

# Filogenética molecular, evolución morfológica y larvas filosoma: Quién, Cómo y Cuándo

FERRAN PALERO

Dept. Marine Ecology. Centro de Estudios Avanzados de Blanes (CEAB-CSIC). C/ d'accés a la Cala St. Francesc, 14. 17300 Blanes

Las langostas ('lobster' en inglés) son un grupo de crustáceos decápodos económicamente importantes que incluye los infraordenes Polychelida, Glypheidea, Astacidea y Achelata, todos con un rico registro fósil (Schram & Dixon 2004). A pesar de todas las langostas tienen un plan corporal superficialmente similar, la diversidad morfológica y ecológica es sorprendente. Un registro fósil rico nos permite estimar el origen y la diversificación de los principales linajes, mientras exploramos la formación de su diversidad morfológica y ecológica. Las relaciones filogenéticas entre langostas son dinámicas y en debate continuo (Dixon et al 2003; Tsang et al 2008; Karasawa et al 2013). En un reciente estudio, estimamos las relaciones evolutivas entre las diferentes langostas mediante datos moleculares (6 genes) y 195 caracteres morfológicos obtenidos a partir de 173 especies. La cobertura en el muestreo (incluimos ~ 94% de todos los géneros de langosta conocidos), junto con un registro fósil completo, nos ha permitido estimar los tiempos de divergencia y los orígenes de los principales linajes evolutivos dentro de este grupo de crustáceos. En el presente seminario, se resaltarán los resultados obtenidos específicamente para las langostas Achelata, relacionando el árbol filogenético y la sistemática morfológica dentro del grupo. Los Achelata divergen en las dos familias existentes, Palinuridae y Scyllaridae, alrededor de 250 Ma (Pérmico). De hecho, la aparición de la forma larvaria especializada "phyllosoma" puede remontarse al origen del grupo, porque filosomas fósiles del Jurásico Superior indican que este tipo de larva ha cambiado poco en los últimos 200 millones de años (Polz 1971). Poco después, Palinuridae divide en dos linajes distintos morfológicamente. Por un lado el clado formado por *Linuparus*, *Justitia*, *Nupalirus*, *Palinustus*, *Puerulus*, *Palinurus*, *Palibythus*, y *Panulirus* que es conocido como "Stridentes", mientras que *Projasus*, *Sagmariasus*, *Jasus* y *Palinurellus* forman un clado conocido como "Silentes". La aparición de un órgano estridulante, una estructura compleja de producción de sonido que se encuentra en la placa de la antena (en Stridentes), puede haber proporcionado a estas langostas con ventajas contra depredadores (Lewis & Cane, 1990), mientras expanden sus capacidades de comunicación (Patek & Oakley 2003). Nuestro análisis filogenético es consistente con la hipótesis de que el órgano estridulante ha proporcionado a los Stridentes con una ventaja adaptativa que pudo promover su rápida diversificación en el Jurásico (~200 Ma). Los principales clados que se encuentran dentro de Scyllaridae están de acuerdo con la taxonomía actual, basado en la morfología del adulto (Holthuis 1985, 1991, 2002) y los estudios moleculares recientes (Yang et al. 2011). Curiosamente, la estrecha relación entre *Parribacus* y *Evivacus* también es apoyada por la morfología de las larvas. Gracias a los nuevos resultados filogenéticos obtenidos y mediante el uso de métodos de código de barras de ADN, hemos sido capaces de asignar decenas de larvas phyllosoma a sus especies y géneros correspondientes.

El código de barras de ADN, basado en la secuenciación de un fragmento del gen codificante para el citocromo oxidasa, subunidad I, Cox1, resuelve las grandes dificultades que presenta la cría de las larvas phyllosoma en cautividad. El código de barras de ADN ha demostrado ser muy útil tanto para diferenciar especies (Harrison 2004; Lefébure et al. 2006; Costa et al. 2007) como para la diferenciación entre poblaciones de una misma especie (Palero et al. 2008; García-Merchán et al. 2012). Además del Cox1, el gen mitocondrial de la subunidad ribosomal 16S, también ha demostrado ser una herramienta eficiente en estudios sistemáticos de crustáceos decápodos (Schubart et al. 2000; Porter et al. 2005; Ah Yong et al. 2007), tanto en el establecimiento de especies nuevas, como

para dilucidar la validez taxonómica cuestionable de especies muy cercanas (Schubart et al. 1998, 2001a, b; Spivak y Schubart 2003). Del mismo modo, ha permitido mostrar cómo diferentes poblaciones de una misma especie, deberían ser realmente consideradas especies diferentes (Cuesta y Schubart 1998; Schubart et al. 2001). Parece, por tanto, una herramienta eficaz para la correcta y fiable asignación de una muestra a una especie en el caso de los decápodos. Por otro lado, presentaremos los resultados obtenidos a lo largo de una visita al Museo Zoológico de Copenhague, que nos llevará a hacer un viaje histórico por el Océano Índico y el Mar de China y que nos demuestra la importancia del estudio de las colecciones antiguas. Finalmente, el uso del código de barras de ADN no significa que la taxonomía tradicional haya perdido importancia, sino que ahora cuenta con una nueva herramienta, un complemento valiosísimo, que facilita en gran parte el trabajo de identificación de especies, particularmente cuando se trata de grupos de organismos muy similares (con pocas diferencias morfológicas), fases iniciales del ciclo de vida que presentan una morfología diferente a la del adulto, o cuando los caracteres taxonómicos aún no están diferenciados (o incluso cuando se trata de ejemplares incompletos).