

Yablokov, A. V., A. S. Baranov, & A. S. Rozanov. **Population Structure, Geographic Variation, and Microphylogenesis of the Sand Lizard (*Lacerta agilis*)**. p. 91-127.

El artículo por Yablokov *et al.* es un estudio exhaustivo de variación a diferentes niveles de suborganización específica en el lagarto de arena, *Lacerta agilis*. Examinaron 13.688 ejemplares con respecto a la ocurrencia de 222 características fenotípicas, discretas y no métricas. Reconocieron cinco niveles de afinidades infraespecíficas: la familia, el “deme”, el grupo “deme”, el grupo poblacional y la población, y estiman la tasa de intercambio genético entre grupos adyacentes de un mismo nivel, y el período de sobrevivencia de cada nivel en términos de generaciones.

Los autores discuten varias poblaciones que llaman “especies potenciales”, lo que naturalmente trae a la mente el concepto de subespecies como concebido por el sistemático (en contraste con el taxónomo). Este trabajo, como muy pocos, demuestra lo que debe y puede hacerse en lugar de tratar de fraccionar especies a un nivel subespecífico, y lamentablemente demuestra lo poco realístico que es esperar una aplicación extensa de la metodología. Se supone que las variaciones morfológicas y cromáticas encontradas responden a las diferentes demandas ecológicas, o bien a diferentes respuestas a las mismas demandas por las varias poblaciones. Como los ecosistemas locales son frágiles y, en este caso la especie bajo estudio no especialmente móvil, parece no aconsejable reconocer formalmente aquellas “especies potenciales” como subespecies aún cuando su aislamiento genético tanto como la presencia de barreras zoogeográficas les conceden potencialidad. Los autores son conscientes de los defectos de la nomenclatura infraespecífica, evitan su aplicación, y hacen una llamada para alterar el concepto actual de población, tomando en cuenta la magnitud aproximada de intercambio genético con poblaciones adyacentes.

En resumen, el trabajo presenta un enorme esfuerzo que debe encontrarse entre la literatura citada de cualquier estudio del mismo género.

Douglas C. Robinson  
Escuela de Biología  
Universidad de Costa Rica

Woodruff, R. C., & J. N. Thompson, Jr. **Hybrid Release of Mutator Activity and the Genetic Structure of Natural Populations**. p. 129-162.

Hace ya bastante tiempo que ha sido reconocido en la literatura que la hibridación, entre individuos procedentes de poblaciones con diferentes genotipos, tiende a aumentar la frecuencia de mutación. Los autores de este capítulo fundamentándose en su propia investigación —y en aquella de otros genetistas— sobre el factor de recombinación masculina (RM) en *Drosophila melanogaster*, elaboran la “hipótesis de la liberación de la actividad mutadora por hibridación”. Esta hipótesis trata de explicar como la baja frecuencia de mutación en una población aislada, ha sido establecida por selección natural valiéndose de supresores genéticos de mutación, los cuales inhiben la expresión de los factores de mutación que —en su concepto— están siempre presentes en el genotipo. Estos supresores de

mutación, que posiblemente son de diferente naturaleza en las distintas poblaciones, son removidos por hibridación liberando los factores de mutación, lo cual puede dar como resultado un aumento explosivo de variabilidad.

Los autores discuten la existencia de genes mutadores, la distribución y frecuencia de las líneas mutadoras RM en *Drosophila melanogaster*, la actividad RM en las líneas de laboratorio, la genética de los factores mutadores RM y las implicaciones evolutivas de la liberación por hibridación de la actividad mutadora, todo en forma interesante y verosímil, aunque —como ellos lo indican— es necesario una mayor cantidad de trabajos experimentales que la demuestren sin lugar a dudas.

Jorge Mora Urpí  
Escuela de Biología  
Universidad de Costa Rica

Krimbas, C.B., & M. Loukas. **The inversion polymorphism of *Drosophila subobscura***. p. 163-234.

Este capítulo es un estudio muy documentado de los polimorfismos en las inversiones de *Drosophila subobscura*, encontrándose 56 inversiones y 2 duplicaciones, con un total de 79 diferentes ordenamientos de los genes.

Un total de 90 poblaciones naturales fueron examinadas para estos polimorfismos y su distribución geográfica, así como la importancia de los procesos históricos y evolutivos que los determinan. La discontinuidad observada en poblaciones vecinas separadas por barreras geográficas evidencia la importancia de los procesos históricos. Igualmente, el parecido en los polimorfismos observados en poblaciones insulares separadas es mayor que en las poblaciones continentales, de los cuales difieren. Por el contrario, poblaciones de una misma isla viviendo a diferentes alturas sobre el nivel del mar muestran los mismos polimorfismos. Por otro lado, el análisis de los polimorfismos de poblaciones que viven en condiciones similares, pero llegadas por diferentes rutas de colonización, reflejan un parecido en sus reordenamientos génicos, lo que pone de manifiesto la influencia de los procesos adaptativos, aunque, experimentalmente estas evidencias son débiles y contradictorias. Una revisión de la literatura muestra que en la mayoría de las veces los experimentos sobre polimorfismo son imprecisos, susceptibles a varias interpretaciones. Así la riqueza de polimorfismos inducida por muchos investigadores puede ser causada por defecto en las técnicas experimentales. Es probable que muchos investigadores confiados en los trabajos realizados con *D. pseudoobscura* y *D. persimilis* han extendido estos resultados en sus investigaciones con *D. subobscura*. Pero las diferencias entre las especies son muy evidentes respecto a: la presencia de polimorfismos en las inversiones de todos los cromosomas de *D. subobscura*, la ausencia de coadaptación, el efecto despreciable de la heterogeneidad espacial y temporal; la presencia de varias excepciones a la regla de Wallace. El número de ordenamientos alélicos conduce a amplias restricciones en las interpretaciones selectivas, además que el tamaño de las inversiones puede ser explicado sin recurrir a la selección.

Se hace necesaria la ejecución de nuevos trabajos experimentales, bien conducidos y libres de errores técnicos para determinar el valor de los mecanismos selectivos y la coadaptación de estos arreglos génicos en *D. subobscura*. Los avances experimentales probarán la tesis de los autores en el sentido de que los procesos