento contra presupuestos teológicos acerca de la creación. Finalmente, mediante los fósiles vemos que la biota terrestre ha cambiado profundamente desde sus inicios y, lo mismo, las condiciones ambientales de la Tierra. Aquí presentaré algunos trabajos de nuestro grupo: los bivalvos triásicos a nivel mundial, con sus modos de vida, y como cruzaron dos extinciones mayores, con su consiguiente recuperación. Otra faceta es la de la paleoecología de los mamíferos cuaternarios en relación con el hombre en su primera estancia en la Península Ibérica. Finalmente, hablaré acerca de algunas aportaciones al tema de las tendencias evolutivas y su significado con nuestra aportación.

El lirón careto (*Eliomys quercinus*) en los naranjales mediterráneos: Características e impacto de un colonizador exitoso

Adrià Viñals Domingo (ICBiBE, Grupo de Investigación en Vertebrados Terrestres)

Los naranjales del SE ibérico son un importante refugio para diversas especies de vertebrados. Entre ellas, numerosas aves paseriformes encuentran en este tipo de sistemas agrícolas un hábitat óptimo para su supervivencia y reproducción. La colonización reciente de un depredador históricamente ausente en este tipo de ecosistemas como el lirón careto (*Eliomys quercinus*) y su rápida explosión demográfica nos ha brindado una oportunidad única para conocer algunos aspectos de la ecología básica de este roedor en ambientes mediterráneos, al igual que para evaluar el impacto que su presencia ha ejercido sobre las poblaciones de algunas de sus presas como es el caso del mirlo común (*Turdus merula*). Nuestro objetivo durante estas jornadas es mostrar brevemente algunas de los resultados que hemos obtenido y que muestran como los lirones caretos mediterráneos han sido capaces de colonizar con éxito los naranjales exhibiendo una gran plasticidad ecológica en sus estrategias vitales.

El rol ecológico de los hidrozooos

Alicia Borque Espinosa y Borja Mercado Casares (ICBiBE, Grupo de Investigación en Biodiversidad y Evolución de Cnidarios)

El grupo de Biodiversidad y Evolución de Cnidarios del ICBiBE actualmente se encuentra inmerso en distintos proyectos que tratan de enriquecer los conocimientos sobre la ecología de los hidrozooos marinos. Es importante desarrollar este tipo de estudios ya que el valor extrínseco asignado a una especie (o grupo de especies) depende de la importancia intrínseca de su "rol ecológico" en el sistema. Esta premisa implica que cuando el papel que "desempeñan" no es reconocido, se obvia e infravalora su presencia, máxime al no ser especies carismáticas. Con la finalidad de comprender mejor la función ecológica de estos organismos, de entre los diferentes proyectos llevados a cabo por el grupo, se destacan dos: "Los hidrozooos como recurso trófico: relación con la ecología larvaria de sus depredadores" y "El estudio de la dinámica poblacional de *Pennaria disticha*". A lo largo de la presentación explicaremos cuál es el objetivo de ambos proyectos, se mostrará la metodología desarrollada y se avanzarán los primeros resultados obtenidos, intentando dar una respuesta a las diferentes hipótesis que derivan del estudio de la ecología de esta clase de cnidarios, así como de los organismos asociados a ellos, destacando uno de sus principales depredadores, los nudibranquios.

Mimetismo agresivo en pulgones

Adrián Salazar¹, Benjamin Fuerstenau², Carme Quero², Nicolás Pérez-Hidalgo³, Pau Carazo¹, Enrique Font¹ y David Martínez-Torres¹

¹ICBiBE, Grupo de Investigación en Genética Evolutiva, ²Institute of Advanced Chemistry of Catalonia (IQAC-CSIC), ³Departamento de Biodiversidad y Gestión Ambiental, Universidad de León

En la relación más conocida entre hormigas y pulgones, denominada trofobiosis, las hormigas reciben excreciones azucaradas de los pulgones y a cambio les proporcionan protección y limpieza, lo que constituye un ejemplo clásico de cooperación interespecífica. Sin embargo, en un contexto evolutivo, el potencial conflicto de intereses entre estos organismos abre la posibilidad de encontrar un continuo de interacciones entre la cooperación y la explotación. Las relaciones entre pulgones y hormigas que se conocen hoy en día no cubren completamente ese espectro teórico. No obstante, nosotros encontramos un caso sin precedentes que se puede clasificar como mimetismo agresivo en pulgones. Un morfo particular del pulgón *Paracletus cimiciformis* imita a las larvas de la hormiga *Tetramorium semilaeve* con el fin de hacerse transportar hasta la cámara de cría de las hormigas. Una vez allí, el pulgón pincha las larvas y succiona su hemolinfa, lo que sugiere que en este organismo han aparecido adaptaciones especiales que le permiten obtener beneficios adicionales de su hospedador. El resultado de nuestro trabajo introduce una nueva dimensión al ejemplo paradigmático de mutualismo entre pulgones y hormigas, y añade a los pulgones (hasta ahora considerados estrictamente herbívoros) al reducido número de artrópodos que biosintetizan los compuestos de sus hospedadores para engañarlos y aprovecharse de sus recursos sociales.

Aproximación interdisciplinaria a la complejidad de las simbiosis en los microecosistemas de talos liquénicos: diversidad y genómica de microalgas

Fernando Martínez-Alberola, Arantzázu Molins, Patricia Moya y Eva Barreno (ICBiBE, Grupo de Investigación en Biodiversidad Vegetal y Ecofisiología)

Los avances de la biología molecular han permitido que el concepto clásico de liquen se encuentre en proceso de cambio, los últimos datos sugieren la hipótesis de que los talos liquénicos deberían ser considerados como microecosistemas, es decir mucho más que como una mera asociación simbiótica entre un micobionte (hongo heterótrofo) y un fotobionte (fotoautótrofo). Esta complejidad está siendo abordada en nuestro grupo de trabajo desde diferentes puntos de vista que van desde las metodologías más clásicas hasta las técnicas más novedosas.

Todas estas técnicas han permitido evidenciar en algunos géneros de líquenes fenómenos de coexistencia y de intercambio de algas intratalinas que se puede establecer incluso entre especies de fotobiontes de diferentes géneros. Además, las técnicas de secuenciación masiva nos han permitido abordar el genoma del alga liquénica *Trebouxia* sp. TR9 aislada del liquen *Ramalina farinacea*.

Unveiling bacterial associations through multidimensional scaling analysis

Pedro Luis Dorado Morales (ICBiBE, Grupo de Investigación en Biotecnología y Biología Sintética)

Microbial consortia are central in a wide range of biotechnological processes. In order to shed light into the establishment of bacterial communities in artificial media, we inoculated an environmental (pine tree resin) sample into ten independent replicates consisting of minimum broth supplemented with resin as the main carbon source. The ten lines were sub-cultured in parallel nine times during 24 days, and metagenomic DNA from all the subcultures (90 samples in total) were isolated, and 16S amplicons were high-throughput sequenced. Multidimensional scaling was applied to the resulting taxonomic diversity matrix. Our results show that subculturing did not lead to a significant simplification of the taxonomic composition but, instead, a high biodiversity was kept throughout all times and replicas, with the ten replicas exhibiting relatively similar behaviors. Our analysis allowed detecting and visualizing dynamical bacterial associations in the form of statistically significant and yet flexible bacterial consortia.

Trabajando contra reloj: Conservación de tortugas marinas en República Dominicana

Ohiana Revuelta Avín (ICBiBE, Grupo de Investigación en Zoología Marina)

En la región del Caribe las tortugas marinas han sido objeto de explotación durante muchos siglos, lo que ha dado lugar a una reducción a gran escala en el número de individuos de muchas de sus poblaciones. En la actualidad, aún existen muchos vacíos de información sobre el estado de conservación de pequeñas poblaciones dispersas, algunas de ellas muy diezmadas y amenazadas, cuya desaparición podría tener un importante impacto en el mantenimiento de las especies en la región. La República Dominicana, situada en el extremo oriental de la isla de La Española, es un ejemplo de ausencia de información a largo plazo sobre conservación. Los últimos datos sobre el estado de conservación de las poblaciones nidificantes de tortugas marinas en el país datan de tres décadas atrás, los cuales ya indicaban un declive de las poblaciones nidificantes en el país. En esta presentación expondré los resultados de cinco años de trabajo (2006-2010) llevados a cabo en República Dominicana, que incluyen la identificación de las principales colonias nidificantes de tortugas marinas en el país y la evaluación de los programas de incubación artificial establecidos para la protección de nidos de tortuga laúd (*Dermochelys coriacea*) y tortuga carey (*Eretmochelys imbricata*), discutiendo la eficacia de esta medida de conservación. También mostraré la identificación de las áreas de alimentación y las rutas migratorias que usan estas tortugas tras realizar sus puestas. Así mismo, hablaré de la función y efectividad de las áreas marinas protegidas presentes en la región del Caribe con relación a la protección de las tortugas marinas.

La conservació de la papallona *Parnassius apollo* (Linnaeus, 1758) a la Comunitat Valenciana: història d'una extinció

Joaquín Baixeras (ICBiBE, Grupo de Investigación en Entomología y Control de Plagas)

La papallona *Parnassius apollo* (Linnaeus, 1758) (Lepidoptera: Papilionidae) és una espècie ben adaptada al fred, un relict pleistocènic. Protegida per la legislació europea, en les nostres latituds les seves poblacions es refugien en l'altitud i a la Comunitat Valenciana les seues oportunitats es veuen limitades. En l'última dècada, l'interès pels LIC d'alta muntanya, clarament afectats pel canvi climàtic, i una creixent sensibilitat per la conservació d'invertebrats han posat en evidència el deteriorament de les poblacions d'aquest insecte. Assistim a una gradual extinció local que ja inclou la seva població més emblemàtica: Penyagolosa. Els aspectes socioeconòmics se superposen sobre aquest escenari: crisi econòmica, la necessitat de desenvolupament socioeconòmic de l'alta muntanya tradicionalment deprimida, canvis en els usos agrícoles i ramaders tradicionals, la implantació d'energies renovables, entre d'altres, qüestionen la nostra interacció amb aquestes poblacions d'alta muntanya. Les causes exactes d'aquest procés d'extinció ens són desconegudes i la urgència de la conservació xoca amb les nostres lentes i exigents metodologies. En aquesta comunicació revisarem l'estatus de les poblacions valencianes d'aquesta carismàtica espècie i debatrem sobre com podem contribuir al seu estudi i conservació.

SymbioGenomesDB: Una base de datos para la integración y el acceso al conocimiento de relaciones simbióticas

Mariana Reyes-Prieto (ICBiBE, Grupo de Investigación en Genética Evolutiva)

En el laboratorio de Genética Evolutiva, donde me encuentro realizando mi doctorado con el profesor Andrés Moya, se abarca un amplio espectro de temas, la mayoría relacionados con la simbiosis entre insectos y bacterias. En mi aún corta vida académica, he trabajado en dos laboratorios expertos en el tema, principalmente en bioinformática abarcando temas desde el ensamblaje y la anotación de genomas, como la exploración de los sucesos evolutivos que dan forma a las proteínas de organismos endosimbiontes. Al desarrollar los proyectos en los que me he involucrado, me he dado cuenta de la necesidad de herramientas bioinformáticas y de la necesidad del fácil acceso a diversos datos sobre organismos involucrados en relaciones simbióticas, especialmente para contestar preguntas formuladas en este tema tan apasionante y complicado, donde la relación de dos o más organismos son explorados al unísono. En esta presentación les mostraré una base de datos que hemos creado como parte de mi tesis doctoral, que está destinada a laboratorios que estudian, investigan y necesitan información de la genética y la genómica de sistemas involucrados en relaciones simbióticas. La base de datos se llama "SymbioGenomesDB" y mantiene un catálogo de aproximadamente 1,500 genomas completamente secuenciados y anotados de múltiples organismos a través del árbol de la vida, así como sus características, y su asociación con otros organismos. También incluimos una búsqueda de genes basada en ortología, de todos los organismos incluidos en nuestro catálogo, dentro de sus asociaciones.

Terapia después de infarto cerebral con células madre mesenquimales dirigidas mediante campos magnéticos

Paula García Belda (ICBiBE, Grupo de Investigación en Neurobiología Comparada)

En la actualidad, supone un reto descubrir el modo de realizar tratamientos cada vez más específicos y localizados en el sistema nervioso central debido a su limitada accesibilidad. Así, nuestro proyecto se centra en el desarrollo de una terapia celular dirigida con células madre mesenquimales adultas (MSCs) después de infarto cerebral. El principal problema de la terapia celular en dicha patología es que la tasa de injerto espontáneo en la zona lesionada es muy baja. Por ello, intentamos superar la limitación que conlleva que las células lleguen a la región de interés, y a la vez, aprovechar las cualidades intrínsecas neuroprotectoras de las MSCs. Mediante el marcaje con nanopartículas de hierro de las MSCs, su posterior administración intravenosa y el direccionamiento de las mismas gracias a la aplicación de campos magnéticos, hemos conseguido guiarlas a la zona específica en la que queremos que ejerzan su acción. Este mecanismo de direccionamiento focalizado, aparentemente inocuo para las células, podría aplicarse a otras patologías del sistema nervioso o incluso destinarlas específicamente a innumerables regiones del organismo, de ahí su potencial aplicabilidad en el contexto clínico a nivel traslacional.

Antipiojos para salmones, vermicidas para anguilas, apósitos para carpas Koi. Parásitos de peces en acuicultura y acuarofilia

Francisco Esteban Montero, Ana Ahuir, Ana Pérez-del Olmo, Aigües Repullés-Albelda, Neus Sánchez-García y Juan Antonio Raga (ICBiBE, Grupo de Investigación en Zoología Marina)

La domesticación y mantenimiento de animales terrestres por parte del ser humano lleva unos 10.000 años de ventaja sobre la de animales acuáticos. El primer tratado conocido sobre un cultivo de pez es del 475 a.C., pero la acuicultura moderna comenzó en los siglos XVIII y XIX, con cultivos de salmónidos, con el control del proceso completo de cultivo de los peces. Uno de los aspectos fundamentales a controlar en la domesticación es el conocimiento y control de los patógenos. De nuevo, surgen desventajas con respecto al medio terrestre: 1) el medio acuático es inestable y difícil de controlar y gestionar por parte del ser humano; 2) existen muchas más especies de producción acuícola que terrestre, por lo que la diversidad de patógenos es mayor; 3) la mayoría de cultivos acuícolas tienen unos 50 años de existencia, por lo que aparecen patologías desconocidas muy frecuentemente; 4) los patógenos se transmiten mucho más fácilmente en el agua, donde no han de evitar la desecación; y 5) la mayoría de tratamientos se diseñan en base a protocolos propios de animales terrestres, que suelen ser vertebrados superiores con fisiologías muy diferentes. Por este motivo, es esencial conocer la biología y diversidad de los parásitos que pueden afectar a peces de interés en producción, diseñando estrategias específicas de control que permitan una producción acuícola sostenible y eficiente.

Patrones de colonización y dispersión del zooplancton a escala local: el caso de las malladas de El Saler (Parque Natural de l'Albufera de Valencia)

Carla Olmo¹, Raquel Ortells² y Javier Armengol¹ (ICBiBE, ¹Grupo de Investigación en Ecología y Biogeografía de Sistemas Acuáticos, ²Grupo de Investigación en Ecología Evolutiva)

Las depresiones interdunares situadas en la Devesa de El Saler son comúnmente conocidas como malladas. Estas malladas forman un mosaico de lagunas someras temporales que suelen mantener una lámina de agua desde el otoño hasta la primavera. Con los planes de urbanización de los años 60, estas fueron completamente aterradas, pero desde 1988 distintos proyectos de restauración han tratado de devolverles su correcto funcionamiento ecológico. Durante los últimos siete años, algunos miembros del ICBiBE, hemos estudiado las comunidades de zooplancton de un conjunto de estas malladas restauradas en diferentes años. Las características del sistema nos proporcionaron un excelente escenario donde comprobar hipótesis existentes y plantear otras nuevas acerca de procesos ecológicos como son la colonización y la dispersión de organismos especialmente adaptados a estos ecosistemas efímeros. Algunos de los resultados obtenidos apuntan a la alta biodiversidad que albergan estos sistemas y con ello, a la correcta recuperación de estos.

Restauració ecològica d'un humedal costaner (el cas del Tancat de La Pipa)

Toñi Rodrigo Alacreu (ICBiBE, Grupo de Investigación en Ecología Integrativa)

L'actual Tancat de la Pipa es un antic arrossar de 40 ha en què s'ha construït un sistema d'humedals artificials i uns ambients aquàtics propis i característics de l'àrea del Parc Natural de l'Albufera de València amb la finalitat múltiple de reduir els continguts en matèria orgànica, fitoplàncton i nutrients inorgànics de l'aigua abans de retornar-la al llac, afavorir el desenvolupament de comunitats biològiques prioritàries i potenciar la recuperació d'espècies rares i amenaçades (de vegetació, aus, etc.), alhora que es potencia l'ús didàctic i educatiu de l'espai. Es presenten els resultats del seguiment d'aquest enclavament en matèria de millora de la qualitat de l'aigua i de restauració de vegetació submergida des de la seua creació. A més, es comparen les dades de millora de la qualitat de l'aigua dels humedals artificials d'aquest Tancat amb els de dos Tancats més que també es troben dins del Parc Natural.

RESÚMENES DE LAS COMUNICACIONES EN PANEL

GRUPO DE BIODIVERSIDAD Y EVOLUCIÓN DE CNIDARIOS

Species of *Symplectoscyphus* (Cnidaria: Hydrozoa) from the Weddell Sea collected by German Antarctic expeditions

Joan Josep Soto Àngel y Álvaro Luis Peña Cantero (ICBiBE, Grupo de Investigación en Biodiversidad y Evolución de Cnidarios)

A total of ten species of *Symplectoscyphus* Marktanner-Turneretscher, 1890 (Cnidaria: Hydrozoa) have been identified during the examination of the abundant material collected by the German Antarctic expeditions ANT XV/3, ANT XVII/3 and ANT XXI/2, carried out with the RV Polarstern in the eastern part of the Weddell Sea. The ten species represent almost half of the 21 members of the genus known so far in Antarctic waters, underlining the high biodiversity of the mentioned area. This percentage reaches 77% when considering the 13 species previously cited in this sea. The dominant species in terms of relative abundance is *Symplectoscyphus glacialis*, with 32 records (27%), followed by *S. exochus* with 23 (19%). The less abundant representative is *S. frigidus*, with only one record. In addition, some species are here reported for the second time (*S. weddelli*) and forth time (*S. anae* and *S. frigidus*) worldwide. Regarding the autoecology of the species inventoried, some valuable information has been obtained from the present study. The previously known bathymetric range has been extended for two species (*S. glacialis* and *S. weddelli*), as well as the reproductive phenology of other six (*S. anae*, *S. cumberlandicus*, *S. curvatus*, *S. liouvillei*, *S. naumovi* and *S. plectilis*). Concerning the biogeographic patterns, the species with a circumantarctic distribution are the dominant group with six representatives, followed by those which extend their distribution to subantarctic waters (either the Magellan region or the Kerguelen area) with two. Only one of the species found in the collection is considered so far endemic from the Weddell Sea (*S. weddelli*).

What a surprise! A species of *Aglaophenia* on Antarctic waters: a biogeographical paradox.

Joan Josep Soto Àngel y Álvaro Luis Peña Cantero (ICBiBE, Grupo de Investigación en Biodiversidad y Evolución de Cnidarios)

A putative new species to science of the genus *Aglaophenia* Lamouroux, 1812 has been found during the examination of the abundant hydroid collection obtained by the German Antarctic expedition ANT XV/3 carried out with the RV Polarstern. The specimen was found in the eastern part of the Weddell Sea, at a depth of 60 meters. This finding constitutes not only a new record for the Weddell Sea fauna, but also the first report of the genus. Despite of being a large, widespread and speciose family, their representatives were completely unknown from the Antarctic region. Consequently, our finding represents the first evidence for the presence of the family Aglaopheniidae in this huge region. A similar situation happened to the genus *Nemertesia* and the family Plumulariidae, never reported in Antarctic waters until Peña Cantero (2008) reported a species of *Nemertesia* off Deception and Livingston islands, in the South Shetland Islands area. The present material of *Aglaophenia* is even more remarkable for the fact that it was found in High Antarctica. With the purpose of assigning a specific epithet to the specimens found, the material has been accurately examined, and a full description, including the reproductive structures (namely corbula) is provided. Moreover, the literature concerning the *Aglaophenia* species reported on the subantarctic region and other close areas (namely New Zealand and South Africa) has been reviewed. As a result, a checklist of 16 species is given, with their subsequent distribution. Nevertheless, our material does not agree with any of the species previously reported in those areas. Concerning biogeographical issues, some possible explanations for the presence of an aglaopheniid on Antarctic waters are discussed (e.g. alien species, global climate change, microhabitat), including the possibility of being a sampling artefact.

GRUPO DE BIODIVERSIDAD VEGETAL Y ECOFISIOLOGÍA

Development of complementary molecular markers seems crucial to detect the coexistence of different *Trebouxia* taxa in a single lichen thallus

Santiago Catalá¹, Eva María del Campo², Eva Barreno¹, Francisco Garcia-Breijo^{1,3}, José Reig-Armiñana¹ and Leonardo Casano²

¹ICBiBE, Botany Dept., ²University of Alcalá, Dept. Plant Biology, ³Polytechnic University of Valencia, Agroforestry Ecosystems Dept.

Most lichens are associated with *Trebouxia* green algae. Recently, on the basis of anatomical and molecular analyses, it was demonstrated that in *Ramalina farinacea* (L.) Ach. two species of *Trebouxia* were always coexisting in a single thallus, even in geographically distant localities. In this work we investigate if *Ramalina fraxinea* (L.) Ach. Populations, with sexual reproduction, may be representative of an unknown complex model of lichen symbiosis in which more than two different *Trebouxia* phycobionts can coexist as primary producers in each individual thallus. To reach this goal we made both molecular and TEM analyses. Molecular analyses based on three different molecular markers- nrITS, *psbA* and 23S rDNA- allowed to detect the coexistence of at least two phycobionts per thallus. One of them could be included within a *Trebouxia decolorans* complex whereas the other seemed to be very similar to one of the two coexisting phycobionts in *R. farinacea* referred as *Trebouxia* TR1 (*T. jamesii*-like) in previous works. Phylogenetic analyses based on these markers indicated a high and unexpected cryptic speciation within the *Trebouxia decolorans* complex. At least, five haplotypes and morphotypes were recognized among *T. decolorans*-like phycobionts in contrast to the very low genetic variability of the other coexisting phycobionts.

Free radicals in the physiology of lichens

Myriam Catalá¹ and Eva Barreno²

¹Rey Juan Carlos University, Dept. of Biology and Geology, ²ICBiBE, Botany Dept.

Lichens are symbiotic organisms that involve at least two different partners, a mycobiont and a photobiont, which can be either cyanobacteria or algae. They are poikilohydric, and are adapted to repeated desiccation-rehydration cycles. Lichens live in the most extreme habitats such as deserts, the tundra or even in Antarctica due to their endurance to abiotic stress. They tolerate heavy metals, freezing and even outer space extreme conditions. However, they are very sensitive to environmental changes. The aim of this work is to show the advances on lichen free radical biology. Lichen rehydration is associated with an intra and extracellular free radical burst.

Mycobiont-derived NO is also released during rehydration and seems to be involved in the regulation of lipid peroxidation and algal chlorophyll protection from photooxidation in *Ramalina farinacea*. Rehydration in the presence of Pb induces a strong compensatory hormetic response which reduces free radical release. However, the air pollutant cumene hydroperoxide increases oxidative stress suggesting different mechanisms in the management of the two prooxidants. In conclusion, free radical physiology in lichens is directly involved in the symbiotic relation and in the extraordinary ecological performance of these organisms.

Is the PLD-pathway involved in rapid cellular responses to dehydration in lichen's microalgae?

Francisco Gasulla^{1,2}, Eva Barreno¹, Peter Dörmann² and Dorothea Bartels²

¹Universitat de València, Botánica & ICBiBE, ²Institute of Molecular Physiology and Biotechnology of Plants (IMBIO), University of Bonn.

The lichen microalga *Asterochloris erici* (Ahmadjian) Skaloud *et* Peksa (phycobiont) is able to survive to rapid desiccation processes through the constitutive presence of molecular protection mechanisms. However, *A. erici* recovers faster after a slow than after a rapid drying suggesting that there is probably a minimal period required to develop strategies which facilitate transition to the desiccated state. The phosphatidic acid (PA) synthesized by the phospholipase D (PLD) enzyme affects cellular processes functioning as an activator of protein kinases, among other modes of action. Thus, we decided to analyze the composition of lipid in membranes as well as to search changes in the phosphoproteome of lichen phycobionts in *A. erici* during a relative slow drying (4-5 hours).

The lipid analysis revealed that there is an active remodelling of lipid composition in *A. erici* during dehydration in order to stabilize cell membranes. The analysis of the phosphoproteome revealed that desiccation caused the phosphorylation of several proteins in *A. erici*. These results demonstrate that some cellular responses during natural drying events, might be controlled by the PLD pathway through rapid post-translational protein modifications like phosphorylation.

GRUPO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA DE PLANTAS**Genoma completo del cloroplasto y mitocondria de la carófito *Nitella hyalina*. Un update de la Filogenómica de Streptophyta.**

Benjamín Pérez-Rocher, Dani Soriano, David Lázaro-Gimeno, Alfonso Garmendia y Joan Pedrola-Monfort (ICBiBE, Grupo de Investigación en Biología Evolutiva de Plantas)

En la actualidad continúa activa la controversia en cuanto a la posición filogenética de los grupos de algas estreptófitas y, en particular, cual es el grupo hermano de las plantas terrestres. En los últimos años han venido acumulándose evidencias en favor de las Zygnematales como clado hermano de las plantas terrestres (PT), si bien las filogenias moleculares no han permitido descartar por completo otros grupos de algas como las Coleochaetales o las Charales. Estas últimas han estado tradicionalmente consideradas las más cercanas a las PT, lo cual cobra cierto sentido aún hoy por su considerable complejidad morfológica, mucho más elevada y asimilable a la de las PT que la de Zygnematales y el resto de algas en general, con la única excepción de las Coleochaetales.

La incertidumbre en las filogenias moleculares que abordan este problema está relacionada con la escasísima representación de secuencias de genomas mitocondriales y cloroplásticos de algas estreptófitas, lo cual favorece la posibilidad de la aparición de artefactos en las filogenias moleculares. Estos artefactos se presentan precisamente en las ramas más profundas, que son las que separan los principales clados en el árbol de Streptophyta y entre las que se encuentra el nodo que separa las algas de las PT.

Con la finalidad de paliar en lo posible esta falta de datos, y dada la idoneidad de los genes mitocondriales y cloroplásticos para inferir filogenias, se ha secuenciado el genoma del cloroplasto y la mitocondria de *Nitella hyalina* (Orden Charales) tras lo cual se han realizado nuevas inferencias filogenéticas que incluyen a esta especie.

GRUPO DE ECOLOGÍA EVOLUTIVA

Efecto de la variación de historias de vida en la competencia de especies ecológicamente similares: el caso de dos especies crípticas de rotíferos

Carmen Gabaldón, María José Carmona, Javier Montero-Pau y Manuel Serra (ICBiBE, Grupo de Investigación en Ecología Evolutiva)

La competencia entre competidores da como resultado la coexistencia o exclusión de las especies, y los procesos que determinan un resultado u otro son cuestiones fundamentales en Ecología. Esto es particularmente interesante en el caso de las especies crípticas, ya que debido a su proximidad filogenética y su parecido morfológico se espera que tengan una gran similitud en sus requerimientos ecológicos, es decir, en sus nichos ecológicos. Las fluctuaciones ambientales y su interacción con caracteres específicos de historia de vida se espera que tengan implicaciones en la coexistencia y desplazamiento de especies. Los rotíferos *Brachionus plicatilis* y *B. manjavacas* son morfológicamente idénticos y presentan un gran solapamiento de nicho. Ambos a menudo coocurren en algunas pozas salobres interiores. Estos rotíferos son partenogenéticos cíclicos y a través de la reproducción sexual producen huevos diapáusicos los cuales les permiten a las especies sobrevivir durante periodos adversos debido a factores bióticos y abióticos. De acuerdo a estudios previos, estas especies presentan diferentes respuestas a la salinidad y temperatura, y ellos difieren consistentemente en caracteres de historia vital relacionados con la producción y eclosión de huevos diapáusicos. En este trabajo, se explora teóricamente el efecto de la fluctuación de la salinidad en la coexistencia de estas dos especies modelo. El modelo construido tiene en cuenta las características diferenciales de las especies en caracteres de la historia de vida medidas experimentalmente en trabajos previos. El modelo se analizó usando una simulación por ordenador de dinámicas competitivas a largo plazo de ambas especies bajo diferentes regímenes de salinidad. Se consideraron las situaciones donde (1) el régimen de salinidad es constante y favorable para una u otra especie, (2) la salinidad fluctúa entre estaciones de crecimiento; y (3) la salinidad varía dentro de cada estación de crecimiento. Además, se exploraron los efectos de la producción y supervivencia de huevos diapáusicos en la dinámica de competencia.

Análisis de imágenes del satélite Landsat TM/ETM para caracterizar la variabilidad del hidropериodo de un conjunto de lagunas mediterráneas

Lluís Franch-Gras, Eduardo García-Roger, María José Carmona y Manuel Serra (ICBiBE, Grupo de Investigación en Ecología Evolutiva)

Las lagunas mediterráneas se caracterizan por tener un alto grado de variabilidad inter-anual e intra-anual en sus niveles de agua. Las fluctuaciones en el hidropериodo de las lagunas están asociadas a variaciones en el área de las mismas, y también a cambios en sus parámetros físico-químicos. Como consecuencia, el ambiente de los organismos planctónicos puede resultar incierto y se espera que esta incertidumbre tenga efectos en la ecología y adaptación de estos organismos. Ante un escenario global de incremento de la variabilidad ambiental, es crucial caracterizar los patrones de fluctuación de forma precisa, ya que dicha caracterización constituye el punto de partida para poder comprobar hipótesis en diferentes campos, como es el caso de la ecología y la evolución. La información obtenida a través de imágenes de satélite ofrece series temporales largas y resoluciones temporales que serían muy costosas de conseguir mediante otros métodos. El objetivo de la presente contribución es usar imágenes del satélite LANDSAT TM/ETM para evaluar la presencia de agua en nueve lagunas mediterráneas y caracterizar sus hidropериodos. A través de las medidas de Colwell para masas de agua temporales, se caracteriza el grado de incertidumbre de las lagunas. Los resultados muestran que estas lagunas presentan un amplio gradiente de incertidumbre ambiental para la comunidad limnética. En este estudio se demuestran las ventajas de la teledetección para cuantificar la incertidumbre ambiental con un elevado grado de precisión.

GRUPO DE ECOLOGÍA INTEGRATIVA

The phenology of wetland submerged macrophytes: initial data for a baseline to determine predictable effects of Climate Change

Sara Calero, William Colom, Lila Reinhard and Maria A. Rodrigo (ICBiBE, Grupo de Investigación en Ecología Integrativa)

Climate Change affects living organisms, specially their phenology (i.e. the timing of recurrent events in their life cycles, such as flowering). In this sense, scarce information is available about submerged aquatic plants, although they play a key role in wetlands. As a baseline to establish long-term series about the phenology of aquatic plants, we are monitoring a created shallow pond in a depression between sand dunes at the *Albufera de Valencia* Natural Park (Spain). It holds a high macrophyte biodiversity: two angiosperms (*Potamogeton pectinatus* and *Utricularia australis*), and five charophytes (*Nitella hyalina*, *Chara aspera*, *C. vulgaris*, *C. hispida* and *C. connivens*). Since July 2013, we have been continuously monitoring underwater and atmospheric temperature (at two sites), underwater radiation and water level fluctuation through the use of sensors with data-loggers. Macrophytes have been collected at high frequency to monitor emergence, size and maturity of flowers/seeds in the angiosperms, and sexual organs (oogonia and antheridia) and oospores (and gyrogonites when produced) in charophytes. This initial data informs us about the life cycle of the macrophytes from this pond, as well as about basic environmental conditions that affect their phenology and that, in turn, are also influenced by Climate Change.

The effects of low ozone episodes on two *Chara vulgaris* populations growing under two contrasting diel photoperiods

Fidel Rubio, María Carramiñana, Eric Puche, Carmen Rojo and María A. Rodrigo (ICBiBE, Grupo de Investigación en Ecología Integrativa)

Two different populations of *Chara vulgaris*, naturally growing under contrasting diel photoperiods: complete solar cycle exposure (CSCE) and interrupted solar cycle exposure (ISCE), were exposed to simulation of two types of Low Ozone Episodes (LOEs) in the laboratory. A 5-day LOE was simulated by a single UV-enhanced period and a 2-day LOE by two consecutive LOEs, separated by 5 days. In both cases, a recovery period of five days was applied after ending the LOEs. Both populations reacted to the 5-day LOE bending the branches inward to the axis and increasing carotenoids (protective molecules) concentration; after recovery period they shown initial conditions. When two consecutive 2-day LOEs were applied, the ISCE population responded with a sudden branch bending and opening under the LOE or recovery periods, respectively. The CSCE population bended the branches after the first LOE and increased the carotenoids after the second one. Genetic damage was not detected in any case. Thus, different strategies allowed *C. vulgaris* to avoid DNA damages caused by LOEs and display high resilience.

Molecular markers to study genetic diversity in Charophytes

Lila Reinhard¹, Ferran Palero² and Carmen Rojo¹

¹ICBIBE, Grupo de Investigación en Ecología Integrativa, ²Dept. of Plant Health and Environment, Bioinformatics. French National Institute for Agricultural Research.

In this work, a preliminary analysis was performed to clear up the phylogenetic relationships between all the species of *Chara* with sequences available in GenBank for both the *atpB* and *rbcl* genes. The results obtained showed the limitations of protein-coding genes to resolve very recent divergence events. In order to accomplish a better characterization of genetic diversity within *Chara* spp., a bioinformatic pipeline was created to design new genetic markers using 454 reads from *Chara vulgaris* transcriptome. This represents the first characterization of the frequency distribution for the various types of microsatellites present in a charophyte. New primer sequences were designed for a total of 11 microsatellite markers, and they were tested in five species of the genus *Chara* collected from water bodies in the Albufera de València Natural Park. This preliminary study should become a first step in the analysis of genetic diversity within species of *Chara* through the use of microsatellite markers. Furthermore, determining the phylogenetic connections between the different species will allow us to link evolutionary patterns and the species phenotypic response to environment changes.

GRUPO DE ECOLOGÍA Y BIOGEOGRAFÍA DE SISTEMAS ACUÁTICOS

Zooplankton, density or biomass?

Jara García-Chicote¹, Carmen Rojo¹, Amparo Piñón³ and Xavier Armengol²

¹ICBIBE, Groups of ¹Integrative Ecology and ²Biogeography and Ecology of Aquatic Systems, ³Comisaría de Aguas, Confederación Hidrográfica del Júcar, Valencia, Spain.

Zooplankton plays a key role in the transfer of matter and energy in aquatic food webs, usually connecting primary producers and higher consumers. As its size structure, reproduction and survival, among other characteristics, are affected by both, top-down (fish or invertebrates) and bottom-up (nutrients and phytoplankton) controls, they should be considered as a keystone group on ecosystem functioning. They also have been frequently considered as a complementary measure of ecosystem functioning and health. Nevertheless, under the term “zooplankton” we usually include organisms with great heterogeneity and very different characteristics (phylogenetic, size, development time, population growth, life spans). Some studies are focused on particular groups (e.g. rotifers, cladocerans, copepods) similar in size, which sometimes are compared only considering their densities; but other studies include diverse groups with very different characteristics, such studies need to consider more integrative measures, as could be the biomass. Density is easier to obtain, but when large differences in size between organisms exists it should be used with caution. Biomass is more laborious to estimate, but when such differences exist, seems to be a more integrative and comparative measure. We have studied zooplankton assemblages (rotifers and microcrustaceans) in 20 reservoirs from Mediterranean hydrological basins. We have used both metrics (density and biomass) to study the relationship of zooplankton with several environmental features of the reservoirs including geographical, morphological, biological, physical and chemical characteristics. The aim of this work is to show our results and to discuss about the advantages and disadvantages of using only one of these variables-metrics.

Exotic Ostracoda and its invasive potential in the Iberian Peninsula

Andreu Escrivà¹, Josep A. Aguilar¹, Roger Butlin², José A. Gil-Delgado¹, Takahiro Kamiya³, Alexandre Mestre¹, Adrian Ponz⁴, Juan Rueda¹, Antonio Sanz-Brau¹, Olivier Schmit¹, José M. Poquet⁵, Robin Smith⁶, Juan M. Soria¹, Jochen Vandekerkhove⁷, Laia Zamora¹ and Francesc Mesquita-Joanes¹

¹ICBiBE, Grupo de Investigación en Ecología y Biogeografía de Sistemas Acuáticos; Grupo de Investigación en Limnología; Grupo de Investigación en Vertebrados Terrestres) / Departamento de Microbiología y Ecología, ²Department of Animal and Plant Sciences, University of Sheffield (UK), ³Department of Earth Sciences, Kanazawa University (Japan), ⁴Departamento de Didáctica de las Ciencias Experimentales, Universidad de Zaragoza, ⁵Departamento de Biología Animal, Universidad de Granada, ⁶Lake Biwa Museum (Japan), ⁷Institute for Environment and Sustainability, Joint Research Center (Italy)

The invasive potential of exotic Ostracoda (Crustacea) is largely unknown. However, their commonness, wide distribution and excellent (sub-)fossil preservation in continental waters make them good candidates to study biological invasions and dispersal processes. In the Iberian Peninsula at least 15 species of exotic ostracods can be found, with differing ecological strategies. Some can be considered well-established alien invaders, such as *Fabaeformiscandona subacuta* and *Ankylocythere sinuosa*. The first is a free-living benthonic species of Asian origin, and the second an epibiont of the crayfish *Procambarus clarkii*, introduced from North America. The colonization by exotic ostracods of the Iberian Peninsula seems to be related to ricefield habitats, where most of the species are found. We discuss the relative importance of dispersal vectors (e.g. humans and migratory birds) and ecological traits of species and habitats that may facilitate ostracod invasions.

Human-mediated dispersal of aquatic invertebrates: Iberian shallow lakes as a model system.

Luis Valls¹, Andreu Castillo-Escrivà¹, Carlos Rochera², Jose Antonio Gil-Delgado³, Rafael Ubaldo Gosálvez⁴, Ángel Velasco⁵, Antonio Camacho², Francesc Mesquita-Joanes¹ and Xavier Armengol¹

¹ICBiBE, Grup d'investigació en Ecologia i Biogeografia de Sistemes Aquàtics, ²ICBiBE, Grup d'investigació en Limnologia, ³ICBiBE, Grup d'investigació en Vertebrats Terrestres, ⁴Universidad de Castilla-La Mancha, Departamento de Geografía y Ordenación del Territorio, ⁵Universidad de Castilla-La Mancha, Departamento de Ciencias Ambientales

Human-mediated dispersal is often overlooked in continental water bodies. Understanding the role of these vectors in metacommunity dynamics is essential for their conservation. The subject of the present study is to quantify human dispersal to evaluate potential effects in aquatic invertebrate communities. Mud was collected from boots used in 13 shallow lakes in Castilla-La Mancha (Central Spain) between December 2012 and January 2013. Mud was cultured in 1-liter aquaria for 24 days. Each sample was divided in 3 subsamples and these, together with other 3 control aquaria without mud, were cultured at a constant temperature of 20 °C and photoperiod 10L:14D. A total of 197 individuals were hatched belonging to different taxonomic groups. Ostracods, cladocerans and anostracans were the taxa appearing earliest and showing the highest abundances in the aquaria. Juveniles were cultured in other aquaria to grow them to adulthood for a correct identification. *Heterocypris barbara*, *Pleuroxus letourneuxi*, *Alona salina* and *Daphnia magna* were the predominant species observed. Zooplankton movements by human vectors among lakes can influence the gene flow dynamics and disturb pristine communities. So, introduction of new species from near lakes can cause extinction through predation or resource competition. In view of the high density of invertebrates dispersed, conservation measures to avoid these effects should be taken whenever possible. This work was supported by the project ECOLAKE (CGL2012-38909).

GRUPO DE EVOLUCIÓN Y SALUD

Mutation rate of an RNA virus in different host cells

Marine Combe and Rafael Sanjuán (ICBiBE, Grupo de Investigación en Evolución y Salud)

During my PhD I focus my research on the study of viral mutation rates at the inter- and intra-host level. Rates of spontaneous mutation determine the variability and evolution of RNA viruses. In turn, viral mutation rates can depend on several factors, including intrinsic polymerase fidelity, host-mediated edition, and viral replication mode or genome size. However, viral mutation rates also depend on the particular host species or cell type being infected but to date no study has characterized the variability of viral mutation rates among host cells. To address this question, we used the vesicular stomatitis virus (VSV), a negative single-stranded RNA virus belonging to the *Rhabdoviridae* family. VSV can infect a wide variety of host species and cell types owing to its relatively non-specific mechanism of entry. We estimated the mutation rate of VSV in several murine cells, including baby hamster kidney (BHK-21), mouse embryonic fibroblasts (wild-type or p53-deficient MEF), mouse colon tumor (CT26), and mouse neuroblastoma (Neuro-2a) cells using the Luria-Delbrück fluctuation test. Our results suggest that body compartments may harbor different levels of viral genetic variability, and this may have implications for understanding the emergence of escape or drug-resistance mutants.

Deep-sequencing characterization of intra- and inter-sequence type variability of *L. pneumophila* strains

Leonor Sánchez-Busó, Iñaki Comas and Fernando González-Candelas (ICBiBE, Grupo de Investigación en Evolución y Salud, UMI "Infección y Salud Pública" FISABIO-UV)

Although widely used in the last decade, typing schemes based on a few loci offer only limited discriminatory power. For instance, the *Legionella pneumophila* sequence-based typing scheme is based on data from 7 loci, and unrelated strains of the same sequence type (ST) cannot be differentiated efficiently. This may compromise the molecular investigation of outbreaks, especially those caused by widespread STs (e.g., ST1) or in areas with a high prevalence of a particular ST (e.g., ST578 in the Alcoi region, Spain). In this study, we present an in-depth analysis of 75 *L. pneumophila* strains of ST1, ST578 and other outbreak-related STs isolated in Alcoi and Calpe (Spain).

The 75 strains were sequenced using SOLiD 5500XL (Applied Biosystems), producing single-end 75 bp reads with a mean coverage of 90X. The reads of each strain were mapped against a pangenome constructed using 9 complete *L. pneumophila* genomes with ancestral states assigned to polymorphic sites by PAML. Unmapped reads were used for plasmid detection by mapping against the three known *L. pneumophila* plasmid genomes. Genome sequences were reconstructed for each strain. Structural differences and genetic variability were analyzed for each group of STs in order to evaluate inter- and intra-ST diversity.

Phylogenetic analyses show well-supported clusters, largely monophyletic for the different ST and with no apparent relationship to space nor time of isolation or source (clinical or environmental, outbreak and non-outbreak related) of the strain. These results are relevant for describing the population structures of bacteria and their application to analyze legionellosis outbreaks.

GRUPO DE GENÉTICA EVOLUTIVA

Responses of the human intestinal microbiota to different antibiotic modes of action

Ana Elena Pérez Cobas^{1,2}, Alejandro Artacho¹, Amparo Latorre^{1,2}, Henri Knecht³, Annette Friedrichs^{3,4}, Stephan Ott^{3,4}, Andrés Moya^{1,2} and María José Gosalbes^{1,2}

¹Genomics and Health, Advance Centre for Research in Public Health (CSISP) – ICBiBE, Grupo de Investigación en Genética Evolutiva, ²CIBER en Epidemiología y Salud Pública (CIBEResp), Madrid, ³Institute for Clinical Molecular Biology at the Christian-Albrechts University, ⁴Department for Internal Medicine, University Hospital Schleswig-Holstein, Kiel, Germany

The human intestinal microbiota performs essential functions for the host such as food processing, growth regulation of the development of the immune system. Antibiotics are one of the most disturbing agents of the microbial community equilibrium, which can affect the human health as consequence. The impact of antibiotic usage on the human microbiota has been addressed mainly by 16S rRNA gene-based diversity analysis, but the way in which antibiotics modify the gene potential of the microbial ecosystem has been poorly understood so far.

In this study, we evaluated the effect of antibiotic modes of action on the structure and functions of the human gut microbiota through the pyrosequencing of the total DNA (gene potential), the 16SrRNA gene (total microbiota) and RNA (active microbiota) along different antibiotic courses. We focused the functional analysis on those genes involved in the antibiotic response, finding that the sugar transport seems to play an important role during adverse conditions. Also, the antibiotics usage promotes the increase in multi-drug resistance genes, thereby increasing the chance of acquiring them by harmful microorganisms. The response of the microbial ecosystem regarding the composition and genes depends on the antibiotic mode of action, showing that it is an important factor in the modulation of the bacterial community structure and its functions.

Mealybugs nested endosymbiosis: going deeply into functional and evolutionary aspects of the 'matryoshka' system in *Planococcus citri*

Sergio López-Madriral¹, Amparo Latorre^{1,2}, Manuel Porcar³, Andrés Moya^{1,2} and Rosario Gil¹

¹ICBiBE, Grupo de Investigación en Genética Evolutiva, ²Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunidad Valenciana (FISABIO), ³Grupo de Investigación en Biotecnología y Biología Sintética.

Mealybugs of subfamily Pseudococcinae present a complex nested endosymbiotic system where the β -proteobacterium *Tremblaya princeps*, harbours the γ -proteobacterium *Moranella endobia*. Early exploration of the *T. princeps* genome revealed unusual characteristics in terms of nucleotide composition and gene density. Recent genome sequencing of two strains (PCIT and PCVAL) of *T. princeps* and *M. endobia* from *Planococcus citri* revealed an unprecedented functional complementation between them. With the smallest bacterial genome described so far (139 kb), *T. princeps* has been placed somewhere in the path between living beings and organelles, since it has lost the ability for DNA replication and transcription, as well as part of its translational machinery and most metabolic functions. In contrast, *M. endobia* still retains most of the essential functions lost by *T. princeps*, suggesting that both bacteria are part of an unprecedented composed entity which would mainly supply essential amino acids to the host. Genome-driven reconstruction of the consortium functions plus comparative genomics and evolutionary analyses reveal some clues of the meaning and evolutionary path of this peculiar system.

Involvement of opsins in aphid photoperiodism

Jorge Mariano Collantes-Alegre, Florian Mattenberger, Miquel Barberá and David Martínez-Torres (ICBiBE, Grupo de Investigación en Genética Evolutiva)

The ability to use annual changes in day length that many organisms exhibit to regulate seasonal behavioral or physiological processes is known as photoperiodism. Aphids are typical photoperiodic insects in which day length shortening in autumn induces a switch from viviparous parthenogenesis to cold resistant egg producing sexual reproduction. However, some aphid lineages have lost the ability to respond to photoperiod changes and reproduce continuously through parthenogenesis. The molecular grounds of photoperiodism in aphids (and insects in general) are only poorly understood. There is still some debate on whether the circadian clock may be involved in insect photoperiodism. Whatever the mechanism might be, it certainly requires an input pathway (likely based on photoreceptor molecules) that conveys the system with information on day length. Among photoreceptors, opsins are strong candidates to play such a role. Here we report on results of a study aimed at characterizing the whole set of aphid opsins and investigating their possible role in aphid photoperiodism.

Seasonal changes in the dual symbiosis *Buchnera/Serratia* in the genus *Cinara*

Vanesa Martínez Díaz¹, Rosario Gil García¹ y Amparo Latorre Castillo^{1,2}

¹ICBiBE, Grupo de Investigación en Genética Evolutiva, ²Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunidad Valenciana (FISABIO)

Buchnera aphidicola is the primary endosymbiont of aphids with which it maintains an obligate mutualistic symbiotic relationship of nutritional character. Insects can also maintain symbiotic relationships with other facultative bacteria, generically called secondary symbionts, being *Serratia symbiotica* one of the most frequent in aphids. The presence of both symbionts in aphids from subfamily Lachninae has been widely studied in our group. In this study, we worked with the two closely related aphids *Cinara tujafilina* and *C. cedri*. Even though their corresponding *B. aphidicola* strains have similar size genomes and gene content, the two strains of *S. symbiotica* are quite different. In *C. cedri*, *S. symbiotica* SCc has the smallest genome known for this species and acts as a co-primary together with *B. aphidicola* BCc. In *C. tujafilina*, *S. symbiotica* SCt possess a bigger genome, and it is at an intermediate stage between the facultative *S. symbiotica* of *Acyrtosiphon pisum* (SAp) and the obligate *S. symbiotica* SCc.

Many aphids are vulnerable to high temperatures. Some studies have shown that the facultative symbiont *S. symbiotica* SAp confers resistance to heat-shock stress. In order to determine if the *S. symbiotica* from the *Cinara* genus have also a role in heat-shock stress protection, we have performed quantitative determination of the consortium *Buchnera/Serratia* from both *Cinara* species under study, both in natural and laboratory environments, along two years. The variations in temperature were recorded. Our results indicate that there was no variation in the endosymbiotic consortium from *C. cedri*, where both of them are co-primary, while there were seasonal variations in the proportion of both endosymbionts in *C. tujafilina*, with an increase of *S. symbiotica* SCt in suboptimal temperature conditions (Summer and Winter). Our results are also supported by microscopic analyses of the amount and shape of endosymbionts, both in embryos and adult aphids.

GRUPO DE LIMNOLOGÍA

Composición e índices de diatomeas para la determinación del estado ecológico de las lagunas litorales mediterráneas de España

Beatriz Antón-Garrido¹, Susana Romo¹, María José Villena¹, Carla Olmo² y Javier Armengol² (ICBiBE, ¹Grupo de Investigación en Limnología y ²Grupo de investigación en Ecología y Biogeografía de sistemas acuáticos).

Los índices de diatomeas han sido aplicados y contrastados principalmente en la evaluación del estado ecológico de los sistemas lóticos y lagos profundos, pero son escasos los estudios sobre su eficacia en lagos someros y lagunas litorales mediterráneas. Este trabajo evalúa la validez de varios índices conocidos de diatomeas (IPS, IBD, CEE y TDIL) para la determinación de la calidad ecológica de tres lagunas litorales (Valencia, España) y presenta las descripciones y datos ecológicos de las principales especies de diatomeas registradas. El estado ecológico de las lagunas se determinó a partir de diferentes variables físico-químicas y fue contrastado con los resultados obtenidos a partir de las comunidades de diatomeas epifíticas. Los resultados mostraron discrepancias entre los índices diatomológicos y también con respecto al estado diagnosticado por las variables ambientales. La efectividad de los índices dependió del número de especies evaluadas por cada índice con respecto al total de especies registradas y la idoneidad del valor indicador y de sensibilidad asignado a cada especie. Los resultados ponen de manifiesto la necesidad de ampliar el conocimiento sobre la composición y la ecología de las diatomeas y microalgas que caracterizan las lagunas litorales mediterráneas. Este trabajo contribuye a su mejor conocimiento.

Ecological model for the management of a hypertrophic shallow lake: The Albufera of Valencia

Gabriela Onandía Bieco¹, Maria Rosa Miracle Solé, Eduardo Vicente Pedrós¹ and George Ahronditsis²

¹ICBiBE, Grupo de Investigación en Limnología, ²Department of Physical and Environmental Sciences, University of Toronto

Shallow lakes are widespread ecosystems that provide a variety of benefits (fishing, wildlife refuges), but they are frequently subject to eutrophication problems. The aim of this study is to develop a biogeochemical model that represents the interactions between the ecological processes underlying the eutrophication problems in the shallow hypertrophic lagoon Albufera de Valencia (Spain). The model simulates the dynamics of two elemental cycles (N and P), two phytoplankton groups (cyanobacteria and non-cyanobacteria) and heterotrophic bacteria. The results of a calibration exercise are presented and the ability of the model to reproduce the observed patterns in the lagoon is explored, together with the uncertainty related to the external forcing of the model. Additionally, the calibrated model was used to assess the response of phytoplankton to different scenarios that represented potential restoration actions comprising combined modification of external N and P loadings with flushing rates. The model successfully simulates a number of relevant limnological variables in the lagoon, including total chlorophyll a, cyanobacteria, non-cyanobacteria, nitrate, ammonia, total nitrogen and total phosphorus. The scenario analysis indicated that the control of the external P and N loadings should be set as the main priority for the managerial actions in the lagoon. Furthermore, flushing in autumn and winter is also very important to preserve plankton periodicity in this ecosystem.

GRUPO DE NEUROBIOLOGÍA COMPARADA

Characterization of *Macaca fascicularis* spinal cord central canal zone

Arantxa Cebrián-Silla, Clara Alfaro-Cervelló, María Durán-Moreno, Patricia García-Tarraga, María-Rosario Luquin and José Manuel García-Verdugo (ICBiBE, Grupo de Investigación en Neurobiología Comparada)

Aims: The persistence of proliferative cells, which could correspond to progenitor populations or potential cells of origin for tumors, has been extensively studied in the adult mammalian forebrain, including human and non-human primates. Proliferating cells have been found along the entire ventricular system including around the central canal of rodents, but little is known about the primate spinal cord. The aim of this study is to increase the knowledge about the cellular composition and proliferative capacity of the *Macaca fascicularis* central canal.

Methods: Here we present data based on scanning and transmission electron microscopy and immunohistochemistry, and identify central canal proliferating cells with Ki67, and newly generated cells with BrdU incorporation three months after the injection.

Results: The *Macaca fascicularis* central canal is composed by unciliated, biciliated and multiciliated ependymal cells, astrocytes and neurons. We found that ependymal cells with one or two cilia, but not multiciliated ependymal cells, proliferate and give rise to new ependymal cells that presumably remain in the macaque central canal.

Conclusions: In this study, we found interesting similarities and differences between the central canal epithelium of rodents and primates. Both monkey and mouse unciliated and biciliated ependymal cells continue to proliferate postnatally, likely related to length extension (Alfaro-Cervello et al., 2012). However, the monkey central canal shows multiciliated ependymal cells. Further studies will be necessary to understand how far this proliferative potential is preserved in the human and whether it contributes to repair after injury.

GRUPO DE PALEONTOLOGÍA

Biomorphodynamics as a framework for the understanding of the vertebrate skeleton

Miquel De Renzi (ICBiBE, Grupo de Investigación en Paleontología)

Biomorphodynamics (old constructional morphology, sensu Seilacher) discriminates the different factors contributing to mold the form of organisms, namely phylogenetic legacy, fabrication and function in an effective environment. However, the vertebrate skeleton has received little attention from this perspective. We shall deal mainly with the first two factors, since the remaining factors are the best known. The plan of the tetrapod skeleton (its historic legacy) shows minimal changes since its origin. Skeletal biomaterials are also part of this legacy. Therefore, this phylogenetic tradition strongly constrains the number and the nature of adaptive solutions. Heterochrony opens discrete fields for allowed variation; this narrows the domain of natural selection. Genome and development must be considered as the foundation of this heavy stability throughout the history of the groups. Fabrication is the second factor considered, which involves properties of biomaterials and self-organization processes, from biomineralization (involving purely physicochemical interactions between hydroxyapatite and collagen in bone and tooth) up to epigenetic interactions among gene products that confer emergent properties to cells or cell collectives, e.g., geometry. Since cell collectives interact among them, this determines the morphology of the different skeletal elements in a mechanochemical way. Therefore, gradients in vertebrae in the backbone or in dentition are fabrication products. Patterns that are similar to those of phyllotaxis (with inhibiting factors) may be found in the distribution of scales of fishes. Other fabrication issues result from mechanical responses, e.g., pneu structures (globular skulls) or close packing (ichthyosaur fins). Again, all these mechanisms constrain new possibilities in adaptation.

What can Iberian marine fossil record tell us about recovery after Permian-Triassic extinction?

Ana Márquez-Aliaga¹, Pablo Plasencia¹ and Sonia Ros²

¹ICBiBE, Grupo de Investigación en Paleontología - Departamento de Geología de la Universidad de Valencia, ²División Paleontología de Invertebrados, Museo de La Plata, Universidad Nacional de La Plata, La Plata (Argentina)

The Triassic was a short transition time (51.4 myr) between two big extinction events. During the transition from the Permian to the Triassic occurred one of the most important climatic and biological crises of the history of the Earth. Consequently, almost 95% of the marine species disappeared, while others lost the majority of their representatives. The benthonic fauna in the Paleozoic was dominated by brachiopods, sessile crinoids, echinoderms and bryozoa, while bivalves dominated in the Triassic.

The loss of species at the Triassic–Jurassic boundary (TJB) is now identified routinely as one of the “big five” mass extinctions of the Phanerozoic. The Late Triassic witnessed significant biotic decline, but the appearance of a sudden mass extinction event at the TJB seems to be a consequence of stage-level correlation. The most prominent marine faunal groups, such as ammonoids, bivalves, and conodonts, experienced gradual to step-wise extinction throughout the Norian, particularly during the middle to upper Norian, and Rhaetian.

The Palaeontology of the Triassic has not been deeply explored, since the fossil record is very scarce. We analyze here the behavior of two groups before the two mentioned extinction events. Conodonts were heavily affected by the events of the Permian-Triassic Boundary but they recovered during the Early and Middle Triassic. However, they extinguished at the end of the Triassic. The rates of origination-extinction suggest a progressive extinction of conodonts due to a reduction of diversity during the Triassic. Bivalves are nowadays a highly diversified mollusc class, with a long history dating from Early Cambrian times. Although during the Paleozoic bivalves already showed a steady diversification trend, only from Mesozoic times onwards the group became highly successful and expanded rapidly. For bivalves, the Triassic was a recovery time first and a biotic diversification period later eventually promoting the appearance or full exploitation of evolutionary novelties. In the Triassic, the survivors of the P / T extinction event spread and recolonized. In many paleontological aspects, the Triassic is a “Recovery time”, the time in which modern life on Earth began.

GRUPO DE VERTEBRADOS TERRESTRES

Comenzar la incubación antes de terminar la puesta alarga la duración de los periodos de incubación y eclosión en el carbonero común *Parus major*.

Elena Álvarez y Emilio Barba (ICBiBE, Grupo de Investigación en Vertebrados Terrestres)

Decidir cuándo empezar a incubar los huevos, esa es la cuestión. El inicio de la incubación en relación a la finalización de la puesta es altamente variable entre las aves. Comenzar la incubación antes o después de terminar la puesta puede afectar a la duración de los periodos de incubación y eclosión. Por un lado, la placa incubatriz no está totalmente desarrollada hasta después de terminar la puesta, por lo que la incubación es menos eficiente si comienza antes y, por tanto, sería esperable una mayor duración del periodo de incubación. Por otro lado, iniciar la incubación antes de concluir la puesta implica que los últimos huevos comiencen a incubarse más tarde, por lo que es esperable un aumento del periodo de eclosión. En este estudio contrastamos ambas predicciones utilizando datos recopilados durante 15 años en una población de carbonero común *Parus major* en el Este de España (Sagunto, Valencia). El carbonero común es un ave paseriforme que acepta cajas nido para anidar, la hembra incuba sola, y es una especie modelo para estudios comportamentales, entre otros. Durante el periodo de estudio, determinamos los parámetros reproductores de interés mediante visitas diarias, y utilizamos modelos lineales generales para los análisis. De acuerdo a nuestras predicciones, comenzar a incubar antes de concluir la puesta supuso que los periodos de incubación y eclosión fueran más largos. Por otra parte, comenzar a incubar después de concluir la puesta redujo el periodo de incubación, pero no tuvo efecto sobre el de eclosión. Parece ser que comenzar a incubar antes de finalizar la puesta es más ventajoso pese a que ambos periodos se alarguen.

Using remote sensing for the study of the vegetation dynamics of a coastal Mediterranean wetland and its effect on the habitat availability of a threatened passerine

Luis Carrasco^{1,2}, Pablo Vera², Eduardo Belda³ and Juan S. Monrós²

¹Graduate School of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba, Tsukuba, Japan, ²ICBiBE, Grupo de Investigación en Vertebrados Terrestres, ³IGIC, Universidad Politécnica de Valencia

Wetlands are one of the world's most threatened ecosystems, especially due to the loss or degradation of habitat and the modification of hydrological cycles. These threats drive the most specialist species which live in wetlands to unfavorable conservation status and population trends. In the present study, we examine the integrated use of GIS techniques, field based multi-season maps of habitats and high spatial resolution images (SPOT-5), together with the habitat selection models, for obtaining information about the population dynamics of threatened bird species. As a study species, we chose the Eastern Iberian reed bunting (*Emberiza schoeniclus witherbyi*), which has been suffering from a strong population decline over the last few decades in Spain. The study area was the Pego-Oliva Wetland, located in the Mediterranean coast of the Iberian Peninsula, where the species has been monitored from 2006 to 2009. We used training regions, based on vegetation field maps, for creating supervised vegetation classification of the SPOT images, obtaining accuracy values higher than 85% for the classification algorithm. After integrating the annual variation of the vegetation with the habitat selection patterns of the Eastern Iberian reed bunting and the management measures of the habitat, we observed a general reduction of reed-rush patches (positively selected habitat) and an increase in homogeneous reed patches (negatively selected) for almost all areas of the wetland, related to the abandonment of shepherding techniques and changes in hydrological regimes. These variations were statistically significant at those areas where the species disappeared as breeders. Our study shows the potential of these techniques for the detailed *a posteriori* monitoring of the variation of the available habitat for threatened species, with the purpose of establishing management and conservation measures.

GRUPO DE ZOOLOGÍA MARINA

Digeneans of cetaceans under a taxonomic and phylogenetic perspective

Natalia Fraija-Fernández, Francisco Javier Aznar, Juan Antonio Raga and Mercedes Fernández (ICBiBE, Grupo de Investigación en Zoología Marina)

The taxonomic study of digeneans of cetaceans has traditionally suffered from two major problems. Firstly, few specimens are available for study and are often collected in very poor condition because they usually come from stranded hosts. Secondly, only the adult stage is known because life cycles develop presumably in the pelagic realm. Thus, there is a gap of information about the evolution of life cycles and host – parasite associations. We illustrate here how the combination of thorough study of morphology and molecules can alleviate these problems, allowing the description of new taxa, and how molecular markers and cophylogenetic analyses can help us to understand the origin of host – parasite associations. Overall results suggest that the associations between cetaceans and their digeneans would have originated via colonization from other marine hosts supporting the hypothesis that the ancestors of cetaceans lost parasites of terrestrial origin during the hosts' transition to the sea.

Two trematode species, one snail host: comparative patterns of cercarial maturation

Ana Born-Torrijos¹, Tsukushi Kamiya², Juan Antonio Raga¹ and Astrid S. Holzer³

¹ICBiBE, Grupo de Investigación en Zoología Marina, ²Laboratoire MIVEGEC (UMR CNRS Montpellier, France), ³Institute of Parasitology, Biology Centre of the Academy of Sciences of the Czech Republic

Digenean trematodes have complex life-cycles that include several intermediate hosts, thus requiring synchronization of parasite development with the host's availability. The two closely related species, *Cainocreadium labracis* and *Macvicaria obovata* (Opecoelidae), infect the same first intermediate host, the snail *Gibbula adansonii* in Els Alfacs lagoon (Ebro Delta, Spain). The cercariae of both species attach to the substrate immediately after emergence and utilize the sit-and-wait strategy of downstream host finding. In this context, the co-occurrence in time and space with their second intermediate hosts is of great importance.

Both species develop sporocysts that multiply asexually in the digestive gland and the gonads of their first intermediate host. This embryonic development has been recorded during three consecutive months (March to May), in 2011 and 2013. Six to 25 sporocysts from different snails have been analyzed for each species (*C. labracis* n=36, *M. obovata* n=15, double infected snails n=5) and the proportion of three different developmental stages has been recorded: mature stages (fully developed cercariae), immature cercariae (embryos) and germinal balls. Additionally, a Maturity Index for each sporocyst has been calculated based on the relative numbers of each stage.

Data have been explored with regression analyses in the software R, and the effect of snail size and infection status (single versus double infection) has been analyzed, showing differences between species. The maturity and development of *C. labracis* peaks in April, with significantly more mature and immature cercariae, thus coinciding with the higher incidence of small benthic fish (i.e. *Gobius niger*) that act as second intermediate host in the intertidal habitat. *Macvicaria obovata* shows a more protracted development, with immature cercariae increasing until late spring, so that the transmission window is extended, allowing the infection of the second intermediate snail host *Cyclope neritea*, over a prolonged period of time. *Cyclope neritea* is abundant during the whole summer and early autumn.

Helminth fauna of *Trachemys scripta elegans* and *Mauremys leprosa* in eastern Spain: potential exchange of indigenous and exotic parasites

Alicia Borque¹, Javier Carabias¹, Robby M. Drechsler¹, Alfredo García-Sánchez¹, Carmen M. Hernández¹, José T. Morán¹, Macarena Ochoa¹, Marc Seguer¹, Francesc Domenech¹, Mercedes Fernández¹, F. Javier Aznar¹, Pilar Navarro² and Javier Lluch². (¹ICBiBE, Grupo de Investigación en Zoología Marina ²Dpto. de Zoología, UV)

The invasive terrapin *Trachemys scripta elegans* has a direct negative impact on two native terrapins, *Mauremys leprosa* and *Emys orbicularis*, which are catalogued as endangered. A poorly studied indirect effect is whether exchange of parasites occurs between the invasive and the native turtles, and whether it could have an impact on the conservation of native terrapins. In a previous parasitological study of 47 individuals of *T. scripta elegans* collected in five localities from eastern Spain, where this species coexists with the native terrapins, 3 helminth taxa were found: (1) the digenean *Telorchis solivagus* and the nematode *Serpinema microcephalus*, likely acquired from native terrapins, and (2) a monogenean typically found in the invasive terrapin, *Neopolystoma orbiculare*, in one locality. These data suggest that (1) *T. scripta elegans* could function as a competent host for native parasites ("spill-back" effect), potentially increasing the infections of these parasites in native turtles, and (2) *N. orbiculare*, a potentially pathogenic parasite, could infect the native terrapin species ("spill-over" effect), as it has been demonstrated in captivity. In the present study, we analyzed 10 individuals of *T. scripta elegans* from two new localities (Almenara and Río Vaca) and 10 individuals of *M. leprosa* from a third new locality, Moixent. In Almenara we detected *N. orbiculare* (Prevalence (P):10.6%), thus suggesting that this exotic parasite has colonized more than one locality in the region, and the digenean *Telorchis singularis* (P: 35.1%) which, as *N. orbiculare*, is an exotic parasite species typically found in *T. scripta elegans* in North America. In *M. leprosa* we only found individuals of *S. microcephalus* (P: 100%). Our results indicate that there is a potential risk of "spill-over" effects in the region, but no data has proven it yet.

Epibiont fauna of loggerhead turtle (*Caretta caretta*) in the Spanish Mediterranean: a geographical comparison

Francesc Domènech, Francisco Javier Badillo, Jesús Tomás, Juan Antonio Raga and Francisco Javier Aznar (ICBiBE, Grupo de Investigación en Zoología Marina)

This study reports for the first time on the whole epibiont fauna of loggerhead marine turtles, *Caretta caretta*, in the western Mediterranean, analyzing the factors that account for the predictability and composition of the assemblage. A total of 104 loggerhead turtles stranded along the coasts of eastern Spain during 1995-2006 were surveyed for epibionts. A total of 39 epibiont taxa were identified, 3 of them being new records for loggerhead turtles: *Bittium* sp., *Idotea metallica*, and *Jassa* sp. The assemblage was composed of a group of 27 facultative taxa that use turtles as any inanimate buoyant substrate, and 12 taxa that have developed more specific associations to marine turtles, including 6 species that occur in marine turtles exclusively, 2 that dwell also on other hosts, and 4 that can also survive as free-living forms but have developed a strong association with marine turtles. Hierarchical clustering and Similarity Profile Analysis based on the occurrence of 166 epibiont taxa from 9 available surveys indicated that the epibiont assemblages from loggerhead turtles in the western Mediterranean (WM) are similar to those from Central Mediterranean (CM), but significantly different from turtles surveyed in eastern Mediterranean and the Atlantic. The subset of epibionts occurring on WM and CM turtles is defined by combination of geographical factors (exclusive Mediterranean epibiont taxa) and ecological factors (relative absence of littoral-benthic taxa). Loggerhead turtles from WM and CM apparently exploit both pelagic and benthic habitats in similar fashion, representing a homogeneous unit for epibiont recruitment.

Relationship between host size and morphological variation of *Sparicotyle chrysophrii* (Monogenea: Microcotylidae), a pathogenic parasite of gilthead sea bream (*Sparus aurata*)

Mar Villar-Torres, Juan Antonio Raga, Francisco Esteban Montero and Aigües Repullés-Albelda (ICBiBE, Grupo de Investigación en Zoología Marina)

The host effect on monogeneans size has been widely studied from an interespecific and phylogenetic viewpoint, but very few studies have explored in depth the intraspecific variability in monogeneans size due to this factor. In this study, the relationship between size variability of a polyopisthocotylean species, *Sparicotyle chrysophrii*, and the size of its host, the gilthead sea bream (*Sparus aurata*), is analysed. Two hundred and sixty-nine adult specimens were removed from fish of different sizes, stained and mounted on permanent slides. Total body length, body width, haptor length, largest clamp width and smallest clamp width, total clamp pair number and number of clamps per 250 µm of haptor were measured. Parasite growth was similar for hosts of different lengths. However, significant differences were found on the total body length and on the largest clamp width among parasites collected from hosts different in length. The smallest clamp width and the clamp number per 250 µm of haptor were independent of host length. The results of this analysis suggest that those factors affecting fish growth, which is promoted in aquaculture, could also have an influence on parasite size. Therefore, parasite load and the damaged area of gill should be proportionally considered in order to evaluate parasite effects. Present study has been funded by AGL 2010 – 20892 of the Spanish government and ISIC/2012/003 of the Valencian local government.

Parásitos del atún rojo del Atlántico (*Thunnus thynnus*) en granjas de engorde del Mediterráneo español.

Javier Rodríguez-Llanos, Mar Villar-Torres, María Villora-Montero, José Palacios-Abella, Ana Pérez-del Olmo y Francisco E. Montero (ICBiBE, Grupo de Investigación en Zoología Marina)

El atún rojo del Atlántico (*Thunnus thynnus*), es una especie que alcanza un gran valor comercial. Debido a los últimos avances conseguidos para completar el ciclo de vida en cautividad, se hace indispensable realizar estudios parasitológicos, detectando las principales patologías asociadas. Además, conocer la trazabilidad de los productos de consumo de origen acuícola es fundamental, y para ello nos podemos servir de los parásitos, utilizándolos como indicadores naturales. Se necropsiaron un total de 89 branquias procedentes de una empresa de engorde del noreste del Mediterráneo. Se detectaron unos 22 parásitos por pez, bastante bajo en comparación con datos de atunes salvajes. El 97% de los parásitos pertenecían a los trematodos (6 didimozoidos y un aporocotílido). Además se detectó una especie de monogeneo (*Hexostoma thynni*) y dos de copépodos. Se propone *H. thynni* como especie candidata para diferenciar atunes de cautividad y salvajes. No se detectaron patologías que comprometieran la viabilidad del cultivo del atún rojo, sin embargo, hay que prestar especial atención con los monogeneos, los copépodos calígidos y el trematodo aporocotílido, *Cardicola forsteri*, muy frecuentes y con elevado potencial patógeno.

***Microcotyle erythrini*: La importancia de la identificación del patógeno para el aumento de la diversidad de peces espáridos en la producción acuícola**

María Villora-Montero, José Palacios-Abella, Javier Rodríguez-Llanos, Mar Villar-Torres, Juan Antonio Raga, Francisco Esteban Montero y Ana Pérez-del-Olmo (ICBiBE, Grupo de Investigación en Zoología Marina)

El objetivo del presente estudio es analizar la presencia de monogeneos microcotílicos (Platyhelminthes) que puedan producir daños en especies de peces espáridos con interés en la producción acuícola del Mediterráneo (*Pagellus erythrinus*, *Pagellus bogarabeo*, *Pagellus acarne*, *Dentex dentex*) o de peces salvajes asociados a las jaulas (*Boops boops*). En todos los peces se analizaron las branquias y se extrajeron todos los parásitos encontrados, observándose la presencia de microcotílicos en todas las especies estudiadas excepto en el besugo común (*P. bogarabeo*), con una prevalencia del 55% al 70%, siendo la boga (*B. boops*) el hospedador en el que más microcotílicos se han encontrado, perteneciendo todos a la especie *Microcotyle erythrini*. Al mismo tiempo, los datos muestran la presencia de esta especie de microcotílicido en tres de las cinco especies de peces estudiadas. Sin embargo, se han encontrado diferencias en las descripciones morfológicas de *M. erythrini* dependiendo del hospedador en el que se encuentran. Por lo tanto, se debe proceder a un análisis morfológico más exhaustivo así como a la realización de pruebas genéticas para confirmar si se tratan o no de la misma especie.