

# VI Jornadas Científicas 2023

**17 - 18 abril de 2023**

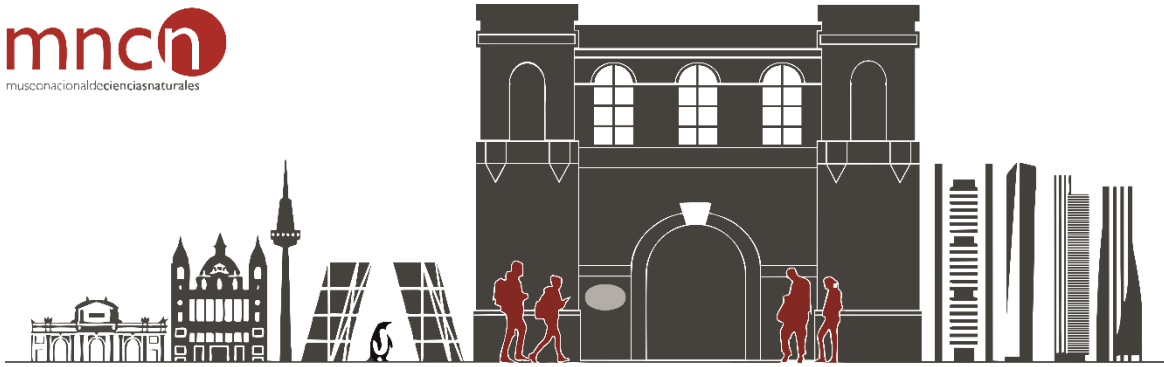
**Museo Nacional de Ciencias Naturales - CSIC**

**Madrid**



**CSIC**

CONSEJO SUPERIOR DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS



# VI Jornadas Científicas 2023

Libro de resúmenes de las VI Jornadas Científicas del Museo Nacional de Ciencias Naturales  
(MNCN-CSIC)

Madrid, España

17-18 de abril de 2023

## COMITÉ ORGANIZADOR

Hugo Alejandro Álvarez

Seraina Emilia Bracamonte

Rafael Laso Pérez

Alba Macho Callejo

María Pilar Rabanaque Yuste

Airam Rodríguez

## Vicedirector de formación

Robert John Wilson

## Vicedirectora de investigación

Asunción de los Ríos Murillo

## AGRADECIMIENTOS

El Comité Organizador de las Jornadas quiere agradecer a todos los ponentes su participación en el evento y al comité evaluador por su ayuda durante las jornadas

# ÍNDICE

<b>ÍNDICE</b> .....	2
<b>PROGRAMA</b> .....	5
<b>PLENARIAS</b> .....	8
Sponge DNA: Reconstructing marine benthic communities through the lens of the sponge .....	8
Time travel in microorganisms .....	9
Self-organisation of complex networks in ecology .....	10
<b>MESA REDONDA</b> .....	11
El futuro de la carrera investigadora en el Museo .....	11
<b>CHARLAS</b> .....	12
<b>COLECCIONES Y COMUNICACIÓN</b> .....	<b>12</b>
Las abejas silvestres de los jardines del MNCN .....	12
Comunicación y divulgación científica .....	12
<b>BIODIVERSIDAD Y BIOLOGÍA EVOLUTIVA</b> .....	<b>13</b>
El genoma a nivel cromosómico del caracol como <i>Kalloconus canariensis</i> : un recurso para estudios de genómica comparada y venómica .....	13
Conectividad funcional a pequeña escala en poblaciones de tritón jaspeado ( <i>Triturus marmoratus</i> ) en la Sierra de Guadarrama .....	14
Gene expression patterns in the elytra of bioluminescent scale worms (Annelida, Polynoidae).....	15
Gene expression patterns in Neotropical cichlids.....	16
Application of new generation sequencing techniques to the study of different reproductive modes in oligochaetes .....	17
Evolución de los pigmentos visuales de las poblaciones de cueva y de superficie de <i>Astyanax mexicanus</i> (Characiformes, Characidae).....	18
Mecanismos de especiación en aves insulares: un enfoque genómico, morfológico y ecológico .....	19
Contribution to the conservation genetics of an endangered Cyprinodon, endemic to the Spanish Mediterranean Coast: the Spanish toothcarp, <i>Aphanius iberus</i> (Valenciennes, 1846).....	20
Efecto de la intensificación agrícola en la estructuración filogeográfica de especies endémicas de la península ibérica .....	21
Integrative taxonomy to study syllid annelids of Bermuda with reorganization of the genus <i>Megasyllis</i> .....	22
Divergencia adaptativa en la radiación del pinzón vulgar (Aves: <i>Fringilla coelebs</i> ) en archipiélagos oceánicos de Macaronesia .....	23

Gene expression patterns during regeneration and asexual reproduction in the annelid <i>Pristina leidy</i> .....	24
Geography, drift and selection in a rapid radiation of North American songbirds: insights from whole-genomes and phenotypic data .....	25
MHC in the adaptive radiation of the Midas cichlid .....	26
Sistema experimental de poblaciones seminaturales de Lagartija de turbera ( <i>Zootoca vivipara</i> ) en Jaca (Huesca).....	27
Efectos de la previsibilidad intrínseca sobre los rasgos de historia de vida y dinámica de poblaciones .....	28
Evolution of sexual reproduction in sponges: genotypic sex determination in eight sponge species .....	29
Population connectivity patterns of the sponge holobiont in Vulnerable Marine Ecosystems: the case of the deep-sea sponge <i>Geodia hentscheli</i> .....	30
Assessing host genotype as shaping factor of the sponge microbiome .....	31
Metabarcoding, eDNA and relatives .....	32
<b>BIOGEOGRAFÍA Y CAMBIO GLOBAL .....</b>	<b>33</b>
Butterfly community responses to warming vary across four Mediterranean mountain ranges .....	33
Global warming in the Iberian Peninsula: changes in butterfly Beta and functional diversity through elevation gradients.....	34
Relating microbial community structure to functioning along a gradient of forest expansion .....	35
<b>BIOGEOQUÍMICA Y ECOLOGÍA MICROBIANA.....</b>	<b>36</b>
Concentración y evasión de dióxido de carbono en lagos kársticos mediterráneos templados.....	36
The role of submerged macrophytes on methane-related processes: a multiscale approach .....	37
Evaluating treatments to avoid biodeterioration on cultural heritage through microbial metabarcoding .....	38
Influencia del régimen hidrológico y factores climáticos sobre la diversidad funcional de las aves acuáticas en la Laguna Melincué, Argentina .....	39
The Seasonal Dynamics of Organic and Inorganic Carbon along the Tropical Usumacinta River Basin Mexico.....	40
Metabolic community succession during an Arctic microbial bloom: from nitrogen to carbon .....	41
The Microbial Conveyor Belt: Microbiomes at the MNCN .....	42
<b>ECOLOGÍA EVOLUTIVA .....</b>	<b>43</b>
When parents play favourites: brood demand shapes parental preference for offspring UV colour .....	43

Association preferences, network centrality and reproductive status the spotless starling ( <i>Sturnus unicolor</i> ) .....	44
El posible papel de las señales visuales en la comunicación intraespecífica del oso pardo .....	45
Antartic penguins in a changing world.....	46
Diversidad de coleópteros de la Familia Dermestidae en nidos de Herrerillo común ( <i>Cyanistes caeruleus</i> ) y su variación en función de la temperatura del nido .....	47
Plastic and genetic responses of a wild bird population to recent environmental changes .....	48
Feral pigeons as a new threat to seabirds.....	49
<b>GEOLOGÍA.....</b>	<b>50</b>
Mediterranean Hydroclimate variability over the Common Era-ITHACA.....	50
High Mountain Forest as Eco-DRR against natural hazards under climate change scenarios.....	51
Análisis geológico y sismotectónico de las desestabilizaciones de ladera en las Peñas de Béjar (Lorca) relacionadas con la Falla de Alhama de Murcia .....	52
El papel de los microorganismos en procesos de captación y emisión de gases de efecto invernadero en ambientes subterráneos .....	53
Análisis temporal de formas y evolución del cauce tras extracciones de gravas .....	54
<b>PALEOBIOLOGÍA.....</b>	<b>55</b>
De cal hasta los huesos: estudio tafonómico de las modificaciones óseas provocadas por cal .....	55
Cuando el oportunista se vuelve especialista: comparación de la dieta de micromamíferos del búho real y la lechuza en el suroeste de España .....	56
Reconstrucción digital de la caja torácica de Nazlet Khater 2 y sus implicaciones en la evolución de <i>Homo sapiens</i> .....	57
Taphonomy-CT.....	58
Morfometría geométrica y análisis del movimiento. Cinemática del torso y cuello humanos.....	59
Computational simulations of nasal air-conditioning capacity in modern human populations.....	60
El regreso del Laboratorio de Ensayos Ambientales y Tafonómicos.....	61
Métodos para una tesis antropo-arqueológica .....	62
<b>AGENDA .....</b>	<b>63</b>
<b>ORGANIZADORES Y PATROCINADORES.....</b>	<b>65</b>

# PROGRAMA

Día 1		17 de abril de 2023	
8:45-9:00	<b>BIENVENIDA:</b> Rafael Zardoya – Director MNCN		
9:00-9:45	Ana Riesgo	<b>PLENARIA:</b> Sponge DNA: Reconstructing marine benthic communities through the lens of the sponge	MNCN-CSIC
9:45-10:00	Ana Herráez Pérez	El genoma a nivel cromosómico del caracol cono <i>Kalloconus canariensis</i> : un recurso para estudios de genómica comparada y venómica	BBE
10:00-10:15	Guim Ursul	Butterfly community responses to warming vary across four Mediterranean mountain ranges	BCG
10:15-10:30	Jorge García Campa	When parents play favourites: brood demand shapes parental preference for offspring UV colour	EE
10:30-10:45	Aida Gutiérrez	De cal hasta los huesos: estudio tafonómico de las modificaciones óseas provocadas por cal	P
10:45-11:00	Piluca Álvarez Fidalgo	Las abejas silvestres de los jardines del MNCN	Colección Entomológica
11:00-11:30	<b>PAUSA CAFÉ</b> – Cortesía Macrogen		
11:30-11:45	Ernesto Tejedor Vargas	Mediterranean Hydroclimate variability over the Common Era-ITHACA	G
11:45-12:00	Azucena López, Xiomara Cantera, Marta Fernández	Comunicación y divulgación científica	Comunicación
12:00-12:15	Roger Fusté i Mach	Association preferences, network centrality and reproductive status the spotless starling ( <i>Sturnus unicolor</i> )	EE
12:15-12:30	Adriana Carramolino del Olmo	Conectividad funcional a pequeña escala en poblaciones de tritón jaspeado ( <i>Triturus marmoratus</i> ) en la Sierra de Guadarrama	BBE
12:30-12:35	Mariana Vargas Sánchez	Concentración y evasión de dióxido de carbono en lagos kársticos mediterráneos templados	BEM
12:35-12:40	Carlota Gracia Sancha	Gene expression patterns in the elytra of bioluminescent scale worms (Annelida, Polynoidae)	BBE
12:40-12:45	Vincenzo Penteriani	El posible papel de las señales visuales en la comunicación intraespecífica del oso pardo	EE
12:45-12:50	Mariana Leal Cardín	Divergence in Neotropical crater lake cichlids	BBE
12:50-12:55	Sara García Morato	Cuando el oportunista se vuelve especialista: comparación de la dieta de micromamíferos del búho real y la lechuza en el suroeste de España	P
12:55-13:00	Irene de Sosa	Application of new generation sequencing techniques to the study of different reproductive modes in oligochaetes	BBE
13:00-13:05	Hugo Alejandro Álvarez	Global warming in the Iberian Peninsula: changes in butterfly Beta and functional diversity through elevation gradients	BCG
13:05-13:10	Silvia Perea Aranda	Evolución de los pigmentos visuales de las poblaciones de cueva y de superficie de <i>Astyanax mexicanus</i> (Characiformes, Characidae)	BBE
13:10-13:15	Paula Gómez García	High Mountain Forest as Eco-DRR against natural hazards under climate change scenarios	G
13:15-13:20	Andrea Lirola Jiménez	Mecanismos de especiación en aves insulares: un enfoque genómico, morfológico y ecológico	BBE
13:20-13:30	SESIÓN DE PREGUNTAS Y DISCUSIÓN		
13:30-14:30	PAUSA COMIDA		

**Acronimos:** Biodiversidad y Biología Evolutiva (BBE), Biogeografía y Cambio Global (BCG), Biogeoquímica y Ecología Microbiana (BEM), Ecología Evolutiva (EE), Geología (G), Paleobiología (P).

Día 1		17 de abril de 2023	
14:30-14:45	Tessa Lynn Nester	Contribution to the conservation genetics of an endangered Cyprinodontid, endemic to the Spanish Mediterranean Coast: the Spanish toothcarp, <i>Aphanius iberus</i> (Valenciennes, 1846)	BBE
14:45-15:00	Eric Puche Franqueza	The role of submerged macrophytes on methane-related processes: a multiscale approach	BEM
15:00-15:15	Leticia Puerta Rodríguez	Efecto de la intensificación agrícola en la estructuración filogeográfica de especies endémicas de la península ibérica	BBE
15:15-15:20	Virginia Morandini	Antartic penguins in a changing world	EE
15:20-15:25	Paula Moreno Martín	Integrative taxonomy to study syllid annelids of Bermuda with reorganization of the genus <i>Megasyllis</i>	BBE
15:25-15:30	José M <sup>a</sup> López-Rey Pérez	Reconstrucción digital de la caja torácica de Nazlet Khater 2 y sus implicaciones en la evolución de <i>Homo sapiens</i>	P
15:30-15:35	Brian Jhoseth Condori Villegas	Divergencia adaptativa en la radiación del pinzón vulgar (Aves: <i>Fringilla coelebs</i> ) en archipiélagos oceánicos de Macaronesia	BBE
15:35-15:40	Nuria Comas López	Análisis geológico y sismotectónico de las desestabilizaciones de ladera en las Peñas de Béjar (Lorca) relacionadas con la Falla de Alhama de Murcia	G
15:40-15:45	Mar Villar	Evaluating treatments to avoid biodeterioration on cultural heritage trough microbial metabarcoding	BEM
15:45-15:50	Iván Rey-Rodríguez	Taphonomy-CT	P
15:50-15:55	Irene Del Olmo Barrio	Gene expression patterns during regeneration and asexual reproduction in the annelid <i>Pristina leidyi</i>	BBE
15:55-16:00	SESIÓN DE PREGUNTAS Y DISCUSIÓN		
16:00-17:00	<p><b>MESA REDONDA:</b> El futuro de la carrera investigadora en el Museo</p> <p>Alba Macho Callejo, moderadora, predoctoral y técnico                      Asunción de los Ríos, Vicedirectora de Investigación                      Antonio Castro, Profesor de Investigación                      Mario Díaz, Investigador Científico                      Ana Benítez, investigadora Ramón y Cajal                      Aida Verdes, investigadora Juan de la Cierva</p>		

Día 2		18 de abril de 2023	
9:00-9:45	Carlos Pedrós-Alió	<b>PLENARIA: Time travel in microorganisms</b>	CNB-CSIC
9:45-10:00	Belén Acuña-Míguez	Relating microbial community structure to functioning along a gradient of forest expansion	BCG
10:00-10:15	Javier Sala García	Geography, drift and selection in a rapid radiation of North American songbirds: insights from whole-genomes and phenotypic data	BBE
10:15-10:30	Marta Gómez-Recio, Carlos A. Palancar	Morfometría geométrica y análisis del movimiento. Cinemática del torso y cuello humanos.	P
10:30-10:45	Tamara Martín Pozas	El papel de los microorganismos en procesos de captación y emisión de gases de efecto invernadero en ambientes subterráneos	G
10:45-11:00	Carlos Lozano Martín	MHC in the adaptive radiation of the Midas cichlid	BBE
11:00-11:05	Jorgelina Asmus	Influencia del régimen hidrológico y factores climáticos sobre la diversidad funcional de las aves acuáticas en la Laguna Melincué, Argentina.	BEM
11:05-11:10	Daniel Sanz-Prieto	Computational simulations of nasal air-conditioning capacity in modern human populations	P
11:10-11:15	Javier García Velasco	Diversidad de coleópteros de la Familia Dermestidae en nidos de Herrerillo común ( <i>Cyanistes caeruleus</i> ) y su variación en función de la temperatura del nido	EE
11:15-11:20	Álvaro Iglesias Donoso	Sistema experimental de poblaciones seminaturales de Lagartija de turbera ( <i>Zootoca vivipara</i> ) en Jaca (Huesca).	BBE
11:20-11:25	Rebeca Vicente Moreno	Efectos de la previsibilidad intrínseca sobre los rasgos de historia de vida y dinámica de poblaciones	BBE
11:25-11:30	SESIÓN DE PREGUNTAS Y DISCUSIÓN		
11:30-12:00	PAUSA CAFÉ		
12:00-12:15	Jose María Lorente-Sorolla	Evolution of sexual reproduction in sponges: genotypic sex determination in eight sponge species	BBE
12:15-12:30	Alba Macho-Callejo	El regreso del Laboratorio de Ensayos Ambientales y Tafonómicos	P
12:30-12:45	Sergi Taboada, Marta Turón	Population connectivity patterns of the sponge holobiont in Vulnerable Marine Ecosystems: the case of the deep-sea sponge <i>Geodia hentscheli</i>	BBE
12:45-13:00	Ismael Soria Reinoso	The Seasonal Dynamics of Organic and Inorganic Carbon along the Tropical Usumacinta River Basin Mexico	BEM
13:00-13:05	Miguel López Cano	Métodos para una tesis antro-po-arqueológica	P
13:05-13:10	Rafael Laso Pérez	Metabolic community succession during an Arctic microbial bloom: from nitrogen to carbon	BEM
13:10-13:15	David Canal	Plastic and genetic responses of a wild bird population to recent environmental changes	EE
13:15-13:20	Cristina Díez-Vives	Assessing host genotype as shaping factor of the sponge microbiome	BBE
13:20-13:25	Airam Rodríguez	Feral pigeons as a new threat to seabirds	EE
13:25-13:30	María Pilar Rabanaque Yuste	Análisis temporal de formas y evolución del cauce tras extracciones de gravas	G
13:30-13:35	Ana Ramón-Laca	Metabarcoding, eDNA and relatives	BBE
13:35-13:40	Mireia Mestre	The Microbial Conveyor Belt: Microbiomes at the MNCN	BEM
13:40-13:45	SESIÓN DE PREGUNTAS Y DISCUSIÓN		
13:45-14:30	Miguel B. Araújo	<b>PLENARIA: Self-organisation of complex networks in ecology</b>	MNCN-CSIC
14:30-14:45	ENTREGA DE PREMIOS Y CLAUSURA		
14:45	CATERING		



# PLENARIAS

## **Sponge DNA: Reconstructing marine benthic communities through the lens of the sponge**

**Ana Riesgo**

*Contacto: [anariesgogil@mncn.csic.es](mailto:anariesgogil@mncn.csic.es); Museo Nacional de Ciencias Naturales*

*Lunes 17 de abril, 9:00-9:45*

Human activities are largely responsible for the current loss of biodiversity and alteration of ecosystem function at rates and in ways that classical approaches cannot document. Preserving key ecosystem services requires effective management of vulnerable and productive habitats through assessing biodiversity patterns, community structures, and monitoring ecosystem integrity and function. Environmental DNA (nsDNA) is an efficient method for biodiversity monitoring that allows the recovery of sequences from broad taxonomic groups from a single-field sampling protocol. However, there are inherent standardization limitations in this method that make it unaffordable for low-income countries. Here, I present a novel methodology, based on the sponge natural capacity for filter feeding to monitor biodiversity patterns in sponge-dominated ecosystems, which allows for a standard, accurate and democratic way of biodiversity assessment that even provides a window into community structure of past ecosystems. Our method takes up from the concept of natural sampler for nsDNA and uses the unparalleled capacity of sponges to filter their surrounding waters. Sponges are found in virtually every part of the world's oceans and play a key role in both habitat provision and benthopelagic coupling, providing essential substrate for many invertebrate taxa, as well as serving as fish nurseries for important species threatened by overfishing and other anthropogenic pressures. However, the fauna associated with sponge grounds, especially in deeper, less accessible habitats, is poorly known. The suitability of our methodology was recently proved, recovering community structures in different marine realms, optimised and applied to a range of marine ecosystems. Here I discuss the benefits and pitfalls of the methodology, in terms of taxa detection, richness, and replicability, highlighting the advantages of using sponges as nsDNA to reconstruct the animal communities of marine ecosystems over traditional methods that use filtered water or sediments.

## Time travel in microorganisms

**Carlos Pedrós-Alió**

*Contacto: cpedros@cnb.csic.es; Centro Nacional de Biotecnología-CSIC*

*Martes 18 de abril, 9:00-9:45*

Desde hace miles de años, el ser humano ha utilizado multitud de métodos para conservar los alimentos: refrigerados, congelados, secados, deshidratados, liofilizados, salados, curados, curtidos, marinados, pasteurizados, esterilizados, enlatados, fermentados, etc. La idea era transformar nuestros alimentos en ambientes tan extremos que no fuera posible la vida ni siquiera para los microorganismos más resistentes. Sin embargo, algunas de estas técnicas también preservan los microorganismos, lo que les permite permanecer inactivos (pero vivos) durante periodos de tiempo muy largos. En la naturaleza estos períodos de latencia se han dado gracias a los microorganismos atrapados en ámbar, en sal de roca o en el hielo. En algunos casos, esto permite que los microbios viajen en el tiempo, sin duda por decenas de miles de años y quizás incluso por millones de años. Estos procesos naturales han estado sucediendo desde el origen de la vida. Así, la microbiota contemporánea está compuesta por microorganismos modernos y representantes del pasado.

## Self-organisation of complex networks in ecology

**Miguel B. Araújo**

*Contacto: maraujo@mncn.csic.es; Museo Nacional de Ciencias Naturales*

*Martes 18 de abril, 13:45-14:30*

Networks are convenient abstractions to characterize interactions between objects. Because the dynamic behaviour of networks is difficult to study in real time, researchers often examine the resulting patterns of connections between the objects. These patterns are termed network topologies or architectures and have emerging properties that are being documented across systems, from the internet to society and ecosystems. In this talk, I will provide evidence for striking regularities in the behaviour of ecological networks from local to global scales, both driven by disturbances and energy availability. I will show that departures from expected theoretical topologies are related to strong human disturbances, and that the local configuration of network topologies adaptively and predictably changes to maximise ecosystem resilience to these disturbances. I will also show that climate acts as the main control parameter modulating food web structures at global scale. Gradual changes in climate parameters thus trigger abrupt changes in energy flows resulting from phase transitions (tipping points) between different dynamical food-web stable states. I argue that ongoing research will provide a baseline expectation to understand and predict the consequences of human pressures, including climate change, on ecosystem dynamics, and that the relevance of these findings will extend well beyond the boundaries of ecological research

## MESA REDONDA

### El futuro de la carrera investigadora en el Museo

*Lunes 17 de abril, 16:00-17:00*

Moderado por **Alba Macho Callejo**, técnica y predoctoral.

Participantes:

**Asunción de los Ríos**, Vicedirectora de Investigación del MNCN e Investigadora científica

**Antonio Castro**, Profesor de Investigación

**Mario Díaz**, Profesor de Investigación

**Ana Benítez**, investigadora Ramón y Cajal

**Aida Verdes**, investigadora Juan de la Cierva

## CHARLAS

# COLECCIONES Y COMUNICACIÓN

### Las abejas silvestres de los jardines del MNCN

#### **Piluca Álvarez Fidalgo (Colección Entomológica)**

Contacto: [mpilar.alvarez@mncn.csic.es](mailto:mpilar.alvarez@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 9:45-11:00

¿Cuántas especies de abejas hay en el jardín del Museo? Esta pregunta que nos hicimos fue el punto de partida para visitar periódicamente el jardín y tratar de conocer su biodiversidad. El jardín se encuentra en una gran urbe, y en él abundan las especies autóctonas de plantas, no se utilizan fitosanitarios y existen buenas zonas para la nidificación de estos insectos (terraplenes y estructuras con cañas huecas). El jardín presenta tres zonas diferenciadas que muestran vegetación representativa de zonas yesíferas, de matorral mediterráneo y de zonas de montaña. El resultado obtenido llama la atención, y además se comentarán los nichos ecológicos que utilizan habitualmente, la plantas que visitan y las interrelaciones entre especies.

### Comunicación y divulgación científica

#### **Azucena López, Xiomara Cantera, Marta Fernández (Comunicación)**

Contacto: [comunicacion@mncn.csic.es](mailto:comunicacion@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 11:30-12:30

En esta charla explicaremos cómo podemos comunicar y divulgar los resultados de una investigación a través de distintos formatos como son las notas de prensa, artículos de divulgación, redes sociales, entre otros.

## *BIODIVERSIDAD Y BIOLOGÍA EVOLUTIVA*

### **El genoma a nivel cromosómico del caracol cono *Kalloconus canariensis*: un recurso para estudios de genómica comparada y venómica**

**Ana Herráez-Pérez**, José Ramón Pardos-Blas, Carlos M.L. Afonso, Manuel J. Tenorio, Rafael Zardoya

Contacto: [ana.herraez@mncn.csic.es](mailto:ana.herraez@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 9:45-11:00

Los conos (Caenogastropoda: Conidae) son un grupo muy diverso (>900 especies) de caracoles marinos venenosos distribuidos en regiones tropicales y subtropicales. Estos caracoles son conocidos por su capacidad de producir venenos muy complejos, formados por péptidos cortos denominados conotoxinas, en una glándula especializada que inyectan a sus presas (otros caracoles, gusanos o incluso peces) gracias a una rádula modificada en forma de arpón. Una de las líneas de investigación de nuestro grupo se centra en la composición de los venenos combinando análisis genómicos, transcriptómicos y proteómicos (venómicos). En este sentido los genomas son recursos muy útiles para entender los mecanismos evolutivos que sustentan el origen y la diversificación de los venenos de los conos y, a pesar de la gran diversidad de este grupo, solo hay dos genomas de alta calidad disponibles hasta la fecha, uno de ellos reportado por nuestro grupo. En este trabajo, se presenta el genoma de alta calidad de *Kalloconus canariensis*, un cono vermívoro endémico de las Islas Canarias, y se realiza por primera vez un análisis comparativo de este genoma con los otros dos genomas de conos disponibles (*Dendroconus betulinus* y *Lautoconus ventricosus*), permitiendo inferir patrones de evolución de los genomas dentro de este grupo.

## Conectividad funcional a pequeña escala en poblaciones de tritón jaspeado (*Triturus marmoratus*) en la Sierra de Guadarrama

**Adriana Carramolino**, Íñigo Martínez-Solano, Gregorio Sánchez-Montes

Contacto: [adricarramolino@gmail.com](mailto:adricarramolino@gmail.com)

Lunes 17 de abril, sesión 11:30-12:30

Los anfibios son los vertebrados más amenazados, especialmente debido a la creciente fragmentación y destrucción de sus hábitats terrestres y acuáticos. Para evaluar y garantizar la viabilidad de sus poblaciones a largo plazo es fundamental caracterizar los patrones de conectividad funcional entre núcleos reproductores. Esto requiere información acerca del proceso de dispersión (frecuencias de desplazamientos y distancias recorridas) y sus consecuencias en el acervo genético de las poblaciones conectadas a través de migración. En este trabajo se han integrado datos de dispersión obtenidos mediante captura-marcaje-recaptura (CMR, temporadas de reproducción 2009 a 2022) con datos genómicos en poblaciones de tritón jaspeado (*Triturus marmoratus*) en la Sierra de Guadarrama. Se han genotipado un total de 288 individuos (124 hembras y 164 machos) de 11 poblaciones mediante SNPs obtenidos a partir de librerías genómicas 3-RAD para caracterizar su estructura poblacional a escala local y de paisaje, así como los tamaños efectivos poblacionales y las tasas de migración entre núcleos reproductores. Se discuten los resultados obtenidos en relación a: 1) la congruencia entre las estimas directas (basadas en CMR) e indirectas (basadas en marcadores moleculares) de las tasas de dispersión/migración, y 2) sus implicaciones para la gestión de poblaciones de anfibios en ambientes fragmentados.

## Gene expression patterns in the elytra of bioluminescent scale worms (Annelida, Polynoidae)

**Carlota Gracia**, María-Conejero, Sergio Taboada, Ana Riesgo, Aida Verdes

Contacto: [anagraci@ucm.es](mailto:anagraci@ucm.es)

Lunes 17 de abril, sesión 12:30-13:30

Bioluminescence, or the ability to produce light by a living organism, is present in numerous taxa inhabiting different ecosystems, although it is more frequent among marine animals. Polynoids or scale worms, are a group of marine annelids characterized by having dorsal scales, known as elytra, capable of emitting bioluminescent light. Here, we used RNA-seq data to characterize genes potentially involved in light production in the polynoid species *Harmothoe imbricata* (Linnaeus, 1767) and *Harmothoe areolata* (Grube, 1860). We also compared the transcriptomes of the selected species with other bioluminescent and non-bioluminescent polynoids, to identify additional shared orthologous genes potentially involved in light production. Our results showed a total of 16 genes, 15 clusters and 12 enriched GO terms potentially implicated in bioluminescence, including genes related with oxidative stress, cytoskeleton, nervous system, stress response, wounding response, eye constituents and metabolic pathways. In addition, we investigated the disposition of the photocytes on the elytra using confocal microscopy and histological analyses, confirming the light-producing cells of *H. imbricata* are distributed around the elytophore. Our work sheds light on a unique and poorly known bioluminescent system providing valuable molecular resources for future studies of the origin and evolution of bioluminescence in annelids.



## Divergence in Neotropical crater lake cichlids

**Mariana Leal Cardín**, Seraina E. Bracamonte, Marta Barluenga

Contacto: [m.lealcardin@mncn.csic.es](mailto:m.lealcardin@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 12:30-13:30

The Nicaraguan Midas cichlid (*Amphilophus* sp.) is a polymorphic species complex, distributed in the two Great Nicaraguan lakes and in several crater lakes. This group of species has diverged in sympatry within some crater lakes because of ecological specialization. Adaptation to alternative environments within lakes is associated with exposure to different parasite communities, and this could be reflected in different immune responses. Here we explore differential gene expression in immune genes between two incipient species that have diverged in sympatry within the Nicaraguan Crater Lake Asososca León, a very isolated volcanic caldera. We know that these two species inhabit different habitats within the lake, have different body and trophic morphologies, and coexist with different parasite communities. We find associated differences in the expression of immune related genes, and suggest that host-parasite interactions reinforce, if not start, divergence in this system.

## Application of new generation sequencing techniques to the study of different reproductive modes in oligochaetes

Irene de Sosa, Patricia Álvarez Campos, Ana Riesgo

Contacto: [irene.desosa@mncn.csic.es](mailto:irene.desosa@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 12:30-13:30

Earthworms are generally considered to be cross-fertilizing hermaphrodites. However, hermaphroditism is not the only reproductive mechanism, and nowadays many parthenogenetic species are being discovered. This project focuses on studying the molecular and evolutionary mechanisms of these two reproductive modes using two earthworm species, *Eiseniella tetraedra* (parthenogenetic) and *E. andaluciana* (cross-fertilization). These two species are phylogenetically closely related and are similar in appearance due to their adaptations to the semiaquatic environment. The first goal of this project is to study the transcriptional changes that occur in individuals of these two species at the time of reproduction to understand which molecular mechanisms are the same and which are different to carry out these two reproductive processes. The second objective is to determine if there are changes in the reproductive microbiome and if they are associated with one strategy or the other. The last objective involves the generation and study of the general cell atlas of individuals of the two species. Thus, the expression of the different cell types of both species will be studied to determine differences and similarities of the two types of reproduction.

## Evolución de los pigmentos visuales de las poblaciones de cueva y de superficie de *Astyanax mexicanus* (Characiformes, Characidae)

**Silvia Perea**, Marco A. Garduño-Sánchez, Vladimir Bonilla-De Jesús, Suzzane E McGaugh, Claudia Patricia Ornelas-García

Contacto: [sperea2@gmail.com](mailto:sperea2@gmail.com)

Lunes 17 de abril, sesión 12:30-13:30

Los sistemas visuales de organismos troglobios son de gran interés en biología evolutiva. La sardinita ciega mexicana *Astyanax mexicanus jordani*, destaca entre los organismos troglobios más estudiados, ya que sus poblaciones de cueva han evolucionado de manera repetida en diferentes linajes, siendo un modelo para estudiar el efecto de la selección sobre dichas variantes para la pérdida de la visión en contraste con sus congéneres de superficie. Gracias a las herramientas genómicas, hoy en día es posible explorar de manera exhaustiva opsinas y pigmentos relacionados con la visión a fin de entender las bases genéticas de estas adaptaciones asociadas a ambientes de cueva. En este estudio analizamos la influencia de las presiones selectivas sobre las opsinas visuales y no visuales en poblaciones de cuevas y superficie de *Astyanax mexicanus* a través del análisis de genomas completos (WGS). Para ello, se obtuvieron 36 opsinas visuales y no visuales de 18 poblaciones de cueva y 6 de superficie. Entre los resultados más relevantes de este estudio encontramos evidencia de relajación de la selección en formas de cueva para la mayoría de las opsinas. Además, identificamos variantes no funcionales (Lofs) para algunas de estas proteínas relacionadas con la visión.

## Mecanismos de especiación en aves insulares: un enfoque genómico, morfológico y ecológico

**Andrea Lirola**, Borja Milá

Contacto: [andrea.lirola@mncn.csic.es](mailto:andrea.lirola@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 12:30-13:30

Las radiaciones evolutivas recientes en islas oceánicas son idóneas para entender los mecanismos de especiación a nivel ecológico, morfológico y genómico. La adaptación a ambientes insulares depende frecuentemente de innovaciones comportamentales y morfológicas que permiten explotar nuevos recursos tróficos, promoviendo divergencia, y generando aislamiento reproductivo y especiación. En esta tesis propongo utilizar una aproximación multidisciplinar, a través del uso de marcadores genómicos (RADseq y similares) y genomas completos, para inferir la historia evolutiva de diferentes poblaciones, y detectar huellas de selección y genes candidatos en tres modelos de estudio: el pinzón vulgar (*Fringilla coelebs*) en la isla de La Palma (Océano Atlántico); y el colibrí de Ana (*Calypte anna*) y el camachuelo mexicano (*Haemorhous mexicanus*), en isla Guadalupe (Océano Pacífico). Los objetivos principales serán: (1) reconstruir la historia evolutiva y demográfica de las poblaciones insulares de las especies modelo; (2) describir la dieta como factor selectivo involucrado en la adaptación local y divergencia genética de las tres especies; (3) determinar la contribución relativa de caracteres bajo selección natural (adaptación local), selección sexual (caracteres de señalización) y deriva génica; y (4) estudiar el posible papel de la introgresión adaptativa en contribuir a los procesos de adaptación y divergencia.

**Contribution to the conservation genetics of an endangered Cyprinodontid, endemic to the Spanish Mediterranean Coast: the Spanish toothcarp, *Aphanius iberus* (Valenciennes, 1846)**

**Tessa Lynn Nester**, Alfonso López Solano, Silvia Perea, Ignacio Doadrio

Contacto: [tessa@mncn.csic.es](mailto:tessa@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 14:30-15:15

The Spanish toothcarp, *Aphanius iberus* (Valenciennes, 1846), is a small endangered cyprinodontid, endemic to the Spanish Mediterranean Coast. Anthropogenic activities such as agricultural exploitation and urbanization are the major factors that have been driving this species to the brink of extinction. In this study, a genetic analysis using single nucleotide polymorphisms (SNPs) was conducted to better understand the conservation genetics of this endangered species. We sampled 176 individuals from 18 of its populations along its area of distribution and analyzed the phylogenetic relationships, genetic structure, and genetic diversity of these populations. Migration rates were also calculated to estimate current levels of gene flow. Overall, the Spanish toothcarp presented highly structured populations that were generally consistent with its geographical distribution. However, little to no gene flow was detected and  $F_{ST}$  values were high, indicating great levels of genetic differentiation attributable to fragmentation. The northern population of Albuxech (Valencia), and the southernmost population, Adra (Almería) comprised a sister group on the phylogenetic tree, questioning Adra's true origin. Based on our results we were able to establish Operational Conservation Units (OCUs) that should be implemented immediately into conservation programs for the Spanish toothcarp to prevent the complete loss of this emblematic species.

## Efecto de la intensificación agrícola en la estructuración filogeográfica de especies endémicas de la península ibérica

**Leticia Puerta-Rodríguez**, Mario García-París, Natalia Rosas-Ramos

Contacto: [leticia.puerta@mncn.csic.es](mailto:leticia.puerta@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 14:30-15:15

Hasta hace unas décadas, las zonas de llanura en la Europa mediterránea presentaban elevados niveles de biodiversidad debido en gran parte a los sistemas agrícolas tradicionales que generaban paisajes de elevado valor biológico. Sin embargo, la intensificación de la agricultura y el uso de agroquímicos conllevan una importante pérdida de biodiversidad. En el caso de los insectos estos cambios ya están generando una creciente preocupación social ante su alarmante disminución en los agroecosistemas. Los coleópteros de la familia Tenebrionidae son uno de los grupos más singulares de zonas áridas y semiáridas ibéricas y al estar asociados con frecuencia a ecosistemas agrícolas de meseta podrían constituir un grupo indicador de la sostenibilidad en estos sistemas esteparios. Durante el desarrollo de mi tesis doctoral se analizarán los patrones de estructuración genética de especies de tenebriónidos de presencia frecuente en los cultivos tradicionales de secano, mediante el uso de análisis filogeográficos y filogenéticos. Con los estudios filogenéticos se determinará el origen geográfico y antigüedad de la presencia de especies de tenebriónidos del género *Tentyria* en la península ibérica. Además, mediante filogeografía se determinará la estructura geográfica de la variabilidad genética de las especies *Tentyria peiroleri*, *Tentyria platyceps* y *Tentyria laevis* y, con ello, el grado de aislamiento de los distintos filogrupos para identificar si la limitación de flujo génico entre poblaciones se debe a un aislamiento histórico o si es una respuesta reciente a las condiciones ambientales.

## Integrative taxonomy to study syllid annelids of Bermuda with reorganization of the genus *Megasyllis*

**Paula Moreno-Martín**, Aida Verdes, Patricia Álvarez-Campos

Contacto: [paulacc6899@gmail.com](mailto:paulacc6899@gmail.com)

Lunes 17 de abril, sesión 15:15-16:00

Syllinae is the most diverse and abundant subfamily within syllid annelids, but also the most problematic one in terms of its taxonomy and systematics. Several genera have been shown to be non-monophyletic in the most recent molecular studies and numerous morphological features traditionally used to identify species are homoplastic or ill-interpreted. In this study, we have carried out an exhaustive analysis of syllid species collected in Bermuda, combining both morphological and molecular data. Using optical and electron microscopy, together with the analysis of four molecular markers (cytochrome c oxidase subunit I, 18S rRNA, 16S rRNA and 28S rRNA), we have identified and established the phylogenetic position of 8 species (6 new) of some of the most problematic genera within Syllinae including *Haplosyllis*, *Opisthosyllis*, *Syllis* and *Megasyllis*, showing once again their non-monophyly. We place special emphasis on *Megasyllis*, compiling the largest molecular and morphological data set to date that includes almost all currently known species. Our results show that *Megasyllis* should not be considered as a valid genus and we propose a taxonomical solution to resolve this issue.

## Divergencia adaptativa en la radiación del pinzón vulgar (Aves: *Fringilla coelebs*) en archipiélagos oceánicos de Macaronesia

**Brian Condori**, Borja Milá

Contacto: [briancv305@gmail.com](mailto:briancv305@gmail.com)

Lunes 17 de abril, sesión 15:15-16:00

Los archipiélagos oceánicos son sistemas óptimos para el estudio de la especiación debido a su aislamiento geográfico y la diferenciación de los hábitats insulares. Estudios previos sobre la colonización secuencial de Macaronesia por parte del pinzón vulgar continental (*Fringilla coelebs*) demuestran que esta radiación dio lugar a cinco especies con diferencias fenotípicas y genotípicas. Para determinar el papel de la adaptación local en la radiación de *F. coelebs*, efectuamos análisis de asociación genotipo-ambiente utilizando marcadores genómicos y variables ambientales. Probamos la hipótesis de que las especies pertenecientes a zonas diferenciadas ecológicamente deberían mostrar divergencia en loci bajo selección al controlar por la estructura neutra. Utilizamos 52.306 marcadores SNP obtenidos por el método de genotipado por secuenciación pertenecientes a 79 individuos de pinzón vulgar, y 10 variables ambientales. Análisis de redundancia revelaron que la variación genómica está asociada con el ambiente cuando se controla por estructura espacial. Las variables asociadas a la cobertura vegetal y la precipitación juegan un papel importante en la diferenciación genómica entre los pinzones de Macaronesia y el continente. Además, se detectaron loci asociados a variables concretas. También tenemos previsto realizar estudios de asociación del genoma completo para poder identificar loci asociados al color del plumaje.



## Gene expression patterns during regeneration and asexual reproduction in the annelid

### *Pristina leidy*

Irene del Olmo, Aida Verdes, Patricia Álvarez-Campos

Contacto: [irenedelolmob@gmail.com](mailto:irenedelolmob@gmail.com)

Lunes 17 de abril, sesión 15:15-16:00

Regeneration and asexual reproduction (fission) are two post-embryonic developmental processes often linked in different annelid species. In fact, a recent reconstruction of regeneration and fission across Annelida suggests that the presence of anterior regeneration is a necessary prerequisite to evolve asexual reproduction, and thus, fission may be the result of a co-option event. Although both developmental trajectories have been largely characterized morphologically, the underlying molecular toolkit and genetic mechanisms remain poorly unexplored. To this aim, we used a comparative transcriptomics approach based on RNA-sequencing in anterior regenerating and fissioning individuals of the oligochaete *Pristina leidy*. *Pristina* represents an excellent model system to investigate these processes as it shows both anterior and posterior regeneration and reproduces asexually under laboratory conditions. Through differential gene expression analyses we identified numerous candidate genes potentially involved in regeneration or asexual reproduction respectively. We also found 35 genes upregulated during both processes, many of them related to cell pluripotency, stem cells and cell proliferation, which suggests the involvement of pluripotent cell populations during regeneration and fission in *P. leidy*. Our results shed light into the molecular mechanisms controlling anterior regeneration and fission in annelids and reveal similarities with other animals, suggesting the genetic machinery controlling these processes may be conserved across metazoans.

## Geography, drift and selection in a rapid radiation of North American songbirds: insights from whole-genomes and phenotypic data

**Javier Sala-Garcia, Borja Milá**

Contacto: [javier.sala@mncn.csic.es](mailto:javier.sala@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 9:45-11:00

In this study, we aimed to investigate the evolutionary history and drivers of differentiation of the North American Junco radiation (*Aves: Passerellidae*), which took place within the post-glacial recolonization of the continent in the Holocene. To achieve this, we utilized whole-genome markers and phenotypic data from 135 individuals from three junco forms that originated the radiation: Yellow-eyed, Red-backed and Gray-headed juncos. Our analyses characterized population structure, estimated historic patterns of gene flow and introgression, and evaluated different demographic scenarios. We also conducted genotype-environment association (GEA) analyses and genome-wide association analysis (GWAS) to better understand the roles of local adaptation and isolation, and the genetic basis of fitness traits between forms. Our findings revealed the presence of four incipient and independent lineages with ongoing gene flow, suggesting weak reproductive barriers among junco forms. Demographic simulations indicated a bottleneck consistent with the loss of diversity during the rapid post-glacial expansion, and provided evidence for a putative hybrid origin of the Red-backed junco. According to GEA analyses, both genetic drift and ecological selection played important roles in driving differentiation, and GWAS identified a complex genetic basis of fitness traits, suggesting that multiple polygenic loci are involved in the diversification process.

## MHC in the adaptive radiation of the Midas cichlid

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

Contacto: [clozano@mncn.csic.es](mailto:clozano@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 9:45-11:00

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

## **Sistema experimental de poblaciones seminaturales de Lagartija de turbera (*Zootoca vivipara*) en Jaca (Huesca)**

**Álvaro Iglesias-Donoso**, Rebeca Vicente-Moreno, Patrick S. Fitze

Contacto: [alvaro.iglesias@mncn.csic.es](mailto:alvaro.iglesias@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 11:00-11:30

El sistema experimental de lagartija de turbera (*Zootoca vivipara*) en Jaca (Huesca) cuenta con diversas poblaciones en un estado seminatural, lo que permite el control de diversas variables y el estudio del efecto que tienen sobre la especie en unas condiciones similares a las de sus poblaciones naturales. Por ejemplo, actualmente se realiza un experimento que estudia el efecto de la cantidad de precipitación y el sex ratio sobre las poblaciones. El sistema cuenta con 16 poblaciones independientes. Cada población se encuentra en un cercado de 100 m<sup>2</sup> y cuenta con barreras y redes para evitar la entrada de depredadores. Para el perfecto control de las poblaciones se codifica cada lagartija mediante “toe-clipping” para su identificación como individuo. Cada experimento comienza con la distribución de las lagartijas en los cercados. Después, se lleva a cabo el monitoreo de las poblaciones mediante un sistema de captura y recaptura. Pasado un año, se lleva a cabo la captura de todos los individuos presentes en los cercados, lo que permite tomar los datos resultantes del experimento y redistribuir las lagartijas para futuros estudios. Durante la temporada también se capturan hembras preñadas que se mantienen en el animalario hasta la puesta de los huevos que se incuban hasta su eclosión. Se toman medidas de los juveniles nacidos y se distribuyen en los cercados.

## Efectos de la previsibilidad intrínseca sobre los rasgos de historia de vida y dinámica de poblaciones

**Rebeca Vicente-Moreno**, Patrick S. Fitze

Contacto: [rebeca.vicente@mncn.csic.es](mailto:rebeca.vicente@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 11:00-11:30

Estudiar cómo las especies responden ante los cambios ambientales y su capacidad para adaptarse ante el cambio climático, ha sido uno de los temas fundamentales en ecología y evolución. Los escenarios de cambio climático en general predicen cambios en los valores medios de los parámetros ambientales, pero también una reducción en la previsibilidad ambiental. Los pocos estudios que existen sobre previsibilidad intrínseca suelen ser teóricos, y en general predicen un efecto negativo sobre el crecimiento y dinámica poblacional, aumentando el riesgo de extinción de las especies. El objetivo de este trabajo es investigar esta pregunta mediante una aproximación poblacional. Para ello, he realizado un experimento en el que se han utilizado 16 poblaciones seminaturales, a las que se han aplicado diferentes tratamientos de previsibilidad en el patrón de precipitación suplementaria. Como modelo de estudio se ha elegido a la lagartija de turbera (*Zootoca vivipara*), por ser un organismo ectotérmico y presentar una alta sensibilidad a la humedad. Se midieron rasgos de historia de vida a nivel de individuo (crecimiento, condición corporal, coloración, supervivencia y reproducción) para determinar si una menor previsibilidad de las precipitaciones se traducirá en efectos negativos en el crecimiento, dinámica de poblaciones y adaptabilidad de la lagartija de turbera.

## Evolution of sexual reproduction in sponges: genotypic sex determination in eight sponge species

**Jose María Lorente-Sorolla**, Sergio Taboada, María Belén Arias, Vasiliki Koutsouveli, Cristina Díez-Vives, Paco Cárdenas, Karin Steffen, Marta Turon, María Conejero, Ana Riesgo

Contacto: [joso\\_ls@hotmail.com](mailto:joso_ls@hotmail.com)

Martes 18 de abril, sesión 12:00-13:00

Sex is a prevalent biological feature that is advantageous at many evolutionary levels. The determination of sex in animals can be either genetic (GSD) or environmental (ESD), with a panoply of different solutions in both cases across metazoans, including interesting newly discovered GSD mechanisms in cnidarians. Because sexual reproduction is so diverse and plastic in sponges, classical theory assumed that sex is not genetically determined, but environmentally, most likely using temperature cues acting upon the specific expression of certain genes. Here, we used RADseq sequencing in previously sexed individuals of several species of sponges to investigate sex specific loci present in one sex and absent in the other. We identified markers significantly associated to sex in eight species. Although most markers were sponge-specific genes with unknown function, some others had correspondence to annotated genes in the genome and transcriptome, including genes known to be related to sex determination in other species, like ATRX, MHS2 or WDR48.

## Population connectivity patterns of the sponge holobiont in Vulnerable Marine Ecosystems: the case of the deep-sea sponge *Geodia hentscheli*

**Sergi Taboada Moreno, Marta Turón Rodrigo**

Contacto: [sergio.taboada@mncn.csic.es](mailto:sergio.taboada@mncn.csic.es); [marta.turon@mncn.csic.es](mailto:marta.turon@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 12:00-13:00

Deep-sea sponge grounds are common ecosystems in the North Atlantic where dominant sponges play fundamental roles for ecosystem functioning and community composition. One of the keystone species forming sponge grounds is *Geodia hentscheli*, a high-microbial abundant desmosponge with up to >90% of its tissue filled with microorganisms. Here we investigated the genetic diversity, structure and connectivity of *G. hentscheli* for a total of >120 specimens covering its entire distribution in the North Atlantic and Arctic Oceans (ca. 6,000 km) and from a wide bathymetrical range. This was done using information from both the host (sponge) and its symbiotic microbes. For the host we used double digest restriction site-associated DNA sequencing (ddRAD) to screen for ca. 3,500 neutral SNPs. Our analyses identified a strong genetic structure separating populations in two genetic clusters segregated by depth (at 1,300 m), regardless of their geographic location. Samples from the shallower cluster (<1,300 m) showed some subtle genetic differences separating populations from the West and East Atlantic, probably explained by prevalent oceanographic currents. Similar results were also obtained for the sponge microbiome using 16S amplicon sequencing, with a clear segregation by depth at 1,300 m and a lower microbiome diversity of the deep sponges.

## Assessing host genotype as shaping factor of the sponge microbiome

**Cristina Díez-Vives**, Konstantina Mitsi, Sergi Taboada, Aida Verdes, María Conejero, David Cuesta, Stephen Kolomyjec, Scott Nichols, Renata Manconi, Cara Fiore, Karen Evans, John Lucey, Javier Morales, Sally Leys, April L. Hill, Ana Riesgo

Contacto: [cristinadiezvives@gmail.com](mailto:cristinadiezvives@gmail.com)

Martes 18 de abril, sesión 13:00-13:45

Sponge-associated microorganisms constitute up to 80% of the sponge's total biomass, and serve as an energy source for their hosts contributing their metabolism and biochemical repertoire. In marine sponges the microbiome is species-specific, meaning the microbiome is common to all individuals of the same species, regardless of their geographical location, and differs between different sponge species. Freshwater sponges have different environmental constraints compared with marine sponges. They live in lakes, ponds, streams, rivers, dams and even water towers, and these environments are much less connected. Microbes are not "everywhere" as in the marine environment, so freshwater sponges are limited in accessing desired microbes. Furthermore, the dispersal of sponge offspring among environments is more complicated than in the ocean, and rely on other fauna, such as foraging waterfowl to distribute their gemmules (asexually produced mass of cells). That said, some freshwater sponge species, such as *Ephydatia muelleri*, are very successful and present pancontinental distribution in the North hemisphere. In this study, we investigate whether freshwater sponge microbiomes display species-specificity as their marine counterparts, and whether the population structure and connectivity of individuals affects their assembly.



## Metabarcoding, eDNA and relatives

**Ana Ramón-Laca**, Ramón Gallego, David Vieites

Contacto: [analaca@mncn.csic.es](mailto:analaca@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 13:00-13:45

A technical overview of the work conducted in the last few years on community metabarcoding, target species detection and quantification using eDNA as a biomonitoring tool. It will cover aspects about mitogenome sequencing to build up reference databases, current work and prospects using long fragment sequencing with Oxford Nanopore.

# BIOGEOGRAFÍA Y CAMBIO GLOBAL

## Butterfly community responses to warming vary across four Mediterranean mountain ranges

**Guim Ursul**, Sara Castro-Cobo, Mario Mingarro, Helena Romo, Robert J. Wilson

Contacto: [guim.ursul@mncn.csic.es](mailto:guim.ursul@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 9:45-11:00

Ecological communities change in response to climate change as species shift their geographic distributions, but many communities have not changed as quickly as expected based purely on rates of warming. Time lags could result from delays in extirpations at species' rear range edges ("extinction debt") or in colonizations at leading edges ("colonization credit"), which have contrasting consequences in terms of species richness. We tested changes to butterfly community composition (quantified using Community Temperature Index) and richness over four replicate mountain climatic gradients in central Spain, differing in climatic conditions and rates of climate change, using field data from 1985-2005 and 2017-2022. Communities changed consistent with an effect of warming, but rates of change and the roles of extinction debt versus colonization credit varied among regions. Species which have colonised locations over time were more associated with hotter conditions, in contrast, species which have been extinct over time were associated with colder conditions. Anticipating and managing community responses to warming therefore require understanding of regional climatic gradients and how these influence component species responses.

## Global warming in the Iberian Peninsula: changes in butterfly Beta and functional diversity through elevation gradients

**Hugo Alejandro Álvarez**, Guim Ursul, Sara Castro-Cobo, Mario Mingarro, Robert J. Wilson

Contacto: [hugo.alvarez@mncn.csic.es](mailto:hugo.alvarez@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 12:30-13:30

Mountain ecosystems have been important to identify effects of climate change on ectotherms. Rapid warming of high elevations threatens the rare climates on which butterfly communities depend. A loss of habitat-specialist mountain species, and expansion of thermophilous lowland generalists, could reduce beta diversity, leading to biotic homogenisation. We assess recent historical (1985-2005) and current (2017-2022) butterfly diversity in four mountain ranges in central Spain, encompassing elevations of 400-2200 m in the Sistema Central and 1000-2000 m in the Sistema Ibérico. We test 1) how beta and functional diversity are influenced by elevation and by differences among the four mountain ranges; 2) how these patterns have changed over time; and 3) patterns of change in community nestedness, turnover, species loss and functionality. Beta diversity was reduced and closely linked to elevation and showed evidence of an uphill shift over time. Regional differences were maintained over time. The results suggest that ongoing monitoring and protection of communities across a variety of mountain systems is needed to conserve a representative range of Mediterranean butterfly diversity in the face of environmental change.

## Relating microbial community structure to functioning along a gradient of forest expansion

**Belén Acuña-Míguez**, Ana Rincón, Irene Cordero, Fernando Valladares, Andrés Bravo-Oviedo

Contacto: [belacumig@mncn.csic.es](mailto:belacumig@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 9:45-11:00

In Eastern and Southern Europe, land abandonment is promoting forest expansion which has positive and negative effects in ecosystem services. Soil microbial communities play a key role in several ecosystem services as nutrient cycling. However, the interplay among forest expansion, soil microbial communities and nutrient cycling is still unclear. We used a gradient of *Juniperus thurifera* expansion to abandoned lands to examine the relationship between soil microbial community structure and soil functioning considering two microhabitats (under canopy and open areas). This study was carried out in Alto Tajo Natural Park where we established three replicates of forest expansion gradient (18 plots). In each plot, we selected four trees and established soil sampling points in each microhabitat. We determined eight enzymatic activities and PLFA and NLFA peaks in each sample. Most enzymatic activities measured were higher under canopies than in open areas. However, abundance in most microbial groups was higher in mature forests and under canopies than in expanding front and in open areas. SEM revealed that microhabitat is the main factor that determined microbial structure and thus functioning. We suggest that forest expansion to past agricultural lands promotes a reestablishment of soil functioning to mature forest levels.

# BIOGEOQUÍMICA Y ECOLOGÍA MICROBIANA

## Concentración y evasión de dióxido de carbono en lagos kársticos mediterráneos templados

Mariana Vargas-Sánchez, Salvador Sánchez-Carrillo, Javier Alcocer, Ismael Soria, Andrea Guzmán

Contacto: [marvargas@ciencias.unam.mx](mailto:marvargas@ciencias.unam.mx)

Lunes 17 de abril, sesión 12:30-13:30

Quantifying the CO<sub>2</sub> emissions by inland aquatic ecosystems of different trophic statuses may provide helpful information about the role of eutrophication on greenhouse gas emissions. The present study evaluated the CO<sub>2</sub> emissions in three karstic Mediterranean lakes (Lagunas de Ruidera, Spain). We measured vertical profiles of temperature (T), dissolved oxygen (DO), electrical conductivity, and pH along with dissolved nutrients and CO<sub>2</sub> and CO<sub>2</sub> flux during early morning, noon, and evening in each lake during the summer of 2021 and winter of 2022. Gas extraction was carried out following the headspace technique, and the CO<sub>2</sub> flux was measured using open floating chambers. The results showed a significant seasonal variation in the dissolved CO<sub>2</sub> concentration (CCO<sub>2</sub>) and the CO<sub>2</sub> flux (FCO<sub>2</sub>), but not along the diel cycle (KW,  $p > 0.05$ ). The CCO<sub>2</sub> values ranged from 9.5 to 107.8  $\mu\text{mol L}^{-1}$  averaging  $50.3 \pm 15.14 \mu\text{mol L}^{-1}$  over the dry/warm season and  $34.9 \pm 7.8 \mu\text{mol L}^{-1}$  over the rainy/cold one. CO<sub>2</sub> emissions increased in the dry/warm season ( $4.2 \pm 2.1 \text{ g CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ d}^{-1}$ ), independently of eutrophication (KW,  $p < 0.05$ ). Our results indicate that temperate karstic lakes are important sources of CO<sub>2</sub> driving climate change, particularly due to their correlation with lakes' trophic status and their high global warming potential.

## The role of submerged macrophytes on methane-related processes: a multiscale approach

**Eric Puche**, Maria A. Rodrigo, Salvador Sánchez-Carrillo

Contacto: [eric.puche@uv.es](mailto:eric.puche@uv.es)

Lunes 17 de abril, sesión 14:30-15:15

The greenhouse gases-related processes in freshwater systems have been in the spotlight for the last decades. Within the current global change context, one of these interesting processes is the anaerobic methane oxidation and its coupling with denitrification. Thus, the emission of methane into the atmosphere is prevented and the nutrient loading of these systems is lowered. The submerged vegetation and the linked aquatic community are central to controlling this process although the involved mechanisms as well as the differences between the types of macrophytes are hardly known. In our project, we will delve into this topic with a multiscale approach (from microcosms to indoor and outdoor mesocosm experiments). In my talk, I will show preliminary results regarding the microcosm experiments. Firstly, we have compared the transformation of macrophyte-derived organic matter to methane among senescent material of macroalgae, submerged phanerogams and an amphibious plant under two trophic conditions. Secondly, we have analysed the capacity of charophytes (green macroalgae) to induce the anaerobic oxidation of methane coupled with denitrification under two trophic conditions. In the next complexity step, we are running an indoor mesocosm experiment to assess the potential of methane as a carbon and energy source in the planktonic-benthic food web.

## Evaluating treatments to avoid biodeterioration on cultural heritage through microbial metabarcoding

**Mar Villar-de-Pablo**, Sergio Pérez-Ortega, Esther Pérez, Jacek Wierzechos, Carmen Ascaso, Asunción de los Ríos

Contacto: [mavidepa@mncn.csic.es](mailto:mavidepa@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 15:15-16:00

Biodeterioration processes put our cultural heritage at risk. Their diagnosis, as well as the development of treatment strategies to avoid or reduce their effects, is still a challenge today. Understanding the processes of secondary succession after the application of lithobiontic biota removal treatments is a key point for the improvement of such treatments. In this study, we used the metabarcoding technique to evaluate the effectiveness of different treatments to reduce biodeterioration. This work was carried out in the dolomite quarries in Redueña (Madrid) where four treatments combining physical (mechanical cleaning) and chemical (biocides) treatments were conducted. At each assay, 5 samples were collected at 3, 12 and 24 months after application. After extraction of eDNA from stone, the bacterial and fungal communities were characterized by metabarcoding (Illumina Miseq) through the ITS2 region (fungi) and 16S-V1-V2 (bacteria). The results of this study provide new information of the composition and diversity of bacterial and fungal lithobiontic communities, being Actinobacteria phylum and Verrucaria order the main bacterial and fungal taxa found in quarry dolostone, respectively. Our results revealed that the composition of fungal and bacterial communities differed between treatments, showing variability in their effectiveness and degree of recolonization.

## Influencia del régimen hidrológico y factores climáticos sobre la diversidad funcional de las aves acuáticas en la Laguna Melincué, Argentina

**Jorgelina Pamela Asmus**, Ignacio M Barberis, Marcelo Romano, Zuleica Y Marchetti

Contacto: [jorgelina.asmus@gmail.com](mailto:jorgelina.asmus@gmail.com)

Martes 18 de abril, sesión 11:00-11:30

Los humedales se encuentran entre los ecosistemas más productivos del planeta y cumplen funciones ecológicas fundamentales para los seres humanos. Constituyen el hábitat de numerosas especies entre ellas, las aves acuáticas, un componente importante dado que dispersan diferentes taxa, mueven energía y nutrientes entre ecosistemas y controlan poblaciones plagas. Recientemente, la ecología de comunidades ha sido abordada a partir del estudio de caracteres funcionales; esto es atributos biológicos, fisiológicos y ecológicos de los organismos que determinan como ellos interactúan con el ambiente. La laguna Melincué, es un humedal perteneciente al sistema de humedales de “Pampa de las Lagunas” ubicado en el centro de Argentina. Este humedal presenta una gran heterogenidad temporal, dada principalmente por los ciclos macroclimáticos húmedos-secos que condicionan su dinámica integral. En este trabajo nos preguntamos (i) cómo responde la diversidad funcional de la avifauna acuática a las variaciones hidrológicas-ambientales que ocurren a lo largo del tiempo en la Laguna Melincué; y también (ii) si los cambios en los rasgos funcionales son el resultado de la presión de filtro ambiental y de la competencia interespecífica o si ocurren por azar, analizando los patrones de ensamblaje de convergencia y divergencia de rasgos a lo largo de gradientes ambientales. Encontramos que las variaciones en el cuerpo de agua principal de la laguna es lo que más condiciona la diversidad funcional de aves y que, a lo largo de este gradiente, hay convergencia de caracteres funcionales lo que indica que el filtrado ambiental es la fuerza estructuradora principal. En el marco del cambio climático, investigaciones como esta son necesarias para poder comprender la respuesta de los organismos a las variaciones cíclicas normales y, en última instancia, es un punto de partida para poder predecir las posibles respuestas de la biodiversidad frente a potenciales escenarios futuros.



## The Seasonal Dynamics of Organic and Inorganic Carbon along the Tropical Usumacinta River Basin Mexico

Ismael Soria Reinoso, Javier Alcocer, Salvador Sanchez Carrillo, Luis Oseguera

Contacto: [ismafs21@gmail.com](mailto:ismafs21@gmail.com)

Martes 18 de abril, sesión 12:00-13:00

Rivers are important sites for carbon (C) transport and critical components of the global C cycle that are currently not well constrained. However, little is known about C species' longitudinal and temporal changes in large tropical rivers. The Usumacinta River is Mexico's main lotic system and the tenth largest in North America. Being a tropical river, it has a strong climatic seasonality. This study aims to evaluate how organic (DOC and POC) and inorganic (DIC and PIC) carbon change spatially and seasonally along the Usumacinta River (medium and lower basin) in rainy (RS-2017) and dry (DS-2018) seasons and to estimate C fluxes into the southern Gulf of Mexico. DOC was the dominant organic species ( $\text{DOC/POC} > 1$ ). It was doubled in RS and showed a longitudinal increase, probably through exchange with wetlands and floodplains. Particulate carbon showed a positive relationship with the total suspended solids, suggesting that in RS, it derived from surface erosion and runoff in the watershed. DIC is reported for the first time as the highest concentration measured in tropical rivers in America. It was higher in the dry season without a longitudinal trend. The C mass inflow–outflow balance in the RS suggested net retention (DOC and POC sink) in floodplains. In contrast, the balance suggested floodplains supply (C source) autochthonous DOC and POC in the DS. The lower Usumacinta River basin is a sink for DIC in both seasons. Finally, the estimated annual C export for the Usumacinta-Grijalva River was 2.88 (2.65 to 3.14)  $\text{Tg yr}^{-1}$ , of which DIC was the largest transported fraction (85%), followed by DOC (10%), POC (4%), and PIC (<1%). This investigation is the first to present the C loads in a Mexican river.

## Metabolic community succession during an Arctic microbial bloom: from nitrogen to carbon

Rafael Laso-Pérez, Nuria Fernández González, Juan Rivas, Semidan Robaina, Javier Tamames, Carlos Pedrós-Alió

Contacto: [rafael.laso@mncn.csic.es](mailto:rafael.laso@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 13:00-13:45

Phytoplankton blooms are a recurring phenomenon of all marine ecosystems characterized by the temporal increase in abundance of different microorganisms. In the Arctic, these blooms are deeply influenced by a strong seasonality, since during winter, there is no light and an ice mantle covers the ocean. In this study, we wanted to study the changes in the arctic microbial community during a phytoplankton bloom. We collected metagenomic samples from the Dease Strait (Canada) from March to July partially capturing an algal bloom as shown by the constant increase in chlorophyll since June. Our metagenomes revealed a community dominated by bacteria, although archaea reached up to 25% of the prokaryotic community at the beginning of our study and then slowly decreased. The functional analysis of our data shows a transition from a nitrogen-based community metabolism to a carbon-based one. In March, chemolithotrophy by ammonia-oxidizing archaea (*Thaumarchaeota*) dominates the community metabolism, while in June the liberation of carbohydrates due to phytoplankton proliferation promotes the growth of chemoorganotrophic bacteria from the *Bacteroidetes*, *Alphaproteobacteria* and *Gammaproteobacteria*.

## The Microbial Conveyor Belt: Microbiomes at the MNCN

**Mireia Mestre**

Contacto: [mireia.mestre@mncn.csic.es](mailto:mireia.mestre@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 13:00-13:45

As a new member of the MNCN, I would like to take this opportunity to introduce myself by explaining my interests, background and line of research. Briefly: My main research interest is Ecology, i.e., the interactions between organisms and their environment. Ecology is broad, so I focus my research on Microbiomes, as unicellular microorganisms account for a large and poorly understood fraction of Earth's biodiversity and biomass and have a key role in Earth's ecosystems. During my PhD thesis, I studied the spatial and temporal dynamics of microbial diversity in different ocean regions. In my postdoc, I focused on Antarctic ecosystems: I studied the krill microbiome and its impact on the Southern Ocean's biogeochemical cycles. Now, at MNCN, I will develop a new line of research based on a theory I conceived: The Microbial Conveyor Belt. This theory postulates that microbial dispersion is cyclical, recurrent, and occurs at the whole biosphere scale. This dispersion is also closely related to the functioning of planet Earth, and its disturbance (predominantly of anthropic origin) causes problems in the biosphere, including the health of humans and wildlife. The MNCN offers numerous possibilities for developing this theory, including collaborations with other researchers.

# ECOLOGÍA EVOLUTIVA

## When parents play favourites: brood demand shapes parental preference for offspring UV colour

Jorge García-Campa, Wendt Müller, Alicia Rodríguez-Juncá, Judith Morales

Contacto: [jgarciacampa@gmail.com](mailto:jgarciacampa@gmail.com)

Lunes 17 de abril, sesión 9:45-11:00

Parents might initially produce more offspring than they might be able to raise. However, when offspring demand exceeds their parents' rearing capacity, parents might shift care towards the offspring that yield greater fitness returns to achieve their optimal brood size via brood reduction. Such favoritism could rely on offspring signaling traits if these inform parents about offspring quality and hence about the pay-offs of their investment. Here we investigated whether favoritism of blue tit (*Cyanistes caeruleus*) parents for an offspring signal (i.e., ultraviolet (UV) plumage coloration) varies with brood demand. To test this, we experimentally blocked the UV reflectance of yellow breast feathers in half of the nestlings of each brood, and then we sequentially performed two opposing brood size manipulations to vary nestling demand below or above parental rearing capacity. Flexible parental feeding rules may allow parents to gain the upper hand in parent-offspring conflict.

## Association preferences, network centrality and reproductive status the spotless starling (*Sturnus unicolor*)

**Roger Fusté**, Diego Gil

Contacto: [rogerfusteimach@gmail.com](mailto:rogerfusteimach@gmail.com)

Lunes 17 de abril, sesión 11:30-12:30

In many bird species, a fraction of mature individuals do not reproduce. These individuals are known as floaters, and little is known about the way in which they interact with breeding individuals and become breeders themselves. We conducted a study on a population of spotless starlings. We investigated the social structure of the population to analyze how floaters interact within the colony. To do so, we constructed a social network using foraging detections at feeders. We first analyzed whether individuals associate based on their reproductive status (floaters or breeders). We then obtained network centrality metrics to study whether floaters and breeders occupied the same position within the social network. Starlings were found to associate more strongly with individuals of their same status. Our results may reflect the outcome of different strategies, in which floaters may try to avoid fighting with more socially dominant individuals (breeders) while breeders may socially relate more strongly to other breeders. Furthermore, breeders occupied a more central position in the network than floaters. These results show that the position within the social structure of the colony is related to individual long-term fitness, although the link between social position and fitness may arise through individual differences.

## El posible papel de las señales visuales en la comunicación intraespecífica del oso pardo

**Vincenzo Penteriani**

Contacto: [v.penteriani@csic.es](mailto:v.penteriani@csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 12:30-13:30

La comunicación intraespecífica en los mamíferos está bien documentada pero generalmente restringida a comunicación química y acústica. Sin embargo, otros canales de comunicación, como las señales visuales, pueden representar una forma para comunicarse entre conespecíficos. Mediante manipulaciones experimentales, junto con el uso de cámaras trampa, en los árboles de rascado utilizados por los osos pardos en la Cordillera Cantábrica, se ha podido demostrar que el marcaje visual lo realizan exclusivamente los machos adultos durante la época de celo. El descortezado de troncos siempre se asocia con el marcaje químico, lo que sugiere que las señales visuales y químicas pueden ser complementarias.

## Antartic penguins in a changing world

**Virginia Morandini, Andres Barbosa**

*Contacto: morandini@mncn.csic.es*

*Lunes 17 de abril, sesión 15:15-16:00*

Penguins are a group of 18 species of seabirds distributed in the Southern hemisphere facing specific conservation problems, including climate change and food web alterations together with human disturbance, habitat destruction, pollution and emerging diseases. As top predators, they reflect the environmental changes in different aspects of their biology which make them sentinels of the marine environment. Therefore, their study is crucial to monitor the processes linked to changes in the Antarctic marine ecosystem. The main aim of the present project is to determine the existence of personality syndromes in three Antarctic penguin species and how this behavioural characteristic affects different aspects of their ecology, physiology, behaviour and fitness. The present project is a continuation of the previous projects started in 2003, where Dr. Andres Barbosa led a long-term research including the three penguin species present in the Antarctic peninsula. The general goal of this research line is to understand the processes and mechanisms explaining how the environmental changes linked to the climate change in the Antarctic peninsula are affecting the Antarctic penguin populations through their physiology. The work has been focused in the study of different interactions such as host-parasite interactions throughout the immune function, contaminants and oxidative stress.

## Diversidad de coleópteros de la Familia Dermestidae en nidos de Herrerillo común (*Cyanistes caeruleus*) y su variación en función de la temperatura del nido

**Javier García-Velasco**, Marina García-del-Río, Jiří Háva, Yago Merino, Francisco Castaño-Vázquez, Alejandro Cantarero, Jesús Selfa-Arlandis, Santiago Merino

Contacto: [javiergarciave@hotmail.com](mailto:javiergarciave@hotmail.com)

Martes 18 de abril, sesión 11:00-11:30

Presentamos los resultados de un estudio sobre la diversidad de derméstidos que habitan los nidos de una especie de ave troglodita, el herrerillo común (*Cyanistes caeruleus*), así como el efecto sobre estos Coleópteros de diversos factores, entre ellos la temperatura y la humedad relativa en el interior del nido. Se identificaron diez taxones, seis como especies reconocidas y cuatro como taxones larvarios identificados a nivel de género. La mayoría de los derméstidos encontrados, en estado larvario, eran derméstidos nidícolas del género *Anthrenus*. Los ejemplares de derméstidos necrobiontes (aquellos que se alimentan de cadáveres tanto en fase larvaria como adulta) se encontraron en menor proporción, y casi siempre en estado adulto. En los nidos de herrerillo donde se aumentó experimentalmente la temperatura se encontraron más larvas de derméstidos que en los nidos control, y en aquellos nidos donde se registraron valores más altos de temperatura se encontraron más derméstidos adultos necrobiontes del género *Dermestes*.



## Plastic and genetic responses of a wild bird population to recent environmental changes

**David Canal**

Contacto: [davidcanal@mncn.csic.es](mailto:davidcanal@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 13:00-13:45

Understanding the mechanisms by which natural populations respond to environmental fluctuations and their consequences for population persistence is crucial under the ongoing global climate change. Using long-term data from a natural population of a migrant passerine, I will investigate the extent to which responses to current environmental changes are mediated by phenotypic plasticity or genetic changes. I will focus on various phenotypic traits that exhibit different degrees of within-individual plasticity, ranging from morphological traits with limited within-individual variation to highly flexible behavioral traits, and examine the relative influence of multiple biotic and non-biotic environmental factors on these responses. Furthermore, I will compare multiple populations across the species distribution range to assess the relative contributions of different eco-evolutionary mechanisms that promote local adaptation at a biogeographical scale. Thus, this project will solidly expand our understanding of the mechanisms that contribute to adaptation to predictable and unpredictable environmental changes, with fundamental implications for the origin and maintenance of biodiversity.

## Feral pigeons as a new threat to seabirds

**Airam Rodríguez**, Beneharo Rodríguez, Felipe Siverio, Juan M. Martínez, Enrique Sacramento, Yarci Acosta

Contacto: [airam.rodriguez@mncn.csic.es](mailto:airam.rodriguez@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 13:00-13:45

Petrels are particularly sensitive to predation by introduced species. Many populations have reduced their breeding ranges, currently mainly occupying predator-free sites. Breeding range reduction leads to interspecific competition for nesting sites, which can be detrimental to petrels. Here, we evaluate how the presence of introduced mammals (cats and rats) and potential competitors for nest sites (Cory's shearwaters and feral rock pigeons) shape the distribution, breeding density, and breeding performance of Bulwer's petrel. Nest density was higher in predator-free colonies on marine rocks. Cat presence was the best predictor of nest density, but it was not correlated with either presence or abundance of competitors. Breeding success varied between years and colonies but was not related to nest characteristics. Pigeon competition for nests was the most frequent cause of breeding failure (7.3%), followed by rat predation (6.3%). We also compared petrel and pigeon nest cavities and found considerable overlap in the physical size of nest sites. Our study provides insights into an overlooked impact of the invasive rock pigeon: nest competition with small seabirds. We encourage more research on the effects of pigeons on nest density, as well as disease and pathogen transmission, and vegetation changes within seabird colonies.

# GEOLOGÍA

## **Mediterranean Hydroclimate variability over the Common Era-ITHACA**

**Ernesto Tejedor**, Gerardo Benito, Nathan Steiger

Contacto: [ernesto.tejedor@mncn.csic.es](mailto:ernesto.tejedor@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 11:30-12:30

The Mediterranean region is known for its high seasonal contrast in temperature and rainfall, subject to extreme hydroclimatic events (e.g., droughts and pluvials). In most Mediterranean regions, water resources are scarce and observational data and climate models suggest a transition to an even more arid climate is underway. Uncertainties in future climate change projections over the Mediterranean region still remain, however, thus demanding an understanding of the natural range of climate variability prior to the era of significant anthropogenic interference in the climate system. The ITHACA's goal is to advance the understanding of paleoclimate over the Mediterranean basin to the point where it can inform policy and decision-making about the risks of climate change from a paleo perspective and place future projections within a broad historical context. This project will investigate the characteristics (frequency, intensity, extent, seasonality) and causes of hydroclimate extremes (droughts and pluvials) during the Common Era (CE, the last two thousand years) over the Mediterranean region by developing a state-of-the-art paleo data assimilation product, which will effectively combine high-resolution paleo proxy-data time series with the physical constraints of an atmosphere-ocean climate model simulation. Finally, by using this new product the project will address the attribution of anthropogenic activities to current changes in hydroclimatic extremes and will provide guidance for process-based risk assessment tools.

## High Mountain Forest as Eco-DRR against natural hazards under climate change scenarios

**Paula Gómez García**, Jaime Madrigal-González, Francisco Arriaga, José Carlos Robredo Sánchez, Juan Antonio Ballesteros-Cánovas

Contacto: [paula.gomez@mncn.csic.es](mailto:paula.gomez@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 12:30-13:30

Extreme-weather events usually trigger debris flows, snow avalanches or land sliding in high mountains. Climate change, moreover, is expected to increase their frequency and magnitude. Ecosystem-based Disaster Risk Reduction (Eco-DRR) represents a paradigmatic strategy to cope with natural hazards in the next decades. This strategy relies on the use of vegetation to reduce the different hazards components of risk (onset and propagation probability due to their barriers effect and reducing their intensity). However, the quantification of related-functional traits, from single-tree to forest-stand, remains largely unknown. Climate change, moreover, may condition these functional traits, potentially resulting in a loss of the forest protection capacity. Here, we focused on the quantification of resistance traits by performing 54 pulling tests and applying dendroecological studies on two main species, *Abies alba* and *Fagus sylvatica*, growing in the southern and northern slopes in the Pyrenees. Preliminary results suggest a linear relationship between strength and diameter in both species, with *F. sylvatica* presenting higher strengths and stiffness coefficient values. Trees with greater resistance and stiffness are located in less-dense forest areas. These results suggest that finding a balance between maximum resistance/forest density and species would be needed to define forest management practices on protective forest in high mountain ranges.

## **Análisis geológico y sismotectónico de las desestabilizaciones de ladera en las Peñas de Béjar (Lorca) relacionadas con la Falla de Alhama de Murcia**

**Nuria Comas López**

Contacto: [nuria.comas@mncn.csic.es](mailto:nuria.comas@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 15:15-16:00

La rambla de Béjar se sitúa al SW de Lorca (Murcia) en Sierra de las Estancias a aproximadamente un 1 km del segmento Goñar – Lorca de la Falla de Alhama de Murcia. En ella se encuentran innumerables bloques caídos esparcidos por las laderas y cauce de la rambla, que suponen un volumen de 80.000 m<sup>3</sup> de roca movilizada. Para poder confirmar el origen sísmico de estos desprendimientos se ha llevado a cabo una identificación y caracterización de los bloques mediante vuelos fotogramétricos y una búsqueda exhaustiva de cambios o apariciones de bloques mediante la comparativa de fotos e imágenes aéreas de la zona. Los resultados indican que en la rambla existen tres series de bloques caídos que se corresponden con eventos de diferente fecha e intensidad, pero que comparten el mismo tipo de desencadenante. Se ha conjeturado que, la serie más antigua, bloques de mayor tamaño que suponen un 68% del volumen total, se produjo a consecuencia de un terremoto de gran intensidad como el de 1674 y, que la caída de bloques correspondiente a la serie más reciente, de menor tamaño y que suponen un 8% del volumen total, fue desencadenada por el terremoto de Lorca de 2011.

## **El papel de los microorganismos en procesos de captación y emisión de gases de efecto invernadero en ambientes subterráneos**

**Tamara Martín Pozas, Sergio Sánchez Moral**

*Contacto: [tmpozas@mncn.csic.es](mailto:tmpozas@mncn.csic.es)*

*Martes 18 de abril, 9:45-11:00*

Las investigaciones desarrolladas en los últimos años han demostrado que la zona vadosa de los sistemas kársticos juega un papel activo en el ciclo global del carbono. Sin embargo, estos sistemas aún no han sido incluidos en las estimaciones del balance global de gases de efecto invernadero (GEI). Nuestro actual proyecto de investigación está centrado en caracterizar y cuantificar el papel de los microorganismos subterráneos en el intercambio de GEI entre el subsuelo y la atmósfera. Para lograr este objetivo, se ha llevado a cabo por primera vez, un estudio multidisciplinar basado en la combinación de la monitorización in situ de los flujos de intercambio de metano y dióxido de carbono entre los sedimentos y el aire subterráneo, el estudio de la señal isotópica del  $\delta^{13}\text{C}$  y un estudio microbiológico detallado en el que se han empleado técnicas de microscopía y de secuenciación masiva. Los resultados de este trabajo han permitido comprobar que las comunidades procariotas presentes en los depósitos minerales y los sedimentos del subsuelo juegan un papel fundamental en el consumo y la producción de GEI (metano y dióxido de carbono), regulando directamente las emisiones de estos gases a la atmósfera exterior.

## Análisis temporal de formas y evolución del cauce tras extracciones de gravas

**María Pilar Rabanaque**, Vanesa Martínez-Fernández, Mikel Calle, Gerardo Benito

Contacto: [m.rabanaque@mncn.csic.es](mailto:m.rabanaque@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 13:00-13:45

Los ríos efímeros mediterráneos se encuentran muy alterados por la intensa actividad humana. La escasez de agua ha contribuido a la falta de protección jurídica, sin embargo se empieza a reconocer su valor eco-hidrológico. Aunque la Directiva Marco del Agua requiere la evaluación del estado de conservación fluvial, este diagnóstico es una instantánea de su situación medioambiental. Se necesitan nuevas metodologías para comprender la evolución temporal y la dinámica de recuperación relacionadas con los procesos hidromorfológicos y la dinámica de la vegetación. Este estudio presenta un análisis multitemporal para evaluar la respuesta y recuperación de los cauces efímeros mediante: (1) la cartografía semiautomática de formas fluviales y densidad de vegetación a partir de imágenes de alta resolución y (2) la segmentación automática basada en la variabilidad espacial de la morfología del cauce. La recuperación del cauce se observa tras las grandes inundaciones aumentando su anchura activa. La vegetación aumenta la estabilidad de las formas fluviales contribuyendo a la desconexión de los sedimentos. Los tramos bien conectados con las fuentes de sedimentos tienden a recuperarse más rápidamente, mientras que los poco conectados tienden a aumentar la degradación. De esta manera se puede evaluar el estado de degradación y el potencial de recuperación de ríos efímeros que han sufrido actividades antrópicas.

# PALEOBIOLOGÍA

## De cal hasta los huesos: estudio tafonómico de las modificaciones óseas provocadas por cal

**Aida Gutiérrez**, Núria Armentano, Yolanda Fernández-Jalvo

Contacto: [aida.gutierrez@mncn.csic.es](mailto:aida.gutierrez@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, 9:45-11:00

A lo largo de la Historia, la cal se aplicaba en los enterramientos humanos porque se consideraba que reducía el olor de la putrefacción y aceleraba la descomposición, evitando la propagación de enfermedades contagiosas y haciendo desaparecer los cuerpos. También se utilizaba en diversas técnicas de momificación porque la acción bacteriana se minimiza en pH alcalinos, favoreciendo la conservación de los cuerpos. Estudios experimentales a corto plazo concluyen que la cal retrasa la descomposición de los cuerpos, sin inhibirla. Este trabajo expone los resultados del estudio tafonómico de 6 enterramientos con cal reproducidos durante 5 años en las instalaciones experimentales de Taphos-m con el objetivo de caracterizar los efectos que se producen a largo plazo. A los 5 años, las carcasas estaban en fase de descomposición avanzada (Bradford score >90%). Se conservaron residuos de cal en el sedimento y huesos, y en forma de costra (lime cast) rodeando las carcasas; esto provocó la articulación o desplazamiento de algunos huesos. La superficie cortical e histología ósea presentaban signos de desecación (grietas, descamación y microgrietas en los canales de Havers) a consecuencia del ambiente alcalino provocado por la cal. En conclusión, la cal no favorece la desecación de los tejidos blandos, pero sí del tejido óseo.



## Cuando el oportunista se vuelve especialista: comparación de la dieta de micromamíferos del búho real y la lechuza en el suroeste de España

**Sara García-Morato**, Yolanda Fernández-Jalvo

Contacto: [saragarciamlm@gmail.com](mailto:saragarciamlm@gmail.com)

Lunes 17 de abril, 12:30-13:30

Los micromamíferos en yacimientos fósiles son habitualmente producto de depredación. Los depredadores pueden tener preferencia por un tipo de taxones, mostrando un cierto comportamiento especialista. Por ello, la identificación del depredador a partir de la tafonomía de sus presas es fundamental para confirmar la veracidad de las interpretaciones paleoecológicas proporcionadas por los micromamíferos. El búho real (*Bubo bubo*) es considerado un depredador oportunista en la mayor parte del hemisferio norte, aunque en la Península Ibérica su dieta se basa mayormente en el consumo de conejo (*Oryctolagus cuniculus*). La comparación de la dieta del búho real con otro depredador considerado oportunista como es la lechuza (*Tyto alba*) en el mismo entorno, muestra un importante sesgo en la composición taxonómica de micromamíferos. Los resultados indican una menor diversidad taxonómica de micromamíferos en las acumulaciones de búho real en aquellas zonas donde el conejo es abundante. La aplicación de inferencias paleoecológicas también indica diferencias en los hábitats a partir de los taxones de micromamíferos aportados por estos depredadores, siendo los ambientes abiertos dominantes en las asociaciones producidas por lechuza, mientras que las producidas por búhos reales indican una mayor abundancia de hábitats ligados a cursos de agua y zonas boscosas.

## Reconstrucción digital de la caja torácica de Nazlet Khater 2 y sus implicaciones en la evolución de *Homo sapiens*

José María López-Rey, Isabelle Crevecoeur, Carlos Aurelio Palancar, Daniel García-Martínez, Markus Bastir

Contacto: [jolopezr@mncn.csic.es](mailto:jolopezr@mncn.csic.es)

Lunes 17 de abril, sesión 15:15-16:00

En la actualidad, el registro fósil de *Homo sapiens* no cuenta con muchos especímenes cuyo material costo-vertebral se encuentre conservado. Además, los pocos individuos hallados con una caja torácica en condiciones óptimas para su análisis no han sido reconstruidos empleando las técnicas digitales y estadísticas más novedosas. De estos individuos, Nazlet Khater 2 (NK2, ~35.000 años) presenta un gran interés paleoantropológico al ser el fósil de *H. sapiens* más antiguo del norte de África que conserva la mayor parte de su caja torácica. Es por ello que este estudio pretende reconstruir en 3D la caja torácica de NK2 así como estimar estadísticamente los fragmentos costo-vertebrales faltantes para, finalmente, llevar a cabo un estudio comparativo de la forma y tamaño de su tórax respecto a seres humanos actuales. Los resultados obtenidos determinan que la caja torácica de NK2 1) es anatómicamente moderna debido a su forma globular y aplanada y 2) está adaptada a un clima cálido debido a su constitución estilizada. Salvando posibles adaptaciones eco-geográficas, estos resultados demostrarían que el tórax de *H. sapiens*, y por extensión su cinemática respiratoria, se ha mantenido prácticamente invariable al menos desde hace ~35.000 años.

## Taphonomy-CT

**Iván Rey-Rodríguez**, Beatriz Gamarra, Yolanda Fernández-Jalvo

Contacto: [irey@iphes.cat](mailto:irey@iphes.cat)

Lunes 17 de abril, sesión 15:15-16:00

Los restos de microvertebrados se acumulan principalmente por la acción de los predadores, dejando señales tafonómicas en elementos craneales y poscraneales. Este trabajo se centra en un estudio actualista, en el que se analiza un conjunto de 402 egagrópilas de mochuelo común (*Athene noctua*) del nordeste de Irán, recolectadas durante el otoño de 2019, el invierno, la primavera y el verano de 2020. El principal objetivo de este estudio es en primer lugar, investigar la dieta de *Athene noctua* en esta región, y por otra parte, realizar un estudio tafonómico completo de las mismas. Entre los diferentes géneros presentes en el conjunto de egagrópilas, hemos seleccionado una muestra de 30 primeros molares inferiores de Meriones (de valor taxonómico), para ver cómo se ven afectados por los procesos tafonómicos. Dicha observación se ha realizado a través del empleo de la microscopía electrónica de barrido, de la microtomografía computarizada (mCT) y la morfometría geométrica 3D, para poder así cuantificar la pérdida de esmalte/dentina. Esta investigación presenta una metodología y combinación de técnicas innovadoras, que abre resultados tafonómicos de alta resolución y muestra cómo afectan las condiciones exógenas a los tejidos internos, pudiendo debilitar y amenazar la integridad de los especímenes.

## Morfometría geométrica y análisis del movimiento. Cinemática del torso y cuello humanos

**Marta Gómez-Recio, Carlos Aurelio Palancar, Benoit Beyer, Markus Bastir**

Contacto: [marta.gomez@mncn.csic.es](mailto:marta.gomez@mncn.csic.es); [carlos.palancar@mncn.csic.es](mailto:carlos.palancar@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 9:45-11:00

En el campo de la paleoantropología, el estudio *in vivo* e *in vitro* de las estructuras biológicas de especies actuales nos permite hacer inferencias sobre la funcionalidad de especies extintas. Desde este marco conceptual este trabajo plantea la fusión de metodologías de estudio de la forma (morfometría geométrica) y del movimiento (cinemática). El Procrustes Motion Analysis (PMA; Adams y Cerney, 2007) permite cuantificar y comparar el movimiento como una secuencia de cambios en las formas y posturas biológicas. En el caso del estudio del movimiento humano se presentan aquí dos aplicaciones. La primera se centra en el movimiento respiratorio del torso superficial, una estructura blanda y deformable; la segunda se centra en el movimiento de flexo-extensión y rotación de la columna cervical, una estructura formada por cuerpos rígidos. El PMA permite aislar el movimiento de la forma, de modo que puede utilizarse para estudiar posibles relaciones estadísticas que vinculen las estructuras biológicas con su función. Encontrar estas relaciones es vital en evolución humana, puesto que permiten inferir de manera cuantitativa la funcionalidad de estructuras fósiles, en este caso del torso (en el movimiento respiratorio) y la columna cervical (rangos de movilidad) de homínidos extintos, desvelando importantes rasgos de su paleobiología.

## Computational simulations of nasal air-conditioning capacity in modern human populations

**Daniel Sanz-Prieto**, Markus Bastir, Alejandro Pérez-Ramos, Manuel A. Burgos

Contacto: [daniel.sanz@mncn.csic.es](mailto:daniel.sanz@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 11:00-11:30

One of the main functions of soft-tissue nasal airways is air-conditioning in terms of heat and moisture exchange. Numerous studies find correlations between climate variables and hard-tissue nasal morphologies. Thus, taller and narrower bony nasal cavities, associated with cold and dry environments, have more efficient air-conditioning than shorter and wider cavities, usually related to warm and humid environments. Based on these studies we hypothesize that variation in soft-tissue nasal morphology represents climatic adaptations, expecting differences in air-conditioning capacities among human populations from different eco-geographic regions. We predict that populations belonging to warmer and more humid environments show less air-conditioning capacities than populations from colder and drier environments. Nasal airflows in inspiration for 148 individuals from Cambodia, Chile, Russia and Spain were simulated using Computational Fluid Dynamics techniques in three different environmental conditions: cold-dry, hot-dry and hot-humid. We found differences in mean temperature and humidity in the inflow tract between Cambodians and the other populations. However, no differences in medians were detected in the outflow tract, but variances differed significantly between the Cambodians and the rest. We conclude that the inhaled air was equally well-conditioned in all the population groups and that morphological variation of the inflow tract might be more sensitive to the climate variables than the outflow tract.

## El regreso del Laboratorio de Ensayos Ambientales y Tafonómicos

**Alba Macho-Callejo**, Yolanda Fernández-Jalvo

Contacto: [alba.macho@mncn.csic.es](mailto:alba.macho@mncn.csic.es)

Martes 18 de abril, sesión 12:00-13:00

El Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN) cuenta con el primer Laboratorio de tafonomía de España. El Laboratorio de Ensayos Ambientales y Tafonómicos (LeaT) tiene como objetivo simular distintas condiciones ambientales, térmicas, mecánicas y de abrasión que afecten a muestras orgánicas o inorgánicas bajo condiciones controladas y repetibles, para lo que cuenta con un equipamiento a medida. El Laboratorio ha realizado ensayos climáticos con muestras óseas y con polen para valorar el efecto de la temperatura, insolación y humedad, así como con otros materiales para estudios de envejecimiento. Además, se han realizado ensayos de compresión y flexión, estudios sobre el efecto abrasivo del agua y el viento sobre muestras óseas y líticas y, recientemente, ensayos térmicos con huesos para contextos forenses. La reciente incorporación de personal técnico está permitiendo fomentar la colaboración con empresas privadas del ámbito de la salud para ofrecerles nuestro servicio, así como, promocionar nuestro trabajo y resultados en medios académicos, así como difusión en redes sociales a través del MNCN. Nuestro objetivo es, por tanto, mostrar los múltiples experimentos de simulación con resultados monitorizados que el LeaT puede proporcionar y fomentar los servicios del laboratorio dentro y fuera del MNCN.

## Métodos para una tesis antro-po-arqueológica

**Miguel López Cano**

*Contacto: miguel.lopez@mncn.csic.es*

*Martes 18 de abril, sesión 13:00-13:45*

El tema central sobre el que gira mi tesis doctoral es la anatomía funcional ligada a la primera cultura hominina. Para abordarlo he establecido tres estadios fundamentales. El primero es la recolección y escaneado de extremidades superiores de "primates culturales" y restos fósiles homininos, además de su cultura asociada. En segundo lugar, analizar morfológicamente las primeras herramientas líticas y la anatomía necesaria para su uso. Por último, estudiar la anatomía funcional y otras variables ligadas a la producción de cultura mediante estudios cinemáticos propios de la arqueología experimental. Con todo ello, busco reconstruir e indagar en el quién y el cómo se comenzó a desarrollar la "cultura humana".

## AGENDA

Nombre	Correo electrónico	Departamento
Adriana Carramolino del Olmo	adricarramolino@gmail.com	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Aida Gutiérrez	aida.gutierrez@mncn.csic.es	Paleobiología
Aida Verdes Gorín	aida.verdes@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Airam Rodríguez	airam.rodriguez@mncn.csic.es	Ecología Evolutiva
Alba Macho-Callejo	alba.macho@mncn.csic.es	Paleobiología
Álvaro Iglesias Donoso	alvaro.iglesias@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Ana Benítez López	ana.benitez@mncn.csic.es	Biogeografía y Cambio Global
Ana Herráez Pérez	ana.herraez@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Ana Ramón-Laca	analaca@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Ana Riesgo	anariesgogil@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Andrea Lirola Jiménez	andrea.lirola@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Antonio Castro Dorado	antonio.castro@csic.es	Geología
Asunción de los Ríos	arios@mncn.csic.es	Biogeoquímica y Ecología Microbiana
Azucena López	comunicacion@mncn.csic.es	Comunicación
Belén Acuña-Míguez	belacumig@mncn.csic.es	Biogeografía y Cambio Global
Brian Jhoseth Condori Villegas	briancv305@gmail.com	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Carlos Aurelio Palancar	carlos.palancar@mncn.csic.es	Paleobiología
Carlos Lozano Martín	clozano@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Carlos Pedrós-Alió	cpedros@cnb.csic.es	Centro Nacional de Biotecnología
Carlota Gracia Sancha	anagraci@ucm.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Cristina Díez-Vives	cristinadiezvives@gmail.com	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Daniel Sanz-Prieto	daniel.sanz@mncn.csic.es	Paleobiología
David Canal	davidcanal@mncn.csic.es	Ecología Evolutiva
Eric Puche Franqueza	eric.puche@uv.es	Biogeoquímica y Ecología Microbiana
Ernesto Tejedor Vargas	ernesto.tejedor@mncn.csic.es	Geología
Guim Ursul	guim.ursul@mncn.csic.es	Biogeografía y Cambio Global
Hugo Alejandro Álvarez	hugo.alvarez@mncn.csic.es	Biogeografía y Cambio Global
Irene de Sosa	irene.desosa@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Irene Del Olmo Barrio	iredelolmob@gmail.com	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Ismael Soria Reinoso	ismafs21@gmail.com	Biogeoquímica y Ecología Microbiana
Iván Rey-Rodríguez	irey@iphes.cat	Paleobiología
Javier García Velasco	javiergarciave@hotmail.com	Ecología Evolutiva
Javier Sala Garcia	javier.sala@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Jorge García Campa	jgarciacampa@gmail.com	Ecología Evolutiva
Jorgelina Pamela Asmus	jorgelina.asmus@gmail.com	Biogeoquímica y Ecología Microbiana
José M <sup>a</sup> López-Rey Pérez	jolopezr@mncn.csic.es	Paleobiología
Jose María Lorente-Sorolla	joso_ls@hotmail.com	Biodiversidad y Biología Evolutiva



Nombre	Correo electrónico	Departamento
Leticia Puerta Rodríguez	leticia.puerta@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Mar Villar	mavidepa@gmail.com	Biogeoquímica y Ecología Microbiana
Maria Pilar Rabanaque Yuste	m.rabanaque@mncn.csic.es	Geología
Mariana Leal Cardín	m.lealcardin@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Mariana Vargas Sánchez	marvargas@ciencias.unam.mx	Biogeoquímica y Ecología Microbiana
Mario Díaz Esteban	mario.diaz@mncn.csic.es	Biogeografía y Cambio Global
Marta Fernández	comunicacion@mncn.csic.es	Comunicación
Marta Gómez-Recio	marta.gomez@mncn.csic.es	Paleobiología
Marta Turón Rodrigo	marta.turon@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Miguel B. Araújo	maraujo@mncn.csic.es	Biogeografía y Cambio Global
Miguel López Cano	miguel.lopez@mncn.csic.es	Paleobiología
Mireia Mestre	mireia.mestre@mncn.csic.es	Biogeoquímica y Ecología Microbiana
Nuria Comas López	nuria.comas@mncn.csic.es	Geología
Paula Gómez García	paula.gomez@mncn.csic.es	Geología
Paula Moreno Martín	paulacc6899@gmail.com	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Piluca Álvarez Fidalgo	mpilar.alvarez@mncn.csic.es	Colecciones
Rafael Laso Perez	rafael.laso@mncn.csic.es	Biogeoquímica y Ecología Microbiana
Rebeca Vicente Moreno	rebeca.vicente@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Roger Fusté i Mach	rogerfusteimach@gmail.com	Ecología Evolutiva
Sara García Morato	saragarciamlm@gmail.com	Paleobiología
Sergi Taboada Moreno	sergio.taboada@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Silvia Perea Aranda	sperea2@gmail.com	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Tamara Martín Pozas	tmpozas@mncn.csic.es	Geología
Tessa Lynn Nester	tessa@mncn.csic.es	Biodiversidad y Biología Evolutiva
Vincenzo Penteriani	v.penteriani@csic.es	Ecología Evolutiva
Virginia Morandini	morandini@mncn.csic.es	Ecología Evolutiva
Xiomara Cantera	comunicacion@mncn.csic.es	Comunicación



## CON LA COLABORACIÓN DE



**mncn**

museonacionaldecienciasnaturales



**CSIC**

CONSEJO SUPERIOR DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS