

## Seleção de Stocks Selvagens

Destacaram-se algumas bacias hidrográficas com importância elevada para a conservação do património genético da truta-de-rio em Portugal. A estratégia do ICNF, assim como as limitações de infraestruturas permitiram seleccionar os seguintes stocks selvagens, para reprodução em cativeiro:

### 1) Posto Aquícola de Castrelos - Bragança

**Stock 1** - rios Baceiro e Sabor (Douro 1);

**Stock 2** - rio Cávado (Cávado);

**Stock 3** - rios Trovela e Alto Vez (Lima)

**Stock 4** - rio Neiva (Neiva)

### 2) Posto Aquícola do Torno - Marão / Amarante

**Stock 1** - rio Paiva, Ouro, Tinhela (Douro 2)

**Stock 2** - rio Olo (Douro 2)

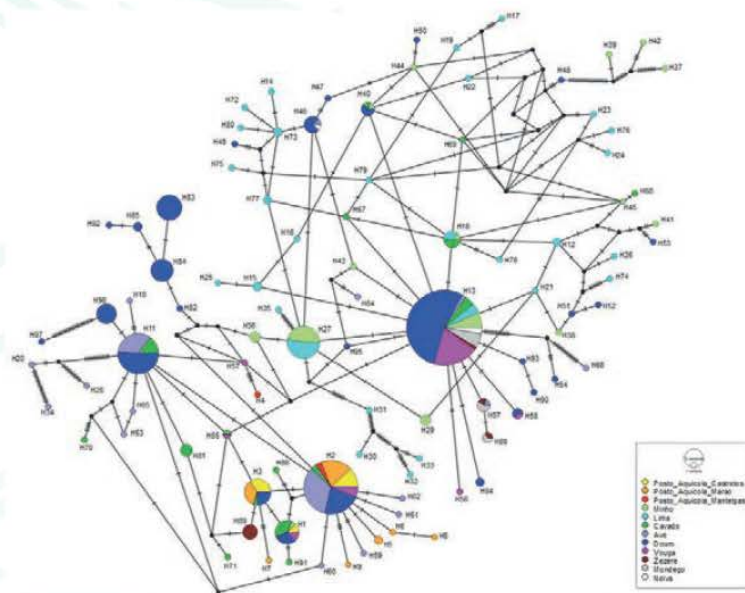
**Stock 3** - rio Beça, Arda, Cabrum (Douro 3)

**Stock 4** - rio Côa (Douro 4)

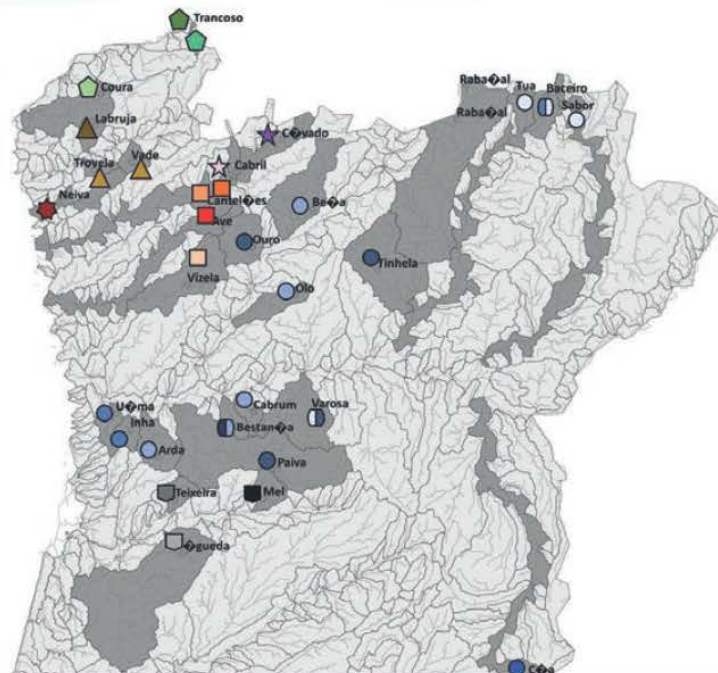
**Stock 5** - rios Mouro e Sucrasto (Minho);

Desta forma, foi maximizada a diversidade genética da *Salmo trutta*, tendo em conta os cursos de água com presença de *Margaritifera margaritifera*, a sustentabilidade das populações das bacias hidrográficas do Noroeste e Douro e a gestão da pesca lúdica e desportiva em Portugal.

Estudos futuros serão orientados para o aprofundamento do conhecimento da diversidade e estrutura genética das populações de truta-de-rio das bacias hidrográficas dos rios Mondego e Tejo.



Rede de haplótipos identificados



Grupos genéticos (clusters) identificados

# SOS SAVE OUR SPECIES



Caracterização genética das populações de *Salmo trutta* de Portugal



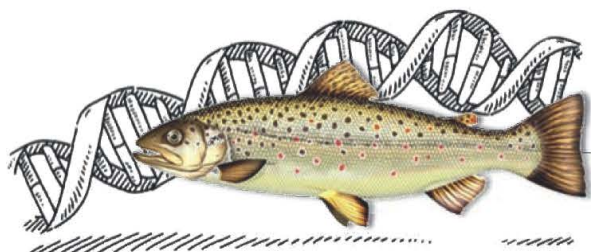
RPMM  
RECRIAÇÃO E REINTRODUÇÃO DA  
MARGARITIFERA MARGARITIFERA

## Caracterização genética

Para a conservação da *Salmo trutta* em Portugal é fundamental conhecer a sua diversidade e estrutura genética. A estratégia para a gestão de populações selvagens e a pressão da pesca em águas interiores configura o recurso à reprodução *ex situ* com base no conhecimento da diversidade genética e a produção em cativeiro de stocks diferenciados. Neste enquadramento, sempre que justificadas as ações de repovoamento, deverão ser realizadas com o stock doméstico com características similares às populações selvagens do meio recetor.

Este estudo permitiu fazer a análise dos padrões genéticos da truta-de-rio nas bacias hidrográficas do Noroeste (Minho, Lima, Ave, Cávado e Neiva), Douro e Vouga, e ainda a deteção da estrutura e introgressão genética, assim como a análise da influência de variáveis ambientais no fluxo genético da espécie.

O objetivo primordial do estudo foi a seleção dos stocks selvagens para as populações de cativeiro a implementar nos Postos Aquícolas do ICNF, com vista ao repovoamento futuro de cursos de água.



Caracterização genética da *Salmo trutta*

Estes objetivos foram atingidos através das seguintes tarefas:

- Seleção e recolha de amostras de indivíduos das populações alvo;
- Isolamento do ADN de cada indivíduo;
- Amplificação e sequenciação dos marcadores moleculares previamente selecionados;
- Análise dos dados obtidos.

### Identificação de Padrões e Pool genéticos ADN mitocondrial

	N ind	h	N h exc	Hd	TI	S
<b>Total</b>	537	97	-	0,868	0,005	128
<b>P.A. Castrelos</b>	19	3	0	0,608	0,001	2
<b>P.A. Marão</b>	29	7	5	0,627	0,001	9
<b>P.A. Manteigas</b>	4	2	1	0,5	0,004	7
<b>Minho</b>	42	15	10	0,809	0,007	58
<b>Neiva</b>	5	2	0	0,4	0,001	2
<b>Lima</b>	56	29	26	0,907	0,006	51
<b>Cávado</b>	41	16	8	0,921	0,004	18
<b>Ave</b>	61	17	13	0,689	0,006	70
<b>Douro</b>	212	27	19	0,797	0,004	56
<b>Vouga</b>	43	7	2	0,574	0,002	10
<b>Zêzere</b>	10	4	0	0,833	0,001	2
<b>Mondego</b>	15	3	0	0,655	0,001	2

P.A. Posto Aquícola  
**Nind** Número de indivíduos com sequência  
**H** Número de haplótipos  
**N h exc** Número de haplótipos exclusivos  
**Hd** Diversidade haplotípica  
**TI** Diversidade nucleotídica  
**S** Número de polimorfismos

Maior diversidade haplotípica entre as bacias hidrográficas e postos aquícolas amostrados

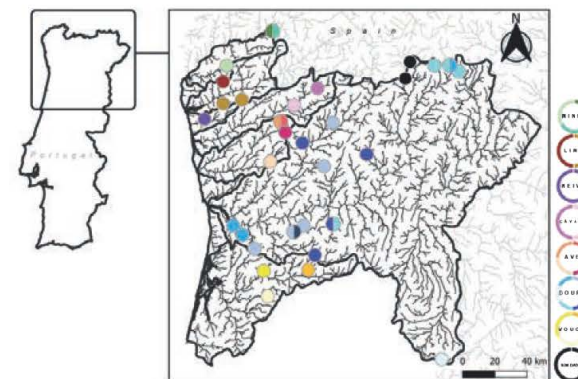
Maior número de haplótipos e de haplótipos exclusivos entre as bacias hidrográficas e postos aquícolas amostrados

### Identificação de Padrões e Pool genéticos ADN nuclear

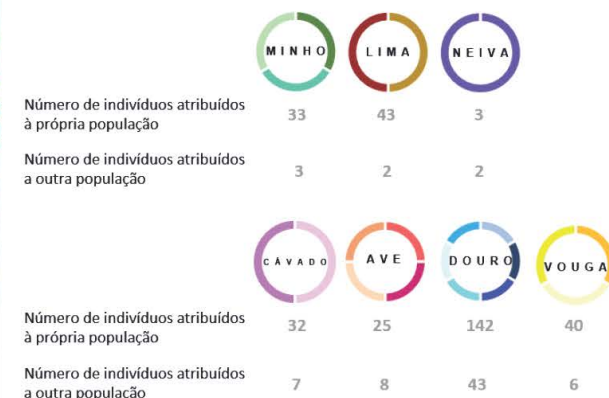
	Σ	Minho	Neiva	Cávado	Lima	Ave	Douro	Vouga
<b>N genótipos</b>	431	36	5	39	45	33	176	46
<b>N Alelos</b>	567	147	69	237	166	215	393	171
<b>N Alelos exclusivos</b>	-	10	1	28	21	31	105	10
<b>Diversidade genética</b>	0,769	0,638	0,768	0,756	0,66	0,853	0,771	0,706

Maior diversidade genética nuclear entre as bacias hidrográficas

Maior número de alelos e alelos únicos



Distribuição dos grupos genéticos identificados nas diferentes bacias hidrográficas. Douro: maior nº de grupos genéticos (k=6).



Deteção de introgressão genéticas nas bacias hidrográficas