

Análisis genético y morfométrico en el cangrejo *Liocarcinus depurator* en la transición Atlántico-Mediterránea

Pascual M.^a, V.H. García-Merchán^a, A. Robainas-Barcia^a, F. Palero^b, M. Rufino^c, G. Calabria^a, V. Ordóñez^a, C. Schunter^d, J. Balanyà^a, F. Mestres^a, E. Macpherson^d, P. Abelló^e

^aGenética, UB; ^bInstitut Cavanilles/UV; ^cCIIMAR-LNEG; ^dCEAB-CSIC, ^eICM-CSIC

La integración de la variación morfológica y genética en especies con amplias distribuciones latitudinales y sometidas a ambientes diferentes es un hito importante de la biología evolutiva en organismos marinos. *Liocarcinus depurator* (Linnaeus, 1758) es un cangrejo portúnido común en la plataforma continental y talud superior del Atlántico nororiental y el Mediterráneo. Se distribuye desde las costas del Sáhara Occidental a Noruega, incluyendo el Mediterráneo, donde es uno de los miembros de las comunidades más abundantes de la plataforma continental. La existencia de múltiples discontinuidades oceanográficas en su área de distribución ofrece un escenario único para realizar estudios comparativos con variables morfométricas y diferentes marcadores moleculares (mitocondriales y nucleares). Hemos estudiado un total de 11 localidades distribuidas desde Gales hasta Grecia con una región parcial del gen Citocromo Oxidasa I (527pb), 11 loci microsateélites y 17 landmarks del caparazón de machos adultos. Se escogieron individuos de un mismo sexo y tamaño para evitar problemas asociados con el dimorfismo sexual y variaciones ontogénicas en la forma del caparazón descritas en estudios anteriores. Se observó una clara diferenciación entre las poblaciones de la cuenca Atlántica y Mediterránea con los tres tipos de marcadores. Para los marcadores moleculares se observaron dos grupos genéticamente diferenciados identificados a nivel mitocondrial por dos haplogrupos y a nivel nuclear por probabilidades de asignación mediante el programa STRUCTURE. Asociadas a las dos cuencas se detectaron clinas opuestas de frecuencias de los dos haplogrupos y de los genotipos, con una zona de mezcla en la zona occidental del Mar de Alborán. A nivel individual se observó un 82% de concordancia entre los dos marcadores moleculares. Realizando un análisis discriminante con los relative warps resultantes del análisis morfométrico considerando los grupos según su asignación con cada marcador molecular, se observó un 77% de concordancia con los marcadores nucleares y un 70% de concordancia con los marcadores mitocondriales. La población del oeste del Mar de Alborán, localizada entre el Estrecho de Gibraltar y el frente Almería-Orán, es la que presenta mayor mezcla y a la vez un mayor número de individuos discordantes. La estructura genética de las poblaciones parece presentar variabilidad interanual, en comparación con datos de años anteriores en la misma zona de estudio, y podría ser resultado de la variabilidad interanual en la intensidad y permeabilidad de algunos frentes.