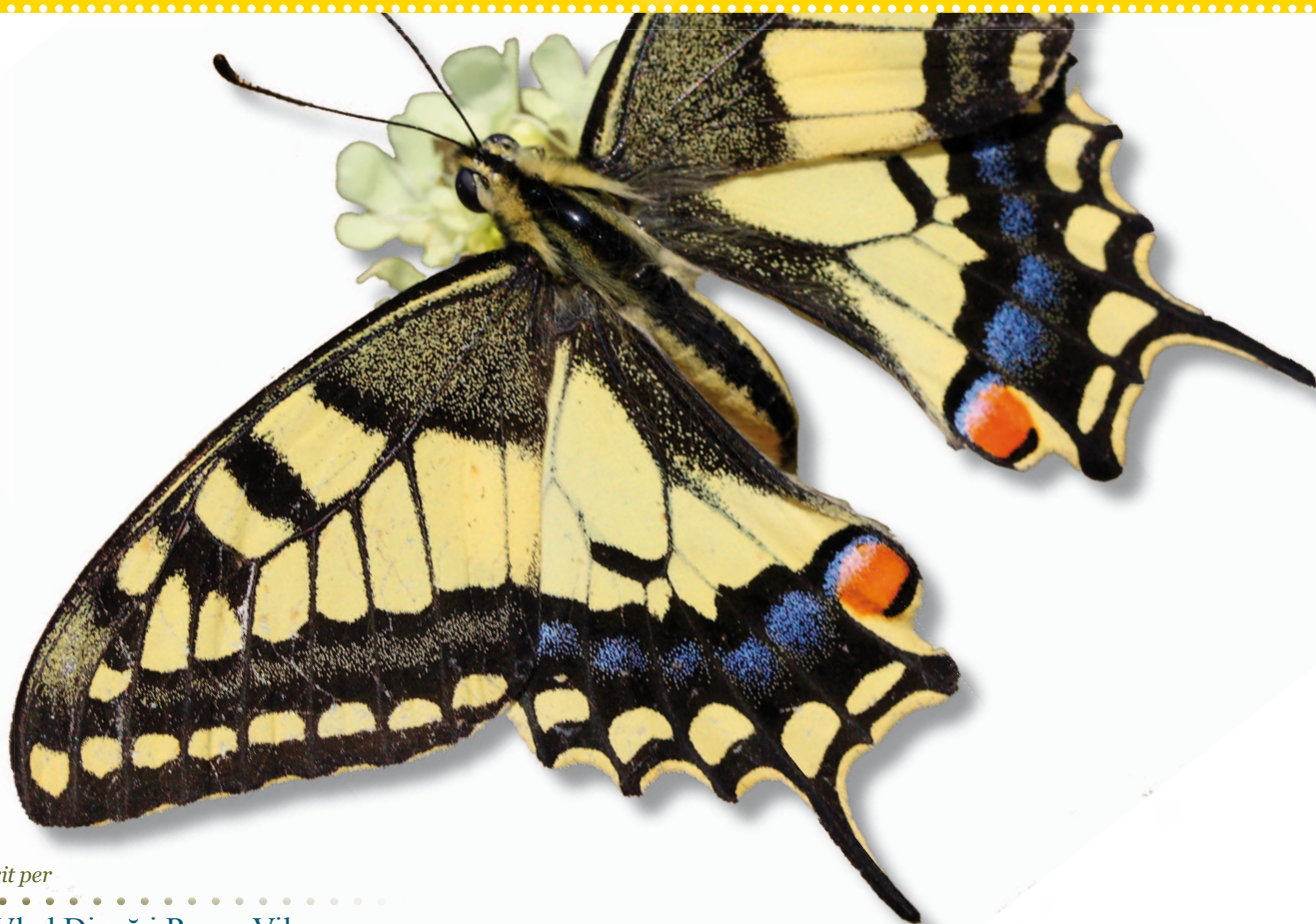


Biodiversitat críptica i espècies falses: papallones que enganyen els científics



Escrit per

Vlad Dincă i Roger Vila

Laboratori de la Diversitat i l'Evolució de les Papallones, Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-UPF)

L'anomenada *biodiversitat críptica*, espècies que passen despercebudes als científics perquè són pràcticament idèntiques a d'altres, s'està descobrint gràcies a les noves tècniques genètiques i morfològiques. Sembla que representa una porció no gens negligible de la biodiversitat total, i estudiar-la té una gran importància, tant per conèixer el nombre real d'espècies que existeix com per potenciar-ne la conservació. Els insectes representen el 60 % de les espècies conegudes i les papallones són un dels quatre ordres megadiversos del planeta. Expliquem diversos estudis recents que mostren que algunes espècies de papallones no són el que semblaven.

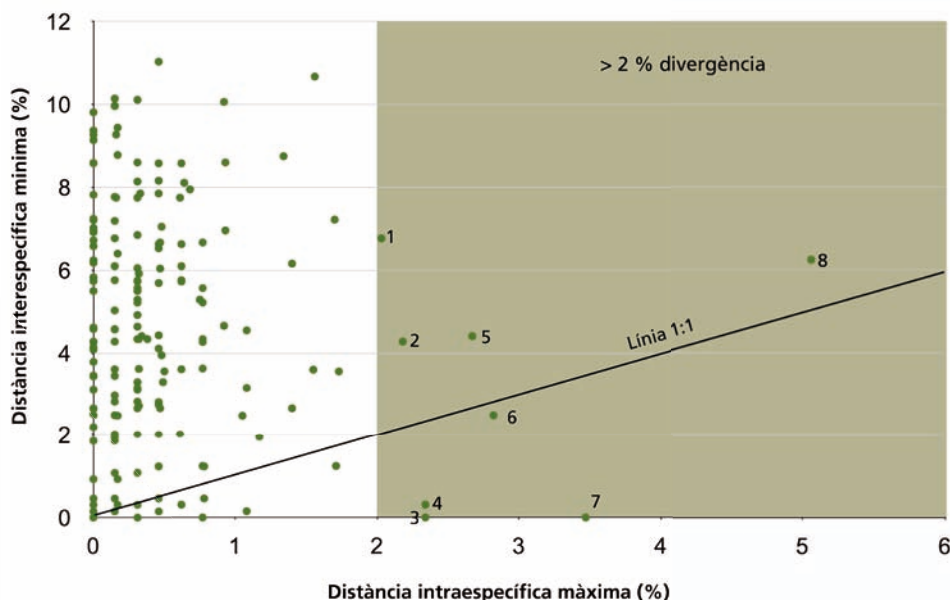
DES que Linné va començar la monumental tasca de posar nom als éssers vius, ara fa uns dos-cents cinquanta anys, milers d'investigadors hem aconseguit descriure un milió i mig d'espècies, aproximadament. Les estimacions sobre la diversitat real són encara molt poc precises, però sis milions d'espècies seria un nombre bastant conservador. Una simple regla de tres ens diu que trigarem mil anys

a conèixer la biodiversitat del planeta. Això no són bones notícies, i menys encara si tenim en compte que el ritme actual de descripció d'espècies no és el més alt de la història. La taxonomia passa

per un moment difícil i sovint queda relegada a material suplementari dels articles o a revistes amb un índex d'impacte baix o nul. És evident que moltes espècies s'extingiran sense que les haguem arribat a conèixer.

La revolució molecular de les ciències biològiques sembla una de les poques sortides a aquesta situació. Necessitem tècniques ràpides,





▲ **Figura 1.** Gràfic que mostra la mínima distància genètica interespecífica en relació amb la màxima distància genètica intraespecífica del codi de barres genètic per a cent vuitanta espècies de papallones presents a Romania. Es mostren vuit espècies per a les quals s'ha detectat una distància intraespecífica superior al 2 %.

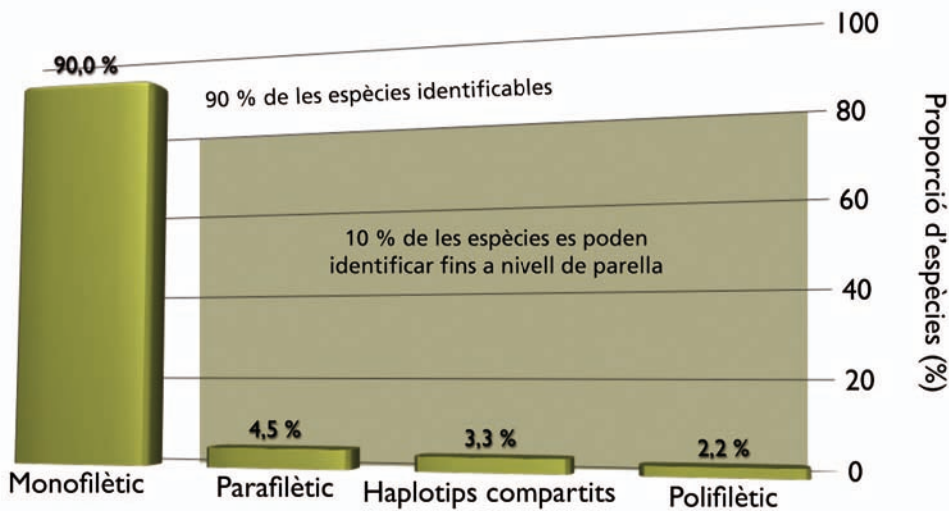
potents i aplicables a gran escala que ajudin a accelerar la documentació de la vida. Una de les iniciatives que caminen més decididament en aquesta direcció és el codi de barres genètic o DNA *barcoding*. El principi d'aquesta tècnica és simple: escollir un fragment de DNA estàndard que serveixi com a sistema d'identificació d'espècies i que en faciliti el descobriment de noves. L'Institut de Biodiversitat d'Ontario (Canadà) i, en concret, el seu director Paul Hebert, han liderat la implementació del codi de barres genètic a gran escala. En animals, el marcador usat és un fragment de la subunitat I del gen citocrom *c*-oxidasa, mentre que en plantes s'han proposat diversos marcadors, tot i que continua la cursa per trobar-ne un de realment útil. Més enllà de les discussions sobre el marcador més adequat i sobre les virtuts i limitacions de la tècnica, la feina acomplerta és un èxit indiscutible. Des que la campanya va començar a escala internacional fa sis anys s'han reunit més d'1,3 milions de codis de barres genètics, xifra que representa més de 113.000 espècies. Aquesta dada és més impressionant si tenim en compte que més de la meitat dels codis s'han obtingut els últims dos anys.

En un treball recent s'ha testat l'efectivitat del codi de barres genètic tot utilitzant com a model les papallones de Romania. Amb 180.000 espècies descrites de lepidòpters, aquest ordre megadivers constitueix el grup d'invertebrats més ben estudiat. A Romania existeixen 182 espècies de papallones diürnes, que representen aproximadament un terç de les europees. Es tracta, per tant, d'un sistema representatiu de l'Europa temperada. Per a aquest estudi es van seqüenciar els codis de barres genètics de 1.387

exemplars de papallones, que representaven el 99% de les espècies i principals subespècies en un mostreig com més uniforme millor. El resultat mostra que el codi de barres genètic permet identificar sense ambigüïtat el 90 % de les espècies, però no pot discernir entre parells d'espècies molt properes en els casos restants (fig. 1). Aquest percentatge és prou encoratjador i és millor que el que obtindríem, per exemple, utilitzant els patrons de les ales. Com a resultat, Romania és el primer país del món amb una base de dades pràcticament completa que permet identificar genèticament mostres de papallones. Ara és possible classificar mostres que, tot i tenir valor faunístic o aportar informació sobre l'ecologia de les espècies, no poden ser identificades per altres mètodes, com ara estadis immadurs, continguts estomacals de predadors, restes de mostres atacades per parasitoides, etcètera.

Un dels avantatges de tenir un mapa de la variabilitat genètica mitocondrial de les papallones és que permet estudiar l'anomenada *biodiversitat genètica*. El terme *biodiversitat* normalment s'entén com el nombre d'espècies, però conèixer els diferents llinatges genètics existents té un gran interès des del punt de vista evolutiu, biogeogràfic i de la conservació. És molt destacable que a Romania s'hagin detectat vuit espècies de papallones amb un percentatge de divergència genètica intraespecífica de més del 2 % i, en un cas, de més del 5 % (fig. 2). A més, aquestes divergències són en alguns casos més grans que la mínima interespecífica, fet que suggereix l'existència de fenòmens evolutius susceptibles de ser estudiats en profunditat (introgressió, llinatges aïllats durant





▲ **Figura 2.** Resultats del test d'eficàcia del codi de barres genètic per identificar les espècies de papallones de Romania. Els resultats es basen en 1.387 codis de barres corresponents a cent vuitanta espècies.

llargs períodes, etc.). També és possible que ens trobem davant d'alguns casos d'espècies críptiques: les que morfològicament s'assemblen molt a d'altres, fet que pot provocar que passin desapercebudes als científics. Un dels estudis més famosos, titulat «Deu espècies en una», suggeria l'existència de nou espècies críptiques dins d'una espècie de papallona, tot i que el nombre real d'espècies en aquest cas encara s'està debatent. Caldrà, per tant, estudiar meticulosament cada cas descobert d'una gran divergència intraespecífica, com per exemple el de l'espècie *Thymelicus sylvestris*, que conté tres llinatges mitocondrials ben diferenciats (fig. 3).

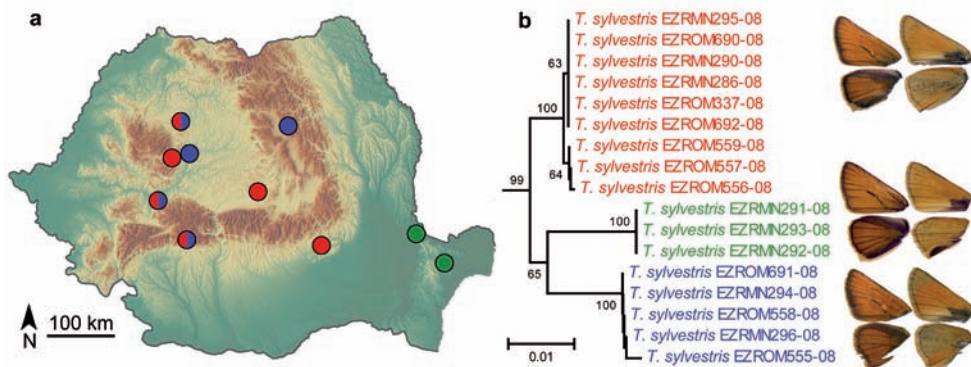
▼ **Figura 3.** *Thymelicus sylvestris* és una espècie que conté tres llinatges mitocondrials ben diferenciats i que podria incloure espècies críptiques. A la dreta, es mostra un arbre filogenètic basat en els codis de barres genètics de disset mostres; a l'esquerra s'indiquen en un mapa de Romania les localitats on s'han recol·lectat els diferents llinatges.

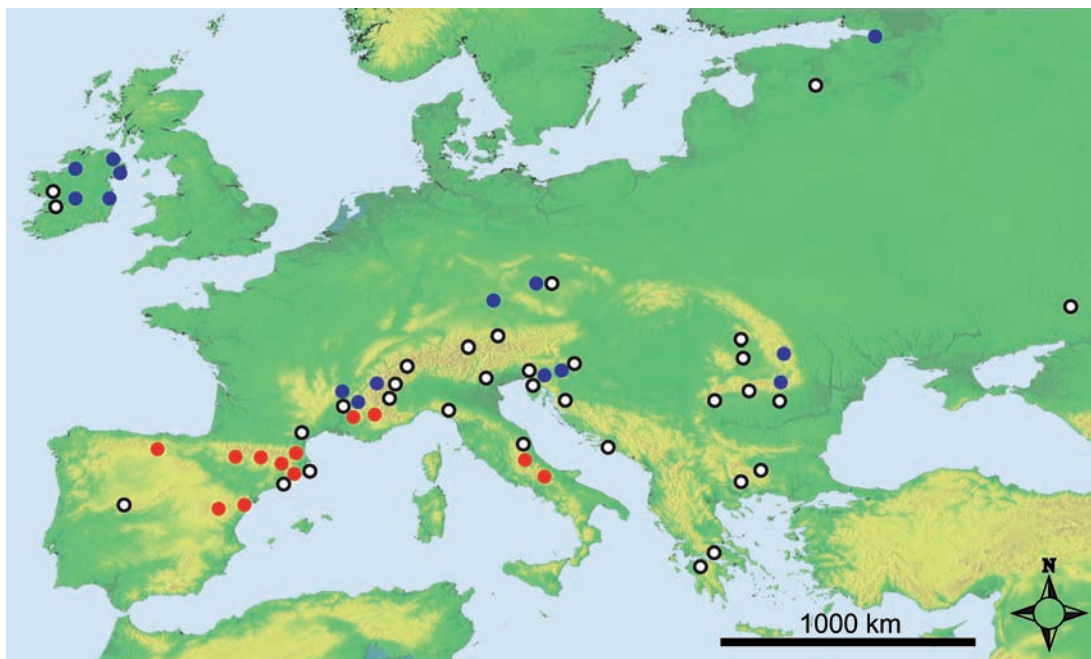
La biodiversitat críptica s'està detectant actualment gràcies a tècniques modernes que ens permeten discernir espècies més enllà de les aparences. Una de les primeres espècies de papallona críptica descobertes va ser *Leptidea reali*, un cas que va suscitar un gran interès perquè evidenciava la necessitat d'estudis molt més detallats. Als anys noranta es va demostrar que el que es considerava una sola espècie comuna a Europa i l'Àsia eren en realitat dues espècies bessones, *L. sinapis* i *L. reali*, que sovint volaven juntes i que només es podien diferenciar mitjançant mesures de la genitèlia, un caràcter

DNA i el nombre cromosòmic (fig. 4). Es tracta, probablement, del primer cas conegut de múltiples capes de biodiversitat críptica, fet que ens porta a reflexionar sobre quin percentatge de la biodiversitat conté biodiversitat críptica amagada. Aquesta pregunta és particularment pertinent, atès que s'ha trobat diversitat críptica fins i tot en un grup tan ben estudiat com són les papallones europees. Quantes espècies insospitades poden amagar els tàxons investigats pobrament? No hi ha estimacions fiables en aquest sentit, i primer cal estudiar a fons un grup ampli per poder fer extrapolacions més o menys acurades.

Un altre exemple il·lustratiu fa referència a una de les papallones més comunes d'Europa, *Polyommatus icarus*, també coneguda per *blaveta comuna*. Recentment, s'ha descobert una espècie críptica, *P. celina* o *blaveta comuna africana*, que la substitueix al nord d'Àfrica. Un estudi ha reconstruït la història evolutiva d'aquesta parella d'espècies mitjançant tècniques moleculars (DNA mitocondrial i genòmic) i tècniques de morfometria geomètrica. Mentre que la morfometria lineal tradicional mesura distàncies, la morfometria geomètrica permet comparar formes estadísticament. Els resultats

han estat sorprenents. En primer lloc, s'ha demostrat que les dues espècies de *blaveta comuna* no són espècies germanes, tot i que s'assemblen molt. De fet, *P. icarus* és evolutivament més propera a altres espècies. Això ens indica que la biodiversitat críptica pot ser fruit de caràcters que es mantenen invariables durant milions d'anys en alguns llinatges (plesiomòrfics) i de caràcters d'origen





independent que convergeixen (homoplàsics), que conjuntament fan que dues espècies força allunyades evolutivament siguin indistingibles als nostres ulls. Les genitàlies també són extremament semblants, fins al punt que tan sols s'han detectat diferències minúscules en la forma, i en general la identificació només és segura mitjançant la seqüenciació del DNA. Curiosament, aquestes dues espècies tenen una distribució parapàtrida, de manera que s'exclouen mútuament en l'espai. Una hipòtesi que explicaria aquest fet és que les dues espècies no disposen de mecanismes per distingir-se entre si, però els híbrids tenen problemes de fertilitat. D'aquesta manera, qualsevol exemplar que ar-

ribi a una zona on habita l'altra espècie tindria molt probablement descendència no fèrtil.

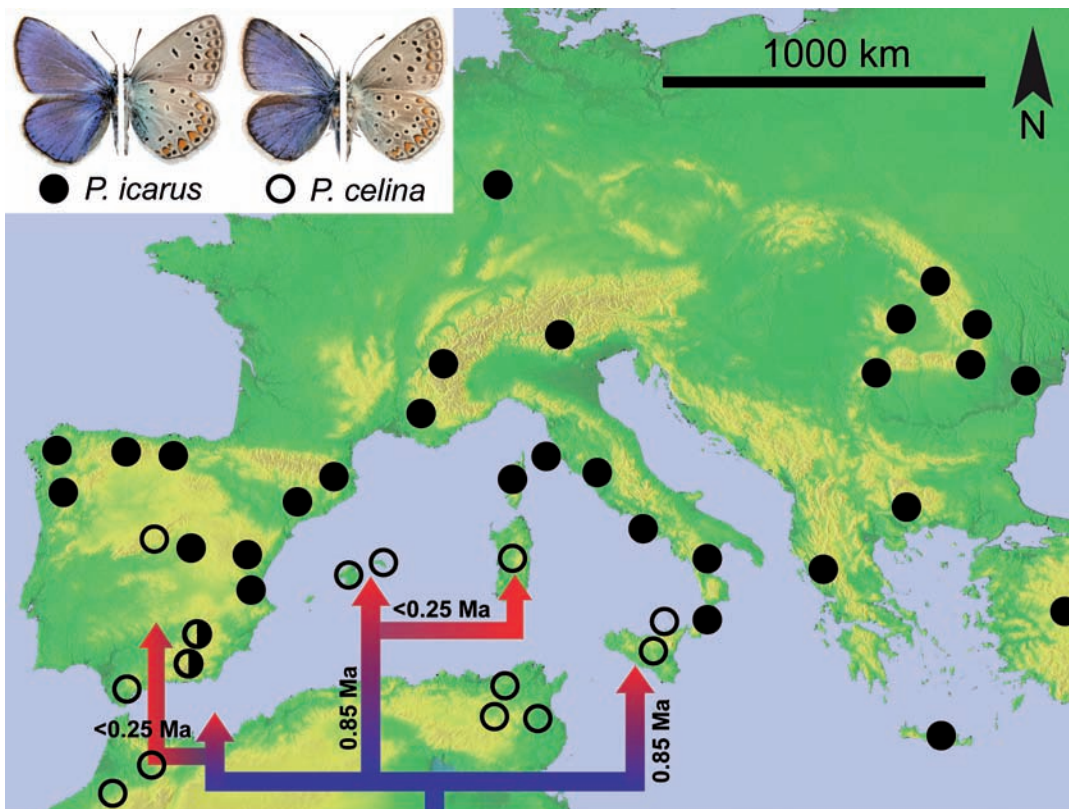
D'altra banda, aquest estudi també demostra que *P. celina* té una distribució molt més àmplia del que es creia (fig. 5). La blaveta comuna africana substitueix *P. icarus* en moltes zones del sud de la península Ibèrica, les illes Balears, Sardenya i Sicília, a més de les Canàries. L'expansió cap al nord de *P. celina* va començar fa uns vuit-cents cinquanta mil anys, quan aquesta espècie va colonitzar les Balears i Sicília des del nord d'Àfrica. Fa relativament poc, ja al final del Plistocè, el llinatge de les Balears va colonitzar Sardenya, i l'africà, el sud de

.....
▲ Figura 4. Triplet d'espècies críptiques dins del gènere *Leptidea*. Cap no es pot identificar per morfologia externa i només una (*L. sinapis*) difereix en la morfologia interna (genitàlia). *L. reali* i *L. juvernica* només es poden distingir mitjançant l'estudi del DNA o del nombre cromosòmic. En el mapa s'indiquen les localitats de les mostres estudiades que han portat a descobrir el triplet d'espècies.



L. sinapis

► **Figura 5.** *Polyommatus celina* és una espècie críptica recentment descoberta dins de la blaveta comuna *P. icarus*. Són extremament similars tot i no ser espècies germanes. En el mapa s'indiquen les àrees de distribució de totes dues espècies, així com la història de l'expansió de *P. celina* cap al nord.

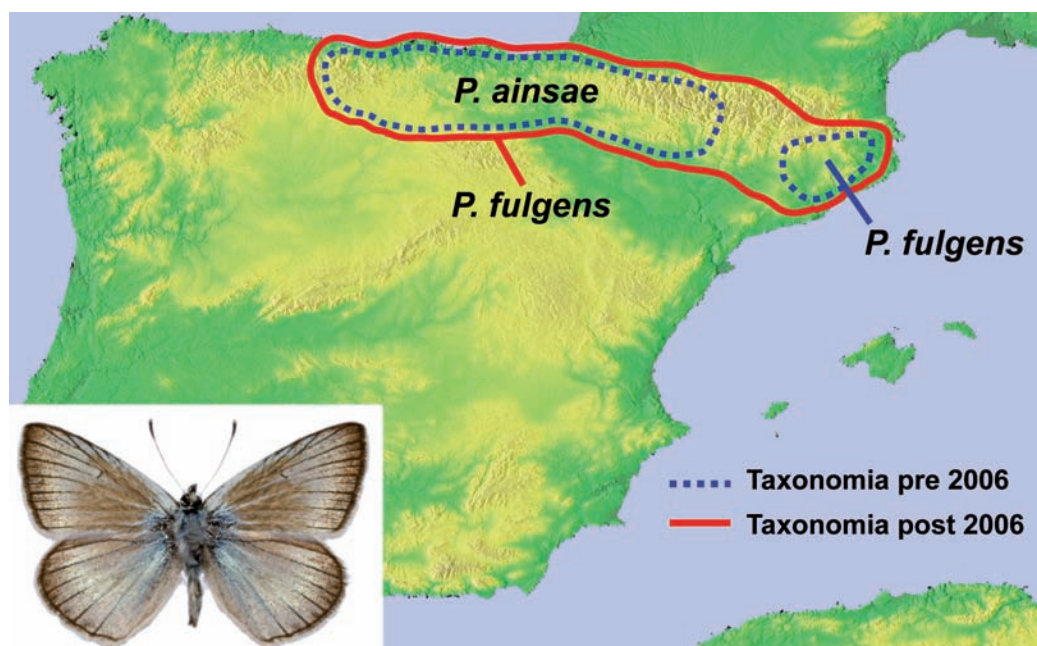


la península Ibèrica. Per tant, veiem que a les illes Balears no hi viu una espècie comuna com és *P. icarus*, sinó un llinatge de *P. celina* d'un gran interès només compartit amb Sardenya; un exemple més de la importància de conèixer la biodiversitat genètica per gestionar i conservar la natura adequadament.

Les noves tècniques moleculars no solament ens permeten detectar espècies críptiques, sinó que també ens poden servir per desemmascarar espècies falses.

L'única espècie de papallona endèmica de Catalunya era *Polyommatus fulgens*, una bonica papallona blau cel amb ales anteriors vellutades (fig. 6). Aquesta espècie va ser descrita l'any 1925 per l'entomòleg Ignasi de Sagarra, germà del famós escriptor Josep Maria de Sagarra. Una altra espècie de color més pàl·lid i amb una ratlla blanca al revers de les ales ben marcada, *P. ainsae*, es va descriure poc després en altres zones del nord de la península Ibèrica. Estudis genètics i del nombre de cromosomes han demostrat que totes dues són en realitat la mateixa espècie. Per tant, *P. ful-*

► **Figura 6.** *Polyommatus fulgens* era l'única espècie de papallona endèmica de Catalunya, fins que el 2006 es va demostrar que una altra espècie del nord peninsular (*P. ainsae*) era una espècie falsa. El resultat és que actualment *P. fulgens* té una distribució molt més àmplia. En el mapa es mostren les hipòtesis taxonòmiques antiga i moderna.



gens, que és el nom més antic, passa ara a anomenar ambdues entitats i *P. ainsae* passa a ser considerada una espècie falsa. Podríem dir que Catalunya ha exportat la seva única papallona endèmica.

Aquest tipus de reorganitzacions de la sistemàtica comporten un treball minuciós que s'ha d'afegir a la tasca descriptiva, però que és necessari per entendre la diversitat i saber què hem de protegir. Si la feina pendent per arribar a conèixer en profunditat les papallones d'Europa encara és enorme, la que requereixen altres regions del planeta o altres grups taxonòmics és ingent. Si bé les tècniques moleculars ens ajuden, també tenen un efecte multiplicador del repte, ja que ens mostren noves capes de biodiversitat i ens plantegen preguntes més subtils. Aquest és el camí de la ciència. |



Referències bibliogràfiques

- BROWER, A.V. Z. (2006). «Problems with DNA barcodes for species delimitation: “ten species” of *Astraptes fulgerator* reassessed (Lepidoptera: HesperIIDae)». *Systematics and Biodiversity*, vol. 4, núm. 2, p. 127-132.
- DINCA, V. [et al.] (2011a). «Complete DNA barcode reference library for a country's butterfly fauna reveals high performance for temperate Europe». *Proceedings of the Royal Society Series B*, vol. 278, p. 347-355.
- DINCA, V. [et al.] (2011b). «Unexpected layers of cryptic diversity in wood white *Leptidea* butterflies». *Nature Communications*, vol. 2, p. 324.
- DINCA, V. [et al.] (2011c). «A combined genetic-morphometric analysis unravels the complex biogeographical history of *Polyommatus icarus* and *Polyommatus celina* Common Blue butterflies». *Molecular Ecology*, vol. 20, p. 3921-3935.
- HEBERT, P. D. N. [et al.] (2004). «Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*». *PNAS*, vol. 101, núm. 41, p. 14812-14817.
- VILA, R. [et al.] (2010). «How common are dot-like distribution ranges? Taxonomical oversplitting in Western European *Agrodiaetus* (Lepidoptera, Lycaenidae) revealed by chromosomal and molecular markers». *Biological Journal of the Linnean Society*, vol. 101, p. 130-154.
- LUKHTANOV, V. A. [et al.] (2006). «Rearrangement of the *Agrodiaetus dolus* species group (Lepidoptera, Lycaenidae) using a new cytological approach and molecular data». *Insect Systematics and Evolution*, vol. 37, p. 325-334.

Vlad Dincă

(Ploiești, Romania, 1982)



Llicenciat en biologia per la Universitat Babeș-Bolyai (Cluj, Romania) i ha obtingut recentment el grau de doctor en genètica per la Universitat Autònoma de Barcelona.

Actualment forma part del Laboratori de la Diversitat i l'Evolució de les Papallones a l'Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-UPF). Les papallones paleàrtiques són el seu principal àmbit d'actuació. N'estudia aspectes tan variats com les relacions evolutives, la biogeografia, l'ecologia, la taxonomia i la conservació.

Roger Vila

(la Garriga, 1973)



Llicenciat en bioquímica per la Universitat Autònoma de Barcelona (1996), també hi va obtenir el grau de doctor en bioquímica i biologia molecular l'any 2001. Va fer el postdoctorat en filogènia de papallones i formigues a la Universitat de Harvard, sota la direcció de N. E. Pierce i E. O. Wilson. Va tornar a Catalunya com a investigador ICREA júnior i actualment és científic titular del CSIC a l'Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-UPF), on dirigeix el Laboratori de la Diversitat i l'Evolució de les Papallones. En aquest laboratori s'usen tècniques modernes per entendre la història biogeogràfica i evolutiva que ha portat a la diversitat actual de les papallones.