

# Interreg



UNIONE EUROPEA  
EVROPSKA UNIJA

## ITALIA-SLOVENIJA



### GREVISLIN

Progetto strategico co-finanziato dal Fondo europeo di sviluppo regionale  
Strateški projekt sofinancira Evropski sklad za regionalni razvoj

# Valutazione dello stato di conservazione della biodiversità del fiume Livenza e dei suoi affluenti

Indagini genetiche su specie ittiche bersaglio

Versione: N. 01

Autore: Bioprogramm soc. coop. (Regione del Veneto)

Data: 01.10.2021



#### PODATKI O DOKUMENTU / INFORMAZIONI SUL DOCUMENTO

Delovni sklop	Work package
DS 3.2	WP3.2
Aktivnost	Attività
ATT9	ATT9
Dosežek	Risultato
Genetskimi analizami na ciljnih vrstah rib	Indagini genetiche su specie ittiche bersaglio
Odgovorni partner za dosežek	Partner responsabile del risultato
Dežela Veneto	Regione del Veneto
Avtorji	Autori
Bioprogramm soc. coop.	Bioprogramm soc. coop.
Naslov dokumenta	Titolo del documento
Ocena o stanju ohranjenosti biotske raznovrstnosti reke Livenza in njenih pritokov	Valutazione dello stato di conservazione della biodiversità del fiume Livenza e dei suoi affluenti
Datum	Data
01.10.2021	01.10.2021
Dokument je sestavljen v slovenskem in italijanskem jeziku. V primeru neskladnosti ali dvomov pri tolmačenju prevlada italijanskem jeziku.	Il presente documento è redatto in italiano e sloveno. In caso di discordanza o di dubbi interpretativi prevale il testo in lingua italiana.
Vsebina dokumenta ne odraža nujno uradnega stališča Evropske unije.	Il contenuto del presente documento non rispecchia necessariamente le posizioni ufficiali dell'Unione Europea.



#### 1 ATTIVITA' CONDOTTA SUL BACINO IDROGRAFICO DEL FIUME LIVENZA

Il risultato principale che il progetto GREVISLIN (progetto finanziato nell'ambito del Programma Interreg V-A Italia-Slovenia 2014-2020) si prefigge di raggiungere è la realizzazione e l'implementazione di una azione pilota a lungo termine che preveda la pianificazione strategica e lo sviluppo e la tutela delle infrastrutture e dei servizi ecosistemici verdi, l'introduzione del monitoraggio transfrontaliero dello stato delle acque, nonché il miglioramento delle specie e degli habitat nelle aree Natura 2000.

Il presente documento, in particolare, riporta i risultati finali (o deliverable) relativi alle analisi genetiche su specie ittiche bersaglio, quali principalmente barbo italico (*Barbus plebejus*), luccio cisalpino (*Esox cisalpinus*), temolo italico (*Thymallus aeliani*) e trota marmorata (*Salmo marmoratus*). Le analisi sono state poi estese ad altre specie (alborella, gobione, scardola e storione), inizialmente non previste, ma risultate interessanti alla luce dei campionamenti effettuati.

L'analisi genetica, ha lo scopo di valutare la presenza di ceppi autoctoni puri e il grado di ibridismo e quindi di introgressione genetica, al fine di definire le linee guida per un possibile recupero delle linee genetiche originali. Le analisi genetiche sono state effettuate su una selezione di 280 campionamenti biologici effettuati e

#### 1 DEJAVNOST NA POVODJU REKE LIVENZA

Glavni rezultat, ki ga želi projekt GREVISLIN (projekt, ki je financiran v okviru programa Interreg VA Italija-Slovenija 2014-2020), je uresničitev in izvajanje dolgoročnega pilotnega ukrepa, ki vključuje strateško načrtovanje in razvoj ter zaščito zelene infrastrukture in ekosistemskih storitev, uvedba čezmejnega spremljanja stanja voda ter izboljšanje vrst in habitatov na območjih Natura 2000.

S tem dokumentom zlasti poročamo o končnih rezultatih (ali o izročljivih rezultatih) v zvezi z genetskimi analizami na ciljnih vrstah rib, kot so predvsem grba (*Barbus plebejus*), južna ščuka (*Esox cisalpinus*), jadranski lipan (*Thymallus aeliani*) in soška postrv (*Salmo marmoratus*). Analize so bile nato razširjene na druge vrste (primorska belica, navadni globoček, rdečeperka in jeseter), čeprav sprva niso bile predvidene, vendar so postale zanimive glede na opravljeno vzorčenje.

Namen genetske analize je oceniti prisotnost čistih avtohtonih sevov in stopnjo hibridizma in s tem genetske introgresije, da bi opredelili smernice za možno obnovo prvotnih genetskih linij. Genetske analize so bile izvedene na izbor 280 bioloških vzorcih, ki so bili izvedeni, tj. na 145 analiz, tako mitohondrijskih kot jedrskih. Na kratko



pari a 145 analisi, sia mitocondriali che nucleari. I risultati in estrema sintesi mostrano come il bacino del Livenza sia fortemente influenzato dalla presenza di barbi alloctoni e da eventi di ibridazione conseguenti all'introduzione di *Barbus barbus*. La popolazione risulta altamente introgressa. Per quanto concerne il luccio, il 96% degli esemplari analizzati risulta appartenere alla linea genetica endemica italiana e solo un esemplare dei 27 analizzati è risultato di ceppo transalpino. Questo rende la popolazione sicuramente meritevole di attenzione. Per quanto concerne le trote, l'analisi genetica ha confermato l'appartenenza di tutti gli esemplari analizzati a trota fario di ceppo atlantico, quindi alloctoni e di sicura derivazione da immissioni. L'analisi dei temoli, pur priva dell'analisi dei loci nucleari che ne darà conferma, mostra che gli esemplari catturati sono riconducibili a linee filogenetiche adriatiche per cui al nostro endemismo padano. Tutti gli esemplari di scardola analizzati sono risultati appartenere alla specie nativa del bacino del Po e dei corsi d'acqua tributari diretti dell'Adriatico settentrionali e anche i gobioni appartengono tutti alla specie indigena dei bacini dell'Italia settentrionale.

risultati kažejo, da na porečje Livenza močno vpliva prisotnost alohtonih mren in hibridizacijski dogodki, ki so posledica vnosa navadnih mren (*Barbus barbus*). Pokaže se, da je populacija zelo introvertirana. Kar zadeva ščuke, 96% analiziranih osebkov pripada italijanski endemični genetski liniji, le eden od 27 analiziranih je bila južna ščuka. Zaradi tega je populacija vsekakor vredna pozornosti. V zvezi s postrvjo, je genetska analiza potrdila pripadnost vseh analiziranih osebkov potočni postrvi atlantskega staleža, torej alohtone in zagotovo izpeljane iz imisij. Analiza lipana, čeprav brez analize jedrskih lokusov, ki bi to potrdila, kaže, da so zajete vzorce pripisali jadranskim filogenetskimi linijam, zato je naš endemizem iz reke Pada. Ugotovljeno je bilo, da vsi analizirani primeri rdečeperke pripadajo avtohtonim vrstam porečja Pada in neposrednim pritokom na severnem Jadranu, vsi globočki pa pripadajo avtohtonim vrstam severnoitalijanskih povodij.



## INDICE

1	INTRODUZIONE .....	6
2	MATERIALI E METODI .....	7
3	RISULTATI .....	7
3.1	GENERE <i>BARBUS</i> .....	9
3.2	GENERE <i>ESOX</i> .....	11
3.3	GENERE <i>GOBIO</i> .....	12
3.4	GENERE <i>SALMO</i> .....	12
3.5	GENERE <i>SCARDINIUS</i> .....	14
3.6	GENERE <i>THYMALLUS</i> .....	14
4	CONCLUSIONI .....	17



## 1 INTRODUZIONE

La genetica molecolare rappresenta oggi un valido strumento per la caratterizzazione dell'ittiofauna, con particolare riguardo all'identificazione tassonomica delle diverse specie, il grado di introgressione delle loro popolazioni, nonché nella definizione dei livelli di variabilità genetica, importante aspetto in genetica di popolazione e in biologia della conservazione.

Questo approccio metodologico appare fondamentale nello studio delle popolazioni di pesci del distretto ittiogeografico padano-veneto, dove vari aspetti di tipo ambientale (sfruttamento idrico, cambiamenti climatici e inquinamento) si sovrappongono ad importanti problematiche ecologiche, quale soprattutto l'introduzione di specie alloctone, in grado di minacciare la sopravvivenza dell'ittiofauna del nord Italia.

L'effettuazione di una diagnosi tassonomica basata sia su aspetti morfologici, ma anche e soprattutto su aspetti molecolari, diventa quindi un aspetto imprescindibile nei progetti di conservazione. Tale riflessione diventa oltremodo importante in quei corsi d'acqua, quale il Livenza, nei quali continue azioni di ripopolamento hanno portato a potenziali modifiche della comunità ittica locale negli ultimi decenni, nonostante le caratteristiche ambientali possano essere considerate ancora di elevata naturalità.

Nell'ambito del Progetto Interreg V-A Italia-Slovenia 2014-2020, denominato "GREVISLIN", si è privilegiata l'analisi dei barbi (*Barbus* sp.), del luccio (*Esox* sp.) e della trota (*Salmo* sp.) laddove presenti, nonché un'indagine approfondita sul temolo (*Thymallus* sp.), in relazione ad importanti problematiche di conservazione che attualmente affliggono le ultime popolazioni autoctone di questa specie nei corsi d'acqua adriatici. Le analisi sono state poi estese ad altre specie, inizialmente non previste, ma risultate interessanti alla luce dei campionamenti effettuati.



## 2 MATERIALI E METODI

Le analisi genetiche sono state condotte presso il Laboratorio di Genetica e Genomica Animale del Dipartimento di Scienze Chimiche, della Vita e della Sostenibilità Ambientale dell'Università di Parma.

Complessivamente sono stati analizzati 145 campioni biologici (su un totale di 280 raccolti) e così suddivisi:

- n. 1 campione appartenente al genere *Acipenser*;
- n. 1 campione appartenente al genere *Alburnus*;
- n. 42 campioni appartenenti al genere *Barbus*;
- n. 2 campioni appartenenti al genere *Gobio*;
- n. 27 campioni appartenenti al genere *Esox*;
- n. 34 campioni appartenenti al genere *Thymallus*;
- n. 24 campioni appartenenti al genere *Salmo*.
- n. 14 campioni appartenenti al genere *Scardinius*.

L'analisi genetica, effettuata sia a livello mitocondriale, che nucleare (in particolare ai Salmonidi/Timallidi) ha lo scopo di valutare la presenza di ceppi autoctoni puri e il grado di ibridismo e quindi di introgressione genetica, al fine di definire le linee guida per un possibile recupero delle linee genetiche originali.

I campioni sono stati sottoposti alle fasi di estrazione, purificazione, amplificazione e sequenziamento del DNA, impiegando protocolli specifici per ogni specie in funzione anche dei marcatori molecolari utilizzati, scelti tra quelli più informativi descritti in letteratura scientifica.

A livello mitocondriale sono state studiate la regione D-Loop per i generi *Thymallus* e *Salmo*, il gene Citocromo B per i generi *Barbus*, *Esox* e *Gobio* e il gene Citocromo Ossidasi I per i generi *Scardinius* e *Alburnus*.

# Interreg



UNIONE EUROPEA  
EVROPSKA UNIJA

## ITALIA-SLOVENIJA



### GREVISLIN

Progetto strategico co-finanziato dal Fondo europeo di sviluppo regionale  
Strateški projekt sofinancira Evropski sklad za regionalni razvoj

A livello nucleare, invece, è stata applicata la tecnica del Minibarcoding per il genere *Acipenser*, per i generi *Barbus* e *Thymallus*, invece, sono stati impiegati 10 loci microsatellite, mentre per il genere *Salmo* è stato impiegato il marcatore nucleare LDH-C1.



## 3 RISULTATI

### 3.1 Genere *Barbus*

Nella tabella sottostante sono riportati i risultati relativi a n. 42 campioni prelevati in cinque stazioni di campionamento nel corso di tre diverse campagne.

RISULTATI ANALISI GENETICHE - BARBO		
Campione	Specie	Aplotipo Cyt B
LI_08_I_1	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_I_2	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_I_3	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_08_I_5	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_II_1	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_II_11	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_II_12	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_II_13	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_II_2	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_II_4	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_II_5	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_II_6	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_III_1	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_III_2	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_III_4	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_08_III_9	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_11_I_1	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_11_I_2	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_11_II_1	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_11_II_3	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_11_II_4	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_11_III_2	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4



RISULTATI ANALISI GENETICHE - BARBO		
Campione	Specie	Aplotipo Cyt B
LI_11_III_3	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_11_III_4	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_11_III_5	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_12_I_1	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_12_I_2	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_12_II_1	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_12_II_2	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_12_II_3	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_12_II_4	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_12_II_5	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_12_II_7	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_12_II_8	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_17_II_24	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_18_I_1	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_18_I_2	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_18_I_3	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_18_I_4	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_18_II_6	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22
LI_18_II_13	<i>Barbus barbus</i>	SOTLA4
LI_18_II_14	<i>Barbus plebejus</i>	Bp22

Tabella 1 - Risultati delle analisi genetiche relative al genere *Barbus*



### 3.2 Genere *Esox*

Nella tabella sottostante sono riportati i risultati relativi a n. 27 campioni prelevati in sette stazioni di campionamento nel corso di quattro diverse campagne.

RISULTATI ANALISI GENETICHE - LUCCIO		
Campione	Specie	Aplotipo Cyt B
LI_09_II_2	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_09_III_1	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_09_III_2	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_10_II_1	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_10_III_1	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_10_III_2	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_10_III_3	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_10_IV_1	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_11_III_6	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_11_III_7	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_11_III_8	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_11_III_9	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_11_III_10	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_11_III_11	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_11_III_12	<i>Esox lucius</i>	smp216
LI_11_IV_9	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_11_IV_10	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_11_IV_19	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_12_I_2	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_12_III_2	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_17_II_25	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_18_II_3	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_18_II_4	<i>Esox flaviae</i>	smp43



RISULTATI ANALISI GENETICHE - LUCCIO		
Campione	Specie	Aplotipo Cyt B
LI_18_III_6	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_18_IV_14	<i>Esox flaviae</i>	smp43
LI_BC_lu_1	<i>Esox flaviae</i>	smp43
BIL_lu_1	<i>Esox flaviae</i>	smp43

Tabella 2 - Risultati delle analisi genetiche relative al genere *Esox*

### 3.3 Genere *Gobio*

Nella tabella sottostante sono riportati i risultati relativi a n. 2 campioni prelevati in una stazione di campionamento.

RISULTATI ANALISI GENETICHE - GOBIONE		
Campione	Specie	Aplotipo Cyt B
LI_12_III_3	<i>Gobio benacensis</i>	MEL
LI_12_III_5	<i>Gobio benacensis</i>	MEL

Tabella 3 - Risultati delle analisi genetiche relative al genere *Gobio*

### 3.4 Genere *Salmo*

Nella tabella sottostante sono riportati i risultati relativi a n. 24 campioni prelevati in quattro stazioni di campionamento nel corso delle quattro diverse campagne.

RISULTATI ANALISI GENETICHE - TROTA				
Campione	Specie	Aplotipo / Genotipo		Diagnosi
		D-Loop	LDH	
LI_08_II_7	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario
LI_08_III_6	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Eterozigote	Ibrido
LI_08_III_8	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario



RISULTATI ANALISI GENETICHE - TROTA				
LI_17_IV_1	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario
LI_17_IV_4	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario
LI_18_I_8	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario
LI_18_IV_1	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Eterozigote	Ibrido
LI_18_IV_2	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Mediterraneo	Ibrido
LI_18_IV_3	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario
LI_18_IV_4	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario
LI_18_IV_5	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Mediterraneo	Ibrido
LI_18_IV_6	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario
LI_18_IV_9	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Eterozigote	Ibrido
LI_18_IV_10	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario
LI_18_IV_11	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Eterozigote	Ibrido
LI_18_IV_12	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Eterozigote	Ibrido
LI_18_IV_13	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Eterozigote	Ibrido
LI_18_IV_15	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario
LI_18_IV_16	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Eterozigote	Ibrido
LI_18_IV_17	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Eterozigote	Ibrido
LI_19_II_1	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario
LI_19_II_2	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario
LI_19_III_2	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario
LI_19_IV_1	<i>Salmo trutta</i>	Atlantico	Atlantico	Fario

Tabella 4 - Risultati delle analisi genetiche relative al genere *Salmo*



### 3.5 Genere *Scardinius*

Nella tabella sottostante sono riportati i risultati relativi a n. 14 campioni prelevati in cinque stazioni di campionamento nel corso della quarta campagna di indagine.

RISULTATI ANALISI GENETICHE - SCARDOLA		
Campione	Specie	Aplotipo COI
LI_09_IV_1	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_11_IV_2	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_11_IV_3	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_11_IV_4	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_11_IV_5	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_11_IV_11	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_11_IV_12	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_11_IV_13	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_11_IV_14	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_11_IV_15	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_11_IV_18	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_12_IV_1	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_27_10_IV_1	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_BC_sc_1	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2

Tabella 5 - Risultati delle analisi genetiche relative al genere *Scardinius*

### 3.6 Genere *Thymallus*

RISULTATI ANALISI GENETICHE - TEMOLO		
Campione	Specie	Aplotipo D-Loop
LI_AC_te_1	<i>Thymallus aeliani</i>	FAL02
LI_AC_te_2	<i>Thymallus aeliani</i>	ETS01
LI_AC_te_3	<i>Thymallus aeliani</i>	FAL02



RISULTATI ANALISI GENETICHE - TEMOLO		
Campione	Specie	Aplotipo D-Loop
LI_AC_te_4	<i>Thymallus aeliani</i>	ETS01
LI_AC_te_5	<i>Thymallus aeliani</i>	ETS01
FR_1	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_2	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_3	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_4	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_5	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_6	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_7	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_8	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_9	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_10	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_11	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_12	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_13	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_14	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_15	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_16	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_17	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_18	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_19	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_20	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_21	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_22	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_23	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad7cs
FR_24	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_25	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19



RISULTATI ANALISI GENETICHE - TEMOLO		
Campione	Specie	Aplotipo D-Loop
FR_26	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_27	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_28	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19
FR_29	<i>Thymallus thymallus</i>	Ad19

Tabella 6 - Risultati delle analisi genetiche relative al genere *Thymallus*



#### 4 CONCLUSIONI

In linea generale è possibile affermare che il bacino idrografico del fiume Livenza è fortemente influenzato dalla presenza di barbi alloctoni e da eventi di ibridazione conseguenti all'introduzione di *Barbus barbatus*. La popolazione risulta altamente introgressa e ciò emerge già dalla sola analisi del DNA mitocondriale. La situazione, seppur negativa e critica per l'intero bacino del Livenza, in considerazione della rapida capacità di espansione di *B. barbatus*, è in linea con quanto evidenziato nell'ultimo decennio in numerosi corsi d'acqua planiziali del distretto padano-veneto.

Le analisi, infatti, hanno evidenziato l'appartenenza dei barbi a due differenti aplotipi del citocromo B: uno di origine alloctona, denominato SOTLA4 e pertinente alla specie *Barbus barbatus*, ed uno di origine autoctona Bp22 in grado di identificare esemplari di *Barbus plebejus*.

Tutte le stazioni prese in considerazione hanno evidenziato la presenza di entrambi gli aplotipi a testimonianza di eventi di ibridazione in corso tra la specie alloctona e quella autoctona; unica eccezione è la stazione LI\_12 sul torrente Rasego, nella quale sembrerebbe presente solo *B. barbatus*.

La stazione LI\_08 sul fiume Monticano a Conegliano sembrerebbe quella maggiormente conservata, con circa il 94% di aplotipi Bp22, a testimonianza di una certa consistenza demografica di *B. plebejus*.

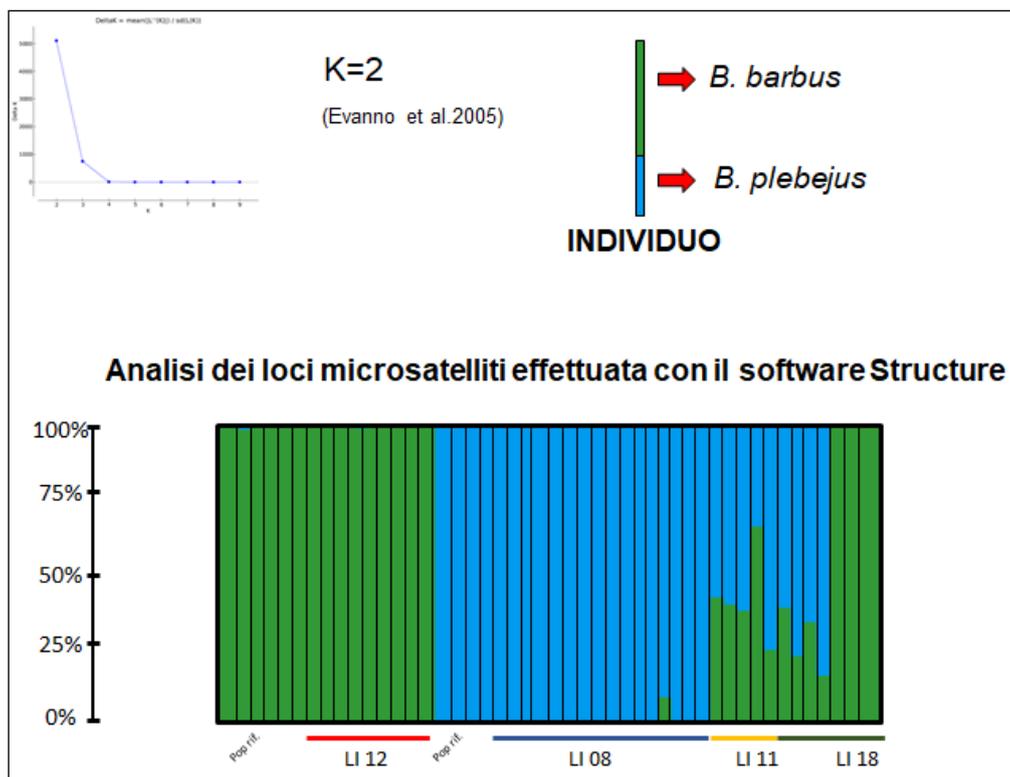


Figura 1 - Analisi dei loci microsatelliti effettuata con il software Structure

Per quanto riguarda il genere *Esox*, l'analisi degli aplotipi mitocondriali del citocromo B ha evidenziato anche in questo caso due diverse varianti taxon specifiche: l'aplotipo smp43 autoctono e quello smp216 alloctono.

La preponderanza dell'aplotipo smp43, caratterizzante la specie indigena *Esox cisalpinus*, evidenzia la presenza di esemplari di pregio conservazionistico. Il 96% degli esemplari analizzati risulta, infatti, appartenere alla linea genetica endemica italiana e solo un esemplare dei 27 analizzati è risultato di ceppo transalpino (peraltro facilmente classificabile anche su base morfologica).



Figura 2 - Livrea caratteristica di esemplare alloctono confermato da analisi genetica. Aplotipo smp216



Figura 3 - Stadio giovanile di luccio con “vermicolatura” trasversale e orizzontale. Aplotipo smp43

È bene sottolineare, pertanto, come la popolazione di luccio del Livenza risulti interessante e meritevole di attenzione a fini conservazionistici, considerando il rapido decremento di questa specie su tutto il territorio nazionale.

Per quanto concerne il genere *Salmo*, l'analisi genetica ha confermato l'appartenenza di tutti i campioni analizzati a trota fario di ceppo atlantico. Sia l'aplotipo mitocondriale, sia i genotipi nucleari LDH, sono risultati appartenere a linee alloctone introdotte in tempi più o meno recenti e comunque di nessun valore conservazionistico. Non sono stati evidenziati aplotipi mitocondriali riferibili a trota marmorata.

La caratterizzazione genetica dei campioni (n. 34) appartenenti al genere *Thymallus* è stata eseguita sia con marcatori mitocondriali, sia con marcatori microsatellite. In considerazione



del particolare interesse dedicato a questa specie nel progetto, è stata posta particolare attenzione alla problematica dell'ibridazione del temolo adriatico con altre linee genetiche alloctone. Tutti i temoli analizzati sono risultati con aplotipo mitocondriale adriatico. Sulla base di un confronto con dati disponibili in banche dati ed associati a letteratura più o meno recente, è tuttavia necessario differenziare le diverse linee filogenetiche e la relativa provenienza geografica. Le analisi mitocondriali hanno infatti evidenziato la presenza di temoli con aplotipo FAL02 ed ETS01 di recente attribuzione a *Thymallus aeliani* e la preponderanza demografica di esemplari di linea mitocondriale adriatica Ad19 riferibile a *Thymallus thymallus*. Nel contesto di quest'ultimo gruppo sono però risultati presenti, in bassa frequenza (3% degli esemplari), temoli con aplotipo adriatico Ad7cs di origine slovena, con probabile provenienza dal bacino del Soca, a testimonianza di fenomeni di introgressione con materiale adriatico filogeneticamente di origine non italiana. I risultati dei microsatelliti, seppur eseguiti senza campioni di riferimento precisi, evidenziano un cluster omogeneo costituito dalla maggior parte degli esemplari analizzati, con un paio di temoli che si isolano però dal gruppo e rivelano DNA nucleare con caratteristiche differenti (probabile origine alloctona).

Tutti gli esemplari di scardola (n. 14 campioni analizzati) sono risultati appartenere alla specie *Scardinius hesperidicus*, nativa del bacino del Po e dei corsi d'acqua tributari diretti dell'Adriatico settentrionali e anche i gobioni (n. 2) sono riconducibili a *Gobio benacensis* (per alcuni Autori *Romanogobio benacensis*), specie indigena dei bacini dell'Italia settentrionale.

Il campione di storione analizzato è stato attribuito alla specie *Acipenser naccarii*, grazie all'esatta corrispondenza della sequenza di minibarcoding.