



UNIVERSITÀ
DI PISA



DIPARTIMENTO di BIOLOGIA



CONGRESSO CONGIUNTO



83° CONGRESSO
UNIONE ZOOLOGICA
ITALIANA

34° CONGRESSO
SOCIETÀ ITALIANA DI
PROTISTOLOGIA

Società Italiana



di Protistologia onlus

BOOK OF ABSTRACTS COMMUNICATIONS

11-14 settembre 2024 Pisa



TOMMASO RIGHI^{1,2}, ANDREA SPLENDIANI¹, TATIANA FIORAVANTI¹, FRANCESCO PALMAS³, ANDREA SABATINI³, DIEGO MICHELETTI², ANDREA GANDOLFI², VINCENZO CAPUTO BARUCCHI¹

¹ Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente, Università Politecnica delle Marche, Ancona

² Conservation Genomics Research Unit, Research and Innovation Centre – Fondazione Edmund Mach, San Michele all'Adige, (TN)

³ Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente, Università di Cagliari, Cagliari

STRUTTURA GENETICA DELLA TROTA FARIO (*S. ghigii* Pomini, 1941): NUOVE EVIDENZE DALLE POPOLAZIONI NATIVE SARDE E PENINSULARI TRAMITE APPROCCIO GENOMICO (GBS)

La storia evolutiva della trota fario nell'area mediterranea è stata profondamente influenzata dalle fasi glaciali-interglaciali del Quaternario e dagli eventi correlati di estinzione locale e ricolonizzazione. A seguito dell'isolamento prolungato, le isole mediterranee, tra cui la Sardegna, rappresentano importanti hotspot di diversità. Un recente studio filogenetico del genere *Salmo* basato sull'intero genoma (SEGHERLOO *et al.*, 2021) suggeriva che le trote sarde potrebbero rappresentare una specie distinta. L'analisi, tuttavia, includeva solo pochi individui da una singola popolazione, potenzialmente sottostimando la variabilità genetica insulare. Infatti, analisi molecolari tradizionali (SPLENDIANI *et al.*, 2023) hanno rivelato una forte differenziazione tra le popolazioni selvatiche native sarde, identificando anche un nuovo sotto-lignaggio mitocondriale (mtDNA Corso-Sardo) endemico di Corsica e Sardegna. L'approccio genomico di genotipizzazione tramite sequenziamento (GBS) è stato applicato per indagare la struttura genetica in 130 individui provenienti da 9 popolazioni di trota native dell'area mediterranea (5 peninsulari e 4 sarde). I campioni sono stati selezionati includendo solo popolazioni non introgressate con *S. trutta* atlantica domestica, per evitare il potenziale effetto di omogeneizzazione e rappresentare al meglio la diversità genetica originaria delle popolazioni italiane di trota fario riferibili a *Salmo ghigii*. I valori di differenziazione genetica tra singole popolazioni (Pairwise FST) risultavano elevati e significativi. La più elevata differenziazione genetica è stata osservata tra le popolazioni peninsulari e quelle sarde. I risultati delle analisi di struttura genetica (STRUCTURE, PCA, DAPC) e di delimitazione di specie tramite l'utilizzo di algoritmi di Unsupervised Machine Learning (UML) (Random Forest, RF, e t-Distributed Stochastic Neighbor Embedding, t-SNE) hanno identificato ogni popolazione come un cluster genetico distinto, confermando l'elevata differenziazione genetica tra le singole popolazioni native analizzate. Sulla base delle evidenze ottenute, le pratiche gestionali e di conservazione di questa specie dovrebbero essere realizzate considerando ogni singola popolazione come un'unità gestionale indipendente. La tutela di tale diversità è fondamentale per garantire la persistenza nei bacini idrici italiani della trota nativa, già gravemente a rischio a causa di numerosi impatti antropici e dei drastici cambiamenti nelle condizioni climatiche.