

PROGRAMA Definitivo

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

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

Jueves, 19 de Enero de 2022

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

09:30- 10:20	Conferencia Invitada (CI02): Population genomics of deep sea organisms and their symbionts to aid in their conservation	Ana Riesgo. Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC).
10:20-10:40	EV01: Estructura de la población y análisis de selección en datos exómicos de Camerún.	Alonso S et al. Universidad del País Vasco (UPV/EHU).
10:40-11:00	EV02: Comparative and population genomics of an adaptive radiation using highly continuous genome assemblies.	Guirao-Rico S et al. Universitat de Barcelona.
11:00-11:20	EV03: Venómica de la adaptación en los caracoles de la familia Conidae.	Pardos-Blas JR et al. Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC).
11:20-11:50	DESCANSO PARA CAFÉS.	
11:50-12:40	Conferencia Plenaria (CP01): Local adaptation, phenotypic plasticity, and species coexistence.	Mauro Santos et al. Universitat Autònoma de Barcelona.
12:40-13:00	EV04: Impact of the heat stress on the expression of Transposable Elements and small RNAs in <i>Drosophila subobscura</i> .	Bodelón A et al. Universitat Autònoma de Barcelona.
13:00-13:20	EV05: Identificación de huellas de selección natural y adaptación en el genoma de los canarios contemporáneos e implicaciones biomédicas.	Lorenzo-Salazar JM et al. Instituto Tecnológico y de Energías Renovables (ITER), Santa Cruz de Tenerife.
13:30-16:00	COMIDA.	

Evolución (Chair: Cori Ramon, Univ. de les Illes Balears)

16:00-16:20	EV06: Origen y expansión epidémica inicial de un nuevo alelo de resistencia a antibióticos en <i>Klebsiella pneumoniae</i> .	García-González N et al. (González-Candelas F). FISABIO-Universitat de València.
16:20-16:40	EV07: MHC evolution in the Neotropical the Midas cichlid.	Lozano-Martín C et al. Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC).
16:40-17:00	EV08: La filogenia como herramienta epidemiológica en las enfermedades infecciosas de animales silvestres en Asturias.	Royo L. et al. University of Oviedo, NySA-SERIDA.
17:00-17:30	DESCANSO PARA CAFÉS	
17:30-17:50	EV09: Tracing the evolutionary history of <i>Treponema pallidum</i> through the study of ancient and modern genomes.	Pla-Díaz M et al. (González-Candelas F). FISABIO-Universitat de València.
17:50-18:20	EV10: Speciation on islands: genome-wide divergence between and within-island populations upon colonization of Macaronesia by the common chaffinch.	Recuerda M et al. Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC).

20:00	Salida para CENA DE GALA
-------	--------------------------

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