

Caracterización filogenética de la lagartija ibérica (*Podarcis hispanica*) de Donostia-San Sebastián y poblaciones adyacentes

Iñaki Sanz-Azkue^{1,2}, Koldo García-Etxebarria¹, Alberto Gosá², Xabier Rubio², Begoña M. Jugo¹.

¹ Departamento de Genética, Antropología Física y Fisiología Animal. Facultad de Ciencias y Tecnología. EHU-UPV.

² Departamento de Vertebrados, Sociedad de Ciencias Aranzadi. 20014 Donostia-San Sebastián

RESUMEN

La escasa diferenciación morfológica y la gran heterogeneidad intraespecífica existente dentro del género *Podarcis*, crea dificultades a la hora de definir distintas entidades taxonómicas dentro de este género. Por esta razón, las últimas investigaciones filogenéticas realizadas en la Península Ibérica han sugerido que *Podarcis hispanica* es un complejo específico (Harris et al, 2002, Pinho et al., 2006).

Por otro lado, basándose en las investigaciones morfológicas y folidóticas realizadas en las poblaciones de la Isla de Santa Clara y el Monte Urgull, el cual anteriormente fue una isla, se propuso que estas dos poblaciones se identificaran como una subespecie diferente de *Podarcis hispanica* (Klemmer, 1964, Bea et al., 1986), el cual fue nombrado como *Podarcis hispanica sebastiani*.

Por todo ello, se ha planteado un proyecto con dos objetivos.

- Establecer la posición filogenética de la población de lagartija ibérica de Donostia-San Sebastián, dentro del conjunto específico al que pertenece.
- Determinar el grado de diferenciación de las poblaciones de Urgull y Sta. Clara en Donostia, con respecto a las poblaciones más cercanas dentro del territorio de Gipuzkoa.

Para ello, las muestras se cogieron de 5 poblaciones distintas: de Sta. Clara y Urgull, y de tres montes cercanos: Mendizorrotz, Ulia y Jaizkibel.

Para ver a cual de los grupos del complejo específico pertenecen estas poblaciones, se han cogido 2 muestras de cada una de las poblaciones y se han examinado parte del gen *cyt b* como la 12 S. La amplificación se ha realizado mediante PCR para que acto seguido se secuencien todas las muestras. Para el análisis filogenético se han realizado 3 árboles, utilizando el Neighbour Joining, método basado en distancias, la Máxima Parsimonia y el Método Bayesiano.

Con los tres árboles utilizados, los cuales están basados en distintos métodos, se han obtenido topologías muy parecidas con altos niveles de robustez. En todas ellas, las poblaciones estudiadas, se agrupan en el mismo kluster que las *Podarcis hispanica* que componen el grupo "morfortipo 3" o "liolepis" estudiadas anteriormente (Pinho et al., 2006). Aun así, dentro de este morfortipo las poblaciones de San Sebastián en el mismo subgrupo crearían un grupo diferenciado. En estos momentos estamos analizando la variabilidad intrapoblacional.