



RESUM DE LA II JORNADA DE RECERCA AL PARC NACIONAL DE CABRERA

Filogeografia de les sargantanes dels illots de Cabrera

Dra. Bàrbara Terrasa Pont, departament de Genètica de la Universitat de les Illes Balears

Les sargantanes pertanyen a la família dels lacèrtids (Lacertidae), que ocupen la zona Paleàrtica occidental i que actualment s'estén a la major part d'Àsia, Europa i el nord d'Àfrica. *Podarcis* és un gènere monofilètic d'aquesta família i la datació del seu origen s'estima entre 20 (amb dades immuològiques) i 10 milions d'anys (amb dades genètiques). És la fauna herpetològica predominant de la conca Mediterrània i actualment se'n reconeixen unes 25-30 espècies, la major part d'elles es troben a la Mediterrània occidental. Les espècies d'aquest gènere es caracteritzen per una alta variabilitat morfològica intraespecífica i una baixa variabilitat interespecífica.

En el gènere *Podarcis*, filogenèticament es poden diferenciar en quatre grans grups: i) el format pel complex d'espècies que habita la península Ibèrica; ii) el grup de les espècies distribuïdes a les illes de la Mediterrània occidental; iii) el grup de les sargantanes italianes; i iv) el grup d'espècies de les illes de l'est de la Mediterrània.

A les Illes Balears hi trobam dues espècies endèmiques: la sargantana balear (*Podarcis lilfordi*), que habita les illes i illots que envolten Mallorca i Menorca i també a totes les illes i illots de l'arxipèlag de Cabrera, i la sargantana Pitiüsa (*P. Pityusensis*) que habita les illes d'Eivissa i Formentera i els illots que les envolten. Es rellevant destacar que les dues espècies balears, filogenèticament, s'agrupen amb les espècies de sargantanes de Malta (*P. Filfolensis*), de Còrsega i de Sardenya (*P. Tiliguerta*).



Amb l'objectiu de conèixer l'estructura genètica de *P. lilfordi*, que és la sargantana present a Cabrera, s'han mostrejat 43 localitats, les quals pertanyen a 41 poblacions; de Cabrera Gran s'han recol·lectat tres localitats diferents (na Miranda, zona del port i zona del far d'Ensiola). Les anàlisis moleculars realitzades han estat la seqüenciació dels següents fragments del gens d'ADN mitocondrial: citocrom *b* (*cytb*), nicotinamida adenina dinucleòtid (*NADH*), l'ARN Ribosòmic 12S (*RNA-12s*) i un fragment de la regió control de la mitocòndria. Totes les seqüències d'ADN obtingudes estan annexades a la base de dades genòmica internacional, *Genbank*. Les anàlisis filogenètiques utilitzades han estat: xarxes haplotípiques, model evolutiu i inferència genètica. També s'ha estimat el temps de divergència entre els diferents grups, els paràmetres de diversitat, l'estructura poblacional, els esdeveniments demogràfics històrics, les taxes d'evolució i neutralitat i, finalment, les taxes històriques de migració.

S'han obtingut quatre xarxes haplotípiques no connectades, les quals coincideixen amb els quatre clades que resulten de l'arbre filogenètic. En base a aquests resultats, *P. lilfordi* s'estructura en quatre grans grups, tots ells monofilètics i molt ben definits: clade A (illes i illots que envolten Menorca), clade B (illes de l'oest: Dragonera, illes Malgrat i Toro), clade C (Illots del sud de Mallorca, illots del freu de Cabrera i Cabrera Gran) i clade D (Cabrera Gran, els illots que l'envolten i els Estells). És de destacar que a l'arxipèlag de Cabrera, i també a Cabrera Gran, s'hi troben de manera simpàtrica els dos clades, el C i el D, i que entre ells presenten un nombre significatiu de passes mutacionals.

També es rellevant destacar que cada un dels tres haplotips de l'illot del Colomer (nord de Mallorca) està separat dels altres per un mínim de deu passes mutacionals, i encara que geogràficament estan ben distants de l'arxipèlag de Cabrera no mostren una separació genètica significativa. Els haplotips de l'illot de sa Porrassa (badia de Palma) són molts semblants dels de na Pobra (Cabrera), la qual cosa fa pensar en possibles introduccions antropocèniques. Les poblacions de sargantana de les illes del sud de Mallorca (na Guàrdia, na Moltona, na Pelada i s'illot d'en Curt) són molt monomòrfiques, amb molt poca variabilitat i totes elles



s'agrupen en dos haplotips, un d'ells majoritari i l'altre present només puntualment, segurament a causa d'introgressions humanes.

Referent al clade D és de destacar l'alta diferenciació que presenten algunes poblacions dels Estells, concretament entre els haplotips de l'Estell Xapat, de s'Esclata-sang i el de Fora que estan a moltes passes mutacionals de la resta de poblacions. També hem de mencionar la gran diversitat haplotípica que presenta la població de Cabrera Gran. Aquesta alta variabilitat s'ha relacionat amb la possibilitat que Cabrera Gran servís de reservori genètic durant els períodes glacials, moment en el qual les condicions d'alguns illots no era satisfactori, entre altres motius perquè el nivell de la mar era prou elevat com per cobrir la totalitat d'alguns dels illots.

En general, les sargantanes de l'arxipèlag de Cabrera presenten una variabilitat genètica, inter i intrapoblacional, molt elevada comparada amb altres sargantanes del gènere *Podarcis* de la Mediterrània, la qual cosa és un factor molt positiu de cara a possibles adaptacions futures com a resposta als canvis ambientals, i concretament al canvi global.

Pel que fa a la migració històrica entre els grups, no s'ha trobat cap tipus de migració entre Menorca, illes de l'oest de Mallorca i Cabrera. Únicament s'ha trobat una migració entre els dos clades de Cabrera, sobretot de sud cap a nord. Aquest fet podria confirmar el fet que Cabrera Gran va actuar de reservori genètic durant les glaciacions i la posterior repoblació dels illots a partir de l'illa gran.

S'ha dut a terme una estimació de la separació entre els clades, amb anàlisi bayesiana. S'ha estimat el node de separació de *P. lilfordi* i *P. pityusensis*, que s'ha considerat que està entre els 5,32 i 5,33 milions d'anys, i a partir d'aquí s'ha pogut calcular el temps de separació dels altres clades. Els resultats obtinguts han estat que el clade A (Menorca) es va separar de la resta de clades fa uns 2,6 milions d'anys, coincidint amb el final del pliocè, en una època on es va produir un canvi en tota la fauna de la Mediterrània. El clade B, de les illes de l'oest, se separa de la resta fa uns 2 milions d'anys, coincidint amb el final de la glaciació del Donau. Finalment, la separació dels nodes nord i sud s'ha datat en 1,2 milions d'anys, tot i



que seria necessari analitzar més mostres per tenir uns resultats més rigorosos. Aquesta darrera separació coincideix, curiosament, amb la separació dels clades poblacionals de les sargantanes d'Eivissa i Formentera.

En conclusió, es pot dir que la sargantana balear (*P. lilfordi*) té quatre grans llinatges importants i proporciona un punt de partida pel reconeixement de poblacions matrilineals úniques i, per tant, s'haurien de reconèixer quatre grups genètics en els objectius de conservació. També és molt significatiu considerar l'alta diversitat intraespecífica, només en el clade C hi trobam tres llinatge ben diferenciats.

A petita escala, són evidents diverses poblacions restringides geogràficament amb històries d'ADN mitocondrial úniques que també podrien ser qualificades com a Unitats Evolutivament Significatives (ESU). Aquests inclouen les poblacions del Toro, les del Colomer i les dels Estells.

