

d'acumulació de canvis en cada tipus de seqüència d'ADN, és clar. Hi ha algunes seqüències d'ADN que tenen taxes de mutació més baixes, és a dir, que canvien més a poc a poc, i per tant ens permeten d'estudiar les relacions evolutives més antigues.

D'una altra banda, quan volem estudiar les relacions evolutives entre espècies que han divergit fa relativament poc de temps, usem marcadors genètics o seqüències d'ADN que tinguin una taxa de mutació més gran, és a dir, que acumulen canvis més ràpidament.

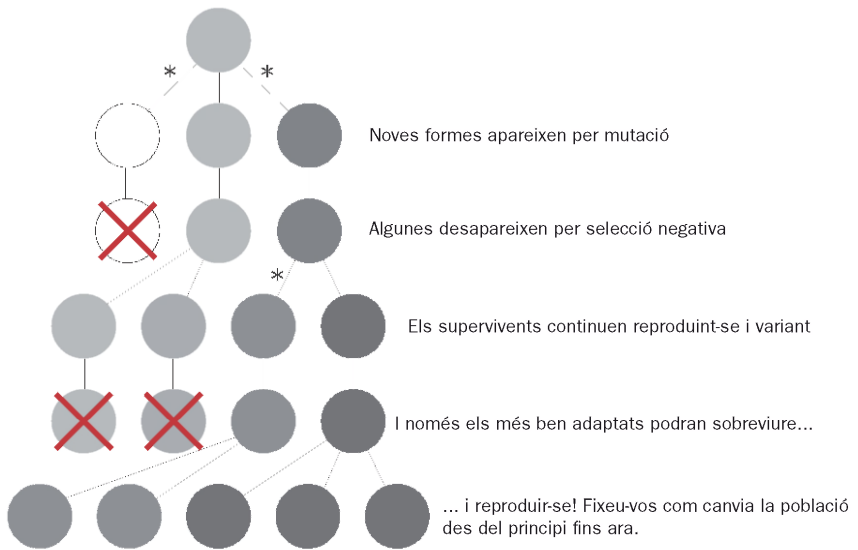
L'origen de les espècies (de llagosta). També li agradarà de saber que al grup de biologia evolutiva de la Universitat de Barcelona utilitzem totes aquestes noves tècniques d'anàlisi molecular per tal de continuar la seva recerca sobre l'origen de les espècies. En concret, sobre l'origen de les espècies de llagosta marina. Així com vostè va treballar els cirrípedes o percebes per les seues característiques biològiques, l'elecció de les llagostes per a desenvolupar un treball de recerca en genètica evolutiva és clarament justificada.

Tothom sap que les llagostes són unes *delikatessen* molt apreciades, però potser no és tan conegut el fet que les llagostes marines són uns éssers vius amb unes característiques biològiques úniques. Les llagostes es diferencien de la resta de crustacis marins principalment per la presència d'una larva molt especialitzada per a la dispersió pels oceans, la larva filosoma. De fet, la larva filosoma és tan diferent de la llagosta adulta que, en la majoria dels casos, encara no s'ha pogut identificar a quina espècie correspon cada larva (Fig. 1).

En algunes espècies de llagosta, la larva filosoma pot passar fins a 24 mesos (dos anys!) en aigües oceàniques, i arriba a desplaçar-se milers de quilòmetres. En teoria, aquest mecanisme tan especialitzat de dispersió fa que l'intercanvi genètic (flux gènic) entre poblacions dins d'una espècie siga molt elevat i, per tant, que la diferenciació genètica siga molt baixa. Així i tot, hi ha una gran diversitat d'espècies i això fa d'aquest grup d'organismes un cas paradigmàtic i molt interessant per a estudiar el procés evolutiu.



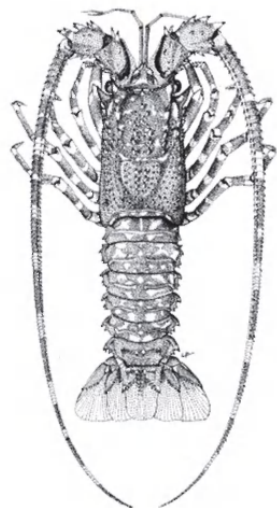
Fig. 1. Les larves filosomes que representen les fases dispersives de les castanyoles (esquerra) i les llagostes (dreta). A sota, gràfic del concepte darwinianà d'evolució biològica.



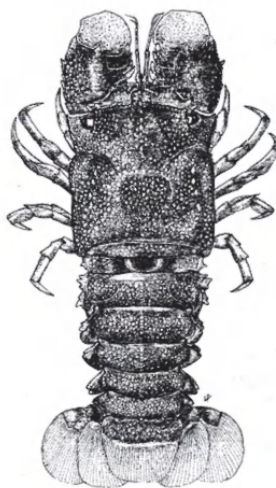
Les llagostes tenen una història evolutiva relativament llarga, perquè són dels primers crustacis decàpodes que apareixen al registre fòssil. Actualment, les llagostes es classifiquen en tres famílies principals (vostè ja sap com ens agraden els noms en llatí, als biòlegs!): *Palinuridae* (llagostes o palinúrids), *Scyllaridae* (castanyoles o escil·làrids) i *Synaxidae* (llagostes del corall o sinàxids). S'havien proposat diverses relacions evolutives entre les famílies de llagosta d'acord amb la seua morfologia i el registre fòssil, però fins avui encara no s'havia pogut concloure de forma objectiva quin és l'origen d'aquests organismes tan peculiars i interessants.

La inclusió de gens d'evolució lenta i gens d'evolució ràpida i un mostratge ampli d'espècies ens ha permès de resoldre algunes de les incerteses en les

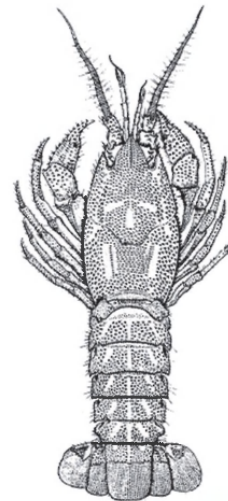
relacions entre grups de llagosta. La classificació habitualment més acceptada, amb la presència de tres famílies, no queda ben suportada per l'evidència genètica, perquè els *Synaxidae* sempre es troben agrupats dins dels *Palinuridae*. Hem pogut descobrir que, en realitat, les llagostes de corall només són llagostes palinúrid especialitzades per a viure en esculls de corall. A més a més, les noves tècniques d'anàlisi genètica ens han permès també de datar l'origen dels principals grups de llagosta en el període cenomanià, fa aproximadament 100 milions d'anys. Val a dir que el cenomanià va registrar el nivell de la mar més alt observat durant els darrers 600 milions d'anys, quan la mar era aproximadament 150 metres més damunt que el nivell actual. Per això és lògic de pensar que el procés de diversificació dels grans



Palinuridae Latreille, 1802



Scyllaridae Latreille, 1825



Synaxidae Bate, 1881

EL TEMPS

grups de llagosta actuals s'engegà amb l'aparició de nous hàbitats disponibles per a espècies marines.

Especiació recent. Estudiar processos tan antics és formidable, però se'ns fa molt difícil d'identificar exactament quines eren les condicions exactes en què es va produir el procés evolutiu. La reconstrucció evolutiva a partir de dades moleculars pot ajudar a documentar el patró geogràfic i cronològic de la formació d'espècies, sempre que estiga acoblat amb informació sobre la història geològica de les regions i els corrents oceànics passats i presents que poden proporcionar corredors de dispersió. Aquests esdeveniments d'especiació recent proporcionen una gran oportunitat per a analitzar el procés evolutiu en organismes marins i permeten que una combinació de dades genètiques, morfològiques i geogràfiques siguin utilitzades per contestar diverses qüestions sobre els mecanismes d'especiació. De segur que estarà content de saber que les llagostes també ens han servit per a estudiar les seves hipòtesis sobre la influència de les glaciacions en la colonització de Sud-àfrica. El gènere de llagosta marina *Palinurus* representa un cas especialment interessant per tal d'estudiar el procés d'especiació en el medi marí, perquè compta amb tres espècies que viuen a l'hemisferi nord (*P. elephas* Fabricius, 1787; *P. mauritanicus* Gruvel, 1911; i *P. char-*

lestoni Forest & Postel, 1964) i tres a l'hemisferi sud (*P. gilchristi* Stebbing, 1900; *P. delagoae* Barnard, 1926; i *P. barbarae* Groeneveld *et al.*, 2006). S'havia suggerit que la distribució geogràfica actual d'aquestes espècies indica una divergència molt antiga, premiocènica (fa uns 14-23 milions d'anys), amb dos llinatges principals separant-se amb el tancament de la connexió marina que unia la mar Mediterrània amb l'oceà Índic. Nogensmenys, els nostres estudis a la Universitat de Barcelona i en col·laboració amb investigadors de la Universitat de Reading, assenyalen que un patró d'especiació nord-sud com el que vostè va proposar a *L'origen de les espècies* és més coherent amb les dades moleculars. Així, els temps de divergència obtinguts utilitzant les seqüències d'ADN d'espècies de *Palinurus* coincideixen amb processos relacionats amb les glaciacions ocorregudes durant els darrers 2 milions d'anys. Gràcies als paleoclimatòlegs marins, que ens diuen com era el clima en temps passats, sabem que la tempe-

ratura superficial mitjana en aigües sud-africanes va baixar des de 26 °C al pliocè mitjà (fa 3,5 milions d'anys) fins a 18 °C en l'actualitat. Això ens porta a concloure que la temperatura de l'aigua a Sud-àfrica no hauria permès la supervivència d'un gènere d'aigua freda com *Palinurus* fins fa *només* mig milió d'anys. En efecte, segons les estimacions de divergència obtingudes pel nostre grup de recerca, els *Palinurus* van arribar a Sud-àfrica quan les aigües africanes es tornaren adequades per a sobreviure-hi.

Així doncs, ja veu que és més probable que les petjades sobre la formació de les espècies s'identifiquen quan comparem espècies que han divergit fa poc, perquè la diferenciació genètica es pot relacionar amb els diversos processos d'especiació proposats.

L'evolució en acció. Finalment, l'estudi de la variabilitat genètica dins d'una mateixa espècie ens apropa de forma directa al món de la genètica de poblacions i a l'àmbit més actual de l'evolució. Definir els patrons geogràfics de distribució de diversitat genètica i estudiar els patrons d'estructuració d'aquesta variabilitat ens ajuda a entendre quin ha estat l'origen i quin pot ser l'impacte de diversos factors sobre la variabilitat genètica d'una espècie. És com estudiar l'evolució en acció. Avui dia sabem que l'intercanvi genètic o la migració entre poblacions d'una espècie actua homogeneïtzant

L'intercanvi genètic o la migració entre poblacions actua reduint les diferències entre si



PIERRE-JULLIÉ

Exemplar jove de *Palinurus mauritanicus*. El retorn dels reclutes cap a la costa és fonamental per a mantenir les poblacions de llagosta adulta.

les poblacions i reduint les diferències entre si. Per tant, definir els patrons de connectivitat entre poblacions d'una espècie té una importància fonamental per tal de mantenir-ne i gestionar-ne la diversitat biològica.

De fet, als plans de conservació dels recursos marins, cal tenir en compte les relacions d'intercanvi genètic entre poblacions a fi de localitzar àrees protegides allà on l'efecte positiu siga més gran. A la pràctica, sembla més convenient de preservar aquelles poblacions que tenen més capacitat reproductiva i que són capaces d'exportar individus de forma efectiva cap a unes altres àrees. Els marcadors genètics poden proporcionar-nos evidències molt fortes del fet que una població no estiga tancada a l'intercanvi genètic perquè la diferenciació genètica és molt sensible a la migració. Així, un grau elevat de dispersió es troba habitualment associ-

at amb un grau menor de diferenciació genètica al llarg de l'àrea de distribució de l'espècie.

Des d'un punt de vist econòmic, tota aquesta informació té un pes molt més important quan mirem de gestionar espècies sotmeses a explotació pesquera, com és el cas de la llagosta europea. La llagosta europea (*Palinurus elephas Fabricius, 1787*) és una espècie comercial present a la Mediterrània i a la costa de l'Atlàntic occidental entre el Marroc i Noruega. Les captures de llagosta han minvat de forma continuada durant els darrers anys, amb la mitjana de captures descendent de forma alarmant tot al llarg de la seua distribució geogràfica. Estudiar-ne l'estructuració poblacional és un pas fonamental per a definir l'existència d'unitats de gestió genèticament diferenciades i, a més a més, l'existència d'una fase larval de tan llarga duració com la larva filo-

soma ens permet d'emprar *P. elephas* com a model per tal de testar la relació entre la durada de la fase larval i l'estructuració genètica en les poblacions d'organismes marins.

Els nostres treballs amb mostres de poblacions de llagosta recollides des d'Escòcia fins a Grècia ens demostren que els processos oceanogràfics actuals i la història paleoecològica (per exemple, les glaciacions) tenen un paper fonamental en la formació dels patrons de variabilitat genètica i estructuració poblacional. Finalment, hem pogut observar que, malgrat una reducció en la variabilitat genètica global i la seua llarga duració larval, el flux gènic sembla estar restringit en poblacions de *P. elephas*, cosa que causa diferenciació genètica entre les regions atlàntica i mediterrània i entre àrees diferents dins de cada conca. L'exemple de *Palinurus elephas* ens

