Agència
de Gestió d'Ajuts
Universitaris
i de Recerca

Memòria justificativa de recerca de les convocatòries BCC, BDH, BE, BP, CTP-AIRE, DEBEQ, FI, INEFC, i PIV

La memòria justificativa consta de les dues parts que venen a continuació:
1.- Dades bàsiques i resums
2.- Memòria del treball (informe científic)

Tots els camps són obligatoris

1.- Dades bàsiques i resums

Nom de la convocatòria

BP

Llegenda per a les convocatòries:

BCC	Convocatòria de beques per a joves membres de comunitats catalanes a l'exterior
BDH	Beques i ajuts postdoctorals del Programa DGR-Henkel KGaA
BE	Beques per a estades per a la recerca fora de Catalunya
BP	Convocatòria d'ajuts postdoctorals dins del programa Beatriu de Pinós
CTP-AIRE	Ajuts per accions de cooperació en el marc de la comunitat de treball dels Pirineus. Ajuts de mobilitat de personal investigador.
DEBEQ (Modalitat A3)	Beques de Cooperació Internacional i Desenvolupament
FI	Beques predoctorals per a la formació de personal investigador
INEFC	Beques predoctorals i de col·laboració, dins de l'àmbit de l'educació física i l'esport i les ciències aplicades a l'esport
PIV	Beques de recerca per a professors i investigadors visitants a Catalunya

Títol del projecte: ha de sintetitzar la temàtica científica del vostre document.
Origen i diversificació de les comunitats de rèptils dels deserts del Nord d'Àfrica i Aràbia: Els paràsits com a eines filogenètiques

Dades de l'investigador o beneficiari

Nom
Elena

Cognoms
Gómez Díaz

Correu electrònic
elena.gomez@ibe.upf-csic.es

Dades del centre d'origen

Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-UPF)

Nom i cognoms i signatura
del/de la investigador/a

Vist i plau del/de la responsable de la
sol·licitud

Agència
de Gestió d'Ajuts
Universitaris
i de Recerca

Número d'expedient
2009 BP-B 0029

Paraules clau: cal que esmenteu cinc conceptes que defineixin el contingut de la vostra memòria.
Desert, rèptils, paràsits, filogeografia, co-evolució hoste-paràsit

Data de presentació de la justificació
18-07-11

Resum del projecte: cal adjuntar dos resums del document, l'un en anglès i l'altre en la llengua del document, on s'esmenti la durada de l'acció

Resum en la llengua del projecte (màxim 300 paraules)
Els deserts constitueixen aproximadament un terç de la superfície terrestre i estan caracteritzats per la seva aridesa extrema. Els Sàhara, la zona àrida més gran del Nord d'Àfrica és, amb diferencia, el desert més gran del mon. Ocupa una extensió de més de 9 milions de kilòmetres quadrats, expandint-se 5500 km a través del nord d'Àfrica, des de l'oceà Atlàntic fins el mar Roig. El desert d'Aràbia es troba a l'est del Sàhara i és aproximadament una octava part més petit. Tot i el seu clima tan extrem, les flores i faunes dels deserts acostumen a ser relativament riques, el que fa que ens preguntem com aquestes biotes han estat adquirides i com es mantenen. En aquest projecte utilitzem els rèptils com a model d'estudi, un dels habitants més comuns dels deserts. El propòsit d'aquest projecte era utilitzar filogènies moleculars de diversos taxons de rèptils dels deserts del nord d'Àfrica i Aràbia per respondre Quan i Com els deserts han adquirit la seva fauna de rèptils endèmica (origen i diversificació), i de quina manera aquestes faunes s'han mantingut fins ara (adaptació). Però més enllà de les dades morfològiques i les eines de filogènia molecular, els paràsits representen una alternativa excitant i innovadora dins del camp de la biologia evolutiva. En aquest sentit, aquest projecte de beca proposava anar més lluny i utilitzar els paràsits com a eina (biological tags) per millor entendre l'historia evolutiva dels seus hostes en base a una aproximació biogeogràfica i co-evolutiva. Els objectius durant aquest primer any de projecte han sigut: 1) Estudiar l'origen i diversificació de la fauna de rèptils endèmica dels deserts del Sàhara i Aràbia, 2) caracteritzar la comunitat d'ecto- haemoparàsits de les espècies d'estudi, 3) posar a punt un estudi comparatiu de la filogeografia i estructuració genètica d'hostes i paràsits.

Resum en anglès (màxim 300 paraules)
Deserts comprise about a third of the world's land surface and are characterized by their aridity. The Sahara, the main arid region in North Africa, is by far the biggest desert in the world, covering some nine million square kilometers, and extending 5500 Km across North Africa from the Atlantic Ocean to the Red Sea. The Arabian desert occurs to the East of the Sahara and is about an eighth in size. In spite of the harsh environment, endemic floras and faunas of deserts are often quite rich. This raises the question of how such biotas are gained and maintained. In the present project we employ reptiles, one of the commonest kinds of desert inhabitant, as a study model. The aim of this project was to use molecular phylogenies from multiple reptile taxa to address When and How deserts have adquired their endemic faunas (origin and diversification), as well as how these faunas have been maintained through time (adaptation). Far beyond morphology and molecular phylogenies, parasites represent novel and exciting alternative tools in the field of evolutionary biology. In this context, the present project proposed using parasites as a biological tags to better understand the evolutionary trajectories of their hosts based on a biogeographic and co-evolutionary approximation.

Resum en anglès (màxim 300 paraules) – continuació -.

The objectives during this first year of the research grant were: 1) To study the origin and diversification of the endemic reptile fauna of the Sahara and Arabian deserts, 2) To characterize the ecto- and haemoparasite community of the study species, 3) To set up the basis for a comparative study of the phylogeography and population genetic structure of hosts and parasites.

2.- Memòria del treball (informe científic sense limitació de paraules). Pot incloure altres fitxers de qualsevol mena, no més grans de 10 MB cadascun d'ells.

L'objectiu principal d'aquest projecte era investigar l'origen i els patrons de diversificació de la fauna endèmica dels deserts utilitzant els rèptils com a model. A mes d'emprar eines de filogènia molecular, aquest treball va més enllà i proposa utilitzar els paràsits com a eines (*biological tags*) per millor entendre la historia evolutiva dels seus hostes. El present projecte s'ha desenvolupat dins del programa de Filogènia Animal del Institut de Biologia Evolutiva sota la supervisió del Dr. Salvador Carranza. El darrer any s'ha assolit una part important dels objectius fixats a priori i que consistien bàsicament en la reconstrucció filogenètica i l'estudi de la historia biogeogràfica de diversos grups de rèptils, així com la recol·lecció i una primera fase de caracterització de la seva fauna parasitaria, haemo i ectoparàsits, com a pas previ per posar a punt un estudi co-evolutiu d'hostes i paràsits.

El model d'estudi principal de la proposta han estat els geckos de la península Aràbiga i de l'Arxipèlag de Socotra. El grup ja disposava de una col·lecció molt important de teixits dels diversos grups de rèptils objecte d'estudi. Però un dels objectius principals d'aquest primer any era completar aquest mostreig en àrees i especies claus així com la recol·lecció de paràsits externs i mostres de sang per la detecció de haemoparàsits, virus i bacteris. En una campanya de mostreig que s'ha dut a terme per l'equip de investigació a Oman s'han obtingut més de 500 mostres de teixit, paràsits i sang de un gran numero especies de geckos del genere *Pristurus*, *Hemidactylus*, *Bunopus*, *Stenodactylus* i *Ptyodactylus.* Aquests mostreig junt amb la col·lecció de mostres de las que ja disposava el grup així com mostres obtingudes a partir dels nostres col·laboradors internacionals tant de la Universitat de Pavia de Itàlia i del CIBIO a Portugal, han permès l'assoliment dels objectius i la execució del treball que es detalla a continuació.

En relació al objectiu primer de la proposta, i que consistia en la reconstrucció filogenètica i l'estudi de la filogeografia dels hostes, un dels grups d'estudi d'hoste que s'han analitzat en primer lloc per la seva amplia distribució i diversitat d'espècies; ha estat el grup de geckos *Hemidactylus*. En aquest cas s'han seqüenciat més de 250 espècimens de més de 23 especies provinents de la península aràbiga, nord d'Àfrica i l'Arxipèlag de Socotra per un total de 3 gens mitocondrials y 4 gens nuclears (Taula 1). Els resultats d'aquest treball es corresponen a les figures 1 i 2 d'aquesta memòria. En el cas de les especies endèmiques de l'Arxipèlag de Socotra i que han sigut objecte d'un estudi més detallat, les nostres anàlisis mostren una elevada diversitat críptica intraespecífica i patrons complexos de diversificació intra-illa (figura 2). Tant factors geogràfics com ecològics sembla que han jugat un paper important en el procés d'especiació d'aquest grup de geckos. De gran rellevància es el cas de un parell d'espècies germanes, *H. forbesi* i *H. oxyrhinus* que habiten la illa de Abd al Kuri amb un àrea de 133

km² i que possiblement representin el cas més extrem d'especiació ecològica documentat fins ara. Cal destacar la rellevància científica de les nostres troballes des d'una perspectiva de la biologia evolutiva de l'evolució en illes i des d'un punt de vista de conservació en un escenari biològic únic com es Socotra. Així es, tot i que Socotra es patrimoni de la humanitat per la UNESCO per la seva elevada diversitat i endemicitat tot, destaca el grau de desconeixement científic de la seva fauna i flora. Aquest projecte doncs ha contribuït de forma substancial a omplir aquest buit. El manuscrit corresponent es troba en la fase final de preparació i es preveu serà sotmès per revisió al llarg del pròxim mes d'agost del 2011.

Un altre dels grups de rèptils el qual s'ha investigat en el marc d'aquest projecte ha estat un grup de geckos del genere *Pristurus*. En aquest cas el treball l'ha dut a terme un estudiant de doctorat J.García-Porta i un estudiant de màster, H.E.Morales, en col·laboració amb la candidata i sota la supervisió del Dr. Carranza. En el marc d'aquest estudi s'han seqüenciat més de 180 espècimens de 24 especies de *Pristurus* i de diverses localitats distribuïdes al llarg d'Aràbia, nord d'Àfrica i l'Arxipèlag de Socotra. Dins d'un context geogràfic global i combinant les dades de *Pristurus* amb les d'*Hemidactylus* i amb dades d'altres grups de geckos publicades a GenBank; s'ha investigat l'origen, diversitat i processos de colonització de la comunitat de geckos del arxipèlag de Socotra. Les edats estimades a partir de filogènies moleculars mostren la contribució relativa de processos de dispersió, vicariancia i especiació intra-illa en l'assemblatge de la comunitat de geckos (figura 3). En el cas dels *Pristurus* de Socotra i en concordança amb els resultats obtinguts per *Hemidactylus*, les nostres dades mostren una gran diversitat críptica en quant a numero de llinatges i un grau de divergència genètica molt elevat. El output d'aquest estudi son dos manuscrits que es troben en fase de preparació i que es preveu estiguin sotmesos per revisió a finals d'estiu del 2011 (veure el llistat de publicacions).

En relació a l'objectiu segon de la proposta, a partir de les mostres de sang obtingudes, hem començat el screening per la detecció i quantificació de paràsits sanguinis (*Plasmodium* spp., *Hepatozoon* spp.) i bacteris (*Borrelia* spp.); al mateix temps s'està extraient ADN per les anàlisis genètiques tant dels diferents paràsits com de l'hoste. La recol·lecció i quantificat d'ectoparàsits (àcars i paparres) s'ha dut a terme *in situ* a les campanyes de camp (figura 4). Tant haemo- com ectoparàsits estan sent identificats taxonòmicament en base a caràcters morfològics i moleculars. El següent pas, serà comparar la riquesa i prevalença de haemo- i ectoparàsits entre les diferents especies d'hostes i àrees geogràfiques mostrejades.

Finalment i en relació al objectiu tercer, durant el període de beca transcorregut, s'han posat a punt les tècniques genètiques per l'extracció d'ADN a partir d'àcars individuals, *Trombiculidae* spp., i l'amplificació de diversos gens mitocondrials i nuclears (COI, 16S i 18S), com a punt de partida per l'anàlisi filogenètic comparat d'hostes i paràsits.

Publicacions

1.- Gómez-Díaz E., Sindaco R., Pupin F., Fasola M. , Pella F & Carranza S. Complex diversification patterns and cryptic diversity in *Hemidactylus* geckos of the Socotra archipelago, in preparation.
2.- García-Porta J., Morales H.E., Gómez-Díaz E. & Carranza S. Community building in continental islands: the case of the geckos of the Socotra Archipelago, in preparation.
3.- Morales H.E., García-Porta J., Gómez-Díaz E. & Carranza S. Phylogeography and intra-island radiation of Pristurus geckos of the Socotra archipelago, in preparation.
4.- Gómez-Díaz E., Carranza S., et al. A new species of *Hemidatylus* gecko from Oman, in preparation.

Presentacions a congressos

Orals:
1.- Gómez-Díaz E., Sidaco R., Pupin F., Fasola M. , Pella F & Carranza S. Cryptic diversity and high levels of endemism in *Hemidactylus* geckos of the Socotra archipelago. XI Congreso Luso – Español de Herpetología. Sevilla, Spain 2010.
2.- García-Porta J., Morales H.E., Gómez-Díaz E. & Carranza S. Community building in continental islands: the case of the geckos of the Socotra Archipelago (NW Indian Ocean). XI Jornades de Biologia Evolutiva. Barcelona, Spain 2011.

Posters:
1.- Gómez-Díaz E., Sidaco R., Pupin F., Fasola M., Pella F & Carranza S. Parasites as tools for reptile evolution, ecology and conservation: *Hemidactylus* geckos from Socotra archipelago as a study model. Poster presentation. Trends in Biodiversity and Evolution Symposium. Oporto, Portugal 2010.

Taula 1. Número d'espècimens de geckos *Hemidactylus* analitzats per espècie i gen.

Species	*cyb*	*nd4*	*12S*	*mc1r*	*c-mos*	*rag2*	*PRDX4*
H. atairensis	11	10	14	14	13	14	
H. cisternii	2	2	2	2	2	2	
H. dracaenacolus	23	20	4	21	3	3	21
H. festivus	7	6	7	5	6	6	
H. fladiviridis	2	2	2	2	2	2	
H. forbesi	8	9	2	9	2	2	9
H. granti	13	14	6	14	5	7	14
H. hajarensis	12	12	12	8	10	10	
H. homoeolepis	32	28	24	33	22	23	20
H. inintellectus	30	34	10	35	13	12	30
H. lemurinus	5	5	5	3	5	4	
H. macropholis	1	1	1	1	1	1	
H. masirae	7	6	7	5	7	7	
H. masiroides	6	7	7	6	7	7	
H. michaheli	6	5	6	6	6	5	
H. mindiae	1	1	1	1	1	1	
H. modestus	1		1	1	1	1	
H. oxyrhinus	19	18	6	19	6	6	19
H. paucituberculatus	13	13	14	13	14	10	
H. persicus	4	1	4	1	4	2	
H. pumilio	23	22	12	24	11	12	27
H. robustus	27	21	21	19	16	16	8
H. turcicus	6	6	6	5	5	6	

* CYB: cythocrome b (cytb), 12S: ribosomal 12S rRNA, ND4: NADH deshidrogenase 4 (nd4), MC1R: melano-cortin 1 receptor (MC1R), C-MOS: oocytematuration factor MOS (c-mos), RAG-2: recombination activating gene 2, and PRDX4 intron.

Figura 1. Arbre filogenètic d'espècies del gènere *Hemidactylus* basat en 3 gens mitocondrials (12S, nd4, cyb) i un gen nuclear (mc1r) de 257 individus. L'arbre i les cal·libracions per estimar l'edat dels diferents events d'especiació s'ha generat utilitzant el programa *BEAST. Els números en vermell indiquen la probabilitat posterior per node, mentre que els valors en negre corresponen a les edats de cladogènesis estimades.

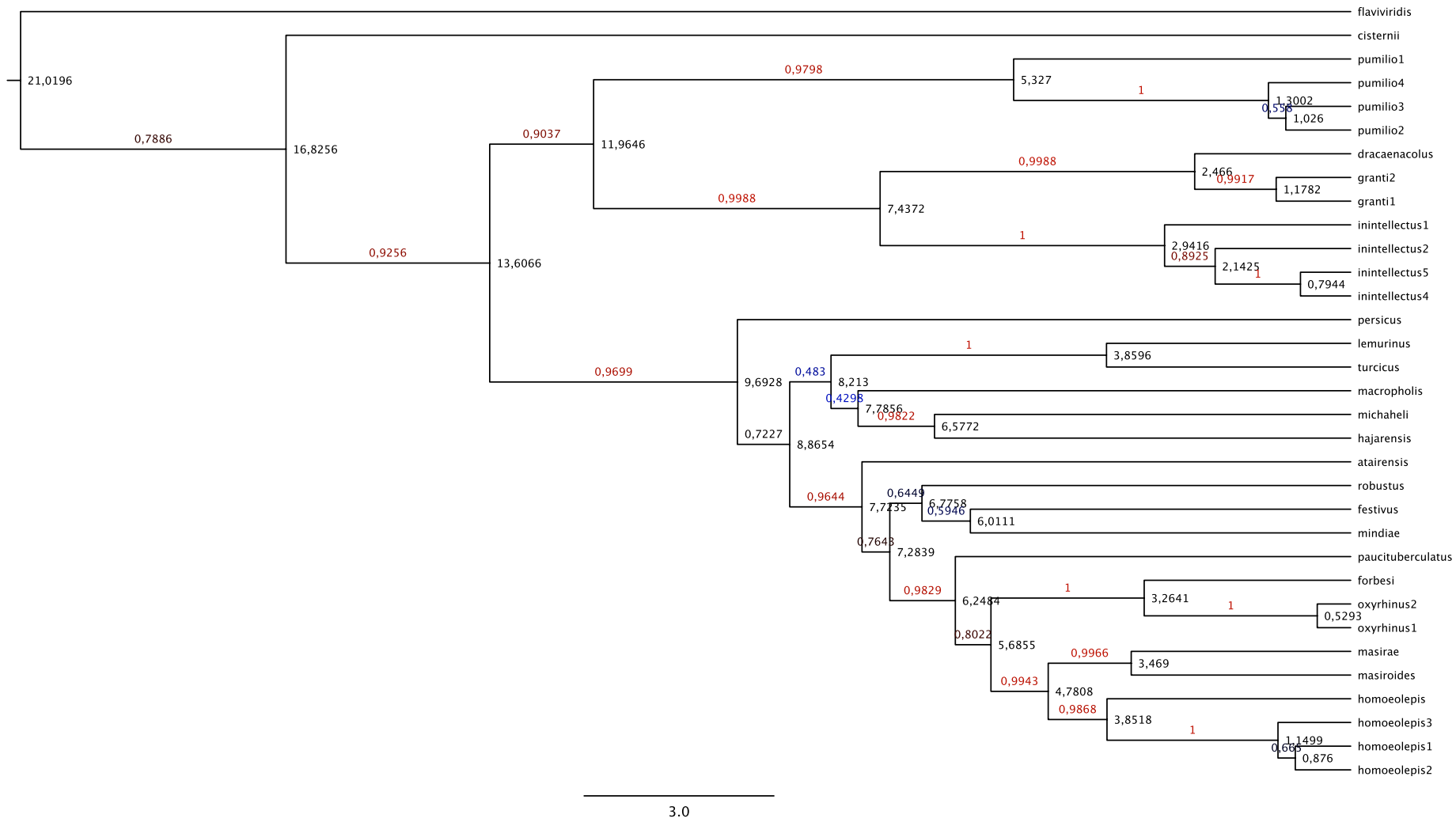

Figura 2. Arbre d'haplotips en base al genoma mitocondrial per les diferents espècies de *Hemidactylus* al arxipèlag de Socotra on es mostra la diversitat críptica en quant al numero de llinatges i el grau de divergència genètica a nivell intraespecífic. En diversos casos com en els que es mostren a la figura i que corresponen a les espècies de *H. homoeolepis* i *H. Inintellectus*, aquesta diversitat s'estructura d'acord amb un patró geogràfic clar.

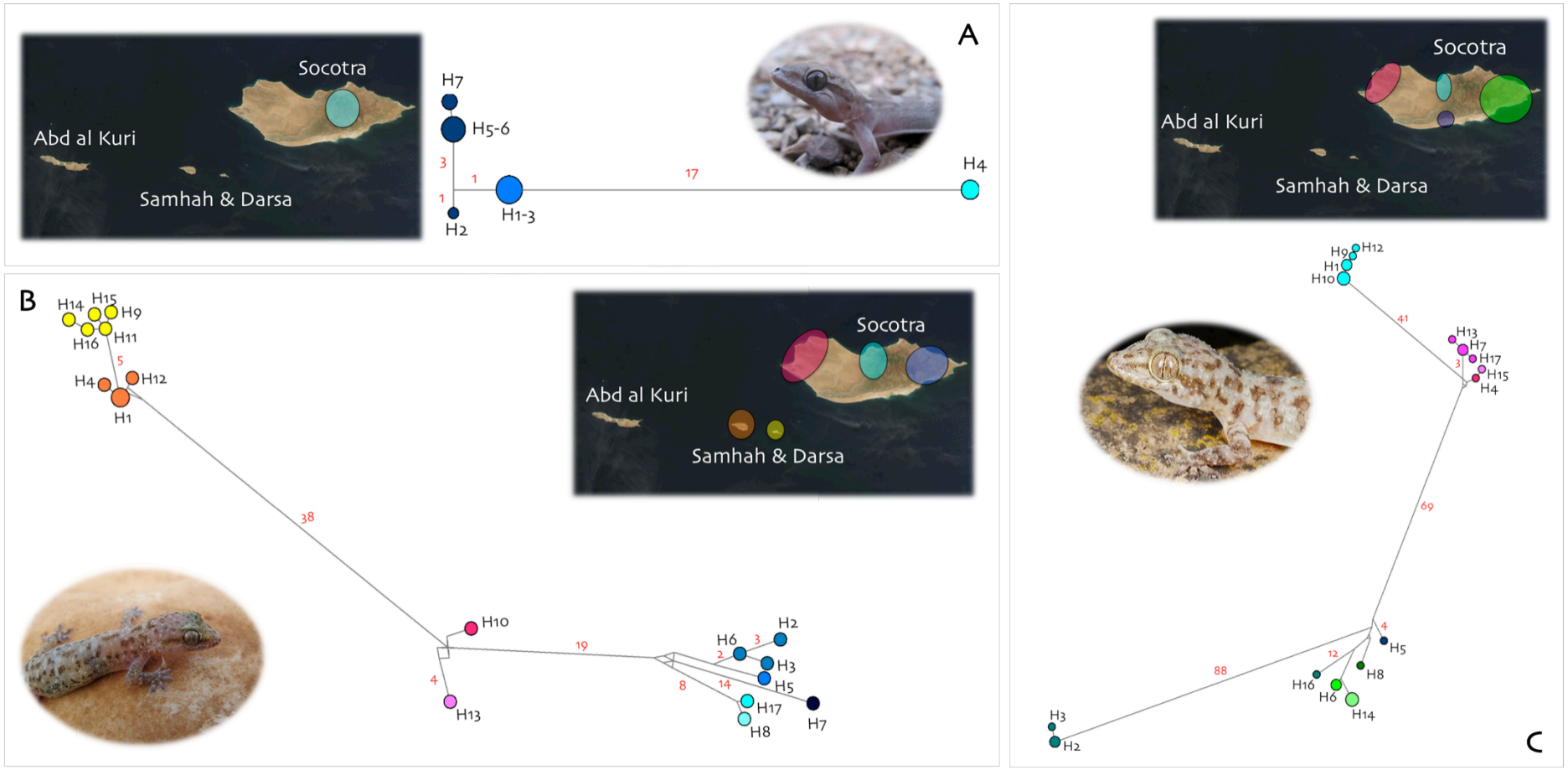

Figura 3. Time tree dels diferents gèneres de geckos de l'arxipèlag de Socotra i que inclouen *Hemidactylus*, *Pristurus* i *Haemodracon*. Les edats s'han estimat en base a una filogènia global dels geckos amb diversos punts de cal·libració a partir de fóssils i mitjançant metodologies d'anàlisi bayesià amb el programa BEAST.

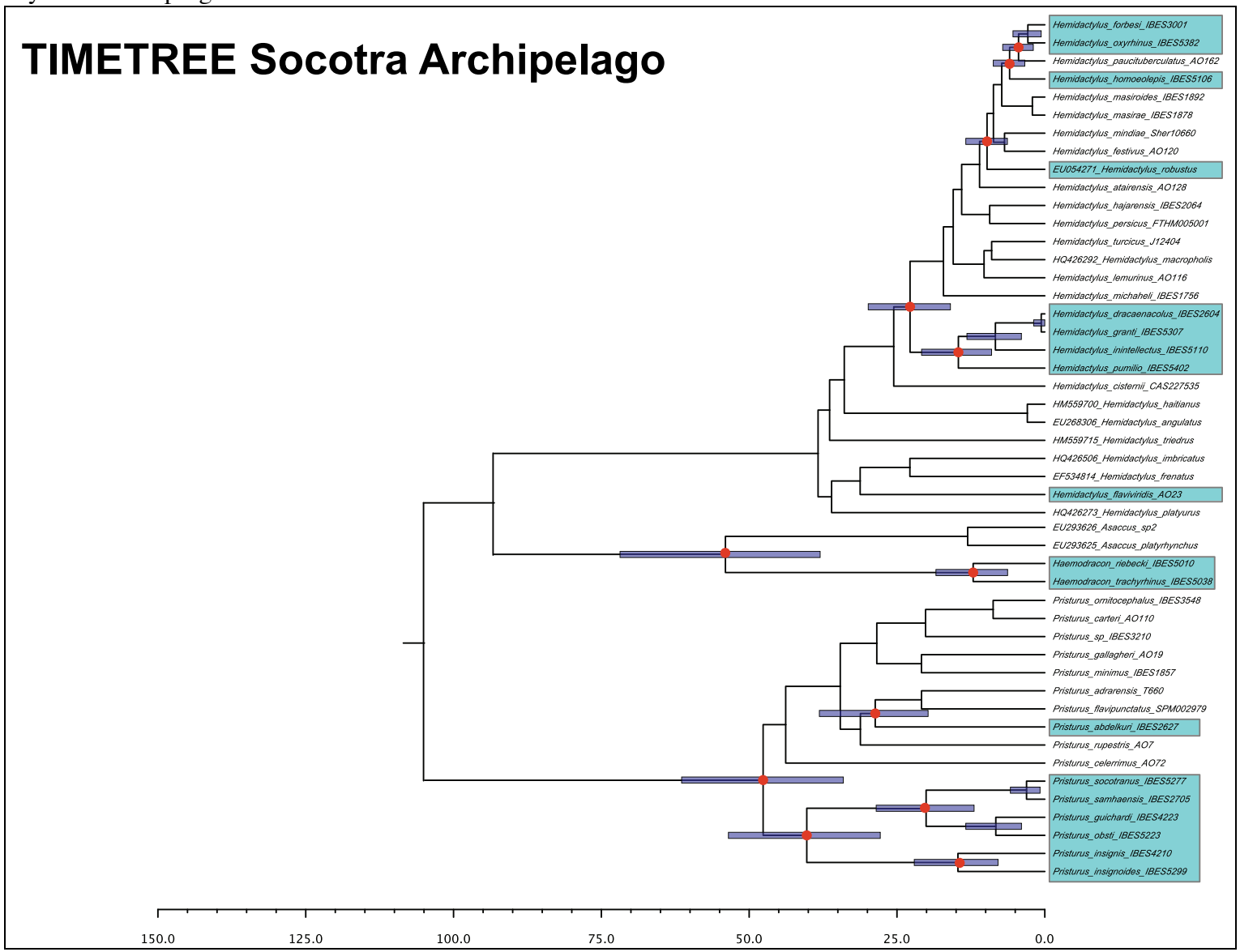

Figura 4. Imatge on es mostra un espècimen de gecko del gènere *Hemidactylus* amb nombrosos àcars (*Trombiculidae* sp.) a la zona de l'axil·la.