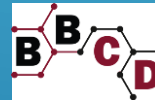


Analisi genetiche delle trote mediterranee del bacino Alpino sud Occidentale

Prof Anna Rita Rossi

Dipartimento di Biologia e Biotecnologie C. Darwin

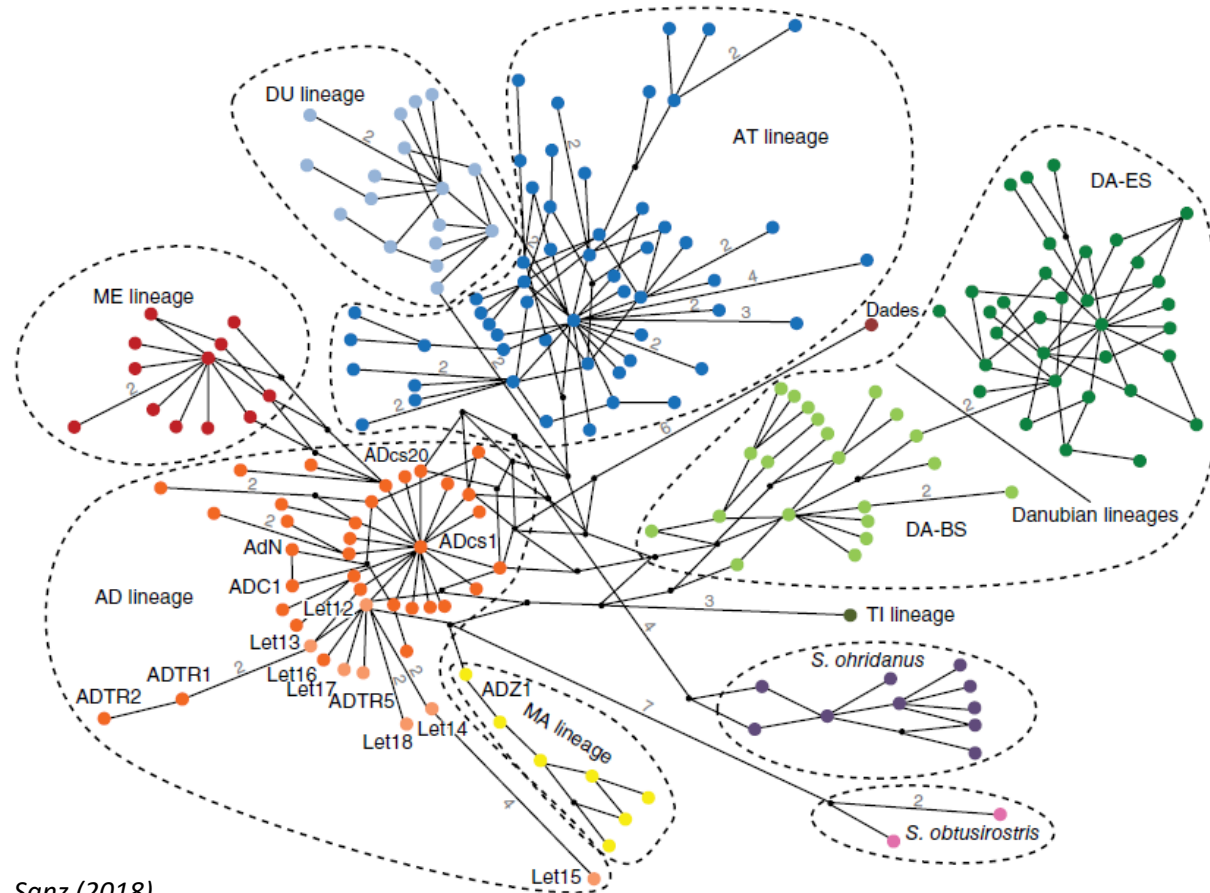


SAPIENZA
UNIVERSITÀ DI ROMA

Salmo trutta complex

- Include una varietà di specie, semi-specie, razze geografiche ed ecotipi distinti a livello morfologico e/o genetico
- Almeno 6-9 linee evolutive (mtDNA)

2 Phylogeographic History of Brown Trout: A Review



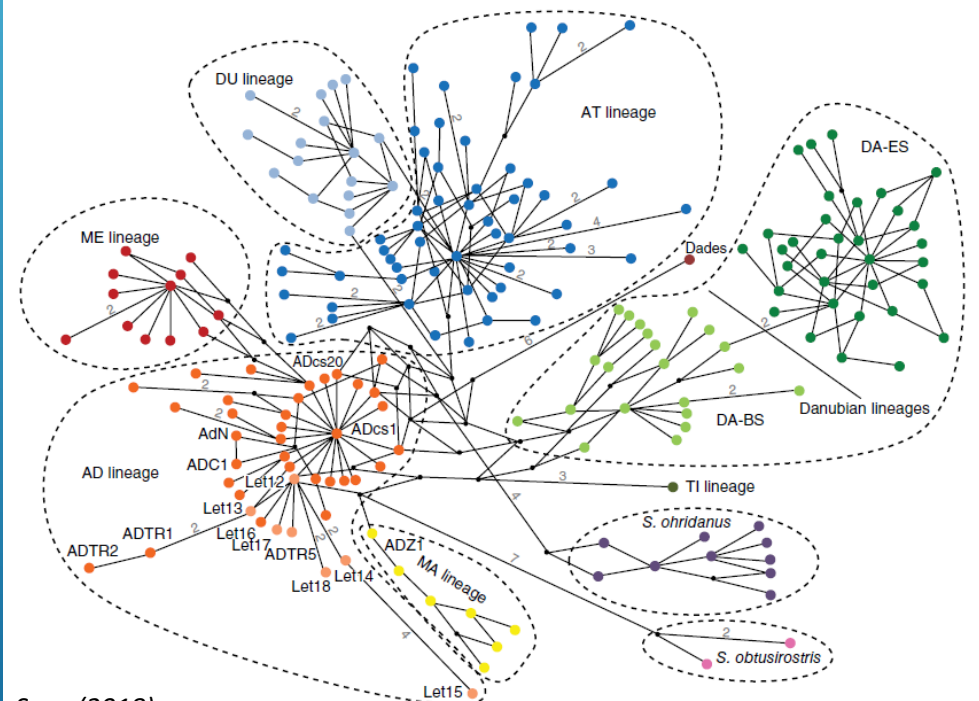
Sanz (2018)

Salmo trutta complex

- ✓ distribuzione geografica delle linee mitocondriali
- ✓ introduzione di ceppi atlantici/domestici → ibridazione/introgressione
- ✓ La trota fario atlantica (*Salmo trutta*) è considerata una delle 100 specie più invasive al mondo

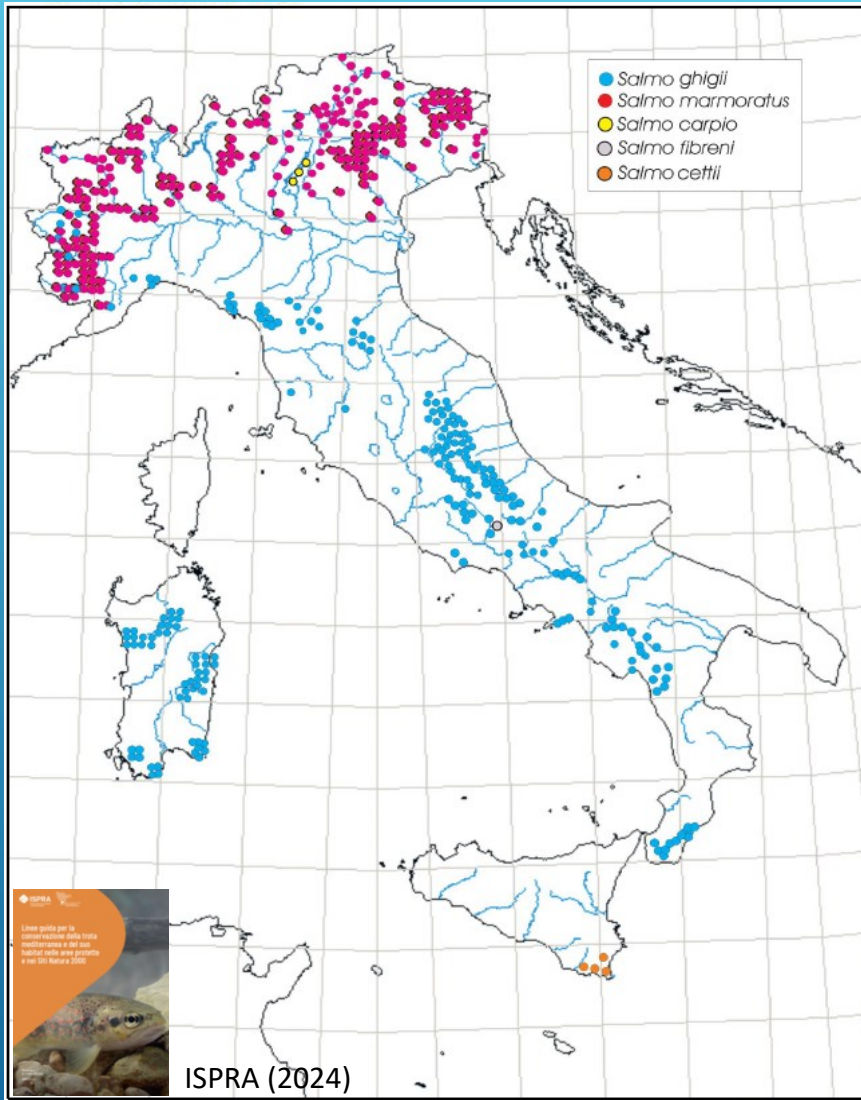


2 Phylogeographic History of Brown Trout: A Review



Sanz (2018)

La situazione in Italia



Trote native mediterranee in Italia → approccio tassonomico integrato (AllAD, 2021): MU

- *S. ghigi*, apotipo AD, ME, MA → Appennino e Alpi Sud-occidentali (Marittime e Cozie)
- in stato Critico di conservazione (CR)



MARCATORI MOLECOLARI

nDNA

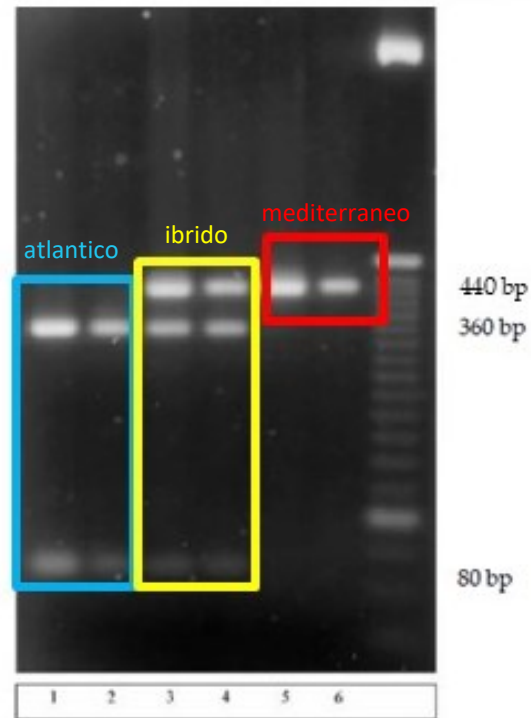
LDH-C1 (RFLP) *McMeel et al. 2001*

Amplificazione **440bp**

Taglio enzima Bs/1

Allele*90 (atlantico/domestico)→ 80bp+360bp

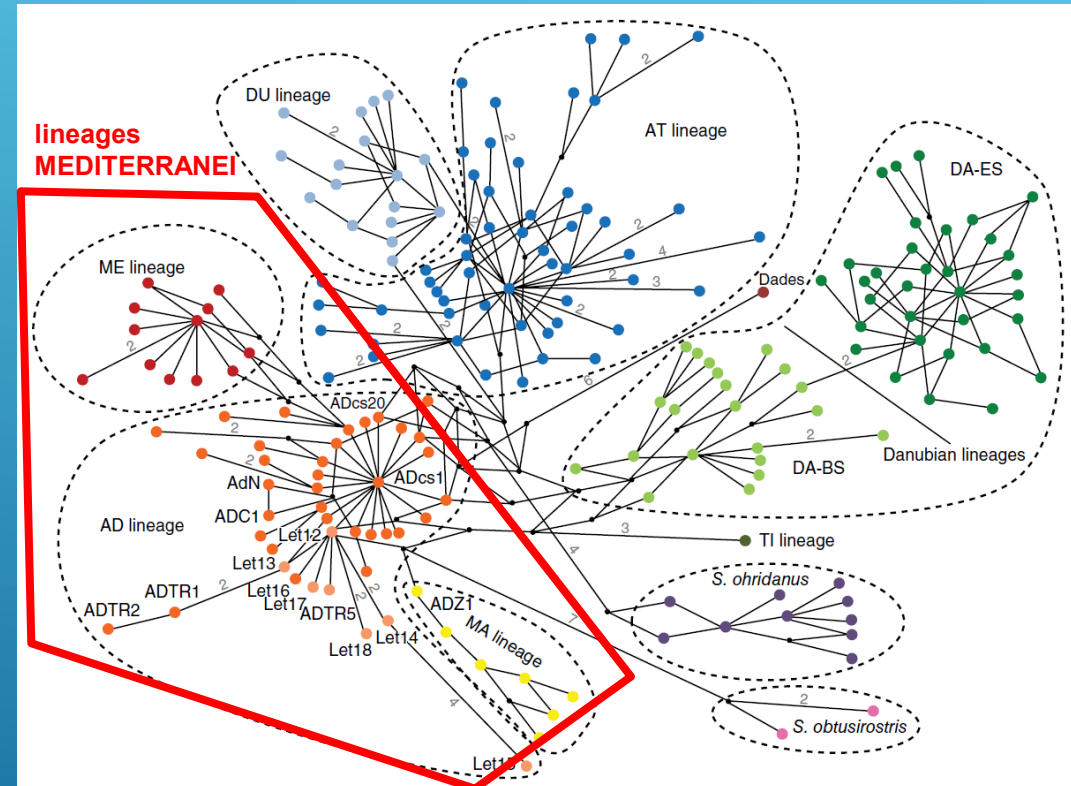
Allele *100 (mediterraneo)→ 440bp



mtDNA

Control Region *Bernatchez et al. 2001*

Amplificazione e sequenziamento **938bp**
(544bp)

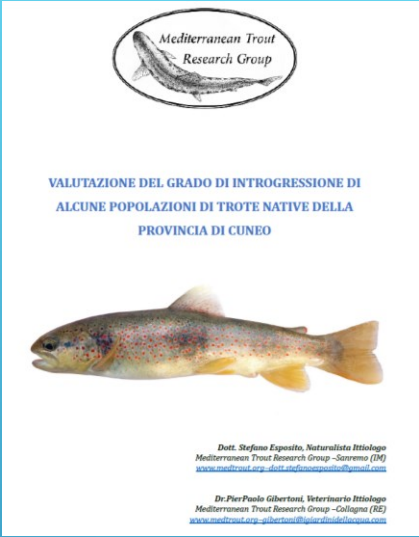


DATI PREGRESSI PROVINCIA DI CUNEO

Apostolidis et al. 2007

Tabella 3 – Lunghezze dei frammenti risultanti da Multiplex PCR della regione di controllo (CR)

APLOGRUPPO	LUNGHEZZA
AD	152 bp
AT	386 bp
DA	411 bp
MA	304 bp
ME	214 bp



		LDH-C1			Aplogruppo D-Loop		
	N	100/100	100/90	90/90	AD	MA	AT
FOR Rio Forneris	25	25			25		
STU Stura di Demonte	15	9	6	0	12		3
COR Rio Corborant	8	2	5	1	4		4
FRE Rio Freddo	20	17	3		19		1
SAN Rio Sant'Anna	8	3	4	1	5		3

DATI PREGRESSI DALLA PROVINCIA DI CUNEO

Biological Journal of the Linnean Society, 2020, XX, 1–18. With 3 figures.

The role of the south-western Alps as a unidirectional corridor for Mediterranean brown trout (*Salmo trutta* complex) lineages

ANDREA SPLENDIANI¹, PATRICK BERREBI^{2,3}, CHRISTELLE TOUGARD³, TOMMASO RIGHI⁴, NATHALIE REYNAUD⁵, TATIANA FIORAVANTI⁶, PAOLO LO CONTE⁴, GIOVANNI B. DELMASTRO³, MARCO BALTIERI⁶, LUCA CIUFFARDI⁷, ALESSANDRO CANDIOTTO⁸, ANDREA SABATINI⁹, and VINCENTO CAPUTO BARUCCHI¹

- Rio Freddo: *Aplotipo nativo ADporh-1* →
- comparso circa 151.000–120.000 anni fa nei rifugi glaciali delle Alpi Marittime (probabilmente da ADcs-1)

corridoio attraverso il quale le popolazioni del bacino padano hanno raggiunto quello francese del Rodano (Splendiani et al., 2020)

- Rio Freddo: lineage AD (*ADcs-1*, 408bp)

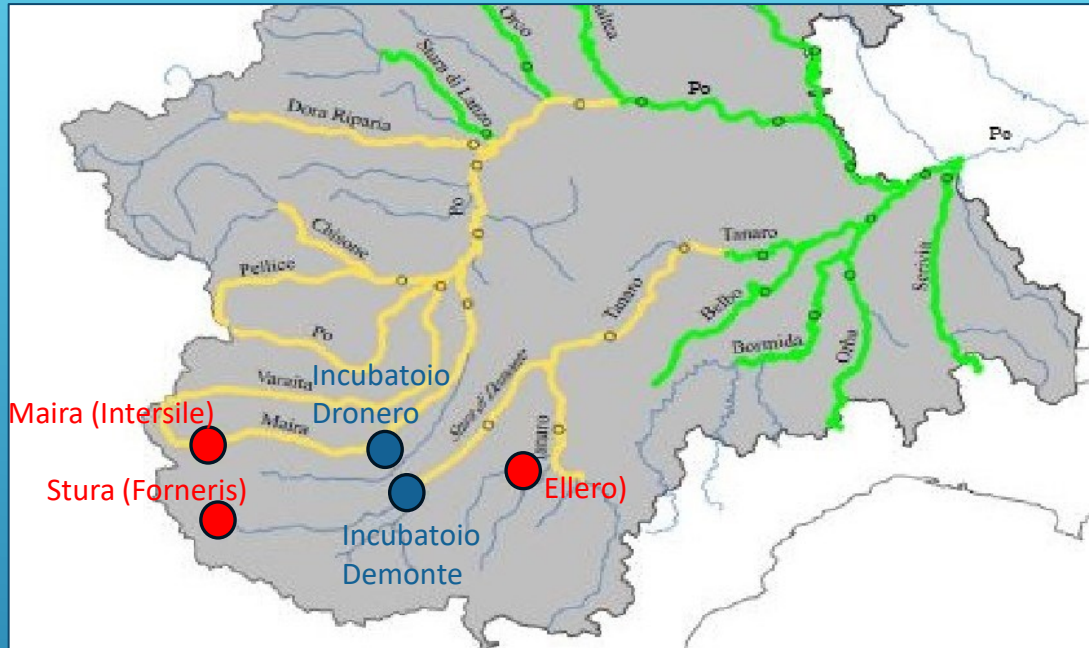


Article
Current and Historical Genetic Variability of Native Brown Trout Populations in a Southern Alpine Ecosystem: Implications for Future Management

Caterina M. Antognazza^{1,4}, Anja Palandčić^{2,3}, Giovanni B. Delmastro³, Giuseppe Crosa¹ and Serena Zaccara¹



CAMPIONI ESAMINATI

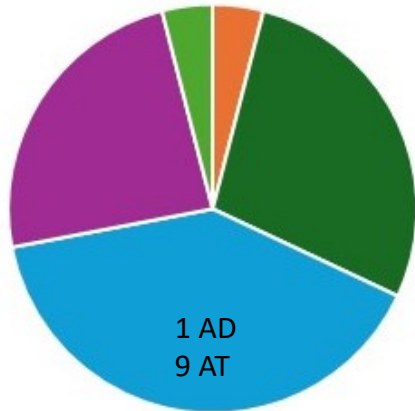


Sito/incubatoio	N. indiv	anno
Maira (Intersile)	25	2024
Stura (Rio Forneris)	25	2024
Ellero	29	2025
Demonte (Intersile)	15	2024
Dronero (Rio Freddo/Forneris)	45	2024

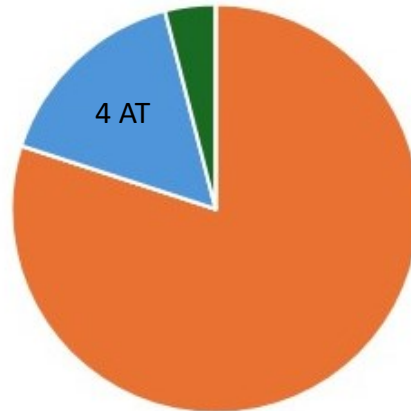
GENOTIPI OSSERVATI

Fiume

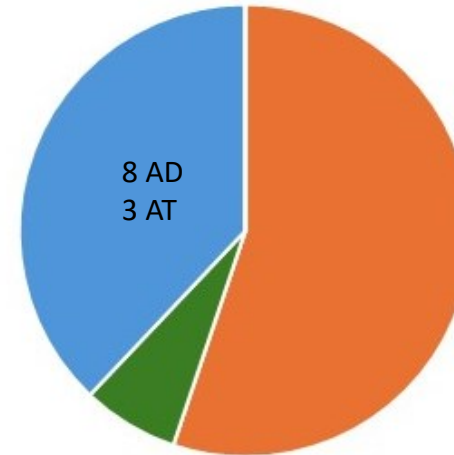
Maira (Intersile) N=25



Stura (Forneris) N=25



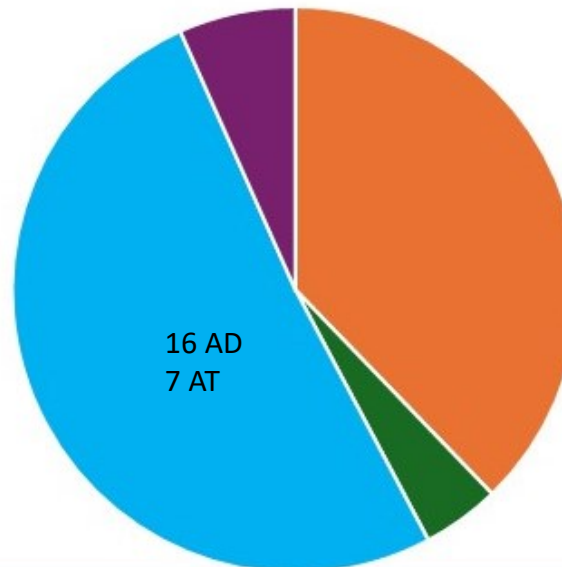
Ellero N=29



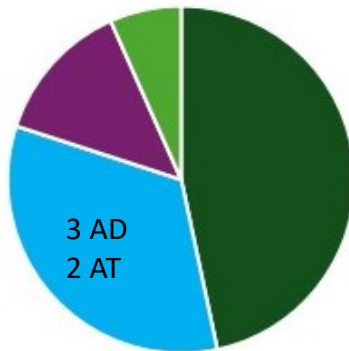
■ nativi 100/100 ADporh-1
■ atlantici 90/90 AT
■ ibridi
■ introgressi 100/100 AT
■ altro

Incubatoio

Dronero (Forneris/Freddo) N=45



Demonte (Intersile) N = 15



GENOTIPI OSSERVATI

Siti	N.	nativi	atlantici	ibridi	introgressi	altro
<i>Fiume</i>		*100/*100 ADporh-1	*90/*90 AT		*100/*100 AT	
Maira (Intersile)	25	4%	28%	40%	24%	4%
				36%AT, 4%AD		*100/*100 MA
Stura (Rio Forneris)	25	80%	-	16%	4%	-
				16%AD		
Ellero	29	55,2%	6,9%	37,9	-	-
				10,3%AT, 27,6%AD		
<i>Incubatoio</i>						
Demonte (Intersile)	15	-	46,7%	33,3%	13,3%	6,7%
				13,3% AT, 20%AD		*100/*100 AD-Tyrrh-1
Dronero (Rio Freddo/Forneris)	45	37,8%	4,4%	51,1%	6,7%	-
				15,3% AT, 35,8% AD		
tot	139	38,85%	12,95%	38,13%	8,63%	1,44%

- ✓ Tutti gli introgressi sono *100/*100 AT: accoppiamenti o sopravvivenza differenziale?
- ✓ In natura la % di ibridi sembra riflettere l'abbondanza di genotipi puri nativi/atlantici
- ✓ Negli incubatoi mescolanza (% di nativi ridotta rispetto alla popolazione sorgente), aplotipi mediterranei (AD-Tyrrh-1) di altre aree della penisola italiana → ripopolamenti

CONCLUSIONI

✓ linee guida dell'ISPRA (2024)

- «qualsiasi attività di ripopolamento/reintroduzione a scopo conservazionistico deve prevedere la caratterizzazione genetica dei riproduttori, prima...»
- attività di ripristino delle popolazioni, anche per scopi alieutici, devono essere pianificate ed effettuate a livello di unità gestionali di conservazione
- traslocazione di esemplari provenienti da siti geneticamente affini
- prodotto negli impianti da riproduttori geneticamente compatibili

✓ numero di riproduttori da utilizzare → evitare la perdita di varianti genetiche autoctone (erosione della variabilità genetica), che invece può avvenire quando il numero di esemplari è ridotto

✓ un solo aplotipo mitocondriale nella popolazione con il maggior grado di purezza genetica (Rio Forneris). Gli individui prelevati sono rappresentativi della diversità originaria dell'area geografica? Gli individui utilizzati sono sufficienti al mantenimento della diversità

✓ microsatelliti possono fornire un quadro più esaustivo

Grazie dell'attenzione