

Analisi genetiche delle trote mediterranee del bacino Alpino sud Occidentale

Prof Anna Rita Rossi

Dipartimento di Biologia e Biotecnologie C. Darwin

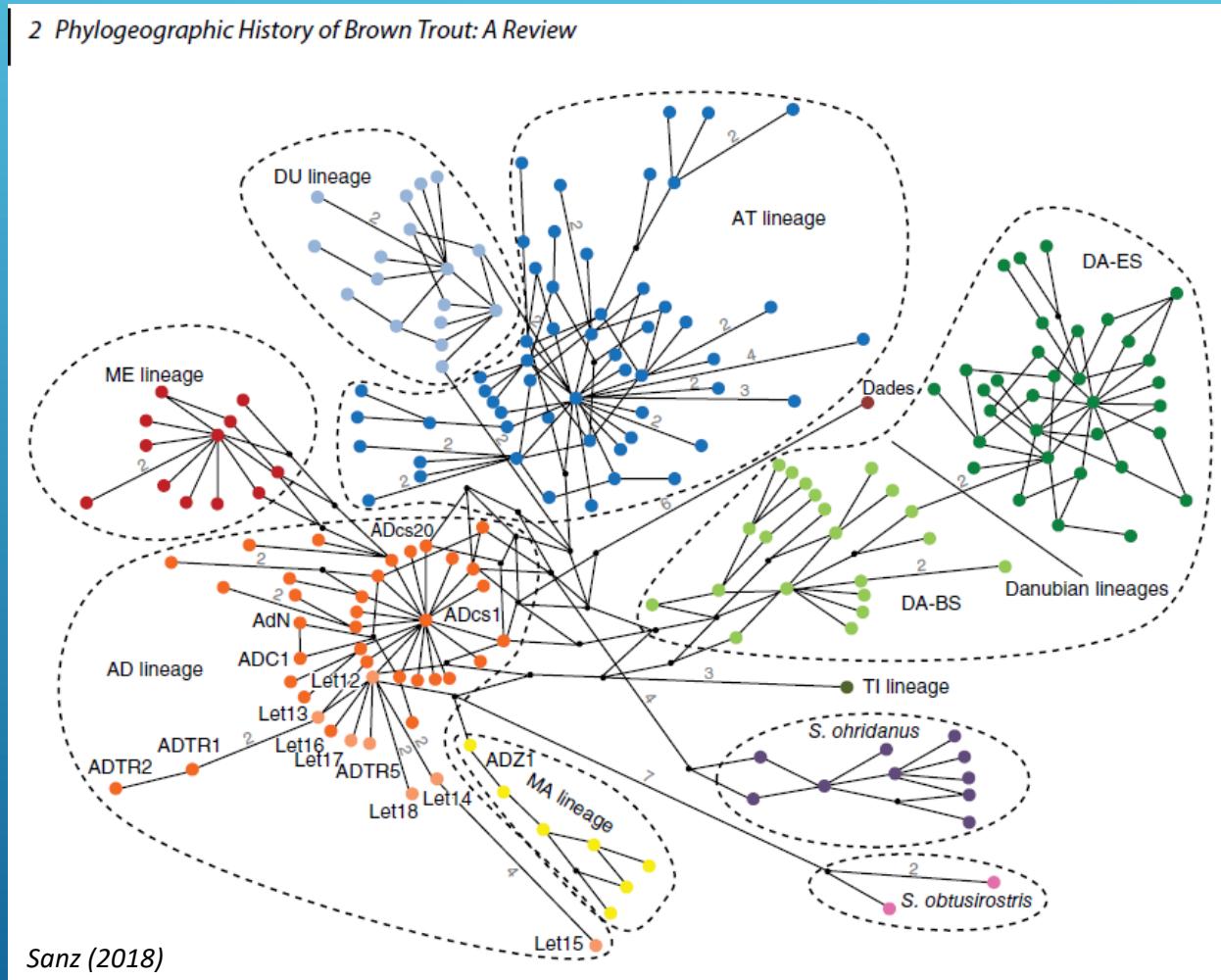


GESTIONE DELLA FAUNA ITTICA IN PROVINCIA DI CUNEO

1 dicembre 2025

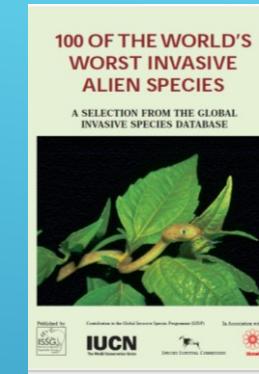
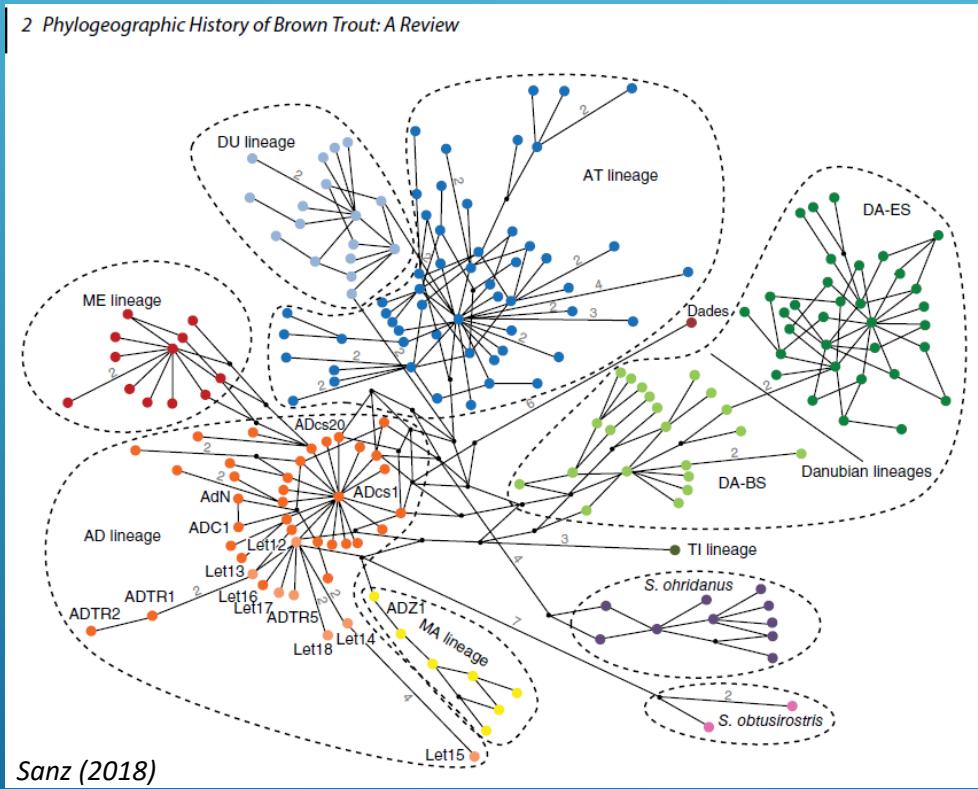
Salmo trutta complex

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

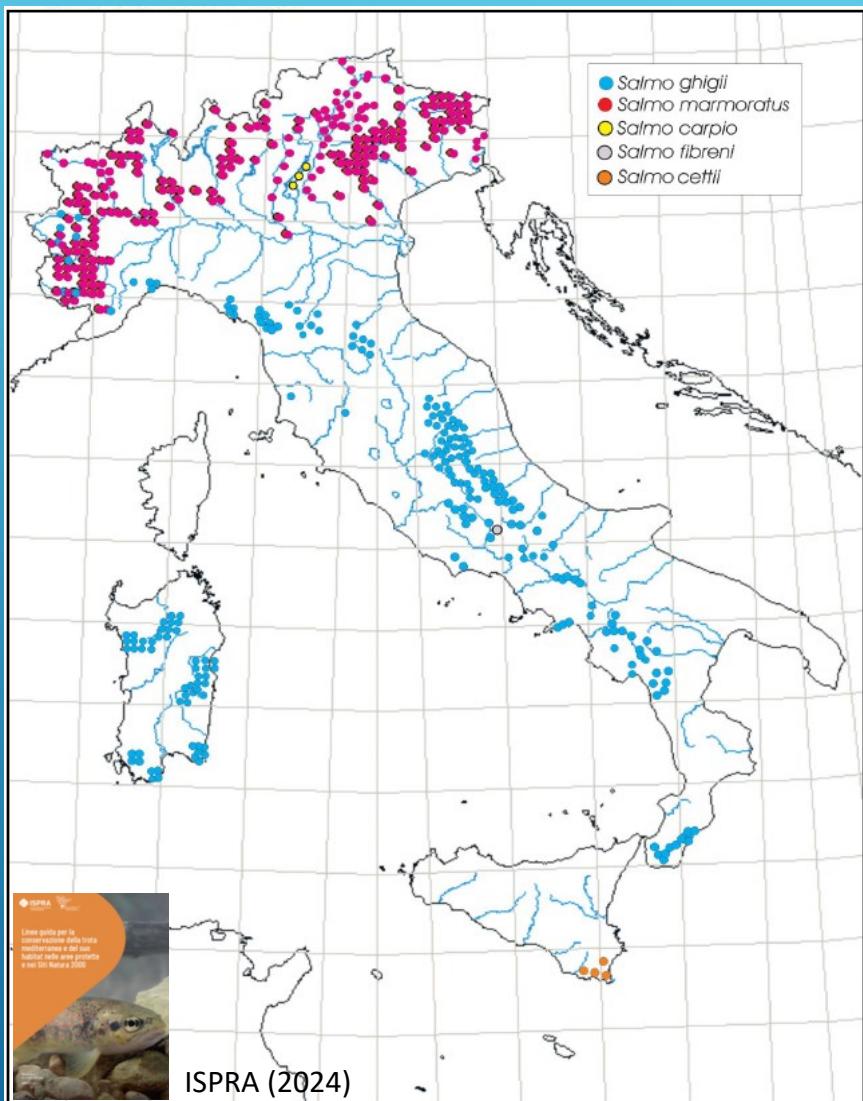


Salmo trutta complex

- ✓ 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



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

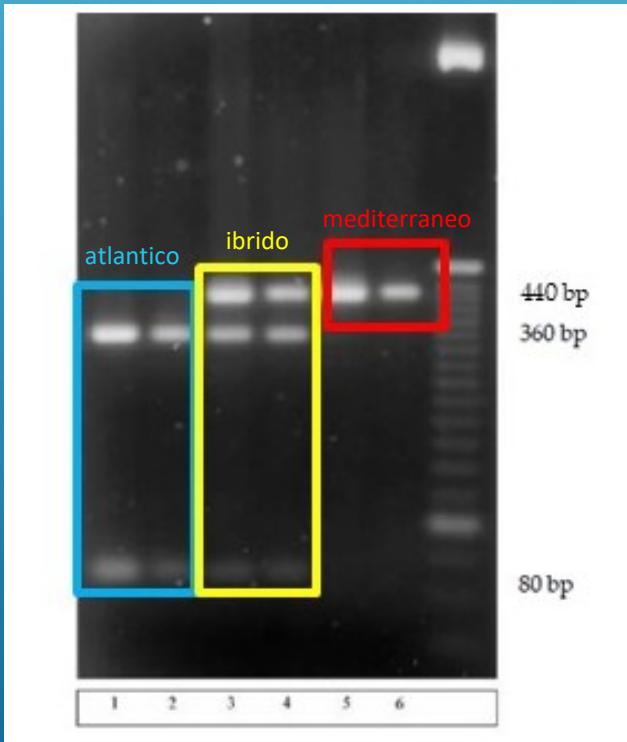
LDH-C1 (RFLP) McMeel et al. 2001

Amplificazione **440bp**

Taglio enzima Bs/1

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

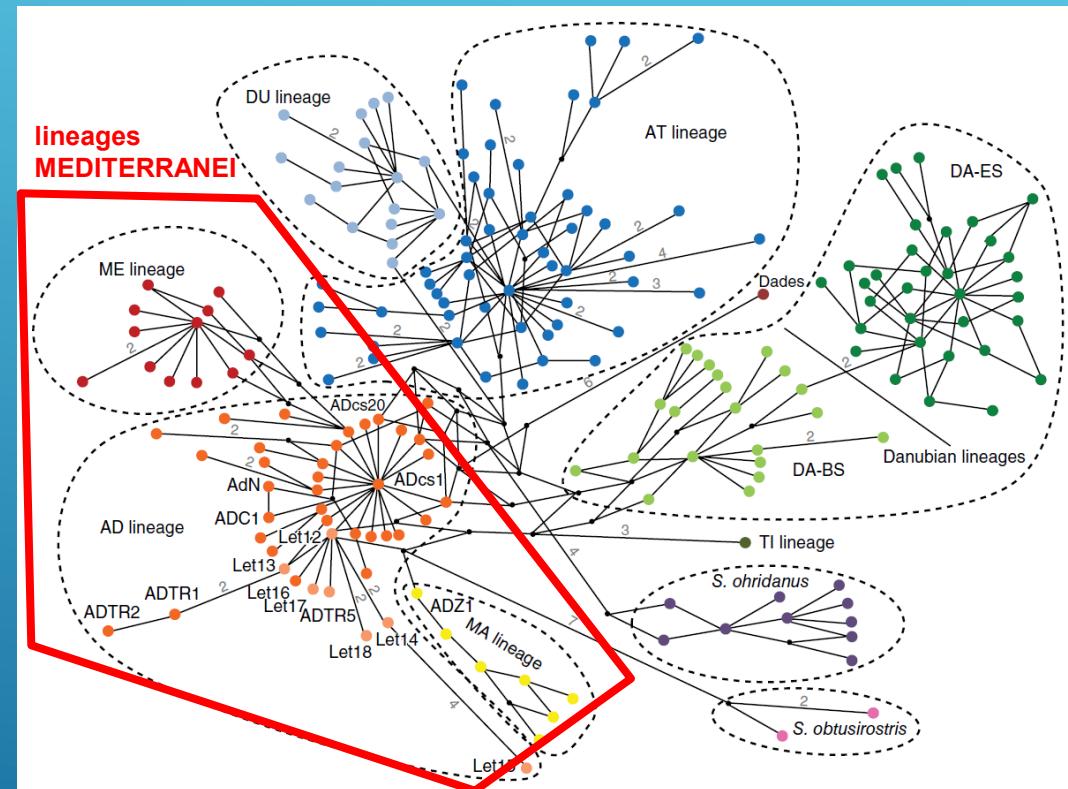
Allele *100 (mediterraneo) → 440bp



mtDNA

Control Region Bernatchez et al. 2001

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

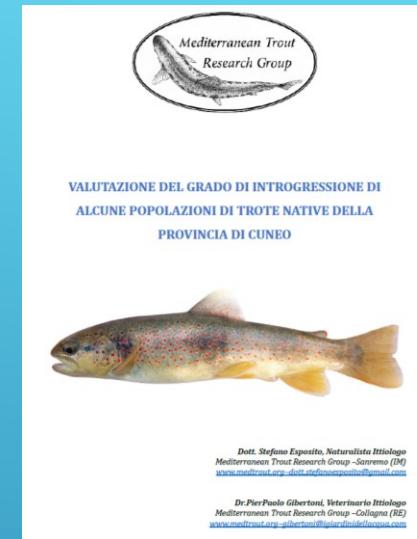


DATI PREGESSI PROVINCIA DI CUNEO

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



	N	LDH-C1			Aplogruppo D-Loop		
		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

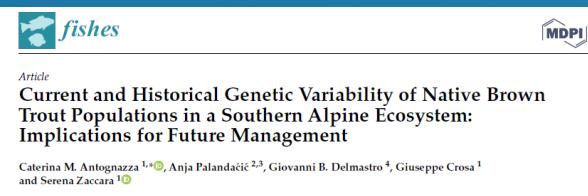
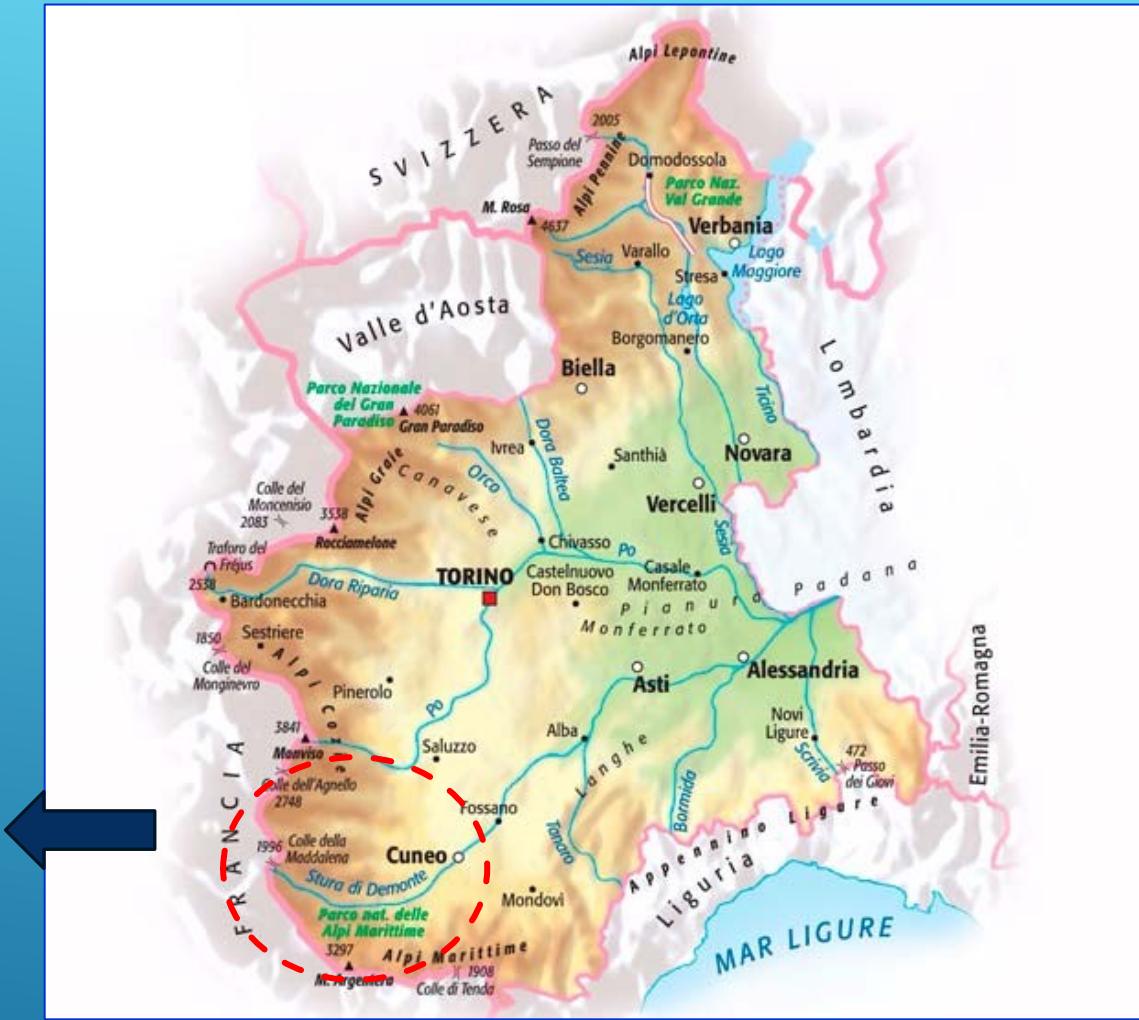
DATI PREGESSI DALLA PROVINCIA DI CUNEO

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 TOUGARD⁴,
TOMMASO RIGHI¹, NATHALIE REYNAUD⁵, TATIANA FIORAVANTI⁶,
PAOLO LO CONTE⁷, GIOVANNI B. DELMASTRO⁸, MARCO BALTERI⁹,
LUCA CIUFFARDI¹⁰, ALESSANDRO CANDIOTTO¹¹, ANDREA SABATINI¹², and
VINCENZO CAPUTO BARUCCHI¹³

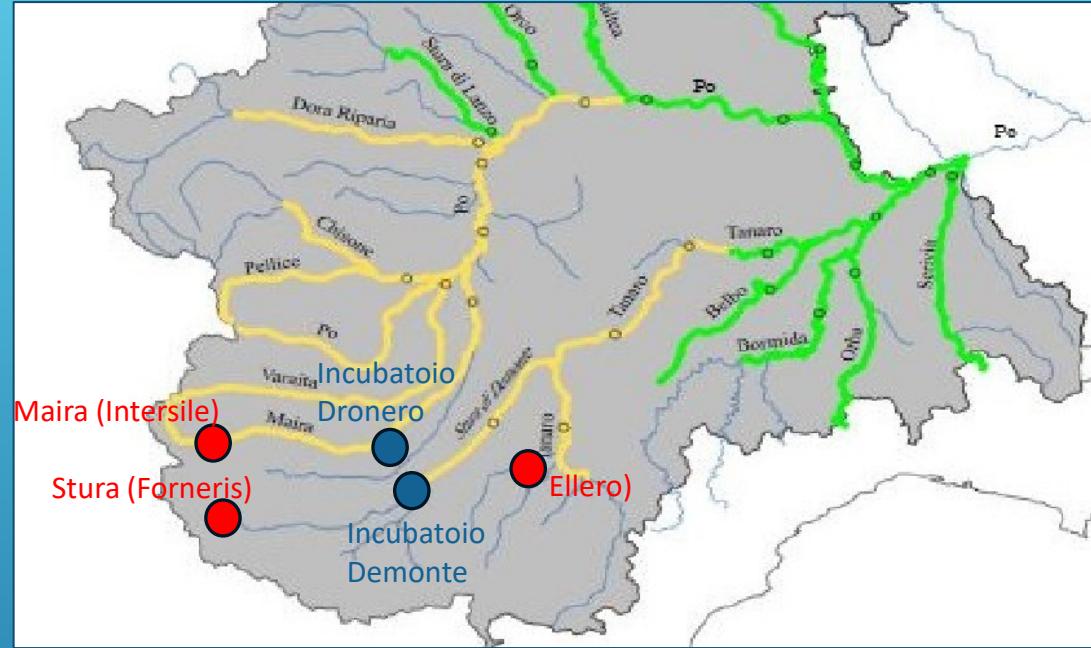
- Rio Freddo: *Aplotipo nativo ADporh-1* →
- comparso circa 151.000–120.000 anni fa nei rifugi glaciali delle Alpi Marittime (probabilmente da ADcs-1)

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)

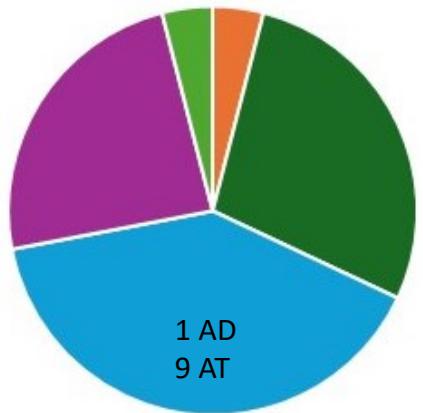
CAMPIONI ESAMINATI



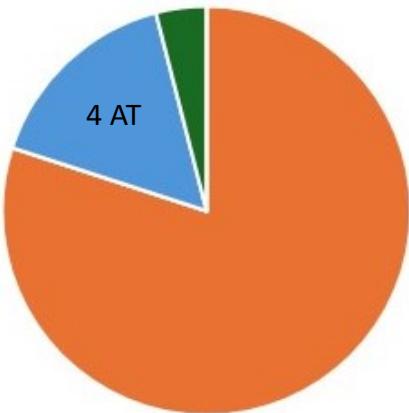
Sito/incubatoio	N. indv	anno
Maira (Intersile)	25	2024
Stura (Rio Forneris)	25	2024
Ellero	29	2025
Demonte (Intersile)	15	2024
Dronero (Rio Freddo/Forneris)	45	2024

GENOTIPI OSSERVATI

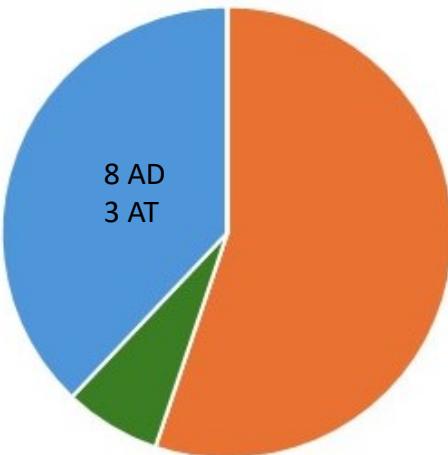
Maira (Intersile) N=25



Stura (Forneris) N=25



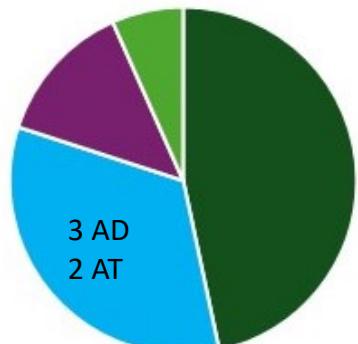
Ellero N=29



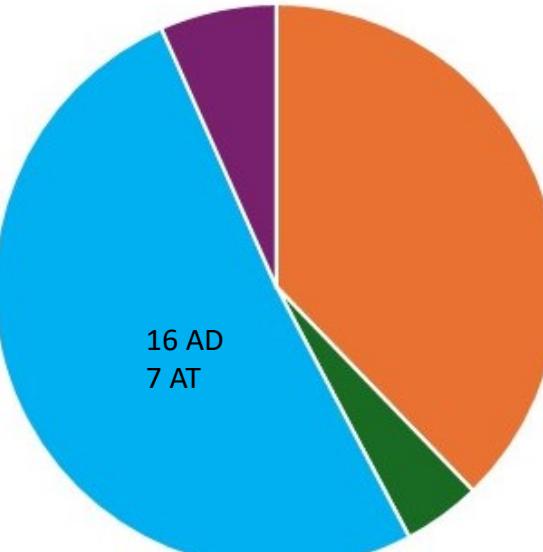
Fiume

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

Demonte (intersile) N = 15



Dronero (Forneris/Freddo) N=45



Incubatoio

GENOTIPI OSSERVATI

Siti	N.	nativi	atlantici	ibridi	introgressi	altro
Fiume		*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		
Incubatoio						
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