

# L'anàlisi genètica apunta que les sargantanes balear i pitiüsa han evolucionat separadament des de fa cinc milions d'anys

PARAULES CLAU:  
*Podarcis*, Illes Balears, mtDNA, c-mos, paràmetres demogràfics

Els primers resultats sobre la base de la seqüenciació d'una regió de DNA mitocondrial (Cytb) no avalen la separació actual en subespècies realitzades pels taxònoms. El nivell de variabilitat genètica és molt més elevat en *P. lilfordi* que en *P. pityusensis*

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



Exemplar de *Podarcis lilfordi* d'Addaia (Menorca).

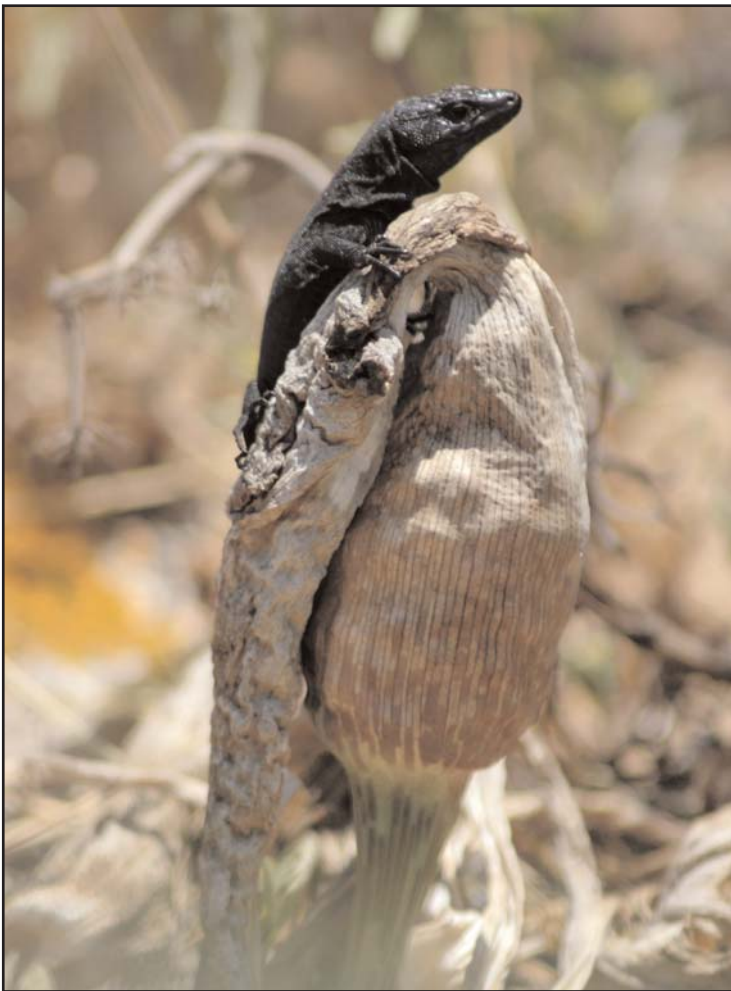
\* Totes les imatges han estat realitzades per la professora Bàrbara Terrasa

## Introducció

Els organismes endèmics, és a dir, aquells que només estan localitzats en una àrea geogràfica molt concreta, han despertat històricament la passió dels zoòlegs i dels botànics. La raresa d'aquests organismes i la seva fragilitat en la majoria dels casos no són les úniques raons d'aquest interès. Davant aquests

organismes assalten l'especialista, i també el profà, les mateixes preguntes: com va arribar fins aquí aquest organisme? Què ha passat perquè sigui tan diferent dels que habiten en territoris veïns? Dit d'una altra manera, els organismes endèmics ens porten a interrogar-nos sobre els mecanismes de l'especiació i l'evolució.

El desenvolupament de les tècniques de biologia molecular, i en concret la seqüenciació del DNA, ha obert tot un ventall de possibilitats per respondre aquestes i d'altres preguntes. Els taxònoms, és a dir, els especialistes a classificar els organismes i diferenciar unes espècies de les altres, disposen ara, a més dels criteris morfològics, reproductius, bioquímics i ecològics, de criteris genètics per ajudar-los en la tasca d'acotar una espècie. Però no sols això, l'estudi



Exemplar de Podarcis lilfordi de l'illa de l'Aire (Menorca).

del DNA d'un conjunt de poblacions d'un organisme, o de poblacions d'organismes molt semblants, permet comparar-los i traçar un arbre genealògic: establir quines poblacions estan genèticament més properes i quines més allunyades. Al cap i la fi, aquesta distància genètica entre poblacions ens pot informar del temps de separació entre aquestes, a partir d'un avantpassat comú.

## Les sargantanes de les illes Balears

Les sargantanes de les illes Balears constitueixen un cas paradigmàtic de tot el que acabam de dir. A mitjan segle XIX, Lord Lilford, un ornitòleg anglès, recollí una sèrie de sargantanes a l'illa de l'Aire (Menorca). L'estudi d'aquests exemplars, a càrrec de l'herpetòleg alemany doctor Gunther, acabà amb la descripció d'una nova espècie: *Lacerta lilfordi*, el nom de la qual es va canviar l'any 1973 per *Podarcis lilfordi*.

Amb posterioritat es comprovà que aquesta espècie és present a Menorca i als seus illots i també en alguns illots de Mallorca, però no en aquesta illa. Aquesta absència de sargantanes a Mallorca és deguda, segons els investigadors, al fet que foren extingides quan arribà l'home. Concretament, alguns investigadors pensen que foren els romans qui, amb la introducció de fauna al·lòctona i sobretot mostels, provocaren l'extinció de les sargantanes. L'absència de predadors als illots garantí el manteniment de les poblacions dels rèptils.

Paral·lelament, es trobà una altra sargantana a les Pitiüses i als seus illots. En termes generals, és més petita que la de les Gimnèsies, amb les escates més grosses i carenades, i fou descrita com a espècie distinta: *Podarcis pityusensis*.

Ambdues sargantanes presenten una gran variabilitat en determinats caràcters: coloració, nombre d'escates, mida d'algunes parts del cos (cap, coll, cua, extremitats, etc.). Aquest fet provocà que els taxònoms en descrivissin una subespècie per cada població que es diferenciava de la resta per aquests criteris morfològics.

S'han descrit set subespècies diferents de sargantana gimnèsica als illots de Menorca, cinc als de Mallorca i deu a les illes i els illots de l'arxipèlag de Cabrera.

La variabilitat que mostra la sargantana de les Pitiüses també ha donat lloc a la descripció de quaranta formes distintes amb categoria de subespècie.

Sobre aquestes poblacions descrites, l'opinió dels diferents zoòlegs que les han estudiades no és ni molt



*sicula*, que viu a Menorca. Atès que els exemplars menorquins no es diferencien gaire dels de les poblacions de Sardenya, tot indica que es tracta d'una introducció. La mateixa espècie també s'ha trobat en altres ciutats portuàries.

D'altra banda, a Menorca també hi viu la sargantana mora, *Podarcis vaucheri*, procedent del nord d'Àfrica. L'illa constitueix l'única localitat europea on habita aquesta espècie a causa d'una introducció.

A aquestes cal afegir encara la presència de la sargantana pitiüsa en algunes localitats mallorquines: a la badia de Palma, concretament a les murades de Palma i a Illetes, també a cala Rajada i a Formentor. Tot i que va ser descrita fins i tot com a subespècie diferenciada, l'opinió unànime dels especialistes és que es tracta de poblacions introduïdes que no es diferencien de la *P. pityusensis* típica.

*Podarcis lilfordi*  
*d'Addaia*.

menys unànime. Les revisions fetes, primer per A. M. Cirer (1981) que estableix només set grups per a *P. pityusensis* i posteriorment per A. Salvador (1983) que n'estableix vint-i-un, varen reduir considerablement el nombre de grups, però amb diferències de criteris entre ells.

L'existència de poblacions separades per la mar, constituïda com a barrera a la barreja geogràfica i genètica, ha estat un reclam per a molts d'herpetòlegs i col·leccionistes i, tot i que semblava mentida, això ha estat negatiu per a les poblacions.

### Altres sargantanes i les introduccions

Cal dir que a les illes Balears habiten dues espècies més de *Podarcis* que no són endèmiques. Es tracta, en primer lloc, de la sargantana italiana, *Podarcis*

Al llarg de més d'un segle s'han realitzat captures en poblacions molt fràgils. Alguns exemplars es feren passar per habitants d'illots quan en realitat no ho eren, i es realitzaren introduccions incontrolades. Això fa encara més difícil destriar realment quina ha estat la història de les sargantanes balears, com s'han originat i, sobretot, destriar quines poblacions són realment les



*Sargantana de*  
*l'illa del Rei*.



morfològiques i característiques pròpies d'una determinada població i quines són les d'exemplars introduïts.

En tot cas, les grans preguntes persisteixen sense resoldre: quin organisme va arribar i des d'on i què va passar després perquè d'aquell colonitzador se'n derivassin poblacions (subespècies o races) completament distintes? Per què no s'ha trobat *Podarcis lilfordi* a Mallorca i sí en alguns dels seus illots? Les sargantanes de les Gimnèsies i Pitiüses poden ser considerades espècies distintes? I en cada una, existeixen raons genètiques de pes per poder considerar amb categoria de subspècie tantes poblacions només basant-se en els criteris morfològics abans esmentats?

### Un pas definitiu: les tècniques moleculars

Les noves tècniques moleculars posades al servei de la taxonomia i la biogeografia comencen a fer reconsiderar hipòtesis que durant molt de temps s'havien considerat certes. I el cas de les sargantanes de les Illes Balears no n'és una excepció, com veurem. A principis dels anys vuitanta el Laboratori de Genètica del Departament de Biologia de la Universitat de les Illes Balears ja va assajar una aproximació molecular a l'estudi de les poblacions de sargantanes de les Illes Balears. Les tècniques per a l'estudi del DNA, no obstant això, no estaven encara desenvolupades, i aquesta aproximació es féu mitjançant l'estudi de proteïnes.

*Exemplar de P. pityusensis de la Punta de Trucadors de Formentera.*

El desenvolupament de les tècniques per a la seqüenciació del DNA ha possibilitat que des de l'any 2003 el grup de recerca integrat pels doctors Misericòrdia Ramon, Antònia Picornell, José Aurelio Castro i la doctoranda Bàrbara Terrasa hagi pogut reprendre l'estudi. Als investigadors de la UIB s'han d'afegir el doctor Valentín Pérez Mellado, herpetòleg i professor de la Universitat de Salamanca, i el doctor Richard Brown, herpetòleg de la Universitat de Liverpool; ambdós grups genètics i herpetòlegs duen a terme aquest projecte de recerca coordinat entre dues universitats, la UIB i la Universitat de Salamanca, amb el finançament del Ministeri de Ciència i Tecnologia.



### Les sis regions de DNA estudiades

Un dels materials més adequats per estudiar la variabilitat genètica d'una població d'organismes és el DNA mitocondrial. És sabut que el DNA (àcid desoxirribonucleic) és una molècula que porta codificada tota la informació relativa a l'organisme. El DNA més conegut és el nuclear, organitzat en cromosomes que es distribueixen en parells homòlegs al nucli de les cèl·lules.

A les cèl·lules eucariotes la major part del material genètic es troba a l'interior del nucli, però també alguns orgànuls del citoplasma tenen DNA. És el cas del mitocondri, una petita central energètica on es duu a terme la respiració cel·lular: la fosforilació oxidativa

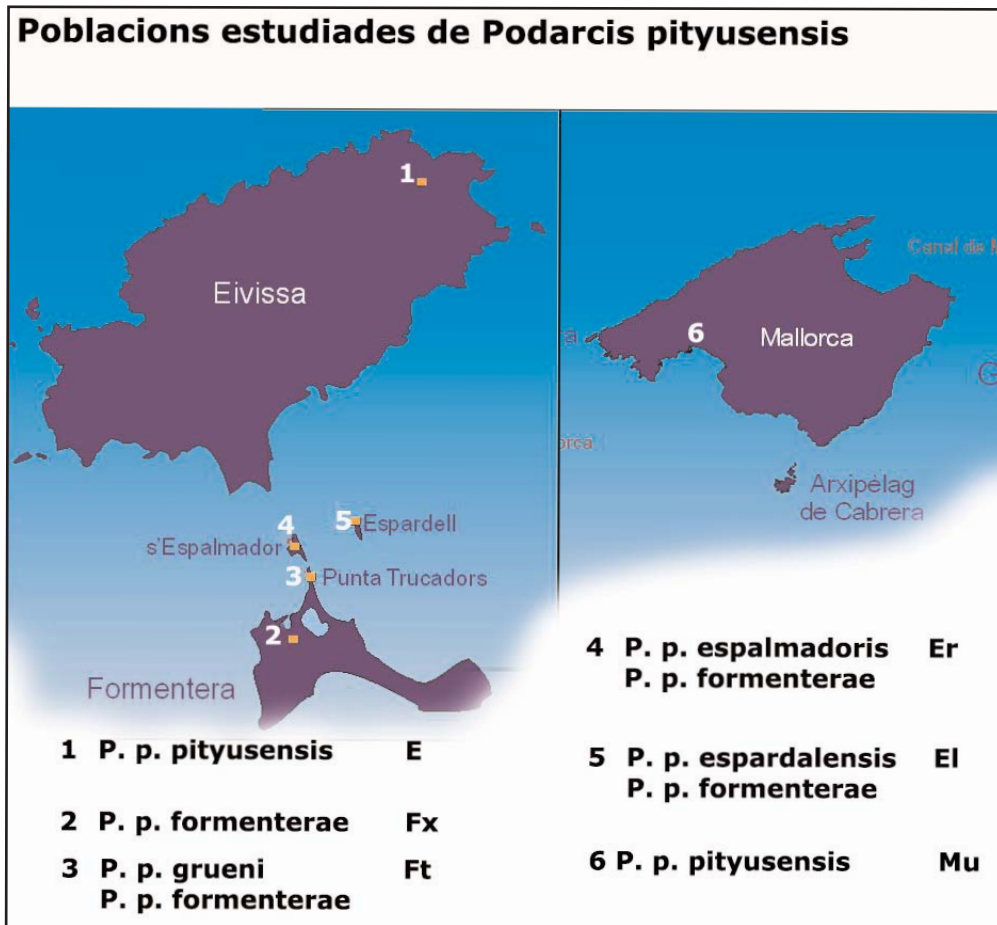


Figura 1.  
Poblacions estudiades de *P. pityusensis*.

1. E = Eivissa

2.. Fx =  
Formentera

3. Ft = Punta de  
Trucadors de  
Formentera

4. Er =  
Espalmador

5. El = Espardell

6. Mu = Murades  
de Palma

dels nutrients per aconseguir les anomenades molècules energètiques (ATP principalment), que són una espècie de moneda que fa funcionar tot el metabolisme.

El mitocondri, no obstant això, té el seu propi DNA: una molècula circular d'uns 17.000 parells de bases que té una taxa d'evolució ràpida, sobretot a la regió anomenada hipervariable. Aquesta molècula conté els gens necessaris, en coordinació amb el nucli, per poder realitzar les tasques bàsiques de l'òrganul: la síntesi de proteïnes i la fosforilació oxidativa. Les petites dimensions i la facilitat d'aïllament del DNA mitocondrial el converteixen en un material d'estudi excel·lent. A més, el DNA mitocondrial té una característica que el fa especialment interessant des del punt de vista de l'evolució i de la genètica de les poblacions: solament s'hereta per via materna.

El seu estudi en el cas de qualsevol espècie permet detectar els anomenats polimorfismes: distints tipus de DNA mitocondrial que es presenten en una mateixa espècie i que corresponen a distints llinatges. Partint d'un nombre de genomes mitocondrials procedents de poblacions d'un organisme, és possible comparar-los i traçar un arbre genealògic de l'espècie. A les arrels d'aquest arbre s'hi troben els primers mitocondris, les primeres femelles, de les quals descendeixen la resta d'individus de l'espècie.

El projecte iniciat l'any 2003 té com a objectiu la seqüenciació de sis regions del DNA mitocondrial i una regió del DNA nuclear. Entre les regions de DNA mitocondrial, els investigadors han seqüenciat el gen del citocrom b (Cytb), possiblement el gen que més s'ha seqüenciat en els vertebrats i els rèptils. La dinàmica evolutiva del gen Cytb i la bioquímica del

producte proteic estan ben caracteritzades, la qual cosa el fa molt apropiat per a aquest tipus d'estudi. El Cytb pot estar molt saturat en llocs sinònims, i per aquesta raó la informació filogenètica que proporciona aquest gen és més útil per establir relacions properes.

Tot i que ja hi ha uns primers resultats sobre la base de la seqüenciació del gen del citocrom b, fins que els investigadors no disposin de la informació que els proporcioni la seqüenciació i comparació de les altres regions estudiades, no es podran tenir resultats definitius. La resta de regions estudiades de DNA mitocondrial són fragments del NADH1 i del NADH2; un fragment de la regió control; el rRNA-12S (ribosòmic) i el t-RNA (de transferència) per a la síntesi dels aminoàcids metionina, isoleucina i glutamina. Quant al DNA nuclear, el projecte inclou la seqüenciació del gen c-mos, un protooncogèn que produeix una proteïna de tipus quinasa, d'aproximadament 39 kilodaltons de mida, amb una alta taxa d'expressió a les cèl·lules germinals, que és clau en la regulació del procés meiótic.

a un total de 29 poblacions, les de *P. lilfordi* de Menorca, que inclouen tots els illots, i les poblacions de Mallorca (a excepció de les de l'illot del Colomer), mentre que la pròxima primavera s'ampliaran les captures realitzades de *P. pityusensis* als diversos illots d'Eivissa i Formentera. En l'actualitat, d'aquesta espècie s'han seqüenciat els gens esmentats per a vuit poblacions.

### Els resultats preliminars en la seqüenciació del Cytb

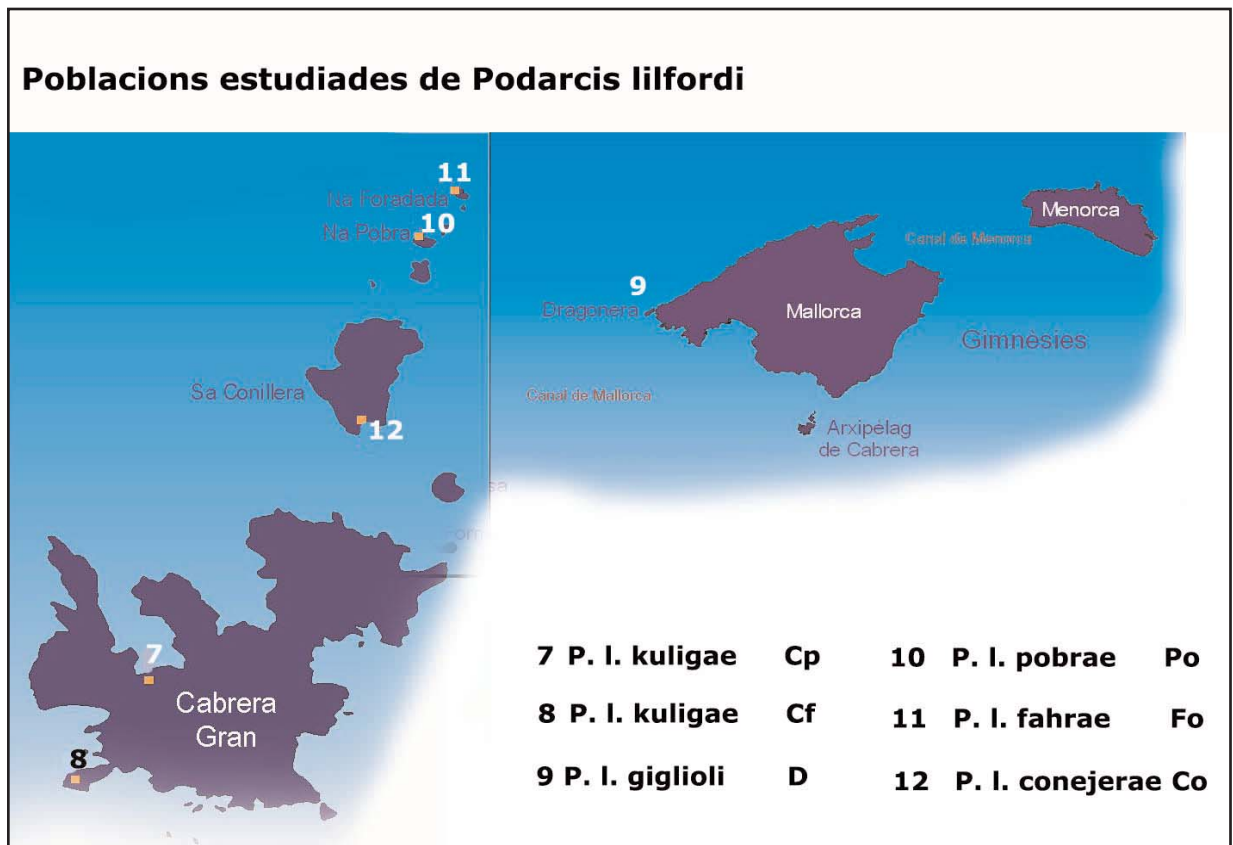
Com a treball previ els investigadors han determinat la variabilitat d'un fragment de la seqüència del gen citocrom b d'algunes poblacions de *Podarcis lilfordi* i *Podarcis pityusensis* i altres espècies del gènere *Podarcis*, amb la finalitat de mesurar el nivell de diversitat genètica, establir les relacions filogenètiques, intentar aclarir la sistemàtica subespecífica i poder comparar el nivell de variabilitat amb altres espècies de *Podarcis*.

En l'actualitat el grup ha seqüenciat aquests gens per

El treball ha consistit en l'extracció del DNA total en

Figura 2. Poblacions estudiades de *P. lilfordii*

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



dotze poblacions de sargantanes, sis de *Podarcis lilfordi* i altres sis de *Podarcis pityusensis*. El material emprat és un fragment de la cua dels animals, que després es torna a regenerar. A partir d'aquesta extracció són diversos els gens que se seqüencien, com hem apuntat més amunt, però els primers resultats es refereixen al gen del citocrom b.

Els resultats s'han comparat també amb els recollits per altres autors en espècies emparentades: *Podarcis hispanica* (península Ibèrica); *Podarcis muralis* (Europa); i *Podarcis filfolensis* (illa de Malta). Cal tenir en compte que el gènere *Podarcis* està representat a Europa i a la conca mediterrània per un total de 18 espècies.

A les figures 1 i 2 es poden observar les poblacions estudiades de sargantana de les Gimnèsies i de les Pitiüses.

En total, els investigadors de la UIB han seqüenciat el gen del citocrom b per a 52 exemplars: 23 de *Podarcis pityusensis*, 24 de *P. lilfordi* i 5 d'altres espècies de *Podarcis*. També es va seqüenciar el mateix gen per a *Lacerta agilis* a efectes comparatius. D'aquesta manera s'aconseguien 19 haplotips per a *P. lilfordi* i 8 per a *P. pityusensis*.

Aquests 27 haplotips (8 en *P. pityusensis* i 19 en *P.*

*lilfordi*) s'agrupen en dos grans clades. Un d'aquests comprèn tots els haplotips de *P. lilfordi* i l'altre tots els de *P. pityusensis*, la qual cosa confirma l'existència de les dues espècies i l'origen monofilètic de cada una d'elles. Dit d'una altra manera, totes les *P. lilfordi* conformen un llinatge genètic separat de les *P. pityusensis*, que en conformen un altre de ben definit.

Ateses les taxes de mutació del citocrom b (d'un 2 per cent per cada milió d'anys), els resultats obtinguts sobre la divergència nucleotídica entre *P. lilfordi* i *P. pityusensis* suggereixen que els avantpassats de les dues formes actuals s'aïllaren durant el desmembrament dels dos blocs tectònics que conformen l'arxipèlag, fa uns cinc milions d'anys.

La informació obtinguda d'analitzar la divergència nucleotídica respecte al Cytb de les dues espècies coincideix amb les hipòtesis més acceptades sobre la separació de les Balears al final del Terciari. Així, doncs, durant el Miocè (5,7 milions d'anys enrere) una única espècie de sargantana degué habitar les terres emergides del promontori balear, aleshores unit a la Bètica (figura 3). Durant l'anomenada crisi messiniana, el promontori es va separar en dos grans blocs de terra: la gran Gimnèsia i la gran Pitiüsa. Aleshores, les poblacions d'una mateixa espècie quedaren aïllades (figura 4).



Figura 3. Durant el Miocè (5,7 milions d'anys enrere) una única espècie de sargantana degué habitar les terres emergides del promontori balear, aleshores unit a la Bètica.



Figura 4. Durant l'anomenada crisi messiniana, el promontori es va separar en dos grans blocs de terra: la gran Gimnèsia i la gran Pitiusa. Aleshores, les poblacions d'una mateixa espècie quedaren aïllades.



#### L'homogeneïtat de *P. pityusensis* i la variabilitat de *P. lilfordi*

El segon resultat més destacable és la confirmació que el nivell de variabilitat intra i interpoblacional és molt més elevat en el cas de *P. lilfordi* que de *P. pityusensis*, és a dir, les poblacions de *P. pityusensis* estudiades són molt més semblants genèticament entre si que en el cas de *P. lilfordi*. Una de les possibles raons que podria explicar aquesta similitud genètica entre les distintes poblacions de la sargantana pitiusa rau en l'hàbitat, gairebé homogeni en totes les poblacions. Al contrari, les poblacions de sargantana de les Gimnèsies mostren moltes més diferències genètiques entre si, tot i que aquesta diferència no es correspon amb les diferències morfològiques (melanisme, nombre d'escates, etc.) que han servit als herpetòlegs per descriure taxons separats al nivell de subespècie.

La seqüenciació de la resta dels gens mitocondrials i nuclears es fa necessària, doncs, per establir quines poblacions es fan mereixedores, segons la informació genètica obtinguda, de mantenir-se com a taxons diferenciats de l'espècie típica. Tot i que els resultats

obtinguts de la seqüenciació i comparació del gen del Cytb no són suficients per fer-ho, sí que apunten al fet que en una mateixa població, teòricament pertanyent a una subespècie determinada, conviuen diversos haplotips. Un cas paradigmàtic d'aquest fet es troba a sa Dragonera, illa on teòricament habita *P. lilfordi* subsp. *giglioli* Bedriaga 1879, on investigadors han pogut recollir exemplars que presenten un haplotip idèntic als exemplars recollits a l'illot de Conillera (Cabrera) corresponents a *P. lilfordi* subsp. *conejeræ* Müller 1927.

El investigadors han comprovat com exemplars de *P. lilfordi* que presenten un aspecte exterior idèntic, amb la mateixa coloració de les escates, poden presentar haplotips allunyats. De la mateixa manera, exemplars morfològicament molt distints, amb coloracions dispars, poden ser idèntics per al fragment del gen seqüenciat.

La doctora Misericòrdia Ramon explica que "en una mateixa població per exemple, a Cabrera hem trobat individus morfològicament semblants que per a un sol gen difereixen en set passos mutacionals, la qual cosa suposa una gran diferència. Si avançant en l'estudi



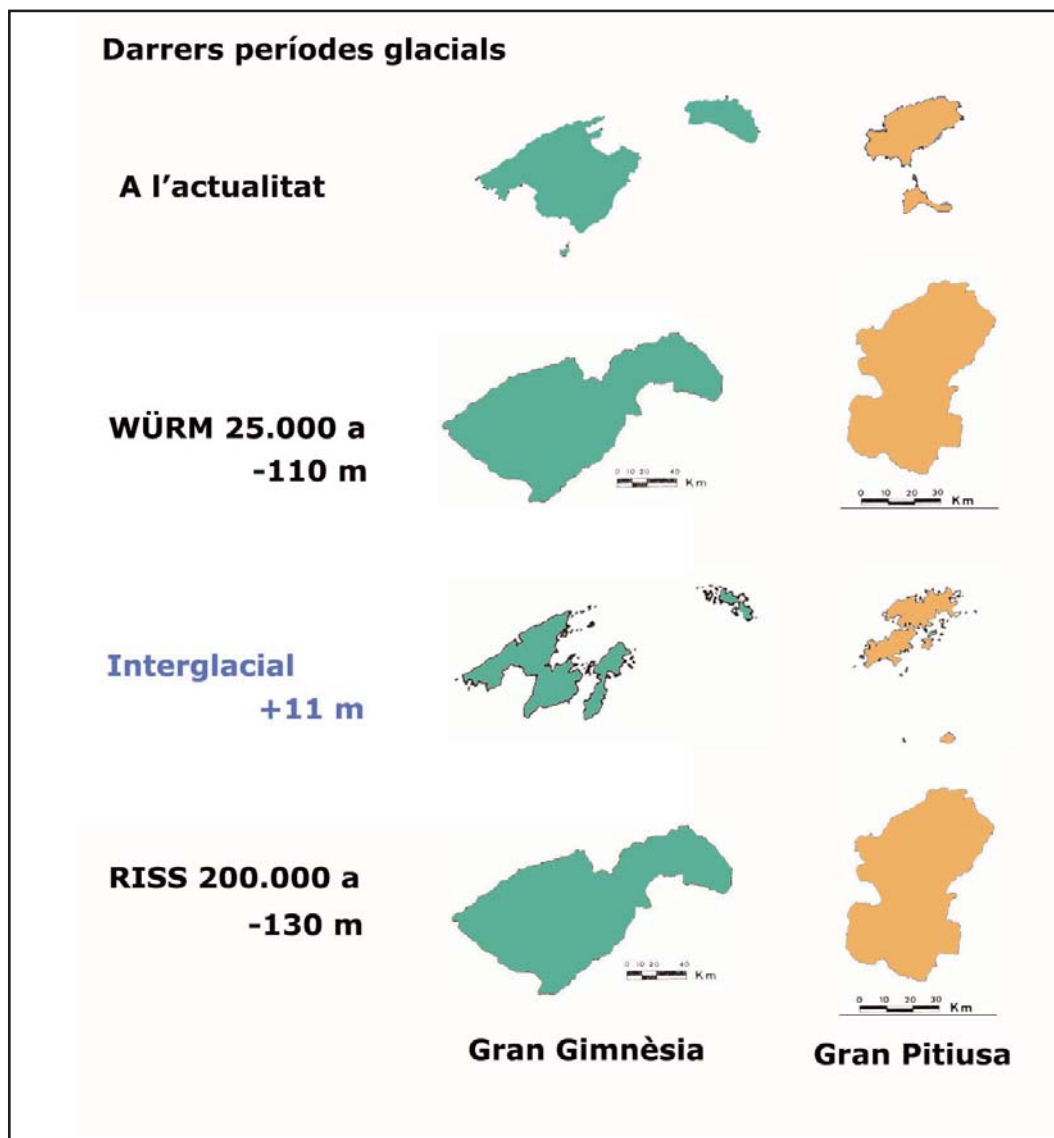


Figura 5. Durant els períodes glacials les illes més grans estigueren connectades amb els illots veïns. Aleshores es duguerent a terme recolonitzacions de poblacions aïllades i la mescla genètica. En canvi, durant els períodes interglacials les pujades del nivell de la mar aïllaven de nou les poblacions dels illots. Les quantitats de la figura expressen el descens del nivell de la mar respecte de l'actual durant el Würm i el Riss, així com l'augment durant el període entre aquestes dues glaciacions.

detectam individus que presenten un nombre elevat de passos mutacionals, haurem de concloure que en aquesta població hi ha una gran variabilitat genètica. Però si no trobam els passos intermedis, aquesta existència d'haplotips distints només serà explicable o bé per introducció (accidental o no) d'alguns individus al·lòctons, o bé perquè la població entrà en contacte amb una altra població en aquest cas les de Mallorca almenys durant un breu espai de temps. Aquesta darrera explicació és molt plausible si tenim en compte que ja en el Quaternari el nivell de la mar va pujar i baixar en diverses ocasions i posà en contacte i aïllà repetidament poblacions veïnes".

En efecte, hem dit que a finals del Terciari (Miocè) les

dues poblacions originàries s'aïllaren pel desmembrament dels dos blocs tectònics que conformaven l'arxipèlag balear. Durant el Quaternari aquells dos blocs de terra emergits sofriren múltiples modificacions: l'alternança de glaciacions amb períodes interglacials incrementava la superfície de terra emergida o la submergia. Així, per exemple, durant la penúltima glaciació (Riss, 200.000 anys enrere) el nivell de la mar arribà a la cota de -130 metres respecte a l'actual. A continuació s'esdevingué un període interglacial durant el qual la mar va arribar a cotes de +11 metres respecte al nivell actual, per després tornar a descendir fins a cotes de -110 metres durant la darrera glaciació (Würm, 25.000 anys enrere). Durant l'Holocè, després de la darrera

Figura 6.  
Nombre de passos mutacionals entre diverses poblacions de *P. pityusensis* mitjançant una anàlisi de xarxa (TCS).

Codis de les poblacions:

E: *P. p. pityusensis* d'Eivissa;

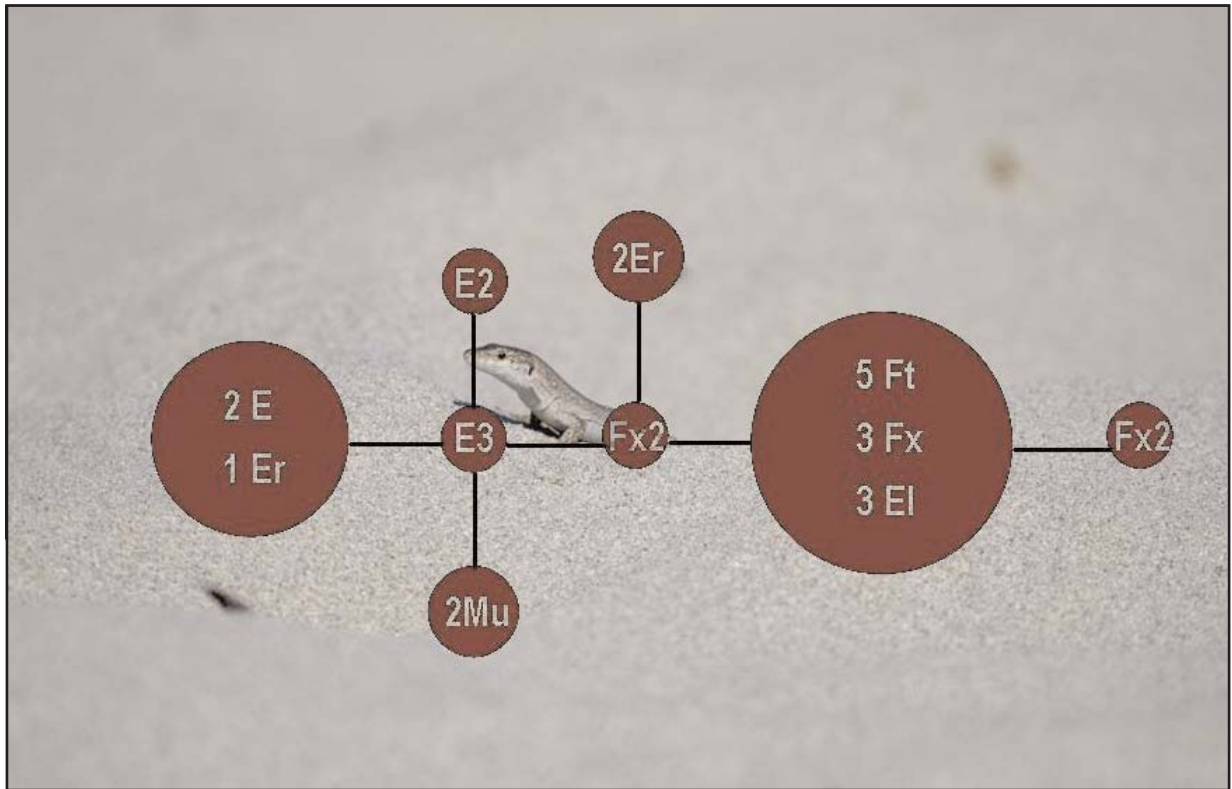
EI *P. p. espardalensis*, de s'Espardell;

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 les Murades de Palma



glaciació, la mar encara ascendí un metre per sobre del nivell actual.

És lògic pensar que durant els períodes glacials les illes més grans estigueren connectades amb els illots veïns, aleshores es dugueren a terme recolonitzacions de poblacions aïllades i la mescla genètica. En els períodes interglacials, en canvi, les pujades del nivell de la mar aïllaven de nou les poblacions dels illots (figura 5).

La seqüenciació de més gens i per a més individus permetrà esbrinar si els haplotips distints localitzats en alguna població són fruit de translocacions esporàdiques o bé dels contactes successius de la població estudiada amb poblacions veïnes durant els períodes glacials.

Tal com hem dit, i per al fragment seqüenciat del gen del citocrom b, les poblacions de sargantanes pitiüses mostren una considerable homogeneïtat genètica. A la figura 6 es pot observar el nombre de passos mutacionals entre diverses poblacions mitjançant una anàlisi de xarxa (TCS). Els cercles representen el nombre d'individus (com més gros és, més individus

comparteixen l'haplotip); entre cercle i cercle, l'espai que els separa representa un pas mutacional.

Si hom observa la figura, pot comprovar que la majoria d'exemplars de *P. pityusensis* de l'illa de Formentera recollits a la punta de Trucadors (subsp. *grueni* i subsp. *formenterae*) s'agrupen (cercle gros a la dreta de la figura) amb els recollits a s'Espardell (subsp. *espardalensis*). A cada costat del cercle gros altres exemplars de Formentera (subsp. *formenterae*) en difereixen en un sol pas mutacional.

Com es pot comprovar, també, els exemplars introduïts de les murades de Palma no se situen gaire lluny genèticament de la resta de poblacions, i, en conjunt, les poblacions de sargantana pitiüsa no mostren grans diferències; es tracta, doncs, d'una filogènia molt clara.

En canvi, a la figura 7 es pot observar la representació d'una anàlisi de xarxa per a les poblacions de *P. lilfordi* per al mateix fragment de gen Cytb. La diferència respecte al que passava en *P. pityusensis* és notable. En aquest cas nombroses poblacions es troben bastant diferenciades, separades d'altres per un bon

nombre de passos mutacionals.

Entre d'altres coses es pot observar, com ja s'ha esmentat més amunt, que exemplars de sa Dragonera i de Conillera presenten el mateix haplotip (cercle més gros a la dreta). Però, a més, apareixen dos haplotips més d'exemplars de sa Dragonera, un de més proper als de Cabrera i uns altres de més semblants als de Formentera. Al mateix temps, poblacions de l'illa gran de Cabrera pertanyents a la subsp. *kuligae* presenten una gran variabilitat: poblacions d'un mateixa teòrica subespècie presenten més de vuit passos mutacionals.

Els investigadors destaquen que aquests resultats apunten "en primer lloc la necessitat d'analitzar més exemplars, més poblacions i més gens per poder esbrinar a què és deguda tota aquesta gran variabilitat". Els primers resultats obtinguts de la

seqüenciació del gen *Cytb* permeten concloure, això sí, que la divisió taxonòmica realitzada sobre la base de caràcters de coloració i del nombre d'escates pot ser artificial, i les distintes subespècies descrites no tenen aparellada una seqüència gènica que els diferenciï d'altres subespècies. En aquest sentit, els caràcters morfològics com la coloració, que ha servit històricament com a element diferenciador entre taxons, no serien més que adaptacions al medi. De fet, alguns autors ja havien apuntat que el melanisme podria ser simplement una adaptació tèrmica o metabòlica.

### Grans blocs observats amb la seqüenciació del rRNA-12S

La seqüenciació del gen rRNA-12S (ribosòmic) per a

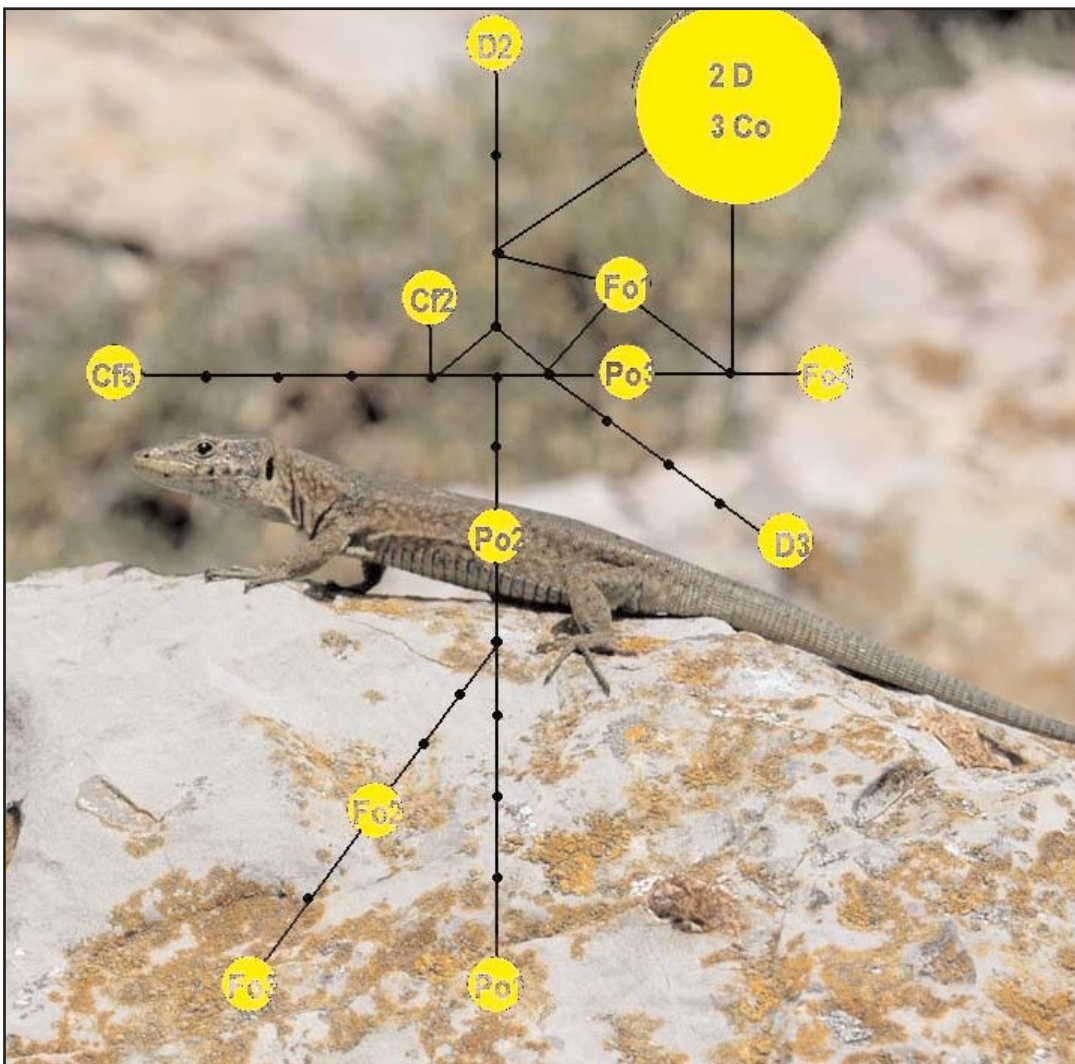


Figura 7. Nombre de passos mutacionals entre diverses poblacions de *P. lilfordi* mitjançant una anàlisi de xarxa (TCS).  
Codis:

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

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

D: *P. l. giglioli* de Dragonera

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

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

Co: *P. l. conejeræ* de Conillera.



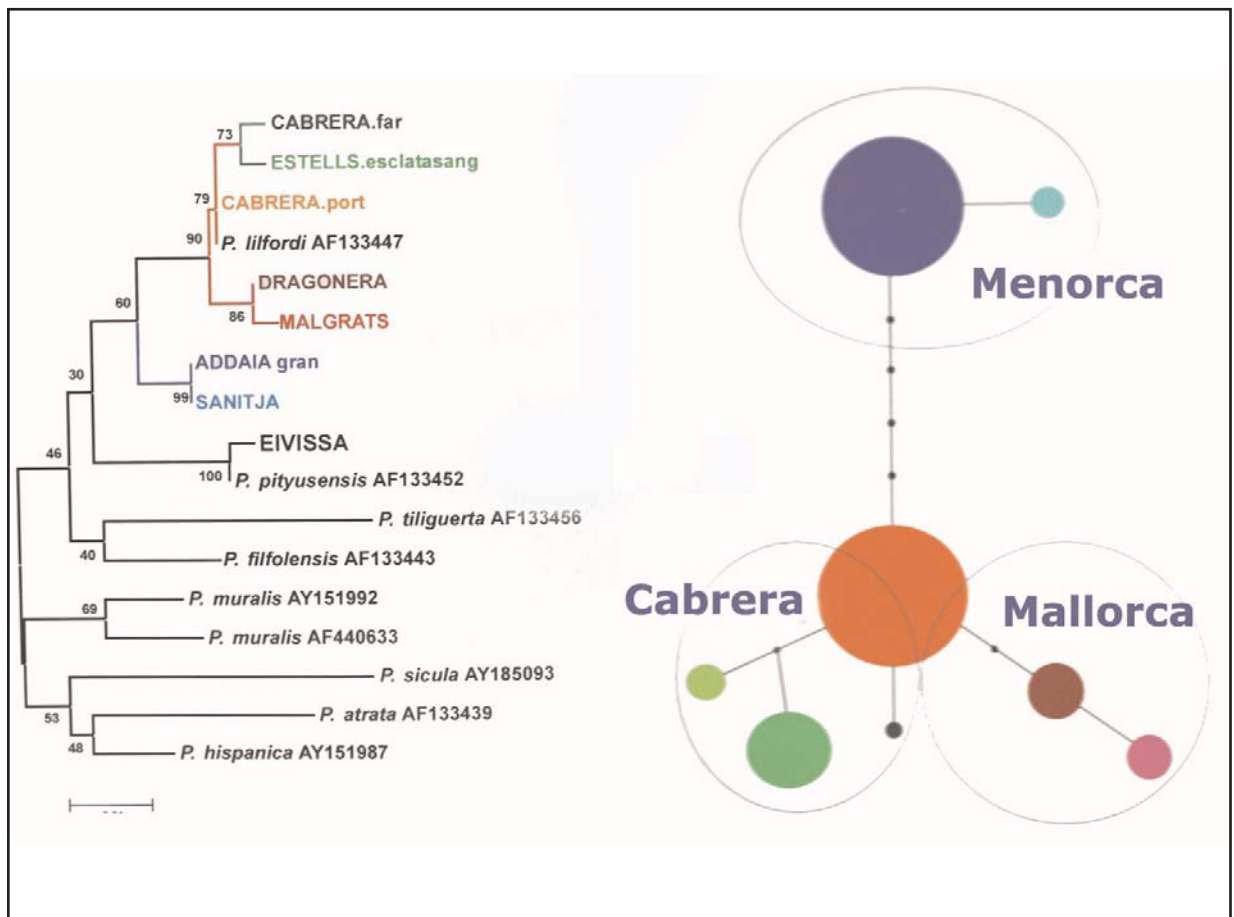
les poblacions de *Podarcis lilfordi* ha confirmat les dades obtingudes pel citocrom b: hom apunta a una major diferència genètica entre poblacions. A la figura 8 es representen els haplotips obtinguts distribuïts en un arbre i en una xarxa TCS. Tant en un mètode de representació com en l'altre hom pot observar que les poblacions de Menorca es troben diferenciades de la resta de poblacions (Mallorca i Cabrera). Entre aquelles, apareix una mutació entre la població de Sanitja clarament diferenciada de la resta de poblacions menorquines.

A la resta es poden diferenciar quatre grups de poblacions respecte de la seqüenciació del rRNA-12S. Un gran grup estaria conformat per les poblacions de Cabrera i dels illots de migjorn de Mallorca (color taronja). Un segon grup el conformarien els illots de ponent (morat) (illots des Malgrat i sa Porrassa), incloent sa Dragonera; i un tercer grup (verd) seria per als illots més meridionals de l'arxipèlag de Cabrera. Es

dóna la circumstància que aquesta deriva genètica de les poblacions dels illots meridionals respecte a les poblacions de Cabrera podria sustentat-se en el fet que aquestes poblacions no s'haguessin mesclat amb les de l'illa gran durant les glaciacions del Quaternari, ja que la profunditat que la separa d'aquests illots és molt gran.

Així, doncs, per al gen rRNA-12S les poblacions de sargantana gimnèsica dels illots de Mallorca no formen una unitat homogènia: d'una banda, les poblacions dels illots de migjorn s'ajunten amb les de Cabrera; i de l'altra, ben diferenciades, es troben les poblacions dels illots de ponent.

Figura 8.  
Haplotips obtinguts de la seqüenciació del gen rRNA-12S (ribosòmic) per a les poblacions de *Podarcis lilfordi*. A la figura apareixen representats en un clade i en una xarxa TCS.



### **Projecte finançat**

---

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

Referència: REN2003-08432-C02-01. Ministeri de Ciència i Tecnologia.

Acrònim: INSULAEVOL.

Inici: 2003. Fi: 2006.

### **Investigadora responsable**

---

Doctora Misericòrdia Ramon Juanpere, professora titular de Genètica de la UIB

Laboratori de Genètica. Departament de

Biologia de la UIB

Edifici Guillem Colom Casanovas

Tel. 971 17 31 52

E-mail: [cori.ramon@uib.es](mailto:cori.ramon@uib.es)



*D'esquerra a dreta:  
A dalt, les doctores Antònia  
Picornell i Misericòrdia Ramon*

*A baix: el doctor José A. Castro i  
la professora Bàrbara Terrasa.*

### **Membres de l'equip**

---

Antònia Picornell Rigo, professora titular d'Escola Universitària de Genètica

José Aurelio Castro Ocón, professor titular de Genètica

Bàrbara Terrasa, professora associada de l'àrea de Genètica

Paloma Giménez Carrero, becària.

### **Publicacions**

---

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.

### **Comunicacions a congressos**

---

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 Sudàfrica).

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 (Polònia).