

El análisis genético apunta a que las lagartijas balear y pitiusa han evolucionado separadamente desde hace 5 millones de años

PALABRAS CLAVE:
Podarcis, Illes Balears, mtDNA, c-mos, parámetros demográficos

Los primeros resultados en base a la secuenciación de una región de ADN mitocondrial (Cytb) no avalan la actual separación en subespecies realizada por diversos taxónomos. El nivel de variabilidad genética es mucho más elevado en *P. lilfordi* que en *P. pitiusensis*

KEYWORDS:
Podarcis, Balearic Islands, mtDNA, c-mos, demographic parameters



Ejemplar de *Podarcis lilfordi* de *Addaia* (Menorca).

* Todas las imágenes del reportaje han sido realizadas por la profesora Bàrbara Terrasa.

Introducción

Los organismos endémicos, es decir, aquellos que únicamente se localizan en un área geográfica muy concreta, han despertado históricamente la pasión de los zoólogos y de los botánicos. La rareza de estos organismos, su fragilidad en la mayoría de los casos, no es la única razón de este interés. Ante estos

organismos asaltan al especialista, y también al profano, las mismas preguntas. ¿Cómo llegó hasta aquí este organismo? ¿Qué ha ocurrido para que sea tan diferente a los que habitan en territorios vecinos? Dicho de otro modo, los organismos endémicos, inducen a interrogarnos sobre los mecanismos de la especiación y la evolución.

El desarrollo de las técnicas de biología molecular y, en concreto, la secuenciación del ADN, ha abierto todo un abanico de posibilidades para responder a éstas y otras preguntas. Los taxónomos, es decir, los especialistas en clasificar los organismos y en diferenciar unos taxones de otros, cuentan ahora, además de con criterios morfológicos, reproductivos, bioquímicos y ecológicos, con criterios genéticos para ayudarles en su tarea de acotar cada especie y cada



Ejemplar de *Podarcis lilfordi* de la Illa de l'Aire (Menorca).

taxón. Pero aún hay más: el estudio del ADN de un conjunto de poblaciones de un organismo, o de poblaciones de organismos semejantes, permite compararlos y trazar un árbol genealógico, establecer cuáles de esas poblaciones están genéticamente más cerca y cuáles se hallan más alejadas. Al fin y al cabo, esta distancia genética entre poblaciones informa del

tiempo de separación entre ellas desde un antepasado común.

Las lagartijas de las Illes Balears

Las lagartijas de las Illes Balears constituyen un caso paradigmático de todo lo dicho más arriba. A mediados del siglo XIX, Lord Lilford, un ornitólogo inglés, recogió una serie de lagartijas en la Illa de l'Aire (Menorca). Su estudio, a cargo del hepetólogo alemán Dr. Gunther, concluyó con la descripción de una nueva especie: *Lacerta lilfordi*, que en 1973 fue atribuida a otro género, *Podarcis*.

Se comprobó que *Podarcis lilfordi* está presente en Menorca y en sus islotes y también en algunos islotes de Mallorca pero no en la mayor de las Balears. Esa ausencia de lagartijas en Mallorca se debería, según los investigadores, a una extinción provocada por la llegada del hombre al archipiélago. Concretamente, algunos investigadores piensan que fue durante la dominación romana de la Isla cuando, con la introducción de fauna alóctona y en especial mustélidos, se provocó la extinción de las lagartijas. La ausencia de predadores en los islotes habría garantizado el mantenimiento de las poblaciones de reptiles.

Paralelamente, otra lagartija fue hallada en las Pitiusas y sus islotes. En términos generales es más pequeña que la gimnésica, con las escamas más grandes y aquilladas. Fue descrita como especie distinta: *Podarcis pityusensis*.

Ambas especies presentan una gran variabilidad en determinados caracteres: coloración, número de escamas, medida de algunas partes del cuerpo (cabeza, cuello, cola, extremidades, etc.). Este hecho provocó que los taxónomos describieran una subespecie para cada población que presentara diferencias con el resto, basándose en criterios morfológicos.

En cuanto a *Podarcis lilfordi* se han descrito 7 subespecies en los islotes de Menorca, 5 en los de Mallorca y 10 en las islas e islotes del archipiélago de Cabrera. También en el caso de *P. pityusensis* la gran



variabilidad observada entre los ejemplares de poblaciones distintas dió lugar a la descripción de hasta cuarenta formas distintas con categoría de subespecie.

Sobre estas subespecies descritas, la opinión de los diferentes zoólogos no es ni mucho menos unánime. Las revisiones llevadas a cabo, primero por A. M. Cirer en 1981 - que establece sólo 7 grupos para *P. pityusensis* - y posteriormente por A. Salvador en 1983 - que establece 21 - redujeron considerablemente el número de grupos. Aún así los criterios de ambos

investigadores diferían considerablemente.

Otras lagartijas y las introducciones

Es necesario comentar que en las Illes Balears habitan otras dos especies de *Podarcis*, ninguna de las cuales es endémica. Se trata, en primer lugar, de la lagartija italiana, *Podarcis sicula*, presente en Menorca. Dado que los ejemplares menorquines no se diferencian apenas de los de las poblaciones de Cerdeña, todo parece indicar que se trata de una introducción. La misma especie ha sido hallada en otras ciudades portuarias.

Por otro lado, en Menorca también está presente la lagartija mora, *Podarcis vaucheri*, procedente del norte de África. Menorca es la única localidad europea donde habita esta especie, también introducida.

Podarcis lilfordi
de *Addaia*.

A estas dos especies todavía debe añadirse la presencia de la lagartija pitiusa en algunas localidades mallorquinas: en la Bahía de Palma, concretamente en las murallas de la ciudad y en Illetes, así como en Cala Rajada y en Formentor. Aunque estas poblaciones fueron descritas también como subespecie diferenciada de la típica ibicenca, la opinión unánime entre los especialistas es que se trata de poblaciones procedentes de ejemplares introducidos.



Sargantana de
l'Il·la del Rei.

La existencia de poblaciones separadas por el mar, constituido como barrera geográfica a la mezcla genética, ha sido un reclamo para muchos herpetólogos y coleccionistas. Aunque pueda parecer mentira, ese reclamo ha sido muy negativo para las poblaciones. A lo largo de más de un siglo se han realizado capturas en poblaciones muy frágiles. Algunos ejemplares de las islas mayores se hicieron pasar por habitantes de islotes cuando en realidad no lo eran (los primeros eran más apreciados y mejor pagados por los coleccionistas) y también se realizaron introducciones incontroladas. Todo ello hace todavía más difícil saber a ciencia cierta cuál ha sido la historia de las lagartijas baleares, cómo se han originado y, sobre todo, esclarecer qué características son las propias de una determinada población y cuáles son atribuibles a ejemplares introducidos.

En cualquier caso, las grandes preguntas persisten sin resolver: ¿Qué organismo llegó y desde donde y qué pudo ocurrir para que de aquel primer colonizador se derivaran poblaciones (subespecies o razas) completamente distintas? ¿Por qué no se han encontrado ejemplares vivos de *Podarcis lilfordi* en Mallorca (sí hay pruebas de su existencia en el registro fósil) y sólo se han encontrado en islotes adyacentes? ¿Pueden ser consideradas especies distintas las lagartijas gimnásica y pitiusa? Y para cada una de ellas, ¿existen razones genéticas de peso que conduzcan a considerar con categoría de subespecie tantas poblaciones sólo basándose en criterios morfológicos?

Ejemplar de *P. pitiusensis* de la punta de Trucadors de Formentera.

Un paso definitivo: las técnicas moleculares

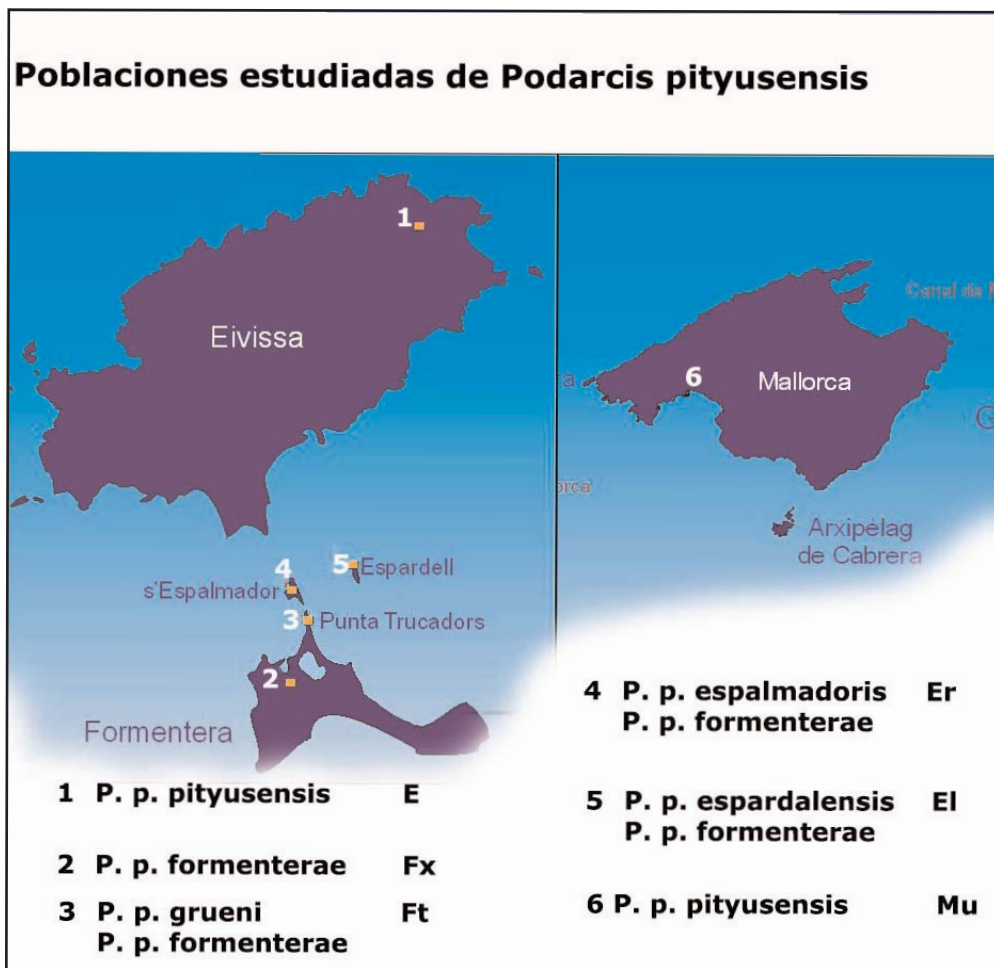
Las nuevas técnicas moleculares puestas al servicio de la taxonomía y de la biogeografía están haciendo reconsiderar hipótesis que durante mucho tiempo se habían dado por ciertas. Y el caso de las lagartijas de las Illes Balears no es una excepción como veremos.

A principios de los años ochenta, el Laboratorio de Genética del Departamento de Biología de la Universitat de les Illes Balears ensayó una primera aproximación molecular al estudio de las poblaciones de lagartijas de las Illes Balears. Las técnicas para el estudio del ADN, no obstante, no se hallaban ni mucho



menos desarrolladas como hoy día y esa aproximación se realizó mediante el estudio de proteínas.

El desarrollo de las técnicas para la secuenciación del ADN ha posibilitado que desde el año 2003, el grupo de investigación integrado por los doctores Misericordia Ramon, Antònia Picornell, José Aurelio Castro y la profesora Bárbara Terrasa, haya podido reemprender el estudio. A los investigadores de la UIB deben añadirse el doctor Valentín Pérez Mellado, herpetólogo y profesor de la Universidad de Salamanca y doctor Richard Brown, herpetólogo de la Universidad de Liverpool. Ambos grupos de investigadores -genéticos y herpetólogos- llevan a cabo este proyecto de investigación coordinado entre dos universidades, la UIB y la Universidad de Salamanca, con la financiación del Ministerio de



Ciencia y Tecnología.

Las seis regiones de ADN estudiadas

Uno de los materiales más adecuados para estudiar la variabilidad genética de una población de organismos es el ADN mitocondrial. Es sabido que el ADN (ácido desoxirribonucleico) es una molécula que lleva codificada toda la información relativa al organismo. El ADN más conocido es el nuclear, organizado en cromosomas que se distribuyen en pares homólogos en el núcleo de las células.

En las células eucariotas la mayor parte del material genético se encuentra en el interior del núcleo pero también algunos orgánulos del citoplasma tienen ADN. Es el caso de la mitocondria, una pequeña central energética donde se lleva a cabo la respiración celular: la fosforilación oxidativa de los nutrientes para

conseguir las llamadas moléculas energéticas (ATP principalmente), sin las que sería imposible el metabolismo celular.

La mitocondria posee su propio ADN: una molécula circular de unos 17.000 pares de bases que presenta una tasa de evolución rápida, sobre todo en la región llamada hipervariable. Esta molécula contiene los genes necesarios, contando con la coordinación del núcleo, para poder realizar las tareas básicas del orgánulo: la síntesis de proteínas y la fosforilación oxidativa. Las pequeñas dimensiones y la facilidad de aislamiento del ADN mitocondrial lo convierten en un excelente material de estudio. Además, el ADN mitocondrial posee una característica que lo hace especialmente interesante desde el punto de vista de la evolución y de la genética de las poblaciones: sólo se hereda por vía materna.

El estudio del ADN mitocondrial de cualquier especie permite detectar los llamados polimorfismos: distintos tipos de ADN mitocondrial que se presentan en una misma especie y que corresponden a distintos linajes. Partiendo de un número de genomas mitocondriales, procedentes de poblaciones de un organismo, es posible compararlos y trazar un árbol genealógico de la especie. En las raíces de este árbol se encuentran las primeras mitocondrias, las primeras "madres", de las que descienden el resto de individuos.

El proyecto iniciado en 2003 tiene como objetivo la secuenciación de seis regiones del ADN mitocondrial y de una región del ADN nuclear. Entre las regiones del ADN mitocondrial, los investigadores han secuenciado el gen Citocromo b (Cytb), posiblemente el gen que más veces se ha secuenciado en vertebrados en general y en los reptiles en particular. La dinámica evolutiva del gen Cytb y la bioquímica del producto protéico están bien caracterizados, extremo que lo hace muy apropiado para este tipo de estudios. El Cytb puede estar muy saturado en lugares sinónimos y, por esta razón, la información filogenética que proporciona este gen es muy útil para establecer

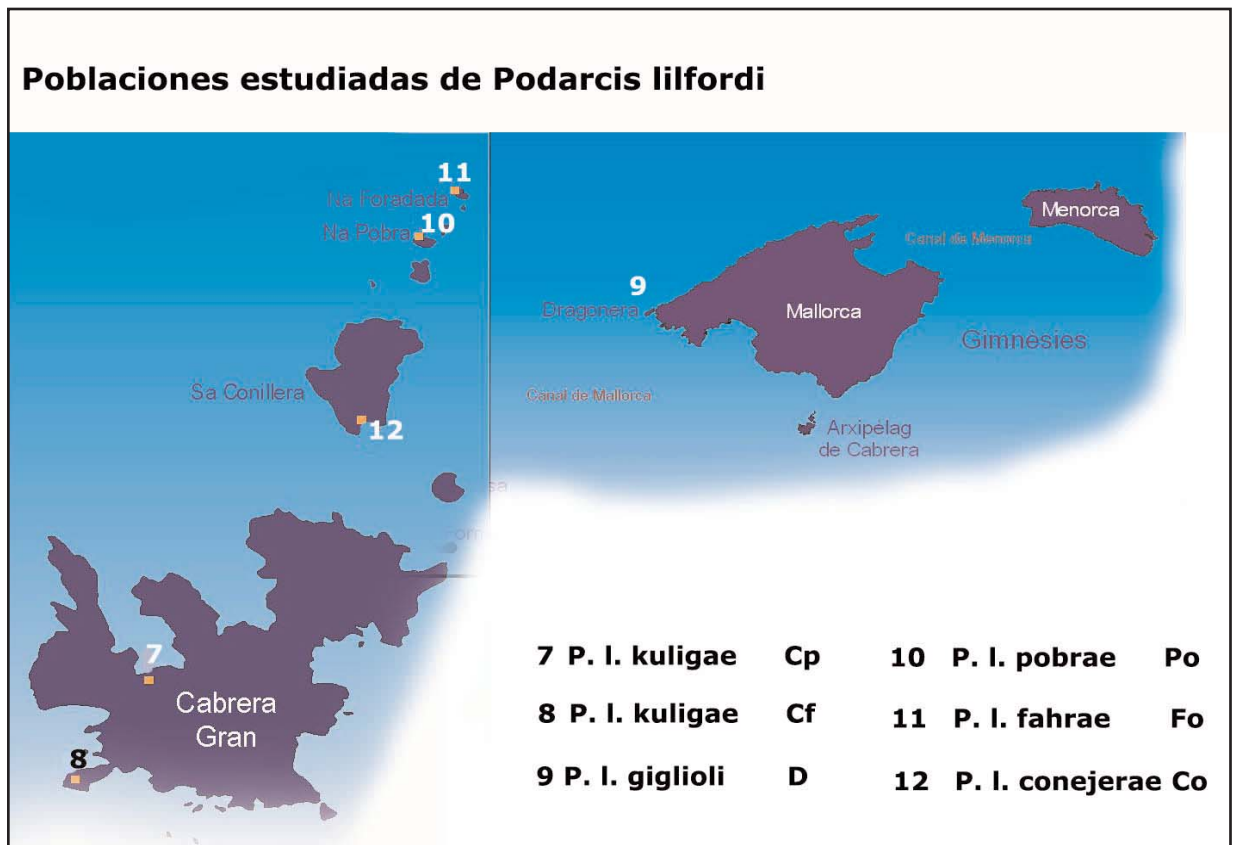
relaciones próximas.

Aunque ya existen unos primeros resultados en base a la secuenciación del gen Citocromo b, hasta que los investigadores no cuenten con la información que les proporcione la secuenciación y comparación de las otras regiones estudiadas no podrán concluirse unos resultados definitivos. El resto de regiones estudiadas del ADN mitocondrial son fragmentos del NADH1 y del NADH2, un fragmento de la región control, el rRNA-12S (ribosómico) y el t-RNA (de transferencia) para la síntesis de los aminoácidos metionina, isoleucina y glutamina. En cuanto al ADN del núcleo, el proyecto incluye la secuenciación del gen C-mos, un proto-oncogen que produce una proteína de tipo quinasa de aproximadamente 39 Kilodaltons, con una alta tasa de expresión en las células germinales, que es clave en la regulación del proceso meiótico.

En la actualidad el grupo ha secuenciado estos genes para un total de 29 poblaciones de *P. lilfordi*, las de Menorca, incluyendo los islotes; y las poblaciones de Mallorca (salvo las del islote del Colomer). La próxima primavera (2006) se ampliarán las capturas realizadas

Figura 2.
Poblaciones estudiadas de *P. lilfordi*

- 7. Cp = Cabrera mayor
- 8. Cf = Cabrera mayor
- 9. D = Dragonera
- 10. Po = Na Pobra
- 11. Fo = Na Foradada
- 12. Co = Conillera



de *P. pityusensis* en los diversos islotes de Eivissa y Formentera. En la actualidad se han secuenciado, para esta especie, los genes mencionados en ocho poblaciones.

Resultados preliminares de la secuenciación del Cytb

Como trabajo previo los investigadores han determinado la variabilidad del fragmento de la secuencia del gen Citocromo b de algunas poblaciones de *Podarcis lilfordi* y *Podarcis pityusensis*, así como de otras especies del género *Podarcis*, con la finalidad de medir el nivel de diversidad genética, establecer las relaciones filogenéticas, intentar esclarecer la sistemática subespecífica y poder comparar el nivel de variabilidad con otras especies del mismo género.

El estudio ha consistido en la extracción del ADN total en doce poblaciones de lagartijas, seis de *P. lilfordi* y otras seis de *P. pityusensis*. El material utilizado es un fragmento de la cola de los animales que, con posterioridad, se regenera. A partir de esta extracción se secuencian los genes mencionados, aunque los primeros resultados se refieren al Citocromo b.

Estos resultados se han comparado también con los recogidos por otros autores en especies emparentadas: *Podarcis hispanica* (Península ibérica); *Podarcis muralis* (europea); y *Podarcis filfolensis* (Malta). Cabe tener en cuenta que el género *Podarcis* está representado en Europa y en la cuenca mediterránea por un total de 18 especies.

En las figuras 1 y 2 se pueden observar las poblaciones estudiadas de lagartija gimnásica y pitiusa. En total, los investigadores han secuenciado el gen Citocromo b para 52 ejemplares, 23 de *P. pityusensis*, 24 de *P. lilfordi* y 5 de otras especies del género. También se secuenció el mismo gen para *Lacerta agilis* a efectos comparativos. De esta manera se consiguieron 19 haplotipos para *P. lilfordi* y 8 para *P. pityusensis*.

Estos 27 haplotipos se agupan en dos grandes clados (ramas de un árbol genealógico). Uno de ellos comprende todos los haplotipos de *P. lilfordi* y el otro todos los de *P. pityusensis*, lo que confirma la existencia de dos especies y de un origen monofilético para cada una de ellas. Dicho de otra manera, todas las poblaciones de *P. lilfordi* conforman un linaje genético separado de las de *P. pityusensis* que, a su vez, conforman otro linaje bien definido.

Consideradas las tasas de mutación del citocromo b



Figura 3. Durante el Mioceno (5,7 millones de años atrás) una única especie de lagartija debió habitar las tierras emergidas del promontorio balear, entonces unido a la Bética.

Figura 4. Durante la llamada crisis mesiniense, el promontorio se separó en dos grandes bloques de tierra: la Gran Gimnesia y la Gran Pitiusa. Entonces, las poblaciones de una misma especie quedaron aisladas.



(de un 2 por ciento para cada millón de años), los resultados obtenidos por los investigadores sobre la divergencia nucleotídica entre *P. lilfordi* y *P. pityusensis* sugieren que los antepasados de las dos formas actuales se aislaron durante el desmembramiento de los dos bloques tectónicos que conforman el archipiélago balear, hace unos cinco millones de años.

La información obtenida al analizar la divergencia nucleotídica respecto del Cytb de las dos especies coincide con las hipótesis más aceptadas sobre la separación de las Illes Balears a finales del Terciario. Así pues, durante el Mioceno (5,7 millones de años atrás) una única especie de lagartija debió habitar las tierras emergidas del promontorio balear, entonces unido a la Bética (Figura 3). Durante la llamada crisis mesiniense, el promontorio se separó en dos grandes bloques de tierra: la Gran Gimnesia y la Gran Pitiusa. Entonces, las poblaciones de una misma especie quedaron aisladas (Figura 4).

La homogeneidad de *P. pityusensis* y la variabilidad de *P. lilfordi*

El segundo resultado más destacable es la confirmación de que el nivel de variabilidad intra e interpoblacional es mucho mayor en el caso de *P.*

lilfordi que en el de *P. pityusensis*, es decir, las poblaciones de *P. pityusensis* estudiadas son más parecidas genéticamente entre ellas que cuando se comparan las poblaciones de *P. lilfordi*. Una de las posibles razones que puede explicar esta similitud genética entre las distintas poblaciones de lagartija pitiusa es el hábitat que presenta unas condiciones homogéneas en todas las poblaciones. Por el contrario, las poblaciones de lagartija gimnésica muestran muchas diferencias genéticas entre sí, aunque estas diferencias no se correspondan con las diferencias morfológicas (melanismo, número de escamas, etc.) que han servido a los herpetólogos para describir taxones separados con categoría de subespecie.

La secuenciación del resto de los genes mitocondriales y nucleares es del todo necesaria, por tanto, para establecer qué poblaciones son merecedoras, según la información genética que se obtenga, de mantenerse como taxones diferenciados de la especie típica. Aunque los resultados obtenidos de la secuenciación y comparación del gen Cytb no es suficiente para hacerlo, si apuntan a que en una misma población, teóricamente perteneciente a una subespecie delimitada, conviven diversos haplotipos. Un caso paradigmático lo constituye la población de la Isla Dragonera, en la que teóricamente habita *P. lilfordi*

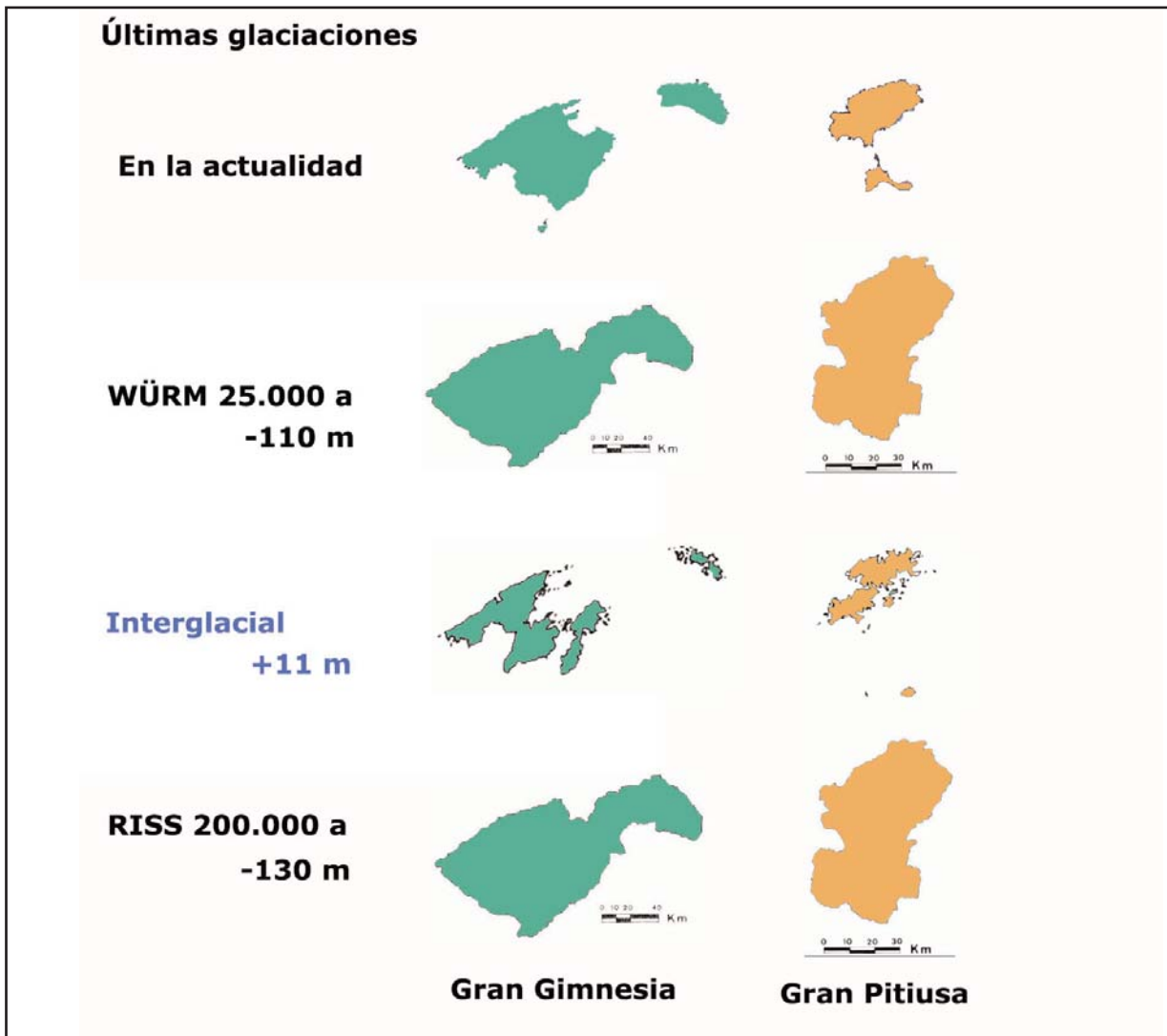


Figura 5. Durante los períodos glaciales las islas más grandes estuvieron conectadas con los islotes vecinos. Entonces tuvieron lugar recolonizaciones de poblaciones aisladas y mezcla genética. En los períodos interglaciales, en cambio, los ascensos del nivel del mar aislaban de nuevo las poblaciones de los islotes. Las cantidades de la figura expresan el descenso del nivel del mar respecto del actual durante las glaciaciones del Wurm y del Riss, así como el aumento registrado durante el período interglacial.

subsp. *giglioli* Bedriaga 1879, y en la que los investigadores han podido recoger ejemplares que presentan idéntico haplotipo que otros recogidos en el islote de Conillera (Cabrera) correspondientes a *P. lilfordi* subsp. *conejeræ* Müller 1927.

Los investigadores han comprobado que ejemplares de *P. lilfordi* que presentan un aspecto exterior idéntico, con la misma coloración de las escamas, pueden presentar haplotipos alejados. De la misma manera, ejemplares morfológicamente muy distintos, con coloraciones dispares, pueden ser idénticos para el fragmento del gen secuenciado.

La doctora Misericòrdia Ramon explica que "en una misma población - por ejemplo en Cabrera - encontramos individuos morfológicamente parecidos

que, para un solo gen, difieren en siete pasos mutacionales, es decir una gran diferencia. Si avanzado el estudio detectamos individuos que presentan un número elevado de pasos mutacionales tendremos que concluir que en esa población existe una gran variabilidad genética. Pero si no encontramos los pasos mutacionales intermedios, la existencia de haplotipos distintos sólo podrá ser explicada o bien por introducción de individuos (accidental o no), o bien porque la población entró de forma natural en contacto con otra - en este caso la de Mallorca - durante un breve espacio de tiempo. Esta última explicación es muy plausible si tenemos en cuenta que en el Cuaternario, el nivel del mar subió y descendió en diversas ocasiones poniendo en contacto y aislando repetidamente a poblaciones vecinas".

Figura 6.
Número de pasos mutacionales entre diversas poblaciones de *P. pityusensis*. Los pasos se representan mediante un análisis de red (TCS).

Códigos de las poblaciones:

E: *P. p. pityusensis* de Eivissa;

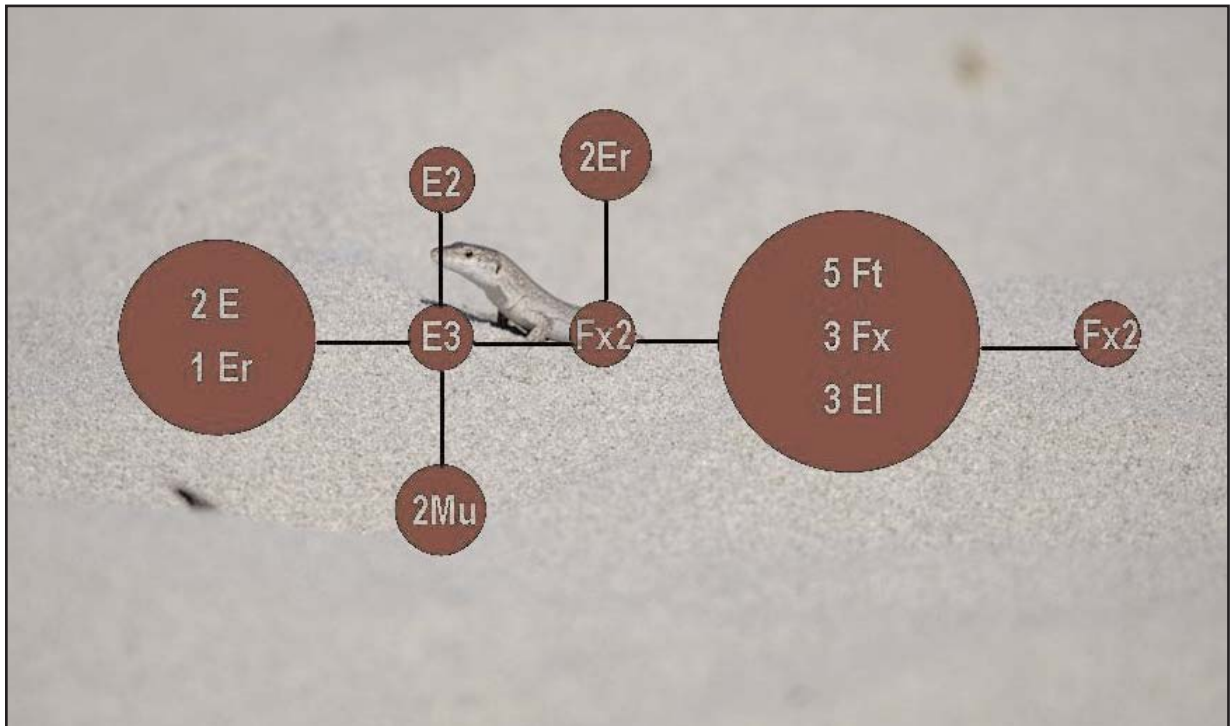
Er *P. p. espardalensis*, de s'Espardell;

Er *P. p. espalmadoris*, de s'Espalmador;

Ft *P. p. grueni* de la punta de Trucadors;

Fx *P. p. formenterae*, de Formentera;

Mu *P. p. pityusensis* de las murallas de Palma



En efecto, hemos dicho más arriba que a finales del Terciario (Mioceno) las dos poblaciones originarias se aislaron debido al desmembramiento de los dos bloques tectónicos que forman el archipiélago balear. Durante el Cuaternario aquellos dos bloques de tierra emergidos sufrieron múltiples modificaciones: la alternancia de glaciaciones con períodos interglaciales incrementaban la superficie de tierra emergida o la sumergían. Así, por ejemplo, durante la penúltima glaciación (Riss, 200.000 años atrás) el nivel del mar llegó a la cota de -130 metros respecto al nivel actual. A continuación tuvo lugar un período interglacial durante el cual el mar ascendió hasta cotas de + 11 metros respecto al nivel actual. Con posterioridad volvió a descender hasta cotas de -110 metros, durante la última glaciación (Wurm, 25.000 años atrás). Durante el holoceno, tras la última glaciación, el mar todavía ascendió un metro respecto a su nivel actual.

Es lógico suponer que durante los períodos glaciales las islas más grandes estuvieron conectadas con los islotes vecinos. Entonces tuvieron lugar recolonizaciones de poblaciones aisladas y mezcla genética (Figura 5). En los períodos interglaciales, en cambio, las subidas del nivel del mar aislaban de

nuevo las poblaciones de los islotes.

La secuenciación de más genes y en más individuos permitirá esclarecer si los haplotipos distintos localizados en alguna población son fruto de translocaciones esporádicas o bien de contactos sucesivos de la población estudiada con poblaciones vecinas durante los períodos glaciales.

Tal como hemos apuntado, para el fragmento secuenciado del gen Citocromo b, las poblaciones de lagartijas pitiusas muestran una considerable homogeneidad genética. En la figura 6 se puede observar el número de pasos mutacionales que presentan diversas poblaciones de *P. pityusensis* representados mediante un análisis de red (TCS). Los círculos representan el número de individuos (cuanto mayor es el círculo más individuos comparten ese haplotipo). Entre cada círculo, el espacio que los separa representa un paso mutacional.

Observando la figura 6 se comprueba que la mayoría de ejemplares de *P. pityusensis* de la isla de Formentera recogidos en la Punta de Trucadors (sbsp. *grueni* y subsp. *formenterae*) se agrupan (círculo grande a la derecha de la figura) con los

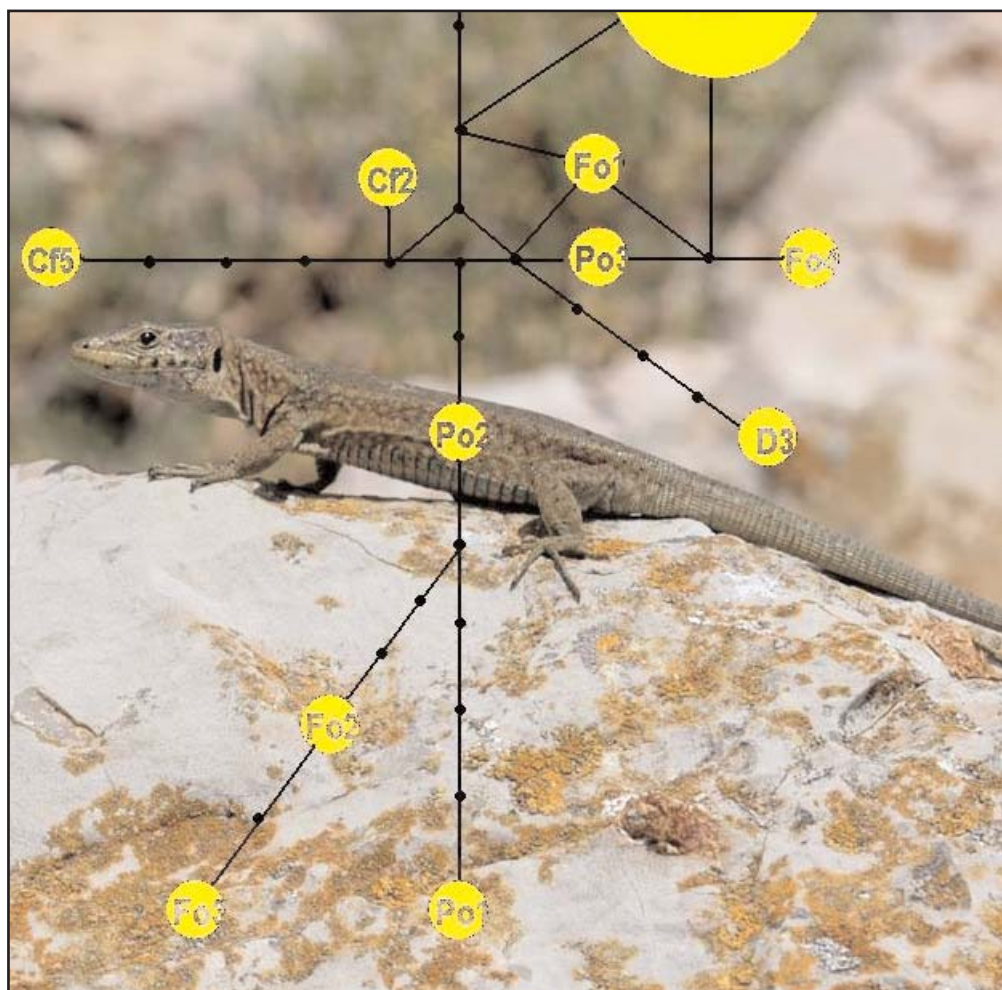


Figura 7. Número de pasos mutacionales entre diversas poblaciones de *P. lilfordi*.

Códigos:

Cp: *P. l. kuligae* de Cabrera mayor

Cf: *P. l. kuligae* de Cabrera mayor

D: *P. l. giglioli* de Dragonera

Po: *P. l. pobrae* de Na Pobra

Fo: *P. l. fahrae* de Na Foradada

Co: *P. l. conejerae* de Conillera.

recogidos en s'Espardell (subsp. *espardellensis*). A cada lado del círculo grande, otros ejemplares de Formentera (subsp. *formenterae*) difieren en un solo paso mutacional.

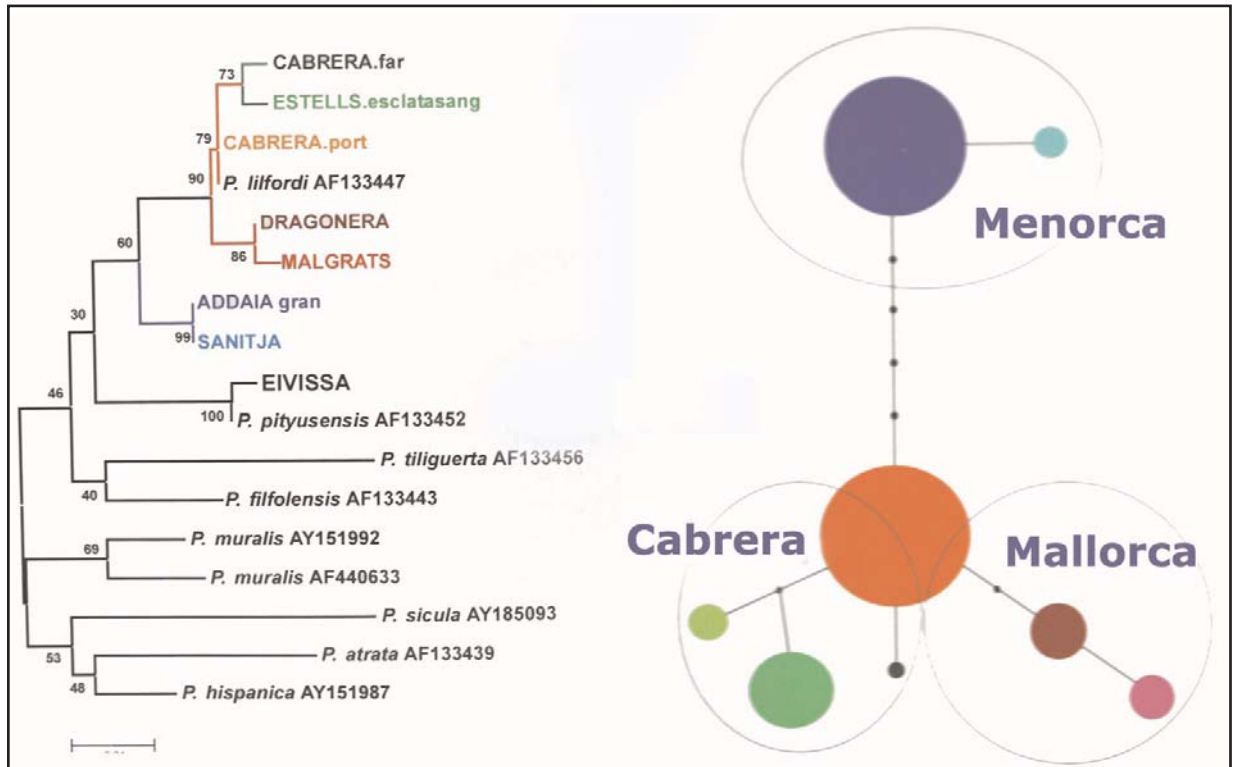
Se comprueba también que los ejemplares introducidos en Mallorca, recogidos en las murallas de Palma, no se sitúan especialmente alejados del resto de poblaciones y, en conjunto, las poblaciones analizadas de lagartija pitiusa no presentan grandes diferencias, tratándose de una filogenia muy clara.

En la figura 7 se representa mediante un análisis de red la comparación del cytb secuenciado en las poblaciones de *P. lilfordi*. La diferencia con *P. pityusensis* es notable. En este caso, la diferencia entre poblaciones es muy elevada, y algunas de ellas se encuentran separadas por un gran número de pasos mutacionales.

Al observar la representación se comprueba entre otros aspectos que los ejemplares de Conillera y Dragonera presentan el mismo haplotipo (círculo grande a la derecha). Pero además aparecen ejemplares de Dragonera con dos haplotipos más distintos también entre ellos, uno más cercano a los secuenciados en Cabrera y otro más parecido a los de Formentera. Al mismo tiempo, poblaciones de la isla mayor de Cabrera, pertenecientes a la subsp. *kuligae*, presentan más de 8 pasos mutacionales.

Los investigadores han destacado que estos primeros resultados apuntan "en primer lugar, la necesidad de analizar más ejemplares, más poblaciones y para más genes, con el objetivo de poder averiguar a qué se debe la gran variabilidad observada". Los primeros resultados obtenidos de la secuenciación del gen Cytb permiten concluir, eso sí, que la división taxonómica realizada en base a caracteres de coloración y número

Figura 8. Haplotipos obtenidos de la secuenciación del gen rRNA-12S (ribosómico) para las poblaciones de *Podarcis lilfordi*. En la figura aparecen representados en un clado y en una red TCS.



de escamas puede ser artificiosa y que las distintas subespecies descritas no llevan aparejadas secuencias génicas que las diferencien claramente entre sí. En este sentido, los caracteres morfológicos como la coloración, que ha servido históricamente como elemento diferenciador entre taxones, no sería más que una adaptación al medio. De hecho, algunos autores ya habían apuntado que el melanismo podría ser simplemente una adaptación térmica o metabólica.

Grandes bloques observados con la secuenciación del rRNA-12S

La secuenciación del gen rRNA-12S (ribosómico) para las poblaciones de *P. lilfordi* han confirmado los datos obtenidos para el Citocromo b, apuntando a una mayor diferencia genética entre poblaciones. En la figura 8 aparecen las poblaciones analizadas y se representan los haplotipos obtenidos distribuidos en un árbol y en una red TCS. En ambos métodos de representación queda claro que las poblaciones de Menorca están diferenciadas del resto de poblaciones de la especie (islotos de Mallorca y Cabrera). Entre las primeras aparece una mutación también clara en la población de Sanitja.

Para el resto de poblaciones quedan diferenciados cuatro grupos respecto de la secuenciación del rRNA-12S. Un gran grupo estaría formado por las poblaciones de Cabrera y los islotos del sur de Mallorca (color anaranjado). Un segundo grupo lo formarían los islotos situados al oeste (Illes Malgrats y sa Porrassa), incluyendo Dragonera (color morado). Un tercer grupo, finalmente, estaría formado por los islotos más meridionales del archipiélago de Cabrera (color verde). Se da la circunstancia de que esta deriva genética de las poblaciones de los islotos meridionales respecto a las poblaciones de la isla de Cabrera podría sustentarse en el hecho de que las poblaciones no se mezclaran con las de la isla mayor durante las glaciaciones del Cuaternario, ya que la profundidad que separa a los islotos es muy elevada.

Así pues, para el gen rRNA-12S las poblaciones de lagartija gimnástica de los islotos de Mallorca no forman una unidad homogénea. Por una parte, las poblaciones de los islotos meridionales se juntan con las de Cabrera; y, por otra, se hallan bien diferenciadas las poblaciones de los islotos situados al oeste.

Proyecto financiado

Título: La evolución en condiciones de insularidad: estudio genético y demográfico de la biodiversidad de las poblaciones de lagartijas baleares.

Referencia: REN2003-08432-C02-01. Ministerio de Ciencia y Tecnología.

Acrónimo: INSULAEVOL.

Inicio: 2003. Final: 2006.

Investigadora responsable

Doctora Misericòrdia Ramon Juanpere, profesora titular de Genética de la UIB

Laboratorio de Genética. Departamento de Biología de la UIB

Edificio Guillem Colom Casasnovas

Tel. 971 17 31 52

E-mail: cori.ramon@uib.es



*De izquierda a derecha:
Arriba, las doctoras Antònia
Picornell y Misericòrdia Ramon*

*Abajo: el doctor José A. Castro y
la profesora Bàrbara Terrasa.*

Miembros del equipo

Antònia Picornell Rigo, profesora titular de Escuela Universitaria de Genética

José Aurelio Castro Ocón, profesor titular de Genética

Bàrbara Terrasa, profesora asociada del área de Genética

Paloma Giménez Carrero, becaria

Publicaciones

B. Terrasa; A. Picornell; J.A. Castro; M.M. Ramon (2004). Genetic variation within endemic *Podarcis* lizards from the Balearic Islands inferred from partial Cytochrome b sequences . *Amphibia-Reptilia* 25: 407-414.

Terrasa B.; Capó, M.C.; Picornell, A.; Castro, J.A.; Ramón, M.M (2004). Endemic *Podarcis* lizards in the Balearic Archipelago studied by means of mtDNA and allozyme variation. In: *The Biology of Lacertid Lizards. Evolutionary and Ecological Perspectives*. Valentín Pérez-Mellado, Núria Riera and Anna Perera (editors), pp 299-313.

Comunicaciones a congresos

Terrasa B., Brown R.P, Castro J.A., Giménez P., Hoskison P., Pérez-Mellado V., Hernández-Estevez JA, Picornell A., Ramon M.M. (2005). Genetic diversity of *Podarcis lilfordi* in the Balearic islands. Fifth World Congress of Herpetology. Stellenbosch (República de Sudáfrica).

Terrasa B. Giménez P., Pérez-Mellado V., Picornell A., Brown R.P., Castro J.A., Ramon M.M. (2005). Assessment of the utility of 12S rRNA as a phylogeographic marker for *Podarcis lilfordi* in the Balearic archipelago. 10 th. Congress of European Society for Evolutionary Biology. Kraków (Polonia).