

RESUMEN DE LA II JORNADA DE INVESTIGACIÓN EN EL PARQUE NACIONAL DE CABRERA

Filogeografía de las lagartijas de los islotes de Cabrera

Dra. Bàrbara Terrasa Pont, departamento de Genética de la Universitat de les Illes Balears.

Las lagartijas pertenecen a la familia de los lacértidos (Lacertidae), que ocupan la zona Paleártica occidental y que actualmente se extiende a la mayor parte de Asia, Europa y el norte de África. *Podarcis* es un género monofilético de esta familia y la datación de su origen se estima entre 20 (con datos inmunológicos) y 10 millones de años (con datos genéticos). Es la fauna herpetológica predominante de la cuenca Mediterránea y actualmente se reconocen unas 25-30 especies, la mayor parte de ellas se encuentran en el Mediterráneo occidental. Las especies de este género se caracterizan por una alta variabilidad morfológica intraespecífica y una baja variabilidad interespecífica.

En el género *Podarcis*, filogenéticamente se pueden diferenciar cuatro grandes grupos: i) el formado por el complejo de especies que habita la península Ibérica; ii) el grupo de las especies distribuidas en las islas del Mediterráneo occidental; iii) el grupo de las lagartijas italianas; y iv) el grupo de especies de las islas del este del Mediterráneo.

En las Illes Balears encontramos dos especies endémicas: la lagartija balear (*Podarcis lilfordi*), que habita las islas e islotes que rodean Mallorca y Menorca y también en todas las islas e islotes del archipiélago de Cabrera; y la lagartija pitiusa (*P. pityusensis*) que habita las islas de Ibiza y Formentera y los islotes que las rodean. Cabe destacar que las dos especies baleares, filogenéticamente, se agrupan con las especies de lagartijas de Malta (*P. filfolensis*), de Córcega y de Cerdeña (*P. tiliguerta*).

Con el objetivo de conocer la estructura genética de *P. lilfordi*, que es la lagartija presente en Cabrera, se han muestreado 43 localidades, las cuales pertenecen a 41 poblaciones; de Cabrera Gran se han recolectado en tres localidades diferentes (na Miranda, zona del puerto y zona del faro de Ensiola). Los análisis moleculares realizados han sido la secuenciación de los siguientes fragmentos del gen de ADN mitocondrial: citocromo *b* (*Cytb*), nicotinamida adenina dinucleótido (*NADH*), el ARN ribosomal 12S (*RNA-12s*) y un fragmento de la región control de la mitocondria. Todas las secuencias de ADN obtenidas están anexadas en la base de datos genómica internacional, *GenBank*. Los análisis filogenéticos utilizados han sido: redes haplotípicas, modelo evolutivo e inferencia genética. También se ha estimado el tiempo de divergencia entre los diferentes grupos, los parámetros de diversidad, la estructura poblacional, los eventos demográficos históricos, las tasas de evolución y neutralidad y, finalmente, las tasas históricas de migración.

Se han obtenido cuatro redes haplotípicas no conectadas, las cuales coinciden con los cuatro clados que resultan del árbol filogenético. En base a estos resultados, *P. lilfordi* se estructura en cuatro grandes grupos, todos ellos monofiléticos y muy bien definidos: clado A (islas e islotes que rodean Menorca), clado B (islas del oeste: Dragonera, islas Malgrats y Toro), clado C (islotes del sur de Mallorca, islotes del estrecho de Cabrera y Cabrera Gran) y clado D (Cabrera Gran, los islotes que la rodean y los Estells). Cabe destacar que en el archipiélago de Cabrera, y también en Cabrera Gran, se encuentran de manera simpátrica los dos clados, el C y el D, y que entre ellos presentan un número significativo de pasos mutacionales.

También es relevante destacar que cada uno de los tres haplotipos del islote del Colomer (norte de Mallorca) está separado de los demás por un mínimo de diez pasos mutacionales, y aunque geográficamente están bien distantes del archipiélago de Cabrera no muestran una separación genética significativa. Los haplotipos del islote de sa Porrassa (bahía de Palma) son muy parecidos a los de na Pobra (Cabrera), lo que hace pensar en posibles introducciones antropogénicas. Las poblaciones de lagartija de las islas del sur de Mallorca (na

Guardia, na Moltona, na Pelada y S'Illot d'en Curt) son muy monomórficas, con muy poca variabilidad y todas ellas se agrupan en dos haplotipos, uno de ellos mayoritario y el otro presente sólo puntualmente, seguramente debido a introgresiones humanas.

Referente al clado D es de destacar la alta diferenciación que presentan algunas poblaciones de los Estells, concretamente entre los haplotipos del Estell Xapat, del Esclata-sang y el de Fora que están a muchos pasos mutacionales del resto de poblaciones. También debemos mencionar la gran diversidad haplotípica que presenta la población de Cabrera Gran. Esta alta variabilidad se ha relacionado con la posibilidad de que Cabrera Gran sirviera de reservorio genético durante los períodos glaciares, momento en el que las condiciones de algunos islotes no eran satisfactorias, entre otros motivos porque el nivel del mar era bastante elevado como para cubrir la totalidad de algunos de los islotes.

En general, las lagartijas del archipiélago de Cabrera presentan una variabilidad genética, inter e intrapoblacional, muy elevada comparada con otras lagartijas del género *Podarcis* del Mediterráneo, lo que es un factor muy positivo de cara a posibles adaptaciones futuras como respuesta a los cambios ambientales, y concretamente al cambio global.

En cuanto a la migración histórica entre los grupos, no se ha encontrado ningún tipo de migración entre Menorca, islas del oeste de Mallorca y Cabrera. Únicamente se ha encontrado una migración entre los dos clados de Cabrera, sobre todo de sur hacia el norte. Este hecho podría confirmar el hecho de que Cabrera Gran actuó de reservorio genético durante las glaciaciones y la posterior repoblación de los islotes a partir de la isla grande.

Se ha llevado a cabo una estimación de la separación entre los clados, con análisis bayesiano. Se ha estimado el nodo de separación de *P. lilfordi* y *P. pityusensis*, que se ha considerado que está entre los 5,32 y 5,33 millones de años, y a partir de ahí se ha podido calcular el tiempo de separación de los otros clados. Los resultados obtenidos han sido que el clado A (Menorca) se separó del resto de clados hace unos 2,6 millones de años, coincidente con el final del Plioceno, en una época

donde se produjo un cambio en toda la fauna del Mediterráneo. El clado B, de las islas del oeste, se separa del resto hace unos 2 millones de años, coincidiendo con el final de la glaciación del Donau. Finalmente, la separación de los nodos norte y sur se ha datado en 1,2 millones de años, aunque sería necesario analizar más muestras para tener unos resultados más rigurosos. Esta última separación coincide, curiosamente, con la separación de los clados poblacionales de las lagartijas de Ibiza y Formentera.

En conclusión, se puede decir que la lagartija balear (*P. lilfordi*) tiene cuatro grandes linajes importantes y proporciona un punto de partida para el reconocimiento de poblaciones matrilineales únicas y, por tanto, deberían reconocerse cuatro grupos genéticos en los objetivos de conservación. También es muy significativo considerar la alta diversidad intraespecífica, sólo en el clado C encontramos tres linajes bien diferenciados.

A pequeña escala, son evidentes varias poblaciones restringidas geográficamente con historias de ADN mitocondrial únicas que también podrían ser calificadas como Unidades Evolutivamente Significativas (ESU). Estos incluyen las poblaciones del Toro, las del Colomer y las de los Estells.

