

## ENTRE DOS AGUAS: EVOLUCIÓN DE LAS POBLACIONES LAGUNARES Y MARINAS

Mercedes González-Wangüemert<sup>1</sup>, José Martínez Garrido<sup>1</sup>, Carlos Vergara Chen<sup>2</sup>, Ester Serrão<sup>1</sup>.

1. Centro de Ciencias do Mar (CCMAR), Universidade do Algarve, Campus de Gambelas, Faro, Portugal.

2. Departamento de Ecología e Hidrología, Facultad de Biología, Universidad de Murcia, España.

E-mail:

Los estuarios y las lagunas costeras son hábitats que presentan características ambientales particulares, con importantes variaciones espaciales y temporales. Además dichos hábitats, suelen acumular una alta productividad biológica jugando un papel clave como áreas de cría y alimentación para diferentes especies de peces marinos y estuarinos y favoreciendo el desarrollo de praderas de fanerógamas marinas. Las especies que están estrechamente relacionadas a los ecosistemas lagunares, aunque sólo sea durante una parte de su ciclo vital, disponen de diferentes niveles de estructura genética, la cual es el resultado de una compleja combinación de varios factores. Entre estos cabe destacar, la deriva genética (tendencia a diferenciación genética debido al aislamiento geográfico) y el flujo génico (homogeneización del acervo genético favorecida por la dispersión), aunque no podemos observar los procesos selectivos y la historia demográfica de las poblaciones.

Los organismos que sobreviven en estos ecosistemas, están frecuentemente sujetos a fuertes presiones selectivas (Richards et al. 2010; Sanford y Kelly 2011). La asociación de dichas presiones con las discontinuidades geográficas y eco-fisiológicas, pueden jugar un papel primordial en la generación de variabilidad intraespecífica y podría repercutir en el potencial evolutivo de los ambientes acuáticos de transición. Por lo tanto, el análisis de los modelos de distribución geográfica de la variabilidad genética en especies propias de estuarios y lagunas costeras, son especialmente relevantes para evaluar el papel evolutivo de los ambientes de transición, muchos de ellos bajo protección ambiental.

Es por ello que actualmente estamos trabajando simultáneamente con varios marcadores moleculares en diferentes especies objetivo procedentes de dos sistemas lagunares singulares (Fig. 1): el Mar Menor situado en el SE Ibérico español y la Ria Formosa en el Sur de Portugal.

Como ya sabeis, el Mar Menor es una laguna costera hipersalina con una superficie aproximadamente de 135 Km<sup>2</sup>, que se encuentra parcialmente aislada del Mar Mediterráneo por La Manga, una barra arenosa de 22 Km, la cual presenta cinco canales, siendo el más importante de ellos el Estacio. La laguna presenta una profundidad media de 3.5 m, con oscilaciones temporales y espaciales de salinidad (39-47 psu) y temperatura (10-31°C) y más de 20 ramblas las cuales desembocan principalmente en la cubeta sur,

presentando algunas de ellas un caudal permanente a lo largo de todo el año (El Albujión y La Carrasquilla) (Pérez-Ruzafa et al., 2005). La importancia del Mar Menor y las salinas adyacentes en términos de biodiversidad, ha sido reconocida por numerosos organismos internacionales y nacionales: sitio internacional Ramsar desde 1994, área de protección especial del mediterráneo (SPAMI) reconocido por la Convención de Barcelona en 2001, sitio de importancia comunitaria (SCI) para ser integrado en la Red Natura 2000 (EU Directiva Hábitats) y área especialmente protegida (SPA) en relación al anidamiento, migración e hibernación de aves acuáticas (Directiva de Aves 79/409/CEE).



Fig. 1. Laguna costera del Mar Menor, SE de España (superior); Ria Formosa, Sur de Portugal (inferior).

La Ria Formosa, es una gran laguna que se extiende 55 Km a lo largo de la costa meridional de Portugal con una superficie aproximada de 170 Km<sup>2</sup> y con 5 canales algunos de ellos con profundidad superiores a 20 m. El sistema lagunar tiene mareas semi-diurnas que permiten la renovación de 50-75 % de su volumen de agua 2 veces por día. La zona occidental de la laguna no recibe entradas de agua dulce permanentes, presentando salinidades en torno a 35.5-36.9 psu y temperaturas que oscilan entre 12-28 °C (Newton y Mudge, 2003). La Ria Formosa fue reconocida como Parque Natural en 1987 y aceptada como sitio Ramsar y Natura 2000.

Las especies elegidas (Fig. 2) pertenecen a diferentes niveles de la cadena trófica, presentando características biológicas diversas, entre ellas destacamos: *Caulerpa prolifera* (Lamoroux, 1809), *Cymodocea nodosa* Ucria (Ascherson), *Ruppia cirrhosa* (Petagna) Grande, *Cerastoderma glaucum* (Poiret, 1789), *Cerastoderma edule* (Linnaeus, 1758), *Holothuria polii* (Delle Chiaje), *Holothuria arguinensis* (Koehler y Vanev, 1906), *Pomatochistus marmoratus* (Risso, 1810) y *Diplodus sargus* (Linnaeus, 1758). Algunas de ellas están presentes simultáneamente en ambas lagunas costeras como por ejemplo *C. nodosa*, *R. cirrhosa*, *P. marmoratus* y *D. sargus*, mientras que el resto de las especies ocupan el mismo nicho ecológico pero en su región biogeográfica correspondiente: *H. polii* y *C. glaucum* Mar Menor/ *H. arguinensis* y *C. edule* Ria Formosa...una dualidad muy interesante!



Fig 2. Especies objetivo de izquierda a derecha y de arriba a abajo: *Caulerpa prolifera*, *Cymodocea nodosa*, *Ruppia cirrhosa*, *Cerastoderma glaucum*, *Cerastoderma edule*, *Holothuria polii*, *Holothuria arguinensis*, *Pomatochistus marmoratus* y *Diplodus sargus*.

Nuestros resultados detectan patrones muy interesantes y algunos coincidentes en la estructura genética de los diferentes grupos y especies, siendo algunos de ellos sorprendentes. El sargo común (*D. sargus*) es un buen ejemplo, puesto que presenta particularidades semejantes en ambos sistemas lagunares y no en mar abierto, como por ejemplo la compartición de haplotipos sólo presentes en las poblaciones del Mar Menor y Ría Formosa o la presencia de haplotipos recientes con muchos cambios mutacionales. También detectamos que las poblaciones lagunares de sargo son las que muestran los mayores parámetros de diversidad genética considerando marcadores nucleares (9 microsátélites) y mitocondriales (gen Cytb), lo cual favorece un alto potencial de adaptación a condiciones estresantes (González-Wangüemert y Pérez-Ruzafa, 2011).

Otra de las especies analizadas usando marcadores mitocondriales (región D-loop) y nucleares (8 microsátélites) perteneciente al grupo de los peces, es el *P. marmoratus*. Dicha especie también presenta

patrones coincidentes con el sargo, mostrando mayor diversidad genética (heterocigosis observada) en sus poblaciones lagunares, una diferenciación genética significativa entre poblaciones lagunares y marinas y la presencia de eventos de selección (Vergara-Chen et al., 2010a; Vergara-Chen et al., in review).

Sin embargo cuando analizamos las dos especies de equinodermos *H. polii* y *H. arguinensis* no encontramos un patrón claro que detecte mayor diversidad genética en las poblaciones lagunares, aunque nuevamente son registrados haplotipos con un alto número de cambios mutacionales (Vergara-Chen et al., 2010b; González-Wangüemert et al., in review). No obstante, nuestros estudios nos muestran diferencias genéticas significativas entre poblaciones lagunares y marinas de *H. polii* utilizando el gen 16s, estando dicha diferenciación relacionada con la salinidad y la temperatura, tal y como demuestran nuestros modelos aditivos generalizados (GAMs) (Vergara-Chen et al., 2010b).

En el caso del berberecho común (*C. glaucum*), nuestros primeros trabajos detectaron una relación significativa entre la estructura genética de las poblaciones “marmoronenses” y la salinidad y granulometría fina del sedimento, usando los GAMs (González-Wangüemert et al., 2009). Posteriormente, el trabajo realizado por el Lcdo. Carlos Vergara Chen y que forma parte de su Tesis de Doctorado, demostró que las poblaciones con mayor conectividad con el Mar Mediterráneo y mayor estabilidad poblacional tal como Los Urrutias y Los Nietos, fueron las que presentaban los mayores valores de diversidad genética (Vergara-Chen et al., in review). Un resultado similar usando el mismo marcador molecular (gen COI) fue obtenido a partir del análisis de *C. edule* muestreado en varias localidades de Ria Formosa y áreas adyacentes (González-Wangüemert et al., 2011; González-Wangüemert et al., in review), donde las poblaciones con mayor estabilidad demográfica y más cercanas al canal principal de Olhao-Faro presentaron la mayor diversidad genética, siendo también detectados eventos de selección en diferentes poblaciones de la Ría Formosa.

Finalmente, los resultados más sorprendentes los estamos obteniendo a partir del estudio genético de *R. cirrhosa*, trabajo que está llevando a cabo el estudiante de doctorado de la Universidad del Algarve, Jose Martínez Garrido. Dicha especie, presenta una gran homogeneidad genética aunque es capaz de adaptarse, sobrevivir y reproducirse sexual y asexualmente en condiciones muy variables. Hemos estudiado 4 genes diferentes del ADN nuclear, mitocondrial y del cloroplasto y todos los individuos analizados hasta el momento y procedentes de diversos hábitats con condiciones ambientales muy diferentes (principalmente en temperatura y salinidad) presentan un único haplotipo para cada uno de los genes (González-Wangüemert et al., 2011; Martínez-Garrido et al., 2011; Martínez-Garrido et al., in review).

Concluyendo, podemos decir que las poblaciones lagunares en general presentan singularidades genéticas que las hacen muy importantes para la supervivencia de las especies, incrementando su potencial adaptativo, de ahí la importancia de proteger estos hábitats y mejorar su gestión y la de su biodiversidad mediante aproximaciones multidisciplinares que incluyan las herramientas moleculares.

Este trabajo fue realizado gracias a la financiación de la Fundación Séneca, Agencia Regional de Ciencia y Tecnología de la Región de Murcia (03000/PI/05-11811/PI/09), Fundação para a Ciência e Tecnologia de Portugal (SFRH/BPD/70689/2010), Alban Programme from the European Union Programme of High Level Scholarships, Secretaría Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación de Panamá y the Long Life Program, European Union. Además queremos agradecer la ayuda de otr@s compañer@s y amig@s como Dr. Borrero-Pérez, Dr. Dieckman, Dr. Engelen, Dr. Pacheco, Dr. Gonçalves, Dr. Cunha, Jorge Treviño, Patricia Blázquez, Mari Carmen Mompeán, Tomás Vega Fernández, Fuensanta Zapata, Lincinia Gouveia, Marcio Coelho y Mario León-Ortega.

### Bibliografía

- González-Wangüemert M., Cánovas, F., Marcos, C., Pérez-Ruzafa, A. (2009) Phosphoglucose isomerase variability of *Cerastoderma glaucum* as a model for testing the influence of environmental conditions and dispersal patterns through quantitative ecology approaches. *Biochemical Systematics and Ecology*, 37, 325-333.
- González-Wangüemert, M., Martínez-Garrido, J., Cánovas, F., Vergara-Chen, C., Serrao, E. (2011) In two waters: contemporary evolution of lagoon and marine populations. *Proceedings of World Conference on Marine Biodiversity*, pp 62. Aberdeen, Scotland.
- González-Wangüemert, M., Pérez-Ruzafa, A. (2011) In two waters: Contemporary evolution of lagoonal and marine white seabream populations. *Marine Ecology*, doi:10.1111/j.1439-0485.2011.00501.x .
- Martínez-Garrido, J., González-Wangüemert, M., Cánovas, F., Serrao, E. (2011) Jardines olvidados bajo el mar: evaluación del estado de conservación de las fanerógamas *Ruppia cirrhosa* Petagna (Grande) y *Zostera noltii* (Hornemann) mediante su estudio genético. *Actas del III Congreso Nacional de Biodiversidad*, pp32. Granada, España.
- Newton A., Mudge S.M. (2003) Temperature and salinity regimes in a shallow, mesotidal lagoon, the Ría Formosa, Portugal. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 56, 1-13.
- Pérez-Ruzafa A., Marcos C., Gilabert J. (2005) The ecology of the Mar Menor coastal lagoon: a fast-changing ecosystem under human pressure. In: Gonenç I.E., Wolflin J.P. (Eds.). *Coastal Lagoons: Ecosystem Processes and Modeling for Sustainable Use and Development*. CRC Press, Boca Raton, Florida, pp. 392-422.
- Richards CL., Wares JP., Mackie JA. (2010) Evaluating adaptive processes for conservation and management of estuarine and coastal resources. *Estuaries and Coasts*, 33, 805-810.
- Sanford E., Kelly, W. (2011) Local adaptation in marine invertebrates. *Annual Review of Marine Science*, 3, 509-535.
- Vergara-Chen C., González-Wangüemert M., Marcos C., Pérez-Ruzafa A. (2010a) High gene flow promotes the genetic homogeneity of *Pomatoschistus marmoratus* (Risso 1810) from Mar Menor coastal lagoon and adjacent marine waters. *Marine Ecology: An evolutionary Perspective*, 31, 270-275.
- Vergara-Chen C., González-Wangüemert M., Marcos C., Pérez-Ruzafa A. (2010b) Genetic diversity and connectivity remain high in *Holothuria polii* (Delle Chiaje 1823) across a coastal lagoon-open sea environmental gradient. *Genetica*, 138, 895-906.