{rokbox title=|Palinurus elephas :: Foto: David Díaz, COB-IEO| thumb=|images/stories/ieo/imagenespublicaciones/langosta_thumb.jpg|}images/stories/ieo/imagenespublicaciones/langosta.jpg{/rokbox}

Massimiliano Babbucci, Simona Buccoli, Angelo Cau, Rita Cannas, **Raquel Goñi**, **David Díaz**, Stefania Marcato, Lorenzo Zane, Tomaso Patarnello, (2010).
Population structure, demographic history, and selective processes: Contrasting evidences from mitochondrial and nuclear markers in the European spiny lobster *Palinurus elephas* (Fabricius, 1787).
Molecular Phylogenetics and Evolution. Volume 56, Issue 3, September 2010, Pages 1040-1050.

Resumen: La langosta espinosa europea *Palinurus elephas* (Fabricius, 1787) es una especie de gran interés económico y ecológico que tiene una amplia distribución geográfica desde el Atlántico Nororiental y Azores hasta el Mediterráneo Oriental. En este estudio se investigó la estructura poblacional y la historia evolutiva de esta especie por medio de marcadores mitocondriales y microsatélites. El estudio se realizó a partir de muestras de diez poblaciones, cubriendo una gran parte del área de distribución de la especie (tres muestras del Atlántico Nororiental y Azores y siete del Mediterráneo) y se analizó una porción de la zona de control mitocondrial y siete microsatélites polimórficos.

Los dos marcadores estudiados rechazaron la hipótesis de panmixia identificando dos pools genéticos diferenciados. Mientras que la región de control identificó dos grupos genéticamente separados correspondientes a las poblaciones atlánticas y mediterráneas, los microsatélites identificaron dos grupos más o menos asociados a la separación Atlanto-Mediterránea pero la muestra de las Azores no concordó con este esquema geográfico, aproximándose genéticamente a las poblaciones del Mediterráneo Occidental. La discrepancia entre los marcadores mitocondriales y nucleares se puso también de manifiesto en la reconstrucción de la historia de la especie. Los test de neutralidad de secuencias mitocondriales indicaron una distanciamiento del equilibrio de deriva mutacional que combinado con el análisis de 'mismatch' sugiere una expansión poblacional repentina en los pools genéticos tanto del Atlántico como del Mediterráneo. En contra de lo esperado, los microsatélites no identificaron señal alguna de expansión poblacional ni en el pool del Atlántico ni en el del Mediterráneo.

Mientras que la imagen resultante de este estudio es la de un patrón de aislamiento por

distancia con al menos dos pools genéticos distintos en el Atlántico y en el Mediterráneo, en este estudio al igual que en otro anterior de la especie (Palero et al. 2008), se detectaron excepciones a este esquema geográfico que podrían deberse al pequeño tamaño de alguna de las muestras. Aunque el grado de diferenciación entre las muestras del Mediterráneo no era pronunciado, la población más al Este (Cyclades) está bien separada de las otras muestras del Mediterráneo. Esto puede indicar que el intercambio entre poblaciones de ambas cuencas es limitado como se ha propuesto para otras especies (Patarnello et al., 2007), incluyendo el bogavante.

A modo de resumen, el patrón genético de la langosta europea encaja en la categoría general de flujo genético limitado entre poblaciones atlánticas y mediterráneas congruente con un patrón de aislamiento por distancia. La posición intermedia de las poblaciones de *P. elephas* cercanas al punto de transición, como la del sur de Portugal (Palero et al., 2008), así como la proximidad genética entre las poblaciones de Azores y del Mediterráneo Occidental, indican un cierto de flujo genético entre el Atlántico y el Mediterráneo posiblemente mediado por el intercambio de agua entre las dos cuencas, hacia el este en aguas superficiales y hacia el oeste en aguas profundas (Millot 1999).

Abstract: The European spiny lobster *Palinurus elephas* (Fabricius, 1787) is an ecologically and economically important species inhabiting a wide geographic range that extends from the North-east Atlantic and Azores to the Eastern Mediterranean. We investigated the population structure and evolutionary history of this species by both mitochondrial and microsatellite markers. Ten population samples covering a large part of the species distribution range (three samples from the Atlantic Ocean and seven from the Mediterranean Sea) were analyzed for a portion of the mitochondrial control region and seven polymorphic microsatellite loci.

Both markers rejected the hypothesis of panmixia identifying two differentiated gene pools. The control region clearly distinguished the Atlantic and Mediterranean populations in two genetically separated groups. Microsatellites, also revealed two groups roughly associated to the Atlantic–Mediterranean separation, however, the Azores sample did not conform to this geographic scheme. Discrepancy between mitochondrial and nuclear markers emerged also when reconstructing the history of the species. Neutrality tests of the mitochondrial sequences indicated a departure from mutation-drift equilibrium that, combined to the mismatch analysis, pointed toward a sudden population expansion in both Atlantic and Mediterranean gene pools. Unexpectedly, microsatellites did not identify any signal of population expansion neither in the Atlantic pool nor in the Mediterranean one.

Keywords: *Palinurus elephas*; mtDNA; Microsatellite; Population structure; Evolutionary history;

Spiny lobster