



Ocena o stanju ohranjenosti biotske raznovrstnosti reke Livenza in njenih pritokov

Genetske raziskave na ciljnih vrstah rib

Verzija: Št. 01

Avtor: Bioprogramm soc. coop. (Dežela Veneto)

Datum: 01.10.2021



PODATKI O DOKUMENTU / INFORMAZIONI SUL DOCUMENTO

Delovni sklop	Work package
DS 3.2	WP3.2
Aktivnost	Attività
ATT9	ATT9
Dosežek	Risultato
Genetske raziskave 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 jezik.	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 ATTIVITÀ 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 pari a 145 analisi, sia mitocondriali che nucleari. I risultati in

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 rezultati kažejo, da na porečje Livenza močno vpliva prisotnost



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.

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.



KAZALO

1	UVOD	6
2	MATERIALI IN METODE	7
3	REZULTATI	8
3.1	<i>ROD BARBUS</i>	8
3.2	<i>ROD ESOX</i>	9
3.3	<i>ROD GOBIO</i>	11
3.4	<i>ROD SALMO</i>	11
3.5	<i>ROD SCARDINIUS</i>	12
3.6	<i>ROD THYMALLUS</i>	13
4	SKLEPI	15



1 UVOD

Molekularna genetika danes predstavlja koristen pripomoček za karakterizacijo ihtiofavne, s posebnim poudarkom na taksonomsko identifikacijo različnih vrst, stopnjo introgresije njihovih populacij, pa tudi pri opredelitvi stopenj genetske variabilnosti, ki je pomemben vidik v genetiki populacij in v naravovarstveni biologiji.

Ta metodološki pristop se zdi temeljnega pomena pri preučevanju populacij rib v ihtiološkem padsko-venetskem okrožju, kjer se različni okoljski vidiki (izkoriščanje vode, podnebne spremembe in onesnaževanje) prekrivajo s pomembnimi ekološkimi problemi, kot je predvsem vnos tujerodnih vrst, ki lahko ogrozi preživetje ihtiofavne severne Italije.

Izvajanje taksonomske diagnoze, ki temelji na morfoloških vidikih, pa tudi predvsem na molekularnih, postane zato bistven vidik pri ohranitvenih projektih. Ta premislek postane izjemno pomemben pri tistih vodotokih, kot je npr. Livenza, kjer so nenehna priseljevanja populacije pripeljala do potencialnih sprememb pri lokalni ribji skupnosti v zadnjih desetletjih, kljub temu, da se okoljske značilnosti še vedno lahko štejejo za zelo naravne.

V okviru projekta Interreg VA Italija-Slovenija 2014-2020, imenovanega "GREVISLIN", smo izvedli analizo mrene (*Barbus sp.*), ščuke (*Esox sp.*) in postrvi (*Salmo sp.*), kjer so bile prisotne, ter poglobljeno preiskavo lipana (*Thymallus sp.*) v zvezi s pomembnimi izzivi ohranjanja, ki trenutno prizadenejo zadnje avtohtone populacije te vrste v jadranskih vodotokih. Analize so bile nato razširjene na druge vrste, ki sprva niso bile predvidene, vendar so bile zanimive glede na opravljeno vzorčenje.

2 MATERIALI IN METODE

Genetske analize so bile izvedene v Laboratoriju za genetiko in genomiko živali Oddelka za kemijske, življenjske in okoljske trajnostne znanosti Univerze v Parmi.

Na splošno je bilo analiziranih 124 bioloških vzorcev (od skupaj 280 zbranih) in so bili razdeljeni na naslednji način:

- št. 1 vzorec iz rodu *Alburnus*;
- št. 42 vzorcev iz rodu *Barbus*;
- št. 2 vzorca iz rodu *Gobio*;
- št. 27 vzorcev iz rodu *Esox*;
- št. 34 vzorcev iz rodu *Thymallus*;
- št. 4 vzorci iz rodu *Salmo*;
- št. 14 vzorcev iz rodu *Scardinius*.

Genetska analiza, izvedena tako na mitohondrijski kot na jedrski ravni (zlasti na salmonidih/timalidih), ima namen ovrednotiti prisotnost čistih avtohtonih sevov in stopnjo hibridizma ter s tem genetsko introgresijo, da se opredelijo smernice za možno obnova prvotnih genetskih linij.

Na vsakem vzorcu smo izvedli postopke za pridobivanje, čiščenje, pomnoževanje in sekvenciranje DNK, pri čemer smo uporabili posebne protokole za vsako vrsto, glede tudi na molekularne markerje, ki smo jih uporabljali in izbrali izmed tistimi, ki so najbolj opisani v znanstveni literaturi.

Na ravni mitohondrijev smo proučevali regijo D-Loop za rodove *Thymallus* in *Salmo*, gen za citokrom B za rodove *Barbus*, *Esox* in *Gobio* ter gen za citokrom oksidazo I za rodove *Scardinius* in *Alburnus*.

Na celičnih jedrih smo pa uporabljali tehniko minibarkodiranja za rod *Acipenser*, za rodove *Barbus* in *Thymallus* pa smo uporabljali 10 mikrosatelitnih lokusov, medtem ko je bil za rod *Salmo* uporabljen jedrski označevalec LDH-C1.



3 REZULTATI

3.1 *Rod Barbus*

V spodnji razpredelnici so prikazani rezultati, ki se nanašajo na 42 vzorcev, ki smo jih odvzeli na petih vzorčevalnih postajah v treh različnih kampanjah.

REZULTATI GENETSKIH ANALIZ - MRENA		
Vzorec	Vrsta	Haplotip 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
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



REZULTATI GENETSKIH ANALIZ - MRENA		
Vzorec	Vrsta	Haplotip Cyt B
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

Razpredelnica 1 - Rezultati genetskih analiz, ki se nanašajo na rod *Barbus*

3.2 Rod *Esox*

V spodnji razpredelnici so prikazani rezultati, ki se nanašajo na 27 vzorcev, ki smo jih odvzeli na sedmih vzorčevalnih postajah v štirih različnih kampanjah.



REZULTATI GENETSKIH ANALIZ - ŠČUKA		
Vzorec	Vrsta	Haplotip 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
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

Razpredelnica 2 - Rezultati genetskih analiz, ki se nanašajo na rod *Esox*

3.3 Rod *Gobio*

V spodnji razpredelnici so prikazani rezultati, ki se nanašajo na 2 vzorca, ki smo ju odvzeli na eni vzorčevalni postaji.

REZULTATI GENETSKIH ANALIZ - NAVADNI GLOBOČEK		
Vzorec	Vrsta	Haplotip Cyt B
LI_12_III_3	<i>Gobio benacensis</i>	MEL
LI_12_III_5	<i>Gobio benacensis</i>	MEL

Razpredelnica 3 - Rezultati genetskih analiz, ki se nanašajo na rod *Gobio*

3.4 Rod *Salmo*

V spodnji razpredelnici so prikazani rezultati, ki se nanašajo na 24 vzorcev, ki smo jih odvzeli na štirih vzorčevalnih postajah v štirih različnih kampanjah.

REZULTATI GENETSKIH ANALIZ - POSTRV				
Vzorec	Vrsta	Haplotip / Genotip		Diagnoza
		D-Loop	LDH	
LI_08_II_7	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni
LI_08_III_6	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Heterozigot	Hibrid
LI_08_III_8	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni
LI_17_IV_1	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni
LI_17_IV_4	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni
LI_18_I_8	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni
LI_18_IV_1	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Heterozigot	Hibrid
LI_18_IV_2	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Sredozemski	Hibrid
LI_18_IV_3	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni
LI_18_IV_4	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni
LI_18_IV_5	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Sredozemski	Hibrid
LI_18_IV_6	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni
LI_18_IV_9	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Heterozigot	Hibrid
LI_18_IV_10	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni



REZULTATI GENETSKIH ANALIZ - POSTRV				
LI_18_IV_11	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Heterozigot	Hibrid
LI_18_IV_12	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Heterozigot	Hibrid
LI_18_IV_13	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Heterozigot	Hibrid
LI_18_IV_15	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni
LI_18_IV_16	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Heterozigot	Hibrid
LI_18_IV_17	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Heterozigot	Hibrid
LI_19_II_1	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni
LI_19_II_2	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni
LI_19_III_2	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni
LI_19_IV_1	<i>Salmo trutta</i>	Jadranski	Jadranski	Potočni

Razpredelnica 4 - Rezultati genetskih analiz, ki se nanašajo na rod *Salmo*

3.5 Rod *Scardinius*

V spodnji razpredelnici so prikazani rezultati, ki se nanašajo na 14 vzorcev, ki smo jih odvzeli na petih vzorčevalnih postajah tekom četrte kampanje.

REZULTATI GENETSKIH ANALIZ - RDEČEPERKA		
Vzorec	Vrsta	Haplotip 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



REZULTATI GENETSKIH ANALIZ - RDEČEPERKA		
Vzorec	Vrsta	Haplotip COI
LI_27_10_IV_1	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2
LI_BC_sc_1	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Ex03G2

Razpredelnica 5 - Rezultati genetskih analiz, ki se nanašajo na rod *Scardinius*

3.6 Rod *Thymallus*

REZULTATI GENETSKIH ANALIZ - LIPAN		
Vzorec	Vrsta	Haplotip 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
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



REZULTATI GENETSKIH ANALIZ - LIPAN		
Vzorec	Vrsta	Haplotip D-Loop
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
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

Razpredelnica 6 - Rezultati genetskih analiz, ki se nanašajo na rod *Thymallus*



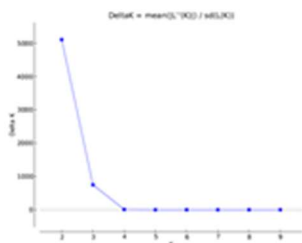
4 SKLEPI

Na splošno je mogoče trditi, da na porečje Livenza močno vplivajo prisotnost alohtonih mren in hibridizacijski dogodki, ki so posledica vnosa navadnih mren (*Barbus barbus*). Pokaže se, da je populacija zelo introgredirana in to izhaja že iz same analize mitohondrijske DNK. Stanje, čeprav negativno in kritično za celotno porečje Livenza, glede na možnosti hitre razširitve vrste *B. barbus*, je v skladu s tem, kar smo opazili v zadnjem desetletju v številnih nižinskih vodotokih v veneto-padskem okrožju.

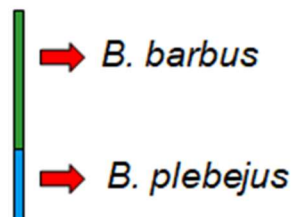
Analize so pravzaprav pokazale, da mreje pripadajo dvema različnima haplotipoma citokroma B: enemu alohtonega izvora, ki se imenuje SOTLA4 in se nanaša na vrsto *Barbus barbus*, in drugemu avtohtonega izvora Bp22, ki lahko identificira osebke vrste *Barbus plebejus*.

Vse upoštevane postaje so poudarile prisotnost obeh haplotipov kot dokaz hibridizacijskih dogodkov, ki so v teku med alohtonimi in avtohtonimi vrstami; edina izjema je postaja LI_12 na potoku Rasego, v kateri se zdi prisotna le vrsta *B. barbus*.

Najbolj ohranjena naj bi bila postaja LI_08 na reki Monticano v Coneglianu s približno 94% haplotipov Bp22, kar dokazuje določeno demografsko skladnost vrste *B. plebejus*.

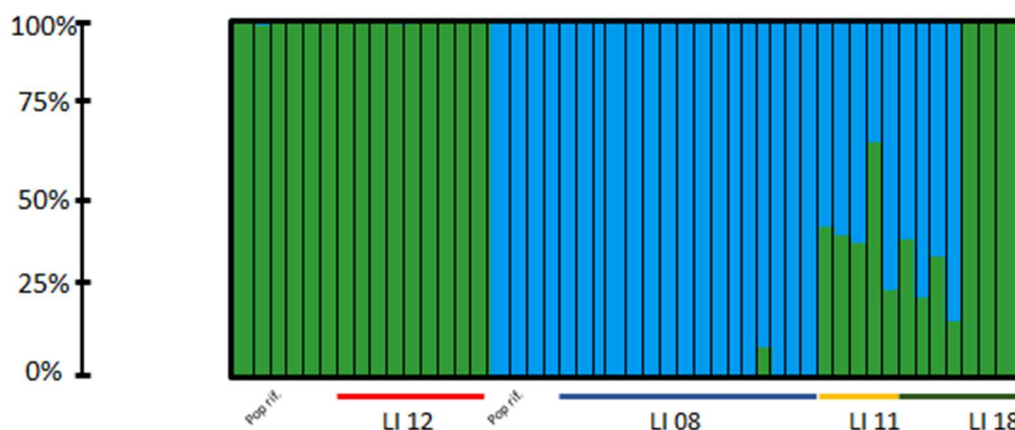


$K=2$
(Evanno in drugi 2005)



OSEBEK

Analiza mikrosatelitnih lokusov, ki je bila izvedena s programsko opremo Structure



Slika 1 - Analiza mikrosatelitnih lokusov, ki je bila izvedena s programsko opremo Structure

Kar zadeva rod *Esox*, je analiza mitohondrijskih haplotipov citokroma B pokazala tudi v tem primeru dve specifični različici taksona: avtohtoni haplotip smp43 in alohtoni haplotip smp216.

Prevlada haplotipa smp43, ki označuje avtohtono vrsto *Esox cisalpinus*, poudarja prisotnost primerkov, ki jih je vredno ohranjati. Kar 96% analiziranih osebkov pripada, namreč, italijanski endemični genetski liniji, le eden od 27 analiziranih osebkov je bila navadna ščuka čezalpskega seva (ki jo med drugim zlahka razvrstimo tudi po morfološki osnovi).



Slika 2 - Značilna livreja alohtonega primerka, ki je bila potrjena z genetsko analizo. Haplotip smp216



Slika 3 - Mladoletni stadij ščuke s prečno in vodoravno "vermikulacijo". Haplotip smp43

Zato je treba poudariti, da je populacija ščuke v reki Livenza zanimiva in vredna pozornosti zaradi ohranitve, glede na hitro zmanjšanje te vrste na celotnem državnem ozemlju.

V zvezi z rodом *Salmo*, je genetska analiza potrdila pripadnost vseh analiziranih vzorcev potočni postrvi atlantskega staleža. Ugotovljeno je bilo, da mitohondrijski haplotip in jedrski genotipi LDH pripadajo tujerodnim linijam, ki so bile uvedene bolj ali manj pred kratkim in v vsakem primeru nimajo ohranitvene vrednosti. Nismo našli mitohondrijskih haplotipov, ki bi se nanašali na soško postrv.

Genetsko karakterizacijo vzorcev (št.34) iz rodu *Thymallus* smo izvedli tako z mitohondrijskimi markerji kot z mikrosatelitnimi markerji. Ob upoštevanju posebnega zanimanja v projektu za to vrsto, smo namenili posebno pozornost vprašanju hibridizacije jadranskega lipana z drugimi tujerodnimi genetskimi linijami. Ugotovili smo, da imajo vsi analizirani lipani avtohton mitohondrijski haplotip, torej jadranskega tipa.



Na podlagi primerjave s podatki, ki so na voljo v bazah podatkov in so povezani z bolj ali manj novejšo literaturo, je treba razlikovati med različnimi filogenetskimi linijami in njihovim geografskim izvorom. Mitohondrijske analize so dejansko poudarile prisotnost lipana s haplotipom FAL02 in ETS01, ki sta bila nedavno pripisana vrsti *Thymallus aeliani*, in demografsko prevlado vzorcev jadranske mitohondrijske linije Ad19, ki se nanašajo na *Thymallus thymallus*. Toda v okviru slednje skupine je bil lipan z jadranskim haplotipom Ad7cs slovenskega izvora, z verjetnim poreklom iz porečja Soče, ugotovljen z nizko frekvenco (3 % osebkov), kar priča o pojavih introgresije s filogenetsko jadranskim materialom, ki ni italijanskega porekla. Rezultati mikrosatelitov, čeprav so bili izvedeni brez natančnih referenčnih vzorcev, kažejo homogeno gručo, sestavljeno iz večine analiziranih vzorcev, z nekaj lipanov, ki pa se izolirajo iz skupine in razkrivajo jedrsko DNK z različnimi lastnostmi (verjetno alohtonega izvora).

Ugotovljeno je bilo, da vsi primeri rdečeperke (št. 14 analiziranih vzorcev) pripadajo vrsti *Scardinius hesperidicus*, ki izhaja iz porečja Pada in neposrednih pritokov na severnem Jadranu in tudi globočki (št. 2) izhajajo iz vrste *Gobio benacensis* (za nekatere avtorje *Romanogobio benacensis*), ki je avtohtona vrsta severnoitalijanskih povodij.

Vzorec jesetra, ki smo ga analizirali, smo tudi pripisali vrsti *Acipenser naccarii*, glede na natančno korespondenco zaporedja po tehniki minibarkodiranja.