

MINISTERO DELL'ISTRUZIONE, DELL'UNIVERSITA' E DELLA RICERCA

DIREZIONE GENERALE RICERCA

PROGETTO DI RICERCA - MODELLO A

BANDO FIRB - PROGRAMMA "FUTURO IN RICERCA"

Anno 2008 - Protocollo: RBFR08SWBL

Linea d'intervento 1

1 - Titolo del Progetto di Ricerca

Italiano

Rapida evoluzione adattativa di tratti vitali nella trota marmorata (Salmo marmoratus) in risposta ad eventi di disturbo

Inglese

Rapid adaptive evolution of life-history traits in marble trout (Salmo marmoratus) in response to environmental disturbance

2 - Durata del Progetto di Ricerca

36 mesi

3 - Coordinatore scientifico della ricerca (Principal Investigator)

VINCENZI	Simone	VNCSMN79R01G3370
(cognome)	(nome)	(Codice Fiscale)
Dottore di ricerca		01/10/1979
(qualifica)		(data di nascita)
Università degli Studi di PARMA		
Istituzione che si impegna a garantire il contratto (art. 2 comma 5 del bando)		
3483628959		svincenz@nemo.unipr.it
(telefono)	(fax)	(e-mail)

4 - Abstract del Progetto di Ricerca

Italiano

La visione classica che l'evoluzione sia un processo che avviene su grandi scale temporali è stata messa in discussione da recenti studi che offrono evidenze di cambiamenti evolutivi avvenuti anche nel corso di poche generazioni, in un processo noto come "evoluzione contemporanea" od "evoluzione rapida". Esistono evidenze di evoluzione rapida in diversi tratti vitali ed in numerose specie, a suggerire che l'evoluzione rapida è un fenomeno più comune di quanto si pensasse. L'evoluzione rapida è solitamente associata a disturbi di origine sia antropica (sovrasfruttamento, degradazione e frammentazione degli habitat, introduzione di specie esotiche) che naturale (disastri naturali, variazioni climatiche) responsabili di forti spinte selettive. L'efficacia con cui le popolazioni rispondono alle nuove spinte selettive influenza la loro capacità di persistere.

Nel presente studio intendiamo indagare l'evoluzione rapida di tratti vitali in popolazioni naturali di trota marmorata (*Salmo marmoratus*) in risposta ad eventi di disturbo. In particolare, analizzeremo un totale di dieci popolazioni slovene che vivono in corsi d'acqua isolati (sette popolazioni relitte e tre di nuova creazione). Le popolazioni sono state monitorate nel periodo 1996-2008 ed eventi di piena severi hanno drammaticamente colpito le popolazioni nel 2004 e 2007 provocando una rapida diminuzione del numero di individui.

Il progetto avrà un approccio interdisciplinare, combinando la genetica molecolare, l'ecologia e la modellistica matematica ed ecologica al fine di apportare nuove conoscenze sul ruolo degli eventi di disturbo nel determinare rapida evoluzione adattativa in popolazioni naturali.

Le analisi genetiche saranno condotte utilizzando marcatori selezionati (i.e., non neutrali). Tratti vitali ecologicamente importanti sono con ogni probabilità influenzati dalla selezione naturale, per cui l'analisi di pattern di evoluzione molecolare utilizzando marcatori sotto selezione dovrebbe evidenziare una rapida evoluzione adattativa. Come marcatori utilizzeremo loci microsatellite ricavati da Expressed Sequenced Tags (ESTs) e quindi potenzialmente legati a particolari funzioni dei geni. Per primo, analizzeremo l'evoluzione adattativa nello spazio attraverso l'analisi di pattern di differenziazione genetica a scala geografica locale. L'analisi ci permetterà di determinare il livello base di differenziazione genetica e di valutare l'importanza relativa dei fattori storici e contemporanei nel determinare la diversità genetica delle popolazioni indagate. Secondo, studieremo l'adattamento genetico nel tempo (evoluzione rapida) misurando le risposte adattative delle popolazioni in risposta ad eventi di piena. L'analisi sarà condotta esaminando i campioni genetici nel periodo 1996-2008, concentrandoci in particolare sulle differenze tra prima e dopo eventi di piena, osservando variazioni nella composizione e diversità genetica ed, in ultima istanza stimando i cambiamenti nella dimensione effettiva della popolazione ed eventuali colli di bottiglia. Terzo, testeremo l'esistenza di correlazioni tra eterozigosi e fitness, utilizzando i tassi di crescita corporea come indicatori di fitness. Questo ci permetterà di testare l'esistenza di un vantaggio eterozigote nella crescita, cioè un vantaggio diretto del genotipo eterozigote risultante in una più alta fitness rispetto all'individuo omozigote. Infine, l'alta variabilità dei loci microsatellite li rende marcatori adeguati per analisi parentali. Genotipi multilocus saranno usati come strumento per inferire sul grado di parentela, sulle strategie di accoppiamento e la dimensione delle famiglie, ed infine per studiare l'associazione tra particolari genotipi e tratti legati alla fitness, come la sopravvivenza e la crescita corporea. Nella seconda parte del progetto lo studio sarà orientato a fornire una descrizione dettagliata della struttura delle popolazioni e delle sue dinamiche attraverso l'analisi di un esaustivo data-set raccolto nel periodo 1996-2006. Le distribuzioni di età e taglia saranno analizzate in ognuna delle dieci popolazioni indagate, con particolare attenzione a differenze osservate tra le popolazioni. Saranno stimati tassi di mortalità e deposizione delle uova ed in particolare i processi densità-dipendenti, quali mortalità, crescita e movimento. Per finire, testeremo l'ipotesi del valore adattativo della dipendenza da densità della crescita corporea, ovvero che questo processo concorra ad aumentare la probabilità di persistenza delle popolazioni. I risultati della parte genetica e demografica del progetto saranno integrati nello sviluppo di un modello

individual-based di dinamica di popolazione, la cui parametrizzazione terrà conto delle differenze osservate tra popolazioni. Simulazioni di dinamica di popolazione ed analisi di sensitività del modello saranno eseguite al fine di stimare: a) indici demografici; b) rischio di quasi estinzione, definito come la probabilità di scendere sotto una certa soglia di dimensione di popolazione nell'arco temporale di simulazione; c) i principali tratti vitali nella determinazione della dimensione delle popolazioni e loro probabilità di persistenza (complementare al rischio di quasi estinzione); d) il destino genetico della popolazione, in particolare la perdita di eterozigosi, la fissazione di alleli deleteri e l'evoluzione temporale della struttura genetica della popolazione.

L'unione di genetica e dinamica di popolazione permetterà la creazione di un framework integrato di conservazione che possa considerare esplicitamente la rapida evoluzione in seguito ad eventi di disturbo, la quale è particolarmente rilevante nella conservazione nel breve termine nel contesto di riposte della specie a cambiamenti ambientali. Questo ha importanti implicazioni socio economiche nel caso della trota marmorata in Slovenia, dato che economie locali dipendono fortemente dalla pesca con la mosca della trota marmorata. Piani di conservazione a lungo termine dovranno anche avere lo scopo di preservare il potenziale adattativo della specie massimizzando la dimensione effettiva della popolazione e la diversità genetica. Per finire, i nostri risultati avranno implicazioni ben al di là del caso della trota marmorata e potranno essere potenzialmente applicati ad altri salmonidi e pesci, in particolare in quei casi in cui vi sia un rischio di estinzione dovuto ad eventi di disturbo sia antropici sia ambientali.

Inglese

The classic view that evolution is a long-term process occurring over long time-scales has been challenged by recent studies showing that evolutionary changes can occur within a few generations, otherwise known as contemporary evolution. Evidences of rapid evolution span over a variety of traits, species and situations, suggesting that contemporary evolution could be quite common. Rapid evolution is usually associated with disturbances or perturbations caused by anthropogenic (overexploitation including overfishing and overharvesting, habitat degradation, habitat fragmentation, introduction of exotic species, introduction of diseases and parasites) and environmental (natural disasters, climate changes) disturbance factors, leading to cause particularly strong selection, further increasing the potential for contemporary evolution. The degree to which populations adaptively respond to selection in new directions/intensities will influence their capability of survival and reproduce.

We propose to investigate the rapid adaptive evolution of life-history traits in natural populations of the marble trout (*Salmo marmoratus*) in response to disturbance events. In particular, we will study a total of ten marble trout populations located in isolated streams in Slovenia (seven remnant pure and three newly-created populations). Populations have been monitored during the period 1996-2008 and severe flood events occurring in 2004 and 2007 have impacted the study area dramatically altering population size in all populations.

We will use an interdisciplinary approach combining the fields of molecular genetics, ecology and mathematical and ecological modelling, aimed at acquiring new knowledge on the role of disturbance events in shaping rapid adaptive evolution in natural populations.

Genetic analyses will be performed using selected (non-neutral) markers. Ecologically important traits are likely to be shaped by natural selection, which means that analyzing patterns of molecular evolution in genetic markers under selection can provide a way of screening for signatures of adaptive contemporary evolution. We will use microsatellite loci derived from Expressed Sequence Tags (ESTs) that can be connected to a particular gene function. First, we will study adaptive evolution in space by analyzing the patterns of genetic differentiation at local geographic scale, which will allow us to determine the baseline level of genetic differentiation and assess the relative importance of historical and contemporary factors in shaping genetic diversity of the populations in the study area. Second, we will study genetic adaptation in time (e.g., rapid evolution) by measuring the adaptive responses of the populations to the occurrence of flood events. The analysis will be performed by studying genetic samples in the period 1996-2008, particularly focusing on prior- and post-flood samples, testing changes in genetic composition and genetic diversity, and ultimately estimating changes in effective population size and the possible existence of bottleneck/population declines. Third, we will test for possible heterozygosity-fitness correlations, using body growth rate as a proxy of fitness. The procedure will allow us to test an heterozygote advantage at growth, a direct heterozygous genotype advantage resulting in higher fitness than the corresponding homozygote genotype. Finally, the high variability of microsatellite loci makes them adequate markers for parentage analysis. Using multilocus genotypes will be used as a tool for parentage inference, to infer mating patterns and family sizes, and to study the association between particular genotypes and fitness (survival, growth) traits.

In the second part of the project, we will describe the populations structures and dynamics by analyzing an extensive data set collected in the study area during the period 1998-2006. Age and size distribution will be analysed in each of the 10 populations sampled, looking for population-specific differences. Mortality, fecundity and spawning rates will be estimated, and we will particularly investigate density-dependent patterns. Finally, we will test the hypothesis of adaptive value of density-dependent body growth, namely that this process increases the probability of persistence of the populations.

The results of the genetic and demographic parts of the project will be integrated for the development of an individual-based model of population dynamics for the marble trout, with the parameterization of the model taking into account the observed population-specific differences. Simulations of population dynamics and sensitivity analysis of model results will be performed in order to estimate: a) demographic indexes; b) quasi-extinction risk, defined as the probability of going below a certain threshold in population size during the years of the simulations; c) the most important life-history traits for population size and probability of persistence (complementary to the risk of quasi-extinction); d) the genetic fate of the population, in particular the loss of heterozygosity, fixation of deleterious alleles and the temporal evolution of the genetic structure of the population.

Bringing together genetic and population dynamics will allow the development of an integrated conservation framework that will take into account contemporary evolution, which is particularly relevant to short-term conservation in the context of species response to environmental change. This has important socio-economic implications in the case of marble trout in Slovenia, as local economy strongly relies on fly-fishing of marble trout. Long-term conservation plans will aim at preserving the adaptive potential of the species by maximizing effective population size and genetic diversity. Finally, our model will extend well beyond the boundaries of marble trout, and could potentially be applied to other salmonids and fish in general, especially those species at risk of extinction due to both anthropogenic and environmental impacts.

5 - Parole chiave

Italiano

1. rapida evoluzione adattativa
2. ecologia molecolare
3. salmonidi
4. conservazione
5. modelli matematici

Inglese

1. rapid adaptive evolution
2. molecular ecology
3. salmonids
4. conservation
5. mathematical modelling

6 - Settori di ricerca ERC (European Research Council) interessati dal Progetto di Ricerca

LS Life Sciences

LS5 Evolutionary, population and environmental biology: evolution, ecology, animal behaviour, population biology, biodiversity, biogeography, marine biology, ecotoxicology

LS5_1 Evolutionary biology, biological adaptation

LS5_2 Molecular evolution

LS5_4 Population biology, population dynamics, population genetics

7 - Curriculum scientifico

Italiano

POSIZIONE ATTUALE

Ricercatore Post-doc, Dipartimento di Scienze Ambientali, Università di Parma, sulla dinamica e conservazione di risorse rinnovabili in ambiente acquatico.

INTERESSI DI RICERCA

Sono un ecologo quantitativo nell'area di dinamica di popolazione, gestione bioeconomica delle risorse rinnovabili e modellistica matematica e statistica in ambito ecologico. Utilizzo avanzate tecniche matematiche e di calcolo per identificare principi di base in ecologia e per analizzare la dinamica di popolazione ed il rischio d'estinzione di popolazioni minacciate.

La mia ricerca è per lo più collaborativa e spazia attraverso discipline e taxa. La mia formazione quantitativa mi permette di condurre ricerche su questioni fondamentali di ecologia quantitativa (in particolare quelle legate alla dinamica di popolazioni) ed anche su problemi più applicativi su conservazione di specie minacciate e gestione di marinerie.

In particolare, ho lavorato sulla demografia, conservazione e gestione della trota marmorata (*S. marmoratus*) in fiumi sloveni, sullo sviluppo di modelli di vocazionalità in contesto GIS per *Tapes philippinarum* nella Sacca di Goro, laguna di Venezia e di Caleri (Italia), sulla distribuzione spaziale del camoscio (*Rupicapra rupicapra*) nel Parco Nazionale del Gran Sasso.

Dal 2009 la mia attività di ricerca si è anche concentrata sull'analisi della relazione tra caratteristiche dell'habitat e la composizione delle comunità delle comunità di uccelli in due ZPS del Lazio (Italia), utilizzando tecniche di statistica multivariata (PERMANOVA).

Conduco la mia attività di ricerca al Dipartimento di Scienze Ambientali dell'Università di Parma.

Ho numerose collaborazioni con Istituzioni statunitensi ed europee, incluse la University of California Santa Cruz (Marc Mangel), Stanford University (Fiorenza Micheli), la Stazione Biologica della Tour du Valat in Francia (Alain Crivelli) ed, in Italia, con l'Università di Venezia (Patrizia Torricelli e Piero Franzoi) e l'Università di Ferrara (Remigio Rossi e Michele Mistri).

Ho pubblicato 8 articoli a primo nome su riviste ISI ed altre 3 sono state sottomesse ed attualmente sottoposte a peer-review.

FORMAZIONE

2003 - Laurea in Scienze Ambientali, Università di Parma (Relatore: Prof. Corrado Rizzoli). Tesi su un modello di simulazione per stimare l'emissione di inquinanti da traffico stradale. Lode e menzione speciale.

2007 - Dottorato in Ecologia, Università di Parma (Relatore: Prof. Giulio A. De Leo). "Compensatory responses and population viability analysis of translocated marble trout (*Salmo marmoratus*) populations living in Slovenian streams".

COLLABORAZIONI INTERNAZIONALI

2006-2009: Collaborazione con la Hopkins Marine Station of Stanford University (F. Micheli), all'interno di un programma finanziato dal Ministero dell'Istruzione, dell'Università e della Ricerca per promuovere reti di ricerca internazionali.

2008-2009: Con l'University of California Santa Cruz (M. Mangel) sulla dinamica di salmonidi

2005: Con l'University of Queensland (H. Possingham and H. McCallum) su metodi per la stima del rischio d'estinzione 2004-oggi: Collaborazione con la Stazione Biologica della Tour du Valat (A. Crivelli) sulla demografia e rischio d'estinzione della trota marmorata.

PREMI E RICONOSCIMENTI

"Premio Marchetti" per la migliore presentazione al XIII° Convegno della Società Italiana di Ecologia (S.It.E).

SERVIZI

Reviewer per *Aquaculture*, *Ecology of Freshwater Fish*, *Conservation Biology*, *Journal of Environmental Management*, *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, *Journal of Fish Biology*.

DIDATTICA

2006-2007: Ecologia di popolazioni e gestione di risorse rinnovabili (8 crediti - 70 ore, Università di Parma, lauree specialistiche di Biologia e Scienze Ambientali).
2008-oggi: Modellistica Ambientale (4 crediti - 30 ore, Università di Parma, master lauree specialistiche di Biologia e Scienze Ambientali).

Inglese

PRESENT POSITION

Post-doc researcher, Department of Environmental Sciences, University of Parma (Italy), on the dynamics and conservation of renewable resources in aquatic systems.

RESEARCH INTERESTS

I am a quantitative ecologist particularly active in the area of population dynamics, bioeconomic management of renewable resources, and mathematical and statistical modeling in ecology. I use advanced mathematical and computational techniques to identify basic first principles in ecology and to analyse population dynamics and extinction risk of endangered populations.

My research is mainly collaborative and ranges across taxa and disciplines. My quantitative training allows me to do research on fundamental questions in quantitative ecology (specifically those related to scaling and population dynamics) as well as more applied questions about conservation of endangered species and fishery management

Specifically, I worked extensively on the demography, conservation and management of marble trout (*S. marmoratus*) in Slovenian streams, on the development of GIS-based Habitat Suitability models for *T. philippinarum* in the Sacca di Goro, Venice lagoon and Caleri (Italy), on the spatial distribution of the Chamois (*Rupicapra rupicapra*) in the National Park of Gran Sasso.

Starting from 2009, my work also focuses on the analysis of the relationship between habitat features and the composition of avian communities in two Special Protected Areas in Lazio (Italy) by using multivariate statistical techniques (PERMANOVA)

I conduct my research activity in the Department of Environmental Science at the University of Parma, Italy.

I carry out extensive collaborative research with a suite of European and US Institutions, including University of California Santa Cruz (Marc Mangel), Stanford University (Fiorenza Micheli), the Biological Station of Tour du Valat in France (Alain Crivelli), and, in Italy, University of Venice (Patrizia Torricelli and Piero Franzoi) and University of Ferrara (Remigio Rossi and Michele Mistri)

I published 8 works on ISI journals as first-author and 3 more are submitted

EDUCATION

2003 - Master Degree in Environmental Sciences, University of Parma, Italy (Advisor: Prof. Corrado Rizzoli). Thesis on a simulation model to estimate the emissions of pollutants from road traffic. Magna cum laude honorary mention.

2007 - PhD in Ecology, University of Parma, Italy (Advisor: Prof. Giulio A. De Leo). "Compensatory responses and population viability analysis of translocated marble trout (*Salmo marmoratus*) populations living in Slovenian streams".

INTERNATIONAL COLLABORATIONS

2006-2009: Collaboration with the Hopkins Marine Station of Stanford University (F. Micheli), under a program financed by the Italian Ministry of Research to promote capacity building and international research networks.

2008-2009: With the University of California Santa Cruz (M. Mangel) on the dynamics of salmonid populations.

2005: With the University of Queensland (H. Possingham and H. McCallum) on methods to assess risk of extinction.

2004-ongoing: With the Biological Station of Tour du Valat (A. Crivelli) on the demography and extinction risk of marble trout in Slovenia.

HONORS AND AWARDS

- "Premio Marchetti" for best presentation at the XIII Meeting of the Italian Society of Ecology (S.It.E)

SERVICES

- Reviewer for *Aquaculture*, *Ecology of Freshwater Fish*, *Conservation Biology*, *Journal of Environmental Management*, *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, *Journal of Fish Biology*.

TEACHING

2006-2007: Population ecology and renewable resource management (8 credits - 70 hours, University of Parma, master degrees in Biology and in Environmental Sciences).

2008-ongoing: Environmental modeling (4 credits - 30 hours, University of Parma, master degrees in Biology and Environmental Sciences).

8 - Pubblicazioni scientifiche più significative del Coordinatore della Ricerca

n°	Pubblicazione
1.	VINCENZI S., CARAMORI G, ROSSI R, DE LEO G. A (2006). A GIS-based habitat suitability model for commercial yield estimation of <i>Tapes philippinarum</i> in a Mediterranean coastal lagoon (Sacca di Goro, Italy). <i>ECOLOGICAL MODELLING</i> , vol. 193; p. 90-104, ISSN: 0304-3800
2.	VINCENZI S., CRIVELLI A. J, JESENSEK D, DE LEO G. A (2008). Total population density during the first year of life as a major determinant of lifetime body-length trajectory in marble trout. <i>ECOLOGY OF FRESHWATER FISH</i> , vol. 17; p. 115-119, ISSN: 0906-6691
3.	VINCENZI S., CRIVELLI A. J, JESENSEK D, DE LEO G. A (2008). The role of density-dependent individual growth in the persistence of freshwater salmonid populations. <i>OECOLOGIA</i> , vol. 156; p. 123-134, ISSN: 0029-8549
4.	VINCENZI S., CARAMORI G, ROSSI R, DE LEO G.A (2006). Estimating clam yield potential in the Sacca di Goro lagoon (Italy) by using a two-part conditional model. <i>AQUACULTURE</i> , vol. 261; p. 1281-1291, ISSN: 0044-8486
5.	VINCENZI S., CRIVELLI A.J, JESENSEK D, RUBIN J-F, POIZAT G, DE LEO G. A (2008). Potential factors controlling the population viability of newly introduced endangered marble trout populations. <i>BIOLOGICAL CONSERVATION</i> , vol. 141; p. 198-210, ISSN: 0006-3207
6.	VINCENZI S., CRIVELLI A. J, JESENSEK D, RUBIN J.-F, DE LEO G. A (2007). Early survival of marble trout <i>Salmo marmoratus</i> : evidence for density dependence?. <i>ECOLOGY OF FRESHWATER FISH</i> , vol. 16; p. 116-123, ISSN: 0906-6691
7.	VINCENZI S., CARAMORI G, ROSSI R, DE LEO G.A (2007). A comparative analysis of three habitat suitability models for commercial yield estimation of <i>Tapes philippinarum</i> in a North Adriatic coastal lagoon (Sacca di Goro, Italy). <i>MARINE POLLUTION BULLETIN</i> , vol. 55; p. 579-590, ISSN: 0025-326X
8.	VINCENZI S., CRIVELLI A.J, JESENSEK D, RUBIN J-F, DE LEO G.A (2007). Density-dependent individual growth of marble trout (<i>Salmo marmoratus</i>) in the Soca and Idrija river basins, Slovenia. <i>HYDROBIOLOGIA</i> , ISSN: 0018-8158

9 - Elenco delle Unità di Ricerca (UR)

Unità	Responsabile dell'Unità di Ricerca	Qualifica	Istituzione di appartenenza	Dipartimento/Istituto/Divisione/Settore	Mesi/uomo
1	VINCENZI Simone	Dottore di Ricerca	Università degli Studi di PARMA		122

10 - Breve descrizione delle Unità di Ricerca

Italiano
L'Unità di Ricerca dell'Università di Parma consiste di cinque membri (un Professore Ordinario, un Professore Associato, e tre Dottori di Ricerca) affiliati al Dipartimento di Scienze Ambientali (<http://www.dsa.unipr.it>), e in particolare ai gruppi di ricerca "Modellistica Ecologica" (un Professore Ordinario e due Dottori di Ricerca) ed "Ecologia Evolutiva" (un Professore Associato ed un Dottore di Ricerca).

Il Dipartimento di Scienze Ambientali è uno dei più importanti e storici dipartimenti di scienze ambientali (o di ecologia) in Italia sia per la qualità della sua ricerca che per essere la sede della Società Italiana di Ecologia (S.I.E.). La sua missione è di migliorare costantemente la conoscenza teorica ed applicata nei campi dell'Ecologia Applicata, della Valutazione di Impatto Ambientale, della Modellistica Ecologica, della Biologia ed Ecologia degli Invertebrati Acquatici, dell'Ecologia dei Microrganismi, dell'Ecologia Evolutiva e della Biogeochimica. Con oltre 60 membri, tra professori, ricercatori, dottorandi di ricerca, personale tecnico ed amministrativo, il Dipartimento di Scienze Ambientali è un'istituzione vitale in grado di promuovere l'educazione e la ricerca sia di base che applicativa. La qualità della ricerca è dimostrata dall'ampia rete di collaborazioni con le migliori istituzioni internazionali, come Princeton University (Andy Dobson e Simon Levin), Stanford University (Fiorenza Micheli), Stazione Biologica della Tour du Valat (Alain Crivelli), University of Queensland (Hamish McCallum), University of Washington (R. Hilborn). Il Dipartimento di Scienze Ambientali è certamente un ambiente favorevole per la crescita di giovani ricercatori di talento e per lo sviluppo di nuove idee.

Il gruppo di ricerca "Modellistica Ecologica" ha l'obiettivo di sviluppare modelli matematici per l'analisi quantitativa e la gestione di sistemi ambientali. Il gruppo ha una lunga esperienza nel campo dell'ecologia quantitativa. Temi di ricerca includono la dinamica e gestione di risorse marine, modelli di popolazioni frammentate, valutazione del rischio d'estinzione di popolazioni naturali, metodi per la valutazione d'impatto ambientale, ecologia dei parassiti, Sistemi di Informazione Geografica nella biologia della conservazione ed economia in ambito ecologico. In anni recenti, sempre maggiore attenzione si è concentrata sull'analisi della dinamica di popolazione e rischio d'estinzione di popolazioni di pesci. Il gruppo di ricerca "Modellistica Ecologica" sarà responsabile della parte modellistica del progetto.

Le analisi genetiche saranno eseguite dal gruppo di ricerca "Ecologia Evolutiva". Il gruppo ha una lunga tradizione nello studio della genetica ecologica sia nei pesci che nelle piante. Il gruppo ha grande esperienza nella ricerca e sviluppo di marcatori molecolari (allozimi, AFLP, microsatelliti, SNP) e l'analisi di dati genetici, genomici e fenotipici con avanzate tecniche statistiche.

Il Dipartimento di Biologia dell'Università di Padova, il quale vanta una lunga collaborazione con il Dipartimento di Scienze Ambientali dell'Università di Parma sarà partner esterno del progetto e fornirà consigli e suggerimenti per l'integrazione di demografia e genetica.

Inglese
The University of Parma Research Unit consists of five members (a Full Professor, an Associate Professor, and three PhDs fellows) affiliated to the Department of Environmental Sciences (<http://www.dsa.unipr.it>), and in particular to the research groups "Ecological Modelling" (a Full Professor and two PhDs) and "Evolutionary Ecology" (an Associate Professor and a PhD).

The Department of Environmental Sciences is one of the most important departments of environmental sciences (or ecology) in Italy for the quality of its research and for being also the home of the Italian Society of Ecology (S.I.E.). Its mission is to constantly improve the theoretical and applied knowledge in the fields of Applied Ecology, Environmental Impact Assessment, Environmental Modelling, Biology and Ecology of Aquatic Invertebrates, Ecology of Microorganisms, Evolutionary Ecology and Biogeochemistry. With over 60 members, researchers, collaborators, PhD students, technical and administrative staff, the Department of Environmental Sciences is a vital institution capable of promoting education and both fundamental and applied research. The quality of the research work is demonstrated by the broad network of partnerships with the best international institutions, such as the Princeton University (Andy Dobson and Simon Levin), the Stanford University (Fiorenza Micheli), the Biological Station of the Tour du Valat (A. Crivelli), the University of Queensland (Hamish McCallum), University of Washington (R. Hilborn). The Department of Environmental Sciences is certainly favourable to the growth of talented young researchers and to the creation of new ideas.

The research group "Ecological Modelling" aims at developing mathematical models for the quantitative analysis and management of environmental systems. The research group has a long expertise in the field of quantitative ecology. Research topics include dynamics and management of marine resources, models of fragmented populations, extinction risk assessment of wildlife populations, methods for environmental impact assessment, parasite ecology, Geographical Information Systems in conservation biology and ecological economics. In recent years, an increasing attention has been devoted to the investigation of population dynamics and risk of extinction of fish populations. The research group "Ecological Modelling" will be responsible of the modelling part of the project.

Genetic analyses will be performed by the "Evolutionary Ecology" research group. The group has long-lasting tradition in the study of ecological genetics of fish and plants. The team has strong expertise in the design and development of molecular markers (allozymes, AFLP, microsatellites, and SNPs) and the analysis of genetic, genomic, and phenotypic data with up-to-date statistical approaches.

The Department of Biology of the University of Padova, which shares a long tradition of collaboration with the Department of Environmental Sciences of the University of Parma will be external partner of the project and will provide scientific advice for the integration of demography and genetics.

11 - Obiettivi scientifici del progetto di ricerca e risultati attesi

Italiano

La biodiversità in acque dolci è minacciata da numerose pressioni antropiche tra cui il sovrasfruttamento delle specie, l'introduzione di specie esotiche, l'inquinamento proveniente da aree industriali, agricole o urbane, così come la perdita di habitat dovuta per esempio alla presenza di dighe o alla captazione d'acqua. Per gestire la biodiversità acquatica con maggiore efficacia è necessario combinare ed integrare le conoscenze derivanti da diversi campi di ricerca, quali l'ecologia, la genetica e la modellistica. L'obiettivo del progetto di ricerca qui presentato è di pervenire ad un'ampia comprensione della rapida evoluzione adattativa di particolari tratti del ciclo vitale in popolazioni di pesci soggette ad eventi di disturbo. Useremo come sistema modello la trota marmorata (*Salmo marmoratus*) per analizzare come gli eventi di disturbo (nel nostro caso specifico, gli eventi di piena) possano influenzare la struttura genetica, i tratti del ciclo vitale, la dinamica di popolazione e la probabilità di persistenza di dieci popolazioni indagate. Il progetto è di grande rilevanza scientifica, dato che permetterà di colmare il vuoto di conoscenze sul ruolo degli eventi di disturbo nella determinazione dei tratti genetici e non del ciclo vitale in popolazioni isolate di salmonidi e di derivare infine linee guida scientifiche per la conservazione di specie d'acqua dolce a rischio estinzione.

Mentre i processi evolutivi avvengono su scale temporali più lunghe di quelle che caratterizzano i processi ecologici, l'evoluzione adattativa può avvenire su scale temporali molto più brevi (poche generazioni) ed evidenze di rapide evoluzioni si hanno per numerosi tratti del ciclo vitale e per specie diverse. L'evoluzione rapida è spesso il risultato di fattori di disturbo antropici od ambientali responsabili di riduzioni nella dimensione della popolazione. Di conseguenza, una conoscenza esaustiva del fenomeno è di particolare rilevanza anche in ambito di conservazione ecologica, dato che il mantenimento della diversità genetica nel tempo è essenziale per salvaguardare il potenziale evolutivo della specie.

La ricerca in ambito di genetica della conservazione è stata tradizionalmente dominata dall'utilizzo di marcatori neutrali, che possono fornire utili informazioni sul flusso genico nel passato e sul lineage evolutivo. In ogni caso, i marcatori neutrali non sono ovviamente un buon sostituto per marcatori selettivi (non neutrali), i quali possono invece fornire informazioni cruciali sull'evoluzione adattativa su scale temporali contemporanee, prendendo direttamente in considerazione importanti tratti quantitativi che rispondono a cambiamenti nelle condizioni ambientali. La nostra ricerca misurerà le risposte adattative della specie in seguito a cambiamenti nelle condizioni ambientali. I risultati saranno integrati in modello accoppiato genetico-demografico di dinamica di popolazione della trota marmorata; il modello ci permetterà di predire i cambiamenti evolutivi in seguito ad eventi di disturbo e faciliterà lo sviluppo di mirati piani di conservazione per la trota marmorata.

La presente ricerca è suddivisa in due macro-obiettivi, uno genetico e l'altro modellistico, come segue:

- 1) Misurare le risposte adattative della specie a cambiamenti nelle condizioni ambientali utilizzando marcatori genetici selettivi (non neutrali).
- 2) Sviluppare un modello individual-based di dinamica di popolazione per studiare l'evoluzione genetica nel tempo delle popolazioni di trota marmorata, il ruolo delle risposte compensatorie in termini di dimensione della popolazione, probabilità di persistenza, ed infine per studiare differenze tra le dinamiche delle diverse popolazioni.

Obiettivi specifici per la parte genetica sono :

- 1A) investigare l'evoluzione adattativa nello spazio (i.e. in diverse popolazioni) della trota marmorata in fiumi sloveni. Analisi genetiche a scala geografica locale ci permetteranno di determinare il livello di base di differenziazione genetica e di valutare l'importanza relativa di fattori storici e contemporanei nel determinare la diversità genetica della specie;

- 1B) investigare l'adattamento evolutivo nel tempo (i.e. evoluzione rapida) nella trota marmorata, specialmente dopo eventi di piena severi. L'evoluzione rapida sarà testata studiando cambiamenti temporali nella composizione genetica e nei livelli di diversità genetica nel periodo 1996-2008;

- 1C) investigare la correlazione tra variabilità genetica e fitness nella trota marmorata utilizzando i tassi di crescita corporea come indicatore proxy. Stimeremo (i) l'ereditarietà dei tassi di crescita e testeremo (ii) un vantaggio eterozigote nella crescita corporea (cioè un vantaggio diretto del genotipo eterozigote risultante in una fitness maggiore se confrontato col genotipo omozigote);

- 1D) analisi parentale utilizzando genotipi multilocus per: (i) inferenze su maternità, paternità od entrambi; (ii) strategie di accoppiamento, particolarmente utile per specie con più riproduzioni nell'arco della vita (specie iteropare); (iii) dimensione media della famiglia, e (iv) associazione tra tratti legati alla fitness (sopravvivenza, crescita) e particolari genotipi a livello individuale e di famiglia.

Obiettivi specifici per la parte modellistica del progetto sono :

- 2A) fornire una descrizione dettagliata della struttura della popolazione e delle dinamiche delle dieci popolazioni monitorate in fiumi sloveni, attraverso l'analisi di un esteso data set raccolto in un programma di monitoraggio attualmente ancora in atto. L'analisi fornirà descrizione e/o stima di: (a) distribuzione per età e taglia; (b) tassi di mortalità, fecondità e pattern di deposizione delle uova; (c) risposte compensatorie, in particolare dipendenza da densità della sopravvivenza nel primo anno di vita e crescita corporea densità-dipendente; (d) pattern di movimento;

- 2B) sviluppare un modello individual-based di dinamica di popolazione della trota marmorata, composto da un modulo demografico ed uno genetico, basato sui risultati dagli studi descritti sopra;

- 2C) valutare il contributo relativo della dipendenza da densità della crescita individuale per la persistenza di popolazioni di salmonidi d'acqua dolce.

RISULTATI ATTESI

Il progetto produrrà:

- un rapporto dettagliato sullo stato di conservazione, struttura della popolazione, tratti demografici, biologici, del ciclo vitale e risposte compensatorie della trota marmorata i fiumi sloveni;

- una chiara valutazione dei parametri demografici di base che caratterizzano il ciclo vitale della trota marmorata;

- una descrizione dettagliata della struttura genetica nello spazio e nel tempo delle popolazioni di trota marmorata monitorate nel bacino dei fiumi Soca, Idrijca e Beca;

- una misura precisa delle risposte adattative della trota marmorata dopo eventi di disturbo, i.e. piene, utilizzando marcatori genetici adattativi (non neutrali);

- un modello demografico che rappresenti le principali caratteristiche del ciclo vitale della trota marmorata con l'obiettivo di descrivere la dinamica di popolazione della specie, stimare il rischio d'estinzione delle popolazioni e valutare il ruolo degli eventi di disturbo nella dinamica di popolazione;

- un modello accoppiato genetico-demografico per definire l'evoluzione temporale della struttura genetica di popolazioni di trota marmorata.

- linee guida per la conservazione di popolazioni di trota marmorata in Slovenia ed anche in Italia, dove sono partiti recentemente diversi piani di conservazione, ad esempio in Valle d'Aosta e Trentino Alto Adige.

Inoltre, i risultati del progetto di ricerca saranno sottomessi per pubblicazione su riviste internazionali e presentati in convegni nazionali ed internazionali. Auspichiamo la sottomissione di almeno sette manoscritti su riviste ISI.

INNOVAZIONI E BENEFICI

L'approccio scientifico del progetto è molto innovativo, grazie anche alla sua intrinseca interdisciplinarietà nella combinazione di analisi molecolari del DNA e modelli di dinamica di popolazione. Un altro aspetto decisamente innovativo del progetto è l'uso dell' "adaptive genetics", la quale ci permetterà di studiare l'evoluzione su scale contemporanee misurando le risposte adattative della specie a recenti cambiamenti ambientali. Il progetto cercherà di colmare le lacune riguardo la conoscenza del ruolo degli eventi di disturbo nel determinare l'evoluzione rapida di popolazioni naturali.

L'integrazione di conoscenze di genetica e di dinamica di popolazione permetterà di definire una cornice di conservazione che tenga in considerazione anche l'evoluzione su brevi scale temporali, particolarmente rilevante per la conservazione nel breve termine in seguito a cambiamenti ambientali. Nel caso della trota marmorata slovena questo ha importanti implicazioni socio-economiche dato che molte economie locali dipendono dall'indotto generato dalla pesca con la mosca della trota marmorata. Piani di conservazione nel lungo termine dovranno anche avere l'obiettivo di preservare la potenzialità adattativa della specie, massimizzando la dimensione effettiva della popolazione e la diversità genetica. Svilupperemo un modello di dinamica per la trota marmorata attentamente calibrato sui dati (con un modulo genetico ed uno demografico) che chiarirà il ruolo degli eventi di disturbo (e.g. eventi di piena o di magra) e ci permetterà di predire futuri cambiamenti evolutivi. Per finire, le applicazioni del nostro modello si estenderanno ben al di là del caso della trota marmorata, ed i risultati potranno essere utilizzati anche per altri pesci, in particolare per quelle specie a rischio di estinzione per fattori antropici (sovrasfruttamento da pesca, degradazione dell'habitat, introduzione di specie esotiche) od ambientali (disastri naturali, fluttuazioni stocastiche, cambiamenti climatici).

Inglese

Aquatic biodiversity in inland and freshwaters waters is threatened by a number of anthropogenic pressures including overexploitation of species, the introduction of exotic species, pollution from urban, industrial, and agricultural areas, as well as habitat loss and alteration through damming and water diversion. In order to conserve and manage aquatic biodiversity more efficiently, knowledge originating from different research fields such as experimental ecology, population genetics and theoretical modelling needs to be combined and integrated. The goal of the present research program is to achieve a comprehensive understanding of rapid adaptive evolution of life-history traits in fish populations impacted by disturbance events. We use marble trout (*Salmo marmoratus*) as a model system to investigate how disturbance events (i.e., severe floods) influence the genetic structure, life-history traits, population dynamics and probability of persistence of ten investigated populations. The project is of great scientific relevance as it will allow us to fill up the knowledge gap on the role of disturbance events in shaping the genetics and

life-history traits of locally isolated and potentially endangered fish populations and to derive scientific-based guidelines for the conservation of freshwater endangered species.

While evolution usually takes place on time scale considerably longer than that characterizing ecological processes, adaptive evolution often occurs on much shorter time scales (years to decades) and reports of rapid evolution span over a variety of traits and species. Rapid evolution is often the result of anthropogenic and environmental factors responsible for population declines. Thus, a comprehensive knowledge of the phenomenon is of particular relevance also to conservation ecology, as maintenance of genetic diversity over time is essential to safeguard the evolutionary potential of the species.

Conservation genetics research has traditionally been dominated by the use of neutral markers, which may provide useful information about historical gene flow patterns and evolutionary lineages. However neutral markers are obviously not a good substitute for selected (non-neutral) markers, which can provide crucial information on adaptive evolution occurring on contemporary time scales by directly taking into account important quantitative traits that respond to changing environmental conditions. Our research will measure the adaptive responses of the species to environmental changes. The results will be integrated in a coupled genetic-demographic model of population dynamics of marble trout, which will allow us to predict evolutionary changes and also could be a good starting point the development of sound conservation plans for marble trout.

The present research is divided in two macro-objectives, one genetic and the other modelling, as follows:

- 1) To measure the adaptive responses of marble trout to changing environmental conditions (disturbance events) using selected (non-neutral) genetic markers.
- 2) To develop an individual-based model of population dynamics to investigate the genetic temporal evolution of marble trout populations, the role of compensatory responses in determining population size, probability of persistence and population-specific differences in population dynamics.

Specific aims for the genetic part of the project are :

- 1A) to investigate adaptive evolution in space in marble trout populations living in Slovenian streams. Genetic analysis at local geographic scale will allow us to determine the baseline level of genetic differentiation, and assess the relative importance of historical and contemporary factors in shaping genetic diversity of the species;

- 1B) to investigate adaptive evolution in time (e.g., rapid evolution) in marble trout, especially after the occurrence of severe flood events. Rapid evolution in time will be tested by analyzing temporal changes in genetic composition and levels of genetic diversity in the 1996-2008 period.

- 1C) to investigate the correlation between genetic variability and fitness in marble trout using body growth rate as a proxy indicator; We will (i) estimate the heritability of body growth and (ii) test heterozygosity advantage at growth (i.e. a direct heterozygous genotype advantage resulting in higher fitness compared to homozygotes).

- 1D) Parentage analysis using multilocus genotypes as a tool: (i) for parentage inference by looking for maternity, paternity or simultaneously for both potential parents; (ii) to infer mating patterns, which are especially useful with species with multiple breeding (iteroparity); (iii) to infer average family sizes; and (iv) to study the association between fitness traits (survival, growth) and particular genotypes at the individual and family level

Specific aims for the modelling part of the project are :

- 2A) to provide a detailed description of population structure and population dynamics of ten monitored marble trout populations living in Slovenian streams, through the analysis of an extensive data set gathered in an ongoing monitoring program. The analysis will provide description and/or estimation of: (a) age and size distribution; (b) mortality rates, fecundity and spawning patterns; (c) compensatory responses, in particular density-dependent first-year survival and density-dependent body growth; (d) movement patterns;

- 2B) to develop of an individual based model of population dynamics of marble trout, comprising of both a demographic and a genetic module, based on the results obtained with the studies described above; 2C) to assess the relative contribute of density-dependent individual growth for the persistence of freshwater salmonid populations.

EXPECTED RESULTS

The project will produce:

- a detailed report on the conservation status, population structure, demographic and life-history traits, compensatory patterns and biological features of marble trout living in Slovenian streams;

- a sound assessment of basic demographic parameters characterizing marble trout life cycle;

- a detailed description of spatial and temporal genetic structure of the monitored marble trout populations living in the Soca, Idrijca and Baca river basins;

- a detailed measurement adaptive responses of marble after disturbance events, i.e. floods, using adaptive (non-neutral) genetic markers;

- a demographic model encompassing major features of marble trout life cycle aimed at describing marble trout population dynamics, estimating the risk of extinction of the populations and assessing the role of disturbance events in shaping population dynamics;;

- a coupled demographic-genetics model to assess the temporal evolution of the genetic structure of marble trout populations.

- general guidelines for conservation plans for marble trout in Slovenia and Italy, where several projects for the rehabilitation of marble trout recently started, as in Valle d'Aosta and Trentino Alto Adige.

Moreover, the results of this research project will be submitted for publication to international journals and will be presented in national and international meetings. We foresee the submission of at least 7 papers to ISI journals.

INNOVATION AND BENEFITS

The scientific approach of the project is very innovative because of its interdisciplinarity, as it combines molecular DNA analyses and modelling of population dynamics. Another innovative aspect of the project is the use of adaptive genetics, which will allow us to study evolution in a contemporary time-frame, measuring the adaptive responses of the species to recent environmental changes. The project will fill the general lack of knowledge on the role of disturbance events in shaping rapid evolution in natural populations.

Bringing together genetic and population dynamics will allow to set up an integrated conservation framework that will take into account contemporary evolution (heritable trait evolution observed in recent generations), which is particularly relevant to short-term conservation in the context of species response to environmental change. This has important socio-economic implications in the case of marble trout in Slovenia, as local economy strongly relies on fly-fishing of marble trout.

Long-term conservation plans will aim at preserving the adaptive potential of the species by maximizing effective population size and genetic diversity. We will develop a carefully-calibrated population dynamics model for marble trout (with demographic and genetic modules) that will shed light on the role of disturbance events such as floods or droughts, and ultimately will allow to predict future evolutionary changes. Finally, our model will extend well beyond the boundaries of marble trout, and could potentially be applied to other salmonids and fish in general, especially those species at risk of extinction due to anthropogenic (overfishing, habitat degradation, introduction of exotic species, introduced diseases and parasites) or environmental (natural disasters, stochastic fluctuations, climate change) impact.

12 - Base di partenza scientifica nazionale o internazionale

Italiano

Importanti tratti del ciclo vitale (nel seguito indicate come "tratti vitali") (e.g., la taglia corporea, il tasso di accrescimento, fecondità, età di maturazione sessuale) determinano la capacità di una specie di affrontare le difficoltà che possono presentarsi nell'arco della vita (Cardillo et al 2004). I tratti vitali più importanti da un punto di vista ecologico sono probabilmente determinati dalla selezione naturale. L'analisi dei processi di evoluzione molecolare in marcatori genetici non neutrali ("selettivi") può quindi mostrare segnali di evoluzione adattativa. Selezione ed adattamento sono processi dinamici sia su scala spaziale che temporale, in grado di determinare variazioni genetiche. Su scale geografiche limitate, divergenze genetiche adattative possono avvenire rapidamente nonostante il flusso genico, e codificare per tratti fenotipici che influenzano direttamente la vitalità delle popolazioni. Rapide evoluzioni in risposta a cambiamenti ambientali sono ben documentata in diverse specie e diversi tratti vitali, tanto da essere considerata la norma piuttosto che l'eccezione (Stockwell et al 2003). Una rapida evoluzione adattativa, vale a dire su scale temporali che vanno da pochi anni a qualche decennio, risulta particolarmente rilevante per la conservazione delle specie (Stockwell et al. 2003). E' quindi di particolare interesse analizzare come i tratti vitali, e in particolare quelli aventi un chiaro effetto sulla fitness, varino nel tempo e nello spazio e come questi possano influenzare la vitalità di una popolazione. Ricerche teoriche ed empiriche suggeriscono che la plasticità fenotipica può, come altri tratti vitali, evolvere in seguito a selezione (Pigliucci 2001). La plasticità fenotipica - definita come l'abilità di un singolo genotipo di variare il suo fenotipo in risposta a variazioni ambientali - è un importante meccanismo attraverso il quale le popolazioni possono far fronte a rapidi cambiamenti delle condizioni biotiche e abiotiche (Pigliucci 2002). L'evoluzione rapida è spesso associata ad eventi di disturbo (Reznick et al. 2001), dove "disturbo" è definito come "ogni evento discreto nel tempo che altera ecosistemi, comunità o struttura delle popolazioni, risorse o l'ambiente fisico" (White et al. 1985). Variazioni nella tempistica, frequenza ed entità del disturbo rendono però difficile prevedere l'insorgere eventuali processi selettivi ed anche la loro direzione. Sono diversi gli studi (Harper 1977; Turner et al. 1998) che suggeriscono che sia la frequenza che l'intensità degli eventi di disturbo nel corso della vita degli organismi possono avere importanza evolutiva. In alcuni casi,

gli eventi di disturbo possono essere così improvvisi e severi che vi è poca possibilità per una risposta adattativa e ne consegue l'inevitabile estinzione delle popolazioni colpite. Al contrario, in molti altri casi alcuni individui sopravvivono e possono quindi beneficiare di un'inaspettata diminuzione nella competizione per le risorse. A seguito di eventi di questo tipo le popolazioni sperimentano selezione in nuove direzioni e a diverse intensità; il grado con il quale queste popolazioni sono in grado di adattarsi influenzerà la capacità di sopravvivenza nei decenni e millenni successivi (Carroll 2008).

Negli studi evolutivi la variazione genetica viene comunemente analizzata attraverso: (i) variazione neutrale, quando i marcatori non codificano per tratti fenotipici e probabilmente non influenzano la fitness degli individui; (ii) variazione selettiva, quando i marcatori sono legati a geni che determinano differenze nei tratti fenotipici tra gli individui e quindi ne influenzano la fitness. Diversi studi hanno mostrato come la variazione tra popolazioni osservata nei tratti vitali sia molto più alta di quella osservata in marcatori neutrali e che l'analisi di marcatori neutrali potrebbe portare ad una sottostima della differenziazione adattativa tra popolazioni (Conover et al. 2006). Lo studio simultaneo di numerosi loci o regioni del genoma può portare quindi ad una migliore comprensione dei ruoli dei processi evolutivi, tra questi la selezione naturale tra popolazioni. I genetisti sono concordi sul fatto che l'analisi di pochi loci può portare ad una incompleta descrizione del genoma e della "storia" di una popolazione. Negli studi più recenti, al fine di correggere le distorsioni causate da un numero limitato di marcatori, la variazione genetica è osservata su un elevato numero (tra i 20 ed i 25) di loci microsatellite sviluppati da Expressed Sequence Tags (ESTs), cioè sequenze lette singolarmente prodotte dal parziale sequenziamento di un tratto di mRNA (Boucek et al. 2007). Microsatelliti ottenuti da ESTs hanno il vantaggio di essere marcatori putativi di Tipo I (non neutrali o selezionati), dal momento che è possibile connettere la funzione del tratto di gene trascritto da una sequenza EST con la presenza dei microsatelliti.

Diversamente, i microsatelliti genomici "tradizionali", ottenuti da librerie, sono generalmente marcatori di Tipo II, i quali non sono legati a geni aventi funzioni note. Marcatori sotto selezione (compresi microsatelliti sviluppati da ESTs) possono evidenziare la variazione genetica che sta dietro a tratti legati alla fitness che dipendono dalle condizioni ambientali. Marcatori genetici in regioni funzionali possono influenzare specifici aspetti del ciclo di vita tra cui la mortalità, il tasso di crescita, la taglia corporea o l'età alla maturazione, e l'associazione tra variabilità genetica, fitness e l'ambiente. In questo senso, la diversità genetica svolge un ruolo chiave nella risposta a cambiamenti ambientali od in presenza di forti pressioni selettive. Heterozygosity-fitness correlations (HFCs), ovvero le correlazioni positive tra il grado di eterozigosi individuale e tratti vitali legati alla fitness di un individuo (come ad esempio la taglia corporea), sono state spesso eterozigoti utilizzate come indicatore proxy di potenziale adattativo in numerose specie, compresi i salmonidi (reviewed in Hanson et al. 2002). HFCs significative sono state osservate negli organismi più diversi, dalle piante ai bivalvi marini, a pesci e mammiferi (David 1998). Ciononostante, è difficile generalizzare l'esistenza di HFCs data la chiara esistenza di un "publication bias", cioè per il fatto che i lavori scientifici che vengono pubblicati riportano quasi esclusivamente i casi nei quali è stata osservata l'esistenza di HFCs e raramente i risultati degli esperimenti in cui non si ha avuta chiara evidenza del fenomeno (Hansson et al. 2002). Sebbene l'esistenza di HFCs sia ampiamente accettata, recenti studi hanno dimostrato che tali correlazioni variano tra taxa, specie ed addirittura tra campioni della stessa specie distribuiti su diverse scale spaziali e/o temporali (David 1998). Potrebbero essere diversi i meccanismi responsabili delle HFCs, tra questi: 1) un vantaggio diretto dell'eterozigote rispetto all'omozigote riscontrabile in una maggior fitness, oppure 2) un'associazione genetica tra marcatori studiati a geni di fitness collegati a questi per l'effetto del linkage disequilibrium (David 1998). Molti studi hanno documentato correlazioni positive tra eterozigosi e tassi di crescita, correlazioni che diminuiscono con l'avanzare dell'età in quanto le differenze nei tassi di crescita sono massime nelle prime fasi di vita (è infatti durante questo periodo che l'energia è indirizzata verso l'accrescimento della taglia, David 1998) e genotipi poco "adatti" sono probabilmente assenti nelle classi di età più elevate. Pujolar et al. (2005) hanno mostrato l'esistenza di una correlazione positiva tra variabilità genetica allozimica e tassi di crescita in anguilla europea di allevamento, con individui eterozigoti che mostravano incrementi di taglia e peso decisamente superiori rispetto agli omozigoti nei primi 12 mesi di vita. Al contrario, individui di 22 mesi non mostravano più evidenze di una correlazione tra diversità genetica e tassi di crescita (Pujolar et al. 2006). Analogamente, i salmonidi sembrano presentare diversi livelli di HFCs in diverse fasi vitali. Correlazioni positive sono state osservate tra eterozigosi degli allozimi e accrescimento corporeo nei primi sei mesi di vita in campioni di trota iridea *Oncorhynchus mykiss* provenienti da allevamento, mentre correlazioni negative sono state trovate tra eterozigosi e taglia nel primo anno d'età, e taglia di maturità (Ferguson 1992). Pogson et al. (1998) hanno esaminato la relazione tra eterozigosi (in 10 loci nucleari RFLP), e taglia in due popolazioni di merluzzo atlantico *Gadus morhua*. Correlazioni significative sono state trovate solo in una delle due popolazioni a supporto dell'ipotesi che differenti campioni possono avere diversi background genetici e quindi dare diversi risultati di HFC.

La comprensione delle conseguenze della variabilità genetica sulla fitness di un organismo è una questione di fondamentale importanza al fine di valutare il rischio inerente la perdita di diversità genetica in seguito ad eventi di disturbo. Dato il piccolo numero di individui in molte popolazioni di salmonidi di acqua dolce e l'estrema variabilità delle condizioni ambientali nel loro habitat, il mantenimento di un alto livello di diversità genetica è cruciale per il mantenimento del potenziale evolutivo. Nonostante siano molti gli studi empirici che hanno mostrato un ruolo importante degli eventi di disturbo nel determinare una rapida evoluzione, il fenomeno non ha ricevuto molta attenzione da un punto di vista sia teorico che modellistico. La modellizzazione e simulazione matematica di processi evolutivi permetterebbe di testare diversi scenari e validare i risultati empirici e di valutare la sensibilità dei risultati osservati rispetto fattori quali il numero di marcatori genetici o la particolare fase di vita analizzata. Sebbene recenti studi molecolari abbiano fornito interessanti risultati riguardo la struttura genetica di popolazioni localmente isolate di salmonidi di acqua dolce, l'interpretazione di tali risultati ha raramente beneficiato di un approccio modellistico che comprendesse allo stesso tempo genetica e demografia.

I salmonidi di acqua dolce sono ottimi candidati per studiare la rapida evoluzione adattativa dei tratti vitali in risposta a disturbi severi. I salmonidi di acqua dolce sono infatti comunemente soggetti a sostanziali variazioni ambientali (e.g., variazioni nella portata dei corsi d'acqua) dovuti ad eventi più o meno estremi (e.g., alluvioni, periodi di siccità etc.) (Grossman et al. 1998; Lake 2000). Roghair et al. (2002) sostengono che in corsi d'acqua caratterizzati da elevata pendenza le popolazioni di pesci siano influenzate significativamente da eventi di piena estremi. Gli effetti diretti e a breve termine delle piene sono il risultato delle elevate velocità raggiunte dall'acqua e dal movimento di sedimento responsabili della morte e/o dell'allontanamento degli individui. L'impatto delle piene sulla sopravvivenza degli individui varia notevolmente da sito a sito a seguito della complessità dei diversi habitat (Lobon-Cervia 1996), della severità e del periodo stagionale dell'evento di piena, della relativa suscettibilità degli individui nei diversi stadi di sviluppo (Hansen et al. 1989) e delle specie coinvolte (Harrell 1978). A meno che l'evento non crei inospitale degradazione eccessiva dell'habitat, salmonidi di acqua dolce mostrano un'elevata resilienza ad eventi estremi di piena con le popolazioni "disturbate" in grado di ricostituire livelli di densità precedenti l'evento nel giro di tre anni (Swanson 1998). Jenkins et al. (1999) hanno mostrato che alti tassi di crescita corporea a basse densità possono aiutare le popolazioni a riprendersi rapidamente dopo eventi catastrofici, quali piene primaverili causate dallo scioglimento delle nevi. Come suggerito e sostenuto da Roghair et al. (2002), un aumento nei tassi di accrescimento degli individui più giovani, simile a quello osservato immediatamente dopo un evento di piena responsabile di una drastica riduzione della densità, può diminuire l'età di maturazione e/o aumentare la fecondità. Meccanismi di questo tipo potrebbero essersi sviluppati in modo da permettere alle popolazioni di aumentare rapidamente le loro dimensioni se decimate da eventi improvvisi.

La trota marmorata *Salmo marmoratus* sarà il nostro modello di studio (Fig. 1).



Fig. 1. Trota marmorata censita in Zakojska (Slovenia) nel 2005.

La trota marmorata è una specie a rischio d'estinzione (Crivelli et al. 2000) con un limitato areale di distribuzione comprendente il bacino del fiume Po nel Nord Italia (Forneris et al. 1990), ed i bacini adriatici di Slovenia e Albania (Schoffmann 1994). Studi molecolari hanno mostrato che all'interno del bacino del Po, tutte le popolazioni di marmorata costituiscono una distinta linea evolutiva rispetto alla trota fario Salmo trutta (Fumagalli et al. 2002). Attualmente rimangono solo sette popolazioni pure di marmorata (i.e. non ibridizzate, Berrebi et al. 2000; Fumagalli et al. 2002) nel bacino adriatico della Slovenia. Le sette popolazioni sopravvivono in corpi idrici isolati da barriere naturali (i.e. cascate) che impediscono spostamenti di individui verso monte (Fig. 2).



Fig. 2. Tipico corso d'acqua nel quale vivono popolazioni di trota marmorata.

L'isolamento delle popolazioni non permette quindi la possibilità di colonizzazione naturale di nuovi habitat o la ricolonizzazione a seguito di estinzioni locali. Il caso di studio della trota marmorata ha notevoli implicazioni di carattere conservazionistico e socio-economico dal momento che gran parte dell'economia locale è basata sul turismo legato alla pesca sportiva di questa specie.

Inglese

Important life-history traits such as body size, growth rate, fecundity or age at maturity determine how well a species is able to withstand the threats to which it is exposed (Cardillo et al. 2004). Ecologically important traits are likely to be shaped by natural selection, which means that analyzing patterns of molecular evolution in non-neutral (selected) genetic markers can provide a way of screening for signatures of adaptive evolution. Selection and adaptation are dynamic processes occurring on spatial and temporal scales that cause genetic change. Adaptive genetic divergence occurs rapidly, over small geographical scales despite gene flow, and it codes for phenotypic traits that directly influence the viability of populations. Rapid evolution in response to environmental change is well-documented in a variety of species and traits, suggesting that rapid evolution is the norm rather than the exception (Stockwell et al. 2003). Moreover, adaptive evolution occurring on contemporary time scales (years to decades) is of particular relevance to conservation (Stockwell et al. 2003). It is interesting to investigate how life-history traits will change and affect population viability. Theoretical and laboratory research suggest that phenotypic plasticity can also evolve under selection (Pigliucci 2001). Phenotypic plasticity—defined as the ability of a single genotype to alter its phenotype in response to environmental conditions—is an important mechanism by which populations can respond rapidly to changes in ecological conditions (Pigliucci 2002). Rapid evolution is commonly associated with extraordinary disturbance events (Stockwell et al. 2003), where a disturbance is defined as “any relatively discreet event in time that disrupts ecosystem, community, or population structure and changes in resource pools, substrate availability, or physical environment” (White et al. 1985). Variation in disturbance timing, predictability, frequency, and severity can make it difficult to predict the sign and strength of selection. Several studies (Harper 1977; Turner et al. 1998) suggested that the frequency and intensity of disturbances relative to an organism's life span may be evolutionarily important. In some cases, disturbance events may be so swift or severe that there is little possibility for adaptive response, with extinction being the result. On the other hand, if some individuals persist they can take advantage of an unexpected decline in competition for resources. More in general, many populations are likely experiencing selection in new directions and at new intensities, and the degree to which populations respond adaptively may have an important influence on their capacity to survive over the coming decades and millennia (Carroll 2008). Two main forms of genetic variation are frequently detected in evolutionary studies, (i) neutral variation when markers do not code for phenotypic expression and are unlikely to affect fitness; (ii) variation in genes that determine phenotypic trait differences among individuals and therefore influence fitness, leading to adaptive

divergence. The proportion of quantitative trait variation at the among-population level has repeatedly been shown to be much higher than for neutral markers. The lack of neutral genetic substructuring might lead to underestimating adaptive differentiation, between populations, which is rarely detectable with neutral markers (Conover et al 2006). The simultaneous study of numerous loci or genome regions can lead to a better understanding of the roles of evolutionary processes such as natural selection occurring across populations. Geneticists have long realized that analyzing only a few loci can provide an incomplete view of the genome and of population history. To correct for the bias caused by a limited number of markers, in recent times genetic variation is often screened using a large number (20-25) of microsatellite loci developed from Expressed Sequence Tags (ESTs), which are single-read sequences produced by partial sequencing of a mRNA pool (Bouck et al. 2007). EST-derived microsatellites have the advantage of being putative Type I markers (non-neutral or selected), as it is possible to connect the function of the transcript of the genes from an EST sequence with the presence of a microsatellite. By contrast, 'traditional' genomic microsatellites obtained from enriched libraries are generally Type II markers, which are not linked to genes of known function. Markers under selection (including EST-linked microsatellites) can detect the genetic variation underlying environmentally-dependent fitness traits. Genetic markers in functional regions can affect specific life-history traits including mortality, growth rate, body size or age at maturity, and, show the association between genetic variability, fitness and environment (Pujolar et al. 2005). In this sense, genetic diversity is of key importance to evolve in a changing environment or under strong selective pressure. Heterozygosity-fitness correlations (HFCs) (i.e. the correlations between the degree of individual genetic heterozygosity and fitness-related traits such as body growth or mortality rates) have been used as a proxy for adaptive potential in populations of many species for decades, including salmonids (reviewed in Hanson & Westerberg 2002). Significant positive correlations have been observed in organisms as diverse as plants, marine bivalves, fish or mammals (reviewed in David 1998) but the generality of HFCs is difficult to assess due to the publication bias in favour of positive correlations, making null results likely to be under-represented in literature (Hansson et al. 2002). Despite being widely accepted, HFCs are not universal and seem to be variable among taxa, among species, and also among temporal/geographic samples of the same species (David 1998). The possible mechanisms underlying HFCs include (1) a direct heterozygote advantage resulting in higher fitness than the corresponding homozygote, and (2) the genetic association between the markers studied and closely-linked fitness genes due to the effect of linkage disequilibrium (David 1998). Many studies have documented positive correlations between heterozygosity and growth rate, with HFCs predicted to decrease with age as differences in growth are maximal early in life (energy is mostly directed to growth at early but not at later stages; David 1998), and because unfit genotypes are selectively eliminated in ageing cohorts (Koehn et al. 1984). Pujolar et al (2005) reported a positive association between allozyme genetic variability and growth rate in farmed European eel, with more heterozygous individuals showing a significantly greater length and weight increase than homozygotes after 12 months. When testing the temporal stability of the HFCs found, 22-month-old individuals showed no evidence that genetic variation was correlated to growth rate (Pujolar et al 2006). Salmonids seem to produce different HFCs at different life stages, as positive correlations were observed between allozyme heterozygosity and growth up to six months in cultured rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*, while negative correlations were found with length at one year and length at maturity (Ferguson 1992). Pogson et al. (1998) examined the relationship between heterozygosity at 10 nuclear RFLP loci and size-at-age in two populations of Atlantic cod *Gadus morhua*; significant correlations were found in only one out of the two populations, supporting the hypothesis that different samples may have different genetic backgrounds and consequently different HFC outputs. Understanding the significance of genetic variability for the fitness of any organism is of vital importance in order to assess the risk inherent to genetic diversity loss following disturbances. Given the small size of many freshwater salmonids populations and the fluctuating environmental conditions in its habitat, the maintenance of a high level of genetic diversity should be crucial to safeguard its evolutionary potential.

While empirical studies have determined the importance of severe disturbance as driving force of rapid evolution, a much understudied approach remains the modelling of such processes in an evolutionary framework. Modelling and simulating evolutionary processes enables to test several scenarios to validate empirical results, mostly suffering from many potential sources of bias, such as genetic marker number, life-stage specific analysis. Although recent molecular studies provided interesting insights into the genetic structure of locally isolated populations of freshwater salmonids (Fumagalli et al., 2002), the interpretation of the results never took advantage of modelling approaches coupling genetics and demography.

Freshwater salmonids are good candidates for investigating the rapid adaptive evolution of life-history traits in response to disturbance events. Indeed, they are commonly subject to substantial environmental variability in mean stream flow at different time scales and extreme events, such as floods and droughts (Grossman et al. 1998; Lake 2000). Moreover, Roghair et al. (2002) suggested that in high-gradient streams, fish populations are to a large extent shaped by extreme flow events. The direct and short-term effects of floods are largely a result of high-water velocities and sediment movement that cause the displacement and death of fish. The impact of floods on fish survival appears to vary widely among sites and may depend on the complexity of the habitat (Lobon-Cervia 1996), severity (Seegrist et al. 1972) and timing of the flood, relative susceptibility of the different life stages (Seegrist et al. 1972) and the species involved (Harrell 1978). Unless the event created unsuitable habitat conditions, freshwater salmonids exhibit a considerable resilience to extreme flood events, with disturbed populations typically returning to pre-event densities within 3 years (Swanson 1998). Jenkins et al. (1999) pointed out that high individual growth rates at low densities may enable the populations to rebound quickly after catastrophic mortality events, such as extreme floods caused by snowmelt peaks. As pointed out by Roghair et al. (2002), an increase in juvenile growth, such as that observed immediately following a flood event that reduces population density, can decrease age-at-maturity and/or increase fecundity (Hutchings 1996). Similar mechanisms might have been developed to allow populations to quickly increase their numbers when decimated by sudden events. Marble trout *Salmo marmoratus* will be our model system (Fig. 1)



Fig. 1. Marble trout sampled in the stream Zakojska (Slovenia) in 2005.

*Marble trout is an endangered species (Crivelli et al. 2000) with a limited geographic distribution in the basin of Po river in Northern Italy (Forneris et al. 1990), in the Adriatic basin of Slovenia and in Albania (Schoffmann 1994). Molecular studies have shown that within the Po basin (Italy), all marmoratus populations form a distinct evolutionary lineage among the brown trout (*Salmo trutta*) population complex (Fumagalli et al. 2002). Presently, only seven remnant pure (i.e. non-hybrid, Berrebi et al. 2000; Fumagalli et al. 2002) marble trout populations are located in the Adriatic basin of Slovenia. The seven populations persist in isolated headwaters in Slovenia with natural barriers (i.e. waterfalls) preventing upstream movement (Fig. 2).*



Fig. 2. Typical stream reach in which marble trout populations live.

Therefore, there is no potential for spontaneous colonization of new habitats or re-colonization after local extinctions. The case study of marble trout has also strong conservation and socio-economic implications for the Slovenian region where it occurs, as most local economy is based on fly-fishing of marble trout.

References

- Berrebi et al. (2000) The genetic diversity of native, stocked and hybrid populations of Marble trout in the Soca River, Slovenia. *Heredity* 85: 277-287.
- Bouck et al. (2007) The molecular ecologist's guide to expressed sequence tags. *Mol Ecol* 16: 907-924.
- Cardillo et al. (2004) Human population density and extinction risk in the world's carnivores. *PLOS Biology* 2: e197.
- Carrroll SP (2008) Facing change: forms and foundations of contemporary adaptation to biotic invasions. *Mol Ecol* 17: 361-372.
- Conover et al. (2006) Spatial and temporal scales of adaptive divergence in marine fishes and the implications for conservation. *J Fish Biol* 69: 21-47.
- Crivelli et al. (2000) Conservation biology applied to fish: the example of a project for rehabilitating the marble trout (*Salmo marmoratus*) in Slovenia. *Cybio* 24: 211-230.
- David P (1998) Heterozygosity-fitness correlations: new perspectives on old problems. *Heredity* 80: 531-537.
- Ferguson MM (1992) Enzyme heterozygosity and growth in rainbow trout: genetic and physiological explanations. *Heredity* 68: 115-122.
- Forneris et al. (1990) Attuale distribuzione di *Salmo marmoratus* Cuvier, 1817 in Provincia di Torino. *Riv Idrobiol* 29: 213-221.
- Grossman et al. (1998) Assemblage organization in stream fishes: effects of environmental variation and interspecific interactions. *Ecol Monogr* 68: 395-420.
- Hansson et al. (2002) On the correlation between heterozygosity and fitness in natural populations. *Mol Ecol* 11: 2467-2474.
- Harper J (1977) *Population Biology of Plants*. Oxford: UK Academic Press.
- Harrell HL (1978) Response of the Devil's River fish community to flooding. *Copeia* 1978: 60-68
- Hutchings JA (1996) Adaptive phenotypic plasticity in brook trout, *Salvelinus fontinalis*, life histories. *Ecoscience* 3: 25-32.
- Jenkins et al. (1999) Effects of population density on individual growth of brown trout in streams. *Ecology* 80: 941-956.
- Koehn et al. (1984) Genetic heterozygosity and growth rate in *Mytilus edulis*. *Mar Biol* 82: 1-7.
- Lake PS (2000) Disturbance, patchiness, and diversity in streams. *J North Am Benthol Soc* 19: 573-592.
- Lobon-Cervia J (1996) Response to a stream fish assemblage to a severe spate in Northern Spain. *Trans Am Fish Soc* 125: 913-919.
- Pigliucci M (2002) Touchy and bushy: phenotypic plasticity and integration in response to wind stimulation in *Arabidopsis thaliana*. *Int J Plant Sci* 163: 299-408.
- Pogson et al. (1998) DNA heterozygosity and growth rate in the Atlantic cod, *Gadus morhua*. *Evolution* 52: 915-920.

Pujolar et al. (2006) *Environmental stress and life-stage dependence on the detection of heterozygosity-fitness correlations in the European eel, Anguilla anguilla. Genome* 49: 1428-1437.

Pujolar et al. (2005) *Growth rate correlates to individual heterozygosity in the European eel, Anguilla anguilla. Evolution* 59: 189-199.

Roghair et al. (2002) *Response of a brook trout population and instream habitat to a catastrophic flood and debris flow. Trans Am Fish Soc* 131: 718-730.

Schoffmann J (1994) *Zur gegenwärtigen Situation des marmorierten Forelle (Salmo marmoratus Cuvier, 1817) in Albanien, ihrem südlichsten Verbreitungsraum. Österreichs Fischerei* 47: 132-136.

Seegrast et al. (1972) *Effects of floods on trout in Sagehen Creek, California. Trans Am Fish Soc* 101: 478-482

Stockwell et al. (2003) *Contemporary evolution meets conservation biology. Trends Ecol Evol* 18: 94-101.

Swanson BJ (1998) *Autocorrelated rates of change in animal populations and their relationship to precipitation. Conserv Biol* 12: 801-808

Turner et al. (1988) *Factors influencing succession: lessons from large, infrequent natural disturbances. Ecosystems* 1: 511-523.

White et al. (1985) *Natural disturbance and patch dynamics: an introduction. In The Ecology of Natural Disturbance and Patch Dynamics (Pickett STA, White PS, eds). New York: Academic Press.*

13 - Descrizione della Ricerca

Italiano

OBIETTIVI GENERALI DELLA RICERCA

Il progetto di ricerca ha come obiettivo lo studio del potenziale adattativo ed evolutivo della trota marmorata (*Salmo marmoratus*) attraverso l'analisi della struttura genetica della popolazione con marcatori funzionali, esaminando cambiamenti sia a livello fenotipico che molecolare, integrando i risultati in un modello demografico e genetico di dinamica di popolazione, con lo scopo di valutare il ruolo dei meccanismi compensatori per la persistenza delle popolazioni e la loro evoluzione genetica nel tempo.

DESCRIZIONE DELLA SPECIE, DELL'AREA DI STUDIO E DELLA RACCOLTA DEI DATI

Descrizione della specie

Nell'area di studio i tassi di crescita della trota marmorata sono molto variabili. Sono stati censiti individui di peso superiore a 25 kg (Fumagalli et al., 2002), mentre nelle popolazioni monitorate il massimo peso raggiunto è 0.52 kg. Nelle popolazioni monitorate la trota marmorata vive fino ad otto anni. Si ciba generalmente di organismi bentonici e sono stati riportati anche alcuni casi di cannibalismo. La deposizione delle uova avviene in novembre e dicembre; la schiusa si ha marzo e l'emersione in aprile-maggio. Indagini preliminari hanno mostrato un comportamento iteroparo (cioè si riproduce più volte nel corso della vita). Attualmente, rimangono solo sette popolazioni pure di trota marmorata (cioè non ibride, Berrebi et al., 2000; Fumagalli et al., 2002) nel bacino adriatico della Slovenia. Le sette popolazioni sono localizzate in tratti di sorgenti e la presenza di barriere naturali (cascate) impedisce la risalita a monte degli individui.

Popolazioni create recentemente

Al fine di ridurre il rischio d'estinzione della specie in Slovenia, nel 1993 è stato avviato un importante programma di conservazione nei bacini dei fiumi Soca, Idrijca e Baca (Crivelli et al. 2000). Tre nuove popolazioni di trota marmorata sono state create in corsi d'acqua privi di pesci, nel 1996 in Zakojska e Gorska e nel 1998 in Gatsnik, introducendo in ogni corso d'acqua 500 individui di un anno d'età provenienti da allevamento (Crivelli et al. 2000). Successivamente alla creazione delle popolazioni è stato avviato un progetto di monitoraggio con lo scopo di valutarne la persistenza nel lungo periodo, i tratti del ciclo vitale, eventuali risposte compensatorie e le loro dinamiche.

Campionamento

Carlin tag sono stati utilizzati per la marcatura degli individui rilasciati, in modo da non alterare i tassi di sopravvivenza e di crescita dei pesci marcati (Kolari et al., 1998). Il campionamento è stato condotto durante il mese di giugno di ogni anno, dal 1996 a Gorska e a Zakojska e dal 1998 a Gatsnik. Il campionamento è stato effettuato lungo tutto il tratto fluviale, iniziando da monte verso valle, usando un elettroscandaglio. Ogni individuo catturato è stato anestetizzato con benzocaina e marcato con una Carlin tag, misurato in peso e lunghezza, e, qualora il pesce fosse catturato per la prima volta, la pinna adiposa è stata rimossa per le analisi genetiche. Ogni individuo è stato poi rilasciato in prossimità del luogo di cattura. Le sette popolazioni relitte sono state monitorate dal 2001, ma solo dal 2006 la marcatura individuale è stata estesa anche a queste popolazioni.

EVENTI DI DISTURBO (PIENE)

Gli eventi di piena possono avere un impatto drammatico sulle popolazioni di trota marmorata, come è risultato evidente nell'Ottobre del 2004, quando un evento di piena con tempo di ritorno tra i 50 ed i 100 anni ha colpito i fiumi Soca, Idrijca e Baca. L'evento ha causato una riduzione della dimensione delle popolazioni (compresa tra il 31% e il 78%) sia per le popolazioni relitte che per quelle traslocate. Le popolazioni hanno però un rapido recupero (Fig. 3).

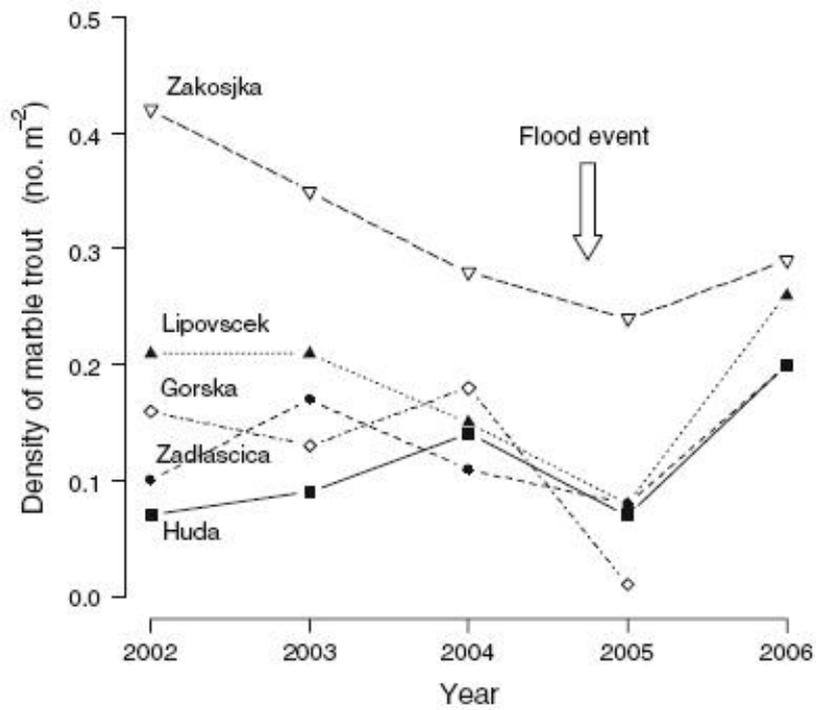


Fig. 3. Densità di individui di trota marmorata in tre popolazioni relitte (Zadlascica, Lipovscek, Huda) ed in due popolazioni create (Zakosjka and Gorska) nell'area di studio dal 2002 al 2006, prima e dopo l'evento di piena dell'ottobre del 2004.

Ciononostante, una piena detritica ha causato la scomparsa della popolazione di Gorska (Fig. 3). Un altro severo evento di piena nel 2007 ha causato altre drastiche riduzioni della dimensione di diverse popolazioni, portando a rischio di estinzione la popolazioni di Zakosjka (Fig. 4).

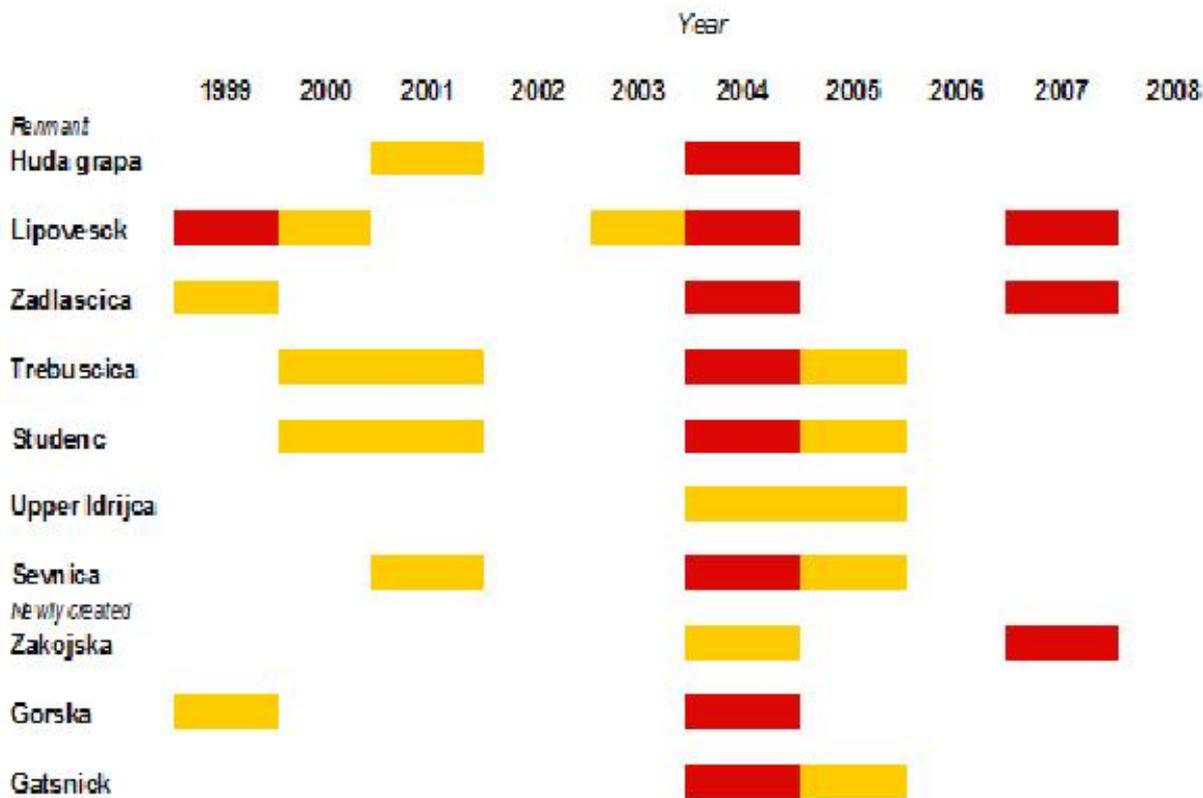


Fig. 4 Frequenza ed entità degli di eventi di piena nell'area di studio dal 1999 al 2008. Piene severe (tempo di ritorno tra i 50 ed i 100 anni) in rosso, piene moderate in giallo. Le popolazioni di Gorska e Zakojska sono state eliminate dai severi eventi di piena del 2004 e 2007 rispettivamente.

In un recente studio, Vincenzi et al. (2008b) hanno mostrato come la dipendenza da densità della crescita individuale permetta un recupero più rapido dopo eventi di disturbo, quali eventi di piena o di magra. Come suggerito da Roghair et al. (2002), un aumento nell'accrescimento dei giovani, come osservato dopo eventi di piena possono ridurre l'età di maturazione sessuale (Hutchings 1996) e suggerisce un meccanismo che si è sviluppato per aumentare rapidamente il numero di individui di una popolazione dopo eventi di piena.

MARCATORI GENETICI

Expressed Sequence Tags (ESTs) sono state generate per un'ampia varietà di organismi (Bouck and Vision, 2007). Nel nostro studio useremo microsatelliti EST-linked sviluppati recentemente per il salmone atlantico *Salmo salar* e già disponibili in GENBANK. Da un database di circa 143,000 ESTs, Siemon et al (2005) hanno descritto un totale di 61 loci microsatellitari polimorfici (2-15 alleli). Analogamente Vasemagi et al (2005) hanno descritto 75 loci microsatellitari polimorfici (2-41 alleli) in un database di circa 58,000 ESTs

L'amplificazione cross-species è stata testata in entrambi gli studi anche per altri salmonidi, inclusa la trota fario (*Salmo trutta*). I risultati sono stati positivi rispettivamente per 44 e 32 microsatelliti. Uno dei vantaggi dei microsatelliti è la loro trasferibilità inter-specifica, per cui primers sviluppati per una specie solitamente funzionano anche per specie dello stesso genere. Partendo da un test iniziale su microsatelliti trovati originalmente per il salmone atlantico, abbiamo intenzione di selezionare un insieme di un minimo di 24 loci microsatelliti EST-linked per la trota marmorata. I marcatori microsatelliti sono altamente variabili e rappresentano quindi uno strumento adeguato per la stima della diversità genetica, quantificando la strutturazione della popolazione ed inferendo la parentela tra individui.

TEMATICHE DI RICERCA E METODOLOGIA

Nel nostro progetto di ricerca, come mostrato nella Sezione 11 relativa agli obiettivi scientifici del progetto, affronteremo le seguenti tematiche.

IA - investigare l'evoluzione adattativa nello spazio (cioè in diverse popolazioni) della trota marmorata in corsi d'acqua sloveni.

L'analisi della differenziazione genetica in microsatelliti derivati da EST a scala geografica locale riguarderà l'analisi di campioni di popolazione di trota marmorata provenienti dai dieci corsi d'acqua monitorati: (i) sette popolazioni relitte (Zadlascica, Lipovscek, Huda Grapa, Sevnica, Studenc, Trebuscica and Upper Idrijca); (ii) tre popolazioni create nel 1996 (Gorska e Zakojska) e nel 1998 (Gatsnick). Questa analisi ci permetterà di determinare il livello base di differenziazione genetica e di stimare la relativa importanza di fattori storici e contemporanei nella per la diversità genetica osservata.

L'analisi della struttura genetica delle popolazioni includerà F-Statistics gerarchiche e non gerarchiche (Weir and Cockerman 1984), il calcolo di "pairwise genetic distances" e "cluster analysis" attraverso l'uso di "neighbor-joining dendrogram" e "multidimensional scaling"

IB - investigare l'adattamento evolutivo nel tempo (i.e. evoluzione rapida) nella trota marmorata, specialmente dopo eventi di piena severi.

I salmonidi sono comunemente soggetti a variazioni ambientali relative alla portata dei corsi d'acqua su diverse scale temporali ed ad eventi estremi quali piene e periodi di magra. Le dieci popolazioni studiate sono state interessate da due piene severe (nel 2004 e nel 2007) che hanno causato un crollo nella dimensione delle popolazioni, in particolare per quanto riguarda le due popolazioni create (la popolazione di Gorska è scomparsa in seguito alla piena del 2004, mentre la popolazione di Zakojska è crollata a soli 11 individui dopo la piena del 2007). Un'eventuale rapida evoluzione adattativa sarà testata monitorando cambiamenti genetici nel tempo, in particolare: (i) prima della piena del 2004, (ii) subito dopo la piena del 2004, (iii) prima della piena del 2007, e (iv) subito dopo la piena del 2007. Intendiamo analizzare campioni pre e post-piena in tutte le popolazioni interessate degli eventi di piena, utilizzando 50 individui per campione ed un totale massimo di 1500 individui.

IC - investigare la correlazione tra variabilità genetica e fitness nella trota marmorata utilizzando i tassi di crescita corporea come indicatore proxy.

Analisi di regressione, tra diversità entro campioni (stimata come eterozigosi multilocus) e di tassi di crescita saranno condotte al fine di evidenziare l'eventuale esistenza di correlazioni eterozigosi-fitness. La procedura ci permetterà di: i) stimare l'ereditarietà dei tassi di accrescimento corporeo; ii) testare l'esistenza di un vantaggio nella crescita per gli eterozigoti, un vantaggio diretto del genotipo eterozigote risultante in una maggior fitness. In popolazioni naturali, la correlazione tra variabilità genetica ed indicatori di fitness, come rispecchiato dall'eterozigosi di marcatori molecolari, solitamente spiega una piccola percentuale (1-5%) della varianza fenotipica osservata (David 1998). Valori leggermente superiori sono stati osservati nei salmonidi dove l'eterozigosi allozima ha spiegato più del 10% del totale della varianza osservata nel fattore di condizione in trota iridea (Thelen and Allendorf 2001) e tra il 6-8 % della varianza in quattro tratti vitali relativi alla fitness riproduttiva in *Oncorhynchus tshawytscha* (Heath et al 2002). Correlazioni fitness-eterozigosi con tratti quali accrescimento, sopravvivenza, fecondità o stabilità nello sviluppo sono stati usati come indicatori del potenziale adattativo di popolazioni appartenenti a diverse specie. In particolare testeremo se gli eterozigoti abbiano un vantaggio rispetto agli omozigoti relativamente a minori consumi energetici e maggior efficienza metabolica.

ID - analisi parentale utilizzando dati di genotipo multi locus

L'alta variabilità dei loci microsatellite li rende marcatori adeguati per l'analisi di parentela in popolazioni naturali. Genotipi multiloci saranno usati come strumento (i) per determinare i genitori cercando indizi di maternità, paternità o entrambi per entrambi i potenziali genitori; (ii) inferire strategie di accoppiamento che risultano essere particolarmente utili per specie iteropare; (iii) inferire la dimensione media delle famiglie; e (iv) studiare l'associazione tra tratti vitali (sopravvivenza, accrescimento) e particolari genotipi a livello di individuo e di famiglia.

2A - fornire una descrizione dettagliata della struttura della popolazione e delle dinamiche delle dieci popolazioni monitorate in fiumi sloveni, attraverso l'analisi di un esteso data set raccolto in un programma di monitoraggio attualmente ancora in atto.

Analizzeremo la struttura di taglia e di età delle popolazioni, esaminando differenze ed analogie tra popolazioni. Stimeremo tassi di mortalità, fecondità e riproduzione. Precedenti studi sulla trota marmorata, condotti sulle tre popolazioni create, non hanno evidenziato fenomeni di mortalità densità-dipendente dopo il primo anno di vita (Vincenzi et al. 2008). Nel presente studio cercheremo di capire se possa dirsi lo stesso per le altre sette popolazioni. Per la fecondità ed tassi di riproduzione, integreremo i risultati degli esperimenti condotti in allevamento (Vincenzi et al 2008). Il tagging individuale ed i campionamenti annuali permetteranno di stimare la presenza e la forza di risposte compensatorie.

2B - sviluppare un modello individual-based di dinamica di popolazione della trota marmorata, composto da un modulo demografico ed uno genetico, basato sui risultati dagli studi descritti sopra.

I risultati delle attività di ricerca 1A, 1B, 1C, 1D e 2A forniranno il materiale necessario per lo sviluppo di un modello di dinamica individual-based. La parametrizzazione del modello terrà esplicitamente conto delle differenze osservate a livello di popolazione.

Le simulazioni della dinamica di popolazione e l'analisi di sensitività dei risultati del modello saranno eseguite al fine di calcolare e/o stimare: a) indici demografici, come indicatori delle performance di una popolazione, quali dimensione media della popolazione nell'orizzonte di simulazione, numero medio di uova pro-capite prodotte da femmine sessualmente mature e lunghezza media ad età specifica per la trota marmorata; b) rischio di quasi estinzione, definito come la probabilità di scendere sotto un certo livello di dimensione di popolazione nell'orizzonte temporale di simulazione; c) i più importanti tratti vitali per la dimensione della popolazione e la probabilità di persistenza (complementare al rischio di quasi estinzione); il destino genetico di una popolazione, in particolare la perdita di eterozigosi, la fissazione di alleli deleteri e l'evoluzione temporale della struttura genetica della popolazione.

2C - valutare il contributo relativo della dipendenza da densità della crescita individuale per la persistenza di popolazioni di salmonidi d'acqua dolce.

Testeremo l'ipotesi del valore adattativo della dipendenza da densità della crescita, in altre parole del fatto che una riduzione nella densità di una popolazione a seguito di un disturbo (i.e. piene severe del 2004 e 2007) abbia un effetto sull'accrescimento individuale che possa influenzare le dimensioni della popolazione data la relazione positiva tra taglia corporea e fecondità. Un precedente lavoro teorico condotto su due delle popolazioni create (Zakorjska e Gorska) sarà notevolmente ampliato con l'analisi di eventuali fenomeni di dipendenza da densità a seguito della piena del 2007 nelle popolazioni relitte (Fig. 4).

Inglese

GENERAL RESEARCH QUESTION

Our research project aims to study the adaptive and evolutionary potential of marble trout (*Salmo marmoratus*) populations by analyzing the population genetic structure of the species at functional markers, screening for changes both at the phenotypic and molecular level, and by integrating the results in population-specific demographic and genetic model of populations dynamics, to assess the contribution of compensatory responses to the persistence of the populations and their genetic evolution in time.

SPECIES DESCRIPTION, STUDY AREA AND DATA COLLECTION

Species description and study area

Marble trout shows a high variance in growth rate in the study area, with individuals of up to 25 kg found in the lower reaches of the Soca river (Fumagalli et al. 2002) while the monitored streams the maximum weight recorded was 0.52 Kg. Maximum age recorded for marble trout was eight years. Marble trout feed generally on bottom-dwelling organisms with some evidence of cannibalism. Spawning takes place in November-December with marble trout eggs generally hatching in March and emergence occurring in April-May. Observational data show evidence of iteroparity (repeated reproduction). Presently, only seven remnant pure (i.e. non-hybrid) marble trout populations are located in the Adriatic basin of Slovenia. The seven populations persist in isolated headwaters in Slovenia with natural barriers (i.e. waterfalls) preventing upstream movement.

Newly created populations

To enhance species viability, a conservation program was started in 1993 (Crivelli et al. 2000) to increase the number of populations. Three new translocated marble trout populations were created in 1996 in previously fishless streams in the study area (Zakojska and Gorska) and in 1998 (Gatsnik) by stocking 500 individuals of marble trout aged 1 raised in the fish farm in each stream. Since the creation of the populations, an ongoing monitoring program has been carried out to assess the long-term persistence, life-history traits, compensatory responses and population dynamics of those new populations.

Sampling surveys

Each released individual in the newly created populations was marked with a Carlin tag that does not affect survival and growth of marked fish (Kolari et al. 1998). Sampling has been performed every June since 1996 in Gorska and Zakojska and since 1998 for Gatsnik on the whole length of each stream starting from downstream to the upstream extent using an electrofishing unit. All captured fish are anaesthetized with benzocaine, marked with Carlin tags, measured for length and weight and if sampled for the first time the adipose fin is removed for genetic analysis. Then marble trout are returned near the point of capture. The seven remnant populations have been monitored since 2001, but until 2006 marble trout living in the remnant populations were not individually tagged. Since 2006, the individual tagging was expanded and now comprises also the seven remnant populations.

DISTURBANCE EVENTS (FLOODS)

The dramatic impact of severe flood events on marble trout populations became evident in the study area in October 2004, when a flood event occurring in Slovenia streams with a presumable recurrence interval of 50-100 years caused a reduction in population size in all the marble trout populations (remnant and newly created) ranging from 31 to 78%, from which they quickly recovered (Fig. 3).

β

Fig. 3. Population size of marble trout in three remnant populations (Zadlascica, Lipovscek, Huda) and in two newly created populations (Zakojska and Gorska) living in the study area from 2002 to 2006, before and after the October 2004 flood.

Moreover, the heavy rainfall of October 2004 induced a debris-flow in Gorska which almost completely wiped out the marble trout population (Fig. 3). Moreover, another severe flood event impacted the study area in 2007 causing a drastic reduction in population size in several populations, with Zakojska facing the risk of extinction (Fig. 4).

α

Fig 4. Diagram showing the occurrence and impact of flood events in the study area from 1999 to 2008. Major floods (recurrence interval of 50 to 100 years) are in red, minor or medium floods are in yellow. The population of Gorska and Zakojska were wiped out by severe flood events in 2004 and 2007, respectively.

In a recent study, Vincenzi et al. (2008) found that density-dependent individual growth in marble trout populations allows a faster recovery after population collapses due to disturbance events, such as floods and droughts. As suggested by Roghair et al. (2002), an increase in juvenile growth, such as that observed immediately following a flood event that reduces population density, can decrease age-at-maturity due to faster growth rates and/or increase fecundity (Hutchings 1996) and suggests a mechanism to allow populations to quickly increase their numbers when decimated by events such as debris flows or severe floods.

GENETIC MARKERS

Expressed Sequence Tags (ESTs) are being generated for a wide variety of organisms (Bouck and Vision, 2007). The approach in our study will be to use EST-linked microsatellites recently developed in the close-related Atlantic salmon *Salmo salar* and already available in GENBANK. Out of a database of ~143,000 ESTs, Siemon et al (2005) described a total of 61 polymorphic microsatellite loci (2-15 alleles); Similarly, Vasemagi et al (2005) described 75 polymorphic microsatellite loci (2-41 alleles) in a database of ~58,000 ESTs. Cross-species amplification was tested in both studies for several salmonids including brown trout *Salmo trutta*, with a positive amplification of 44 and 32 microsatellites, respectively. One of the advantages of microsatellites is their high cross-species transferability, meaning that primers developed in a given species usually work in species of the same genus. Following an initial test of candidate microsatellites originally found in Atlantic salmon, we plan to select a panel of a minimum of 24 EST-linked microsatellite loci for marble trout. Microsatellite markers are highly variable, and therefore adequate tools in estimating genetic diversity, assessing population sub-structuring and inferring genetic relatedness (parental analysis) between individuals.

RESEARCH QUESTIONS AND METHODOLOGY

In our research project, as presented in Section 11, we will address the following research questions.

IA - Investigate adaptive evolution in space in marble trout populations living in Slovenian streams.

EST-derived microsatellite analysis of genetic differentiation at local geographic scale will include analysis of population samples of marble trout collected at 10 locations in the Adriatic basin of Slovenia: (i) a total of seven remnant pure (non-hybrid) populations (Zadlascica, Lipovsccek, Huda Grapa, Sevnica, Studenc, Trebuscica and Upper Idrija) that persist in isolated headwaters (i.e. waterfalls) preventing upstream migration; (ii) a total of three translocated populations created in 1996 (Gorska and Zakojska) and 1998 (Gatsnik). This investigation will allow us to determine the baseline level of genetic differentiation, and assess the relative importance of historical and contemporary factors in shaping genetic diversity of the species.

Established population genetic structure analysis will include non-hierarchical and hierarchical F-Statistics (Weir et al. 1984), calculation of pairwise genetic distances, and cluster analysis using neighbor-joining dendrogram and multidimensional scaling

IB - Test adaptive evolution in time (e.g., rapid evolution) in marble trout, especially after the occurrence of severe flood events.

Salmonids are commonly subject to substantial environmental variation in the form of changes in mean stream flow at different time scales and extreme events such as floods and droughts. The ten studied populations have been affected by two severe floods (in 2004 and 2007, respectively) that caused major drops in population size, especially in the newly created populations (Gorska was completely wiped out following the 2004 flood, Zakojska reduced to 11 individuals after the 2007 flood).

Rapid adaptive evolution in time will be tested by monitoring temporal genetic changes in samples collected during the study period: (i) prior to the 2004 flood, (ii) right after the 2004 flood, (iii) prior to the 2007 flood, and (iv) right after the 2007 flood. We will analyze pre- and post-flood samples in all populations impacted by flood events, using about 50 specimens per sample, and a total maximum of 1,500 individuals.

IC - Study the correlation between genetic variability and fitness in marble trout using body growth rate as a proxy.

To test for possible heterozygosity-fitness correlations, regression analysis will be performed between within sample genetic diversity assessed by multilocus heterozygosity and growth rate. The procedure will allow to: i) estimate the heritability of body growth; ii) test heterozygosity advantage at growth, a direct heterozygous genotype advantage resulting in higher fitness compared to the corresponding homozygous genotypes. The correlation between genetic variability and fitness components as reflected by molecular marker heterozygosity in natural populations usually accounts for a small percentage (1-5%) of the observed phenotypic variance (David 1998). Slightly-higher values have been observed in salmonids, as multilocus allozyme heterozygosity explained more than 10% of the total variance of the condition factor in rainbow trout (Thelen et al. 2001), and between 6-8% of the variance in four reproductive fitness-related traits in chinook salmon (Heath et al 2002). Heterozygosity-fitness correlations with traits such as growth, survival, fecundity or development stability have been used as a proxy for adaptive potential of populations of many species. We will specifically test for an heterozygote advantage as it has been proposed that heterozygotes might have an intrinsically higher fitness than homozygotes (Mitton 1993) related to a lower energy consumption and greater metabolic efficiency.

ID - Parentage analysis using molecular data.

The high variability of microsatellite loci makes them adequate markers for parentage analysis in natural populations. Multilocus genotypes will be used as a tool (i) for parentage inference by looking for maternity, paternity or simultaneously for both potential parents; (ii) to infer mating patterns, which are especially useful with species with multiple breeding (iteroparity); (iii) to infer average family sizes; and (iv) to study the association between fitness traits (survival, growth) and particular genotypes at the individual and family level.

2A - A detailed description of population structure and population dynamics of all the ten monitored marble trout populations living in Slovenian streams, through the analysis of an extensive data set gathered in an ongoing monitoring program.

We will deeply investigate the age and size distribution of the populations, looking for population-specific differences. Then, we will estimate mortality, fecundity and spawning rates. Previous studies on marble trout living in the three newly created populations did not provide evidence of density-dependent mortality after the first year of life (Vincenzi et al. 2008). We will investigate if mortality is density-independent after the first year of life also in the remaining monitored populations. As for fecundity and spawning rates, we will integrate the results from fish farm experiments (Vincenzi et al. 2008). Given the individual tagging of the individuals and yearly samplings, it will be possible to investigate the occurrence and strength of compensatory patterns in marble trout.

2B - Development of an individual based model of population dynamics of marble trout populations living in Slovenian streams, comprising of both a demographic and a genetic module.

The results of the research activities IA, IB, IC, ID and 2A will provide the necessary material for the development of an individual-based model of population dynamics. The parameterization of the model will take into account the observed population-specific differences.

Simulations of population dynamics and sensitivity analysis of model results will be performed in order to estimate: a) demographic indexes as proxy indicators of population performance, such as mean population size across the simulation time, mean per-capita number of eggs produced by sexually mature females and mean age-specific length of marble trout; b) quasi-extinction risk, defined as the probability of going below a certain threshold in population size during the years of the simulations; c) the most important life-history traits for population size and probability of persistence (complementary to the risk of quasi-extinction); d) the genetic fate of the population, in particular the loss of heterozygosity, fixation of deleterious alleles and the temporal evolution of the genetic structure of the population.

2C - Assessment of the relative contribution of density-dependent individual growth for the persistence of freshwater salmonid populations.

We will test the hypothesis of adaptive value of density-dependent body growth, namely that a reduction in population densities following a major disturbance (i.e. 2004 and 2007 severe floods in the study area) has an effect on individual growth that might influence population size given the positive relationship between body size and fecundity and possibly increase its persistence. A previous theoretical work carried out two newly created populations (Zakojska and Gorska) will be greatly expanded by estimating density-dependent pattern after the 2007 flood in the remnant populations.

REFERENCES

- Bouck et al. (2007) The molecular ecologist's guide to expressed sequence tags. *Mol Ecol* 16: 907-924.
- Crivelli et al. (2000) Conservation biology applied to fish: the example of a project for rehabilitating the marble trout (*Salmo marmoratus*) in Slovenia. *Cybiurn* 24: 211-230.
- David P (1998) Heterozygosity-fitness correlations: new perspectives on old problems. *Heredity* 80: 531-537.
- Fumagalli et al. (2002) Extreme genetic differentiation among the remnant populations of marble trout (*Salmo marmoratus*) in Slovenia. *Mol Ecol* 11: 2711-2716.
- Heath et al. (2002) Relationships between heterozygosity, allelic distance (d_2), and reproductive traits in chinook salmon, *Oncorhynchus tshawytscha*. *Can J Fish Aquat Sci* 59:77-84.
- Hutchings JA (1996) Adaptive phenotypic plasticity in brook trout, *Salvelinus fontinalis*, life histories. *Ecoscience* 3: 25-32.
- Kolari et al. (1998) A comparative analysis of two tagging methods for brown trout, *Salmo trutta m. lacustris*: results of the case study in Lake Puruvesi, Eastern Finland. In *Stocking and introduction of fish* (Cowx I, ed). London: Fishing News Books, pp. 77-87.
- Mitton JB (1993) Enzyme heterozygosity, metabolism and development stability. *Genetica* 89: 47-65.
- Roghair et al. (2002) Response of a brook trout population and instream habitat to a catastrophic flood and debris flow. *Trans Am Fish Soc* 131: 718-730.
- Siemon et al. (2005) Type I microsatellite markers from Atlantic salmon (*Salmo salar*) expressed sequence tags. *Mol Ecol Notes* 5: 762-766.
- Thelen et al. (2001) Heterozygosity-fitness correlations in rainbow trout: effects of allozyme loci or associative overdominance? *Evolution* 55:1180-1187.
- Vincenzi et al. (2008) Potential factors controlling the population viability of newly introduced endangered marble trout populations. *Biol Conserv* 141: 198-210.
- Weir et al. (1984) Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38: 1358-1370.

14 - Riassunto Spese delle Unità di Ricerca

n°	Responsabile Scientifico (codice)	Spesa A.1.1	Spesa A.1.2	Spesa A.2	Spesa B	Spesa C.1	Spesa C.2	Spesa D	Spesa E	Spesa F	Spesa G	TOTALE
1.	VINCENZI Simone	181.458	0	120.000	261.275	134.000	0	5.000	15.000	0	19.875	736.608
	TOTALE	181.458	0	120.000	261.275	134.000	0	5.000	15.000	0	19.875	736.608

15 - Informazioni generali e durata del progetto

Durata del Progetto di Ricerca	36 Mesi
Mesi uomo complessivi dedicati al Progetto di Ricerca	122
Costo totale del Progetto	736.608
Finanziamento richiesto	421.826
Numero di contratti almeno triennali per giovani ricercatori	1
Costo totale	134.000
Numero di contratti per ricercatori di chiara fama	0
Costo totale	0

16 - Costo complessivo della Progetto di Ricerca risorse disponibili

n°	Responsabile Scientifico (codice)	Risorse finanziarie richieste al MIUR	Giovani ricercatori	Ricercatori di chiara fama internazionale	Costo totale della proposta progettuale
1.	VINCENZI Simone	421.826	134.000	0	736.608
	TOTALE	421.826	134.000	0	736.608

	A carico del MIUR	A carico del Proponente	TOTALE
Costo delle attività di ricerca	421.826	180.782	602.608
Costo dei contratti almeno triennali (giovani ricercatori)	134.000		134.000
Costo dei contratti (ricercatori di chiara fama)	0		0
Costo complessivo della Progetto di Ricerca	555.826	180.782	736.608

Si ricorda che il cofinanziamento a carico del proponente deve essere pari al 30% del costo complessivo della proposta progettuale, detratti i costi dei contratti almeno triennali per giovani ricercatori e per ricercatori di chiara fama, che sono finanziati al 100%.

I dati contenuti nella domanda di finanziamento sono trattati esclusivamente per lo svolgimento delle funzioni istituzionali del MIUR. Incaricato del trattamento è il CINECA- Dipartimento Servizi per il MIUR. La consultazione è altresì riservata al MIUR - D.G. della Ricerca -- Ufficio IV, alla Commissione FIRB e ai referee scientifici. Il MIUR potrà anche procedere alla diffusione dei principali dati economici e scientifici relativi ai progetti finanziati. Responsabile del procedimento è il dirigente dell'ufficio IV della D.G. della Ricerca del MIUR.

Certifico, sotto la mia personale responsabilità, di aver ottenuto regolare autorizzazione dal rappresentante legale dell'ente di mia appartenenza, nonché degli enti di tutte le altre Unità di Ricerca.

Firma del Coordinatore

Data 27/02/2009 16:48

MINISTERO DELL'ISTRUZIONE, DELL'UNIVERSITA' E DELLA RICERCA

DIREZIONE GENERALE RICERCA

PROGETTO DI RICERCA - MODELLO B

BANDO FIRB - PROGRAMMA "FUTURO IN RICERCA"

Anno 2008 - Protocollo: RBFR08SWBL_001

Linea d'intervento 1

1 - Responsabile Scientifico dell'Unità di Ricerca

VINCENZI	Simone	VNCSMN79R01G3370
(cognome)	(nome)	(Codice Fiscale)
Dottore di ricerca		01/10/1979
(qualifica)		(data di nascita)
Università degli Studi di PARMA		
Istituzione che si impegna a garantire il contratto (art. 2 comma 5 del bando)		
3483628959		svincenz@nemo.unipr.it
(telefono)	(fax)	(e-mail)

2 - Descrizione della struttura e dei compiti dell'Unità di Ricerca

Italiano

Nella Sezione 11 del modello A abbiamo presentato le tematiche di ricerca che affronteremo nel progetto. Di seguito mostriamo come l'Unità Operativa affronterà in dettaglio le specifiche questioni. Come già ricordato nella Sezione 10, il gruppo di ricerca "Modellistica Ecologica" sarà responsabile della parte modellistica, mentre il gruppo di ricerca "Ecologia Evolutiva" sarà responsabile delle analisi genetiche.

1A) Investigare l'evoluzione adattativa nello spazio (i.e. in diverse popolazioni) della trota marmorata in corsi d'acqua sloveni.

Un algoritmo di clustering model-based sarà utilizzato per cercare il più probabile numero di gruppi nei dati investigati, come implementato nel software STRUCTURE versione 2.1 (Pritchard et al. 2000). La neutralità dei marcatori sarà testata con il software LOSITAN (Antao et al. 2008), il quale implementa un approccio di rilevamento dell'FST outlier. Questo metodo valuta la relazione tra FST ed eterozigosi attesa (H_e) in un "island model", descrivendo cioè la distribuzione attesa del coefficiente di inbreeding di Wright FST vs. H_e sotto ipotesi di un "island model" di migrazione con marcatori neutrali. Questa distribuzione è utilizzata per identificare i loci outlier che mostrano FST eccessivamente alti o bassi rispetto alle attese sotto ipotesi di neutralità. I loci outlier che vengono individuati sono quindi candidati per essere soggetti a selezione.

1B) Investigare l'adattamento evolutivo nel tempo (i.e. evoluzione rapida) nella trota marmorata, specialmente dopo severi eventi di piena.

Statistiche di diversità genetica entro-campione saranno studiate a partire dall'eterozigosi attesa ed osservata e dalla ricchezza allelica. Differenze saranno testate con ANOVA a singolo fattore. La varianza genetica sarà ripartita in una componente temporale ed una geografica utilizzando un'AMOVA gerarchica locus per locus. Mantel test parziali e totali saranno utilizzati per testare tendenze di Isolamento per Distanza (IBD) e Isolamento per Tempo (IBT). L'analisi genetica temporale permetterà di monitorare cambiamenti nella composizione e nei livelli di diversità genetica dal 1996 al 2008, con attenzione particolarmente rivolta agli effetti delle. Dato che una delle conseguenze delle piene è una riduzione della dimensione della popolazione e che la dimensione effettiva della popolazione (N_e , numero di individui che contribuiscono alla riproduzione) è generalmente più piccola del numero totale di individui della popolazione (census size), diversi metodi Bayesiani o di verosimiglianza saranno utilizzati per stimare la dimensione effettiva della popolazione e la possibile esistenza di colli di bottiglia. Le dimensioni effettive delle popolazioni saranno stimate sia a breve che a lungo termine. Stime a breve termine si baseranno sul confronto tra i dati del 1996 e del 2008, con utilizzo del metodo Bayesiano di Berthier et al. (2002) come implementato in TM3, ed il metodo di pseudo-likelihood di Wang (2002) implementato in MLNE. Una stima Bayesiana long-term di N_e , insieme a stime di tassi di crescita demografica, saranno ottenuti con MCMC coalescent genealogy sampler (LAMARC; Kuhner 2006). Infine, testeremo l'effetto di colli di bottiglia che hanno come risultato un impoverimento della diversità genetica. Primo, assumendo che dopo un collo di bottiglia il numero di alleli diminuisca più rapidamente dell'eterozigosi (BOTTLENECK; Piry et al. 1999). Secondo, assumendo che durante un collo di bottiglia il numero di alleli diminuisca più velocemente dell'intervallo nella dimensione dell'allele (M ; Garza and Williamson).

1C) Investigare la correlazione tra variabilità genetica e fitness nella trota marmorata utilizzando i tassi di crescita corporea come indicatore proxy.

La correlazione tra fitness ed eterozigosi in tratti come la crescita corporea, sopravvivenza, fecondità o stabilità nello sviluppo è stata utilizzata come proxy del potenziale adattativo delle popolazioni di numerose specie. Nel presente studio testeremo l'esistenza di un "vantaggio eterozigote". Alcuni autori sostengono infatti che gli eterozigoti abbiano una fitness intrinsecamente più alta degli omozigoti (Mitton 1993) dovuto ad un minore dispendio di energia ed una più alta efficienza metabolica. Pujolar (2005) ha mostrato effetti importanti dell'eterozigosi sulla crescita in geni coinvolti in funzioni metaboliche come il catabolismo delle proteine o la glicolisi, dove geni che non sembrano avere effetto sulla crescita codificano per diverse funzioni quali il bilancio redox o la digestione.

1D) Analisi genotipica multi-locus

Useremo il software PARENTE (Cercueil et al. 2002) per le inferenze parentali. Il legame medio di tutti gli individui da ognuno degli altri ed entro-campione sarà calcolato utilizzando ML-RELATE (Kalinowski et al. 2006) e permutazioni di alleli tra individui per calcolare la proporzione di valori di vicinanza a due a due, attribuibili ad half- o full-siblings rispetto ad una divisione random di alleli.

2A) Fornire una descrizione dettagliata della struttura della popolazione e delle dinamiche delle dieci popolazioni monitorate in fiumi sloveni

I tassi di mortalità saranno stimati utilizzando il software MARK, nel quale matrici relative alla storia di cattura sono utilizzate come file di input. Due probabilità possono essere stimate da una matrice di storia di cattura: ϕ la probabilità apparente di sopravvivenza e p , la probabilità di cattura (Lebreton et al. 1992). La sopravvivenza apparente rappresenta la probabilità che un individuo sopravviva dall'anno t all'anno $t+1$ e non lasci l'area di studio. La probabilità di cattura rappresenta la probabilità che un individuo vivo nell'anno t sia catturato nell'anno t . I dati di cattura-ricattura verranno fittati calibrando i parametri di un modello di Cormack-Jolly-Seber (CJS) in cui ϕ e p sono dipendenti dal tempo. Questo modello assume che il destino di ogni individuo sia indipendente dal destino di tutto gli altri individui e che ogni individuo abbia uguali probabilità di sopravvivenza e di cattura. Il goodness of fit (GOF) sarà stimato con il software U-CARE (Choquet et al. 2002). La procedura di selezione del modello inizierà con il modello generale in cui le probabilità di cattura e di sopravvivenza dipendono sia dall'anno che dalla classe di età. Di seguito saranno fittati modelli semplificati. La selezione del modello si baserà sull'Akaike Information Criterion (AIC). Per quanto riguarda i tassi di fecondità e di deposizione delle uova, integreremo i risultati degli esperimenti compiuti in allevamento (Vincenzi et al. 2008). Attraverso l'analisi parentale potremo valutare se: a) la prima riproduzione avvenga in tutte le popolazioni a 3 anni d'età e con lunghezza minima di 200 mm; b) le femmine depongano uova più volte durante il loro ciclo vitale. La presenza e la forza della dipendenza da densità della sopravvivenza nel primo anno di vita, della crescita corporea e del movimento saranno analizzate utilizzando diverse tecniche statistiche.

2B) sviluppare un modello individual-based di dinamica di popolazione della trota marmorata, composto da un modulo demografico ed uno genetico, basato sui risultati provenienti dagli studi descritti sopra.

I risultati degli studi ai punti 1A, 1B, 1C, 1D e 2A forniranno le necessarie informazioni per lo sviluppo di un modello di dinamica di popolazione individual-based.

La parametrizzazione del modello prenderà in considerazione le differenze specifiche osservate tra popolazioni.

Il modello individual-based permetterà di tracciare ogni individuo nella popolazione e di seguire il suo destino demografico e genetico. Il modello prenderà in considerazione la stocasticità ambientale, demografica e genetica. Il modello includerà i più importanti tratti del ciclo vitale, le risposte compensatorie come la dipendenza da densità della sopravvivenza nel primo anno di vita, della crescita corporea e del movimento degli individui.

2C) Valutare il contributo relativo della dipendenza da densità della crescita individuale per la persistenza di popolazioni di salmonidi d'acqua dolce.

La dipendenza da densità della crescita individuale sarà studiata in un contesto di Evolutionarily Stable Strategy (ESS) utilizzando un'analisi di invasione con l'utilizzo del modello di dinamica individual-based presentato al punto 2B. Infine, testeremo l'ipotesi che la dipendenza da densità della crescita è una ESS (Maynard Smith 1972).

Inglese

In Section 11 of model A we presented our research questions. Here, we explain in detail how the Research Unit will answer to them. As already reported in Section, the research group "Ecological Modelling" will be responsible of the modeling part, while the research group "Evolutionary Ecology" will be responsible of the genetic analyses.

IA- Investigate adaptive evolution in space in marble trout populations living in Slovenian streams.

A model-based clustering algorithm will be used in order to search for the most likely number of groups in the data, as implemented in the software STRUCTURE Version 2.1 (Pritchard et al. 2000). Neutrality of the markers will be tested using the software LOSITAN (Antao et al. 2008), which implements a FST outlier detection approach. This method evaluates the relationship between FST and expected heterozygosity (H_e) in an island model, describing the expected distribution of Wright's inbreeding coefficient FST vs. H_e under an island model of migration with neutral markers. This distribution is used to identify outlier loci that show excessive high or low FST compared to neutral expectations. Such outlier loci are candidates for being subject to selection.

IB- Test adaptive evolution in time (e.g., rapid evolution) in marble trout, especially after the occurrence of severe flood events.

Within-sample genetic diversity statistics will be assessed by observed and expected heterozygosities and allelic richness, which will be compared by one-way ANOVA. Genetic variance will be partitioned into a temporal and geographic component using the hierarchical locus by locus AMOVA. Partial and total Mantel tests will be performed to test for Isolation-by-Distance (IBD) and Isolation-by-Time (IBT) patterns. Temporal genetic analysis will allow to monitor changes in genetic composition and levels of genetic diversity in the 1996-2008 period, focusing on the effect of floods and taking into account both occurrence and intensity. Since one of the consequences of floods is a reduction in population size, and since effective population size (N_e , number of individuals contributing to reproduction) is generally smaller than census size, several likelihood and Bayesian methods will be used in order to estimate effective population size and the possible existence of bottleneck/population declines. Effective population sizes will be estimated using short- and long-term estimates of N_e . Short-term N_e estimates will be based on comparisons of 1996 vs. 2008 data using the Bayesian method of Berthier et al (2002) as implemented in TM3, and, the pseudo-likelihood method of Wang (2001) implemented in MLNE. A Bayesian long-term estimate of N_e , together with estimates of demographic growth rate, will be obtained using a MCMC coalescent genealogy sampler (LAMARC; Kuhner 2006). Finally, we will test the effect of a population bottleneck resulting in an impoverishment of genetic diversity. First, assuming that after a bottleneck the allele number decreases faster than heterozygosity (BOTTLENECK; Piry et al 1999). Second, assuming that during a bottleneck the allele number decreases faster than the range in allele size (M ; Garza and Williamson 2001).

IC- Study the correlation between genetic variability and fitness in marble trout using body growth rate as a proxy indicator.

Heterozygosity-fitness correlations with traits such as growth, survival, fecundity or developmental stability have been used as a proxy for adaptive potential of populations of many species. We will specifically test for an heterozygote advantage as it has been proposed that heterozygotes might have an intrinsically higher fitness than homozygotes (Mittton 1993) related to a lower energy consumption and greater metabolic efficiency. Pujolar et al (2005) reported significant effects of heterozygosity on growth at genes involved in metabolic functions such as protein catabolism or glycolysis, whereas genes without an apparent effect on growth code for miscellaneous functions such as redox balance or digestion.

ID - Multilocus genotyping.

We will use the software PARENTE (Cercueil et al 2002) for parentage inference. Average relatedness of all individuals to each other (r) within samples will be calculated using ML-RELATE (Kalinowski et al 2006) using permutations of alleles among individuals to calculate the proportion of pairwise relatedness values attributable to significant half- or full-siblings compared to random sharing of alleles.

2A - A detailed description of population structure and population dynamics of all the ten monitored marble trout populations living in Slovenian streams, through the analysis of an extensive data set gathered in an ongoing monitoring program.

Mortality rates will be estimated by using the software MARK, for which capture history matrices are used as input files. Two probabilities can be estimated from a capture history matrix: \hat{p} the apparent survival probability, and p , the capture probability (Lebreton et al., 1992). Apparent survival represents the probability that an individual survives from year t to year $t+1$ and does not leave the study area. Capture probability represents the probability that an individual alive in the area at year t is captured at year t . We will fit capture-recapture data with the Cormack-Jolly-Seber (CJS) model in which \hat{p} and p are time-dependent. This model assumes that the fate of each individual is independent of the fates of all others and that all individuals have equal survival and capture probabilities. The goodness of fit (GOF) will be assessed using U-Care software (Choquet et al. 2002). Model selection procedure will start with the general model in which survival and capture probabilities depend on year and age class. Then, simplified models will be fitted. Model selection will be based on the Akaike Information Criterion (AIC). As for fecundity and spawning rates, we will integrate the results from fish farm experiments (Vincenzi et al.). Through parentage analysis we will be able to assess if: a) first spawning is consistently across populations at 3 years old with a minimum length of 200 mm; b) females produce eggs many times during their life cycles. The occurrence and strength of density-dependent first-year survival, body growth and migration will be investigated by using various statistical techniques.

2B - the development of an individual based model of population dynamics of marble trout populations living in Slovenian streams, comprising of both a demographic and a genetic module, based on the results obtained at point IA, IB IC and ID, to track the genetic composition of the populations.

The results of the research activities IA, IB, IC, ID and 2A will provide the necessary information to develop an individual-based model of population dynamics. The parameterization of the model will take into account the observed population-specific differences.

The individual-based model will allow us to track each individual in the population and to follow its demographic and genetic fate. The model will include environmental, demographic and genetic stochasticity. The model will include the most important life-history traits and compensatory responses, such as density-dependent first year-survival, body growth and movement of individual.

2C- to assess the relative contribution of density-dependent individual growth for the persistence of freshwater salmonid populations.

Density-dependent individual growth will be studied in the context of Evolutionarily Stable Strategy (ESS) by means of an invasion analysis through the use of the individual-based model of population dynamics developed at point 2B. Finally, we will test the hypothesis that density-dependent individual growth is an evolutionarily stable strategy (sensu Maynard-Smith).

References

- Antao et al. (2008) LOSITAN- A workbench to detect molecular adaptation based on a FST-outlier method. *BMC Informatics* 9: 323.
- Berthier et al. (2002) Likelihood-based estimation of the effective population size using temporal changes in allele frequencies: a genealogical approach. *Genetics* 160: 741-751.
- Cercueil et al. (2002) PARENTE: computer program for parentage analysis. *J Heredity* 93: 458-459.
- Garza et al. (2001) Detection of reduction in population size using data from microsatellite loci. *Mol Ecol* 10: 305-318.
- Kalinowski et al. (2006). ML-Relate: a computer program for maximum estimation of relatedness and relationship. *Mol Ecol Notes* 6: 576-579.
- Kuhner MK (2006) LAMARC 2.0: maximum likelihood and Bayesian estimation of population parameters. *Bioinformatics* 22: 768-770.
- Lebreton et al. (1992) Modeling survival and testing biological hypotheses using marked animals: a unified approach with case studies. *Ecol Monogr* 62: 67-118.
- Mittton JB (1993) Enzyme heterozygosity, metabolism and development stability. *Genetica* 89: 47-65.
- Piry et al. (1999) BOTTLENECK: a computer program for detecting recent reductions in effective population size using allele frequency data. *J Heredity* 90: 502-503.
- Pritchard et al. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959.
- Pujolar et al. (2005) Growth rate correlates to individual heterozygosity in the European eel, *Anguilla anguilla*. *Evolution* 59: 189-199.
- Vincenzi et al. (2008) Total population density during the first year of life as a major determinant of lifetime body-length trajectory in marble trout. *Ecol Freshw Fish* 17: 515-519.
- Wang J (2001) A pseudo-likelihood method for estimating effective population size from temporal spaced samples. *Genet Res* 78: 243-257

3 - Settori di ricerca ERC (European Research Council) interessati dal Progetto di Ricerca

LS Life Sciences

LS5 Evolutionary, population and environmental biology: evolution, ecology, animal behaviour, population biology, biodiversity, biogeography, marine biology, ecotoxicology

LS5_1 Evolutionary biology, biological adaptation

LS5_2 Molecular evolution

LS5_4 Population biology, population dynamics, population genetics

4 - Curriculum scientifico del Responsabile Scientifico dell'Unità di Ricerca

Italiano

POSIZIONE ATTUALE

Ricercatore Post-doc, Dipartimento di Scienze Ambientali, Università di Parma, sulla dinamica e conservazione di risorse rinnovabili in ambiente acquatico.

INTERESSI DI RICERCA

Sono un ecologo quantitativo nell'area di dinamica di popolazione, gestione bioeconomica delle risorse rinnovabili e modellistica matematica e statistica in ambito ecologico. Utilizzo avanzate tecniche matematiche e di calcolo per identificare principi di base in ecologia e per analizzare la dinamica di popolazione ed il rischio d'estinzione di popolazioni minacciate.

La mia ricerca è per lo più collaborativa e spazia attraverso discipline e taxa. La mia formazione quantitativa mi permette di condurre ricerche su questioni fondamentali di ecologia quantitativa (in particolare quelle legate alla dinamica di popolazioni) ed anche su problemi più applicativi su conservazione di specie minacciate e gestione di marinerie.

In particolare, ho lavorato sulla demografia, conservazione e gestione della trota marmorata (*S. marmoratus*) in fiumi sloveni, sullo sviluppo di modelli di vocazionalità in contesto GIS per *Tapes philippinarum* nella Sacca di Goro, laguna di Venezia e di Caleri (Italia), sulla distribuzione spaziale del camoscio (*Rupicapra rupicapra*) nel Parco Nazionale del Gran Sasso.

Dal 2009 la mia attività di ricerca si è anche concentrata sull'analisi della relazione tra caratteristiche dell'habitat e la composizione delle comunità delle comunità di uccelli in due ZPS del Lazio (Italia), utilizzando tecniche di statistica multivariata (PERMANOVA).

Conduco la mia attività di ricerca al Dipartimento di Scienze Ambientali dell'Università di Parma.

Ho numerose collaborazioni con Istituzioni statunitensi ed europee, incluse la University of California Santa Cruz (Marc Mangel), Stanford University (Fiorenza Micheli), la Stazione Biologica della Tour du Valat in Francia (Alain Crivelli) ed, in Italia, con l'Università di Venezia (Patrizia Torricelli e Piero Franzoi) e l'Università di Ferrara (Remigio Rossi e Michele Mistri).

Ho pubblicato 8 articoli a primo nome su riviste ISI ed altre 3 sono state sottomesse ed attualmente sottoposte a peer-review.

FORMAZIONE

2003 - Laurea in Scienze Ambientali, Università di Parma (Relatore: Prof. Corrado Rizzoli). Tesi su un modello di simulazione per stimare l'emissione di inquinanti da traffico stradale. Lode e menzione speciale.

2007 - Dottorato in Ecologia, Università di Parma (Relatore: Prof. Giulio A. De Leo). "Compensatory responses and population viability analysis of translocated marble trout (*Salmo marmoratus*) populations living in Slovenian streams".

COLLABORAZIONI INTERNAZIONALI

2006-2009: Collaborazione con la Hopkins Marine Station of Stanford University (F. Micheli), all'interno di un programma finanziato dal Ministero dell'Istruzione, dell'Università e della Ricerca per promuovere reti di ricerca internazionali.

2008-2009: Con l'University of California Santa Cruz (M. Mangel) sulla dinamica di salmonidi

2005: Con l'University of Queensland (H. Possingham and H. McCallum) su metodi per la stima del rischio d'estinzione 2004-oggi: Collaborazione con la Stazione Biologica della Tour du Valat (A. Crivelli) sulla demografia e rischio d'estinzione della trota marmorata.

PREMI E RICONOSCIMENTI

"Premio Marchetti" per la migliore presentazione al XIII° Convegno della Società Italiana di Ecologia (S.It.E).

SERVIZI

Reviewer per *Aquaculture*, *Ecology of Freshwater Fish*, *Conservation Biology*, *Journal of Environmental Management*, *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, *Journal of Fish Biology*.

DIDATTICA

2006-2007: Ecologia di popolazioni e gestione di risorse rinnovabili (8 crediti - 70 ore, Università di Parma, lauree specialistiche di Biologia e Scienze Ambientali).

2008-oggi: Modellistica Ambientale (4 crediti - 30 ore, Università di Parma, master lauree specialistiche di Biologia e Scienze Ambientali).

Inglese

PRESENT POSITION

Post-doc researcher, Department of Environmental Sciences, University of Parma (Italy), on the dynamics and conservation of renewable resources in aquatic systems.

RESEARCH INTERESTS

I am a quantitative ecologist particularly active in the area of population dynamics, bioeconomic management of renewable resources, and mathematical and statistical modeling in ecology. I use advanced mathematical and computational techniques to identify basic first principles in ecology and to analyse population dynamics and extinction risk of endangered populations.

My research is mainly collaborative and ranges across taxa and disciplines. My quantitative training allows me to do research on fundamental questions in quantitative ecology (specifically those related to scaling and population dynamics) as well as more applied questions about conservation of endangered species and fishery management

Specifically, I worked extensively on the demography, conservation and management of marble trout (*S. marmoratus*) in Slovenian streams, on the development of GIS-based Habitat Suitability models for *T. philippinarum* in the Sacca di Goro, Venice lagoon and Caleri (Italy), on the spatial distribution of the Chamois (*Rupicapra rupicapra*) in the National Park of Gran Sasso.

Starting from 2009, my work also focuses on the analysis of the relationship between habitat features and the composition of avian communities in two Special Protected Areas in Lazio (Italy) by using multivariate statistical techniques (PERMANOVA)

I conduct my research activity in the Department of Environmental Science at the University of Parma, Italy.

I carry out extensive collaborative research with a suite of European and US Institutions, including University of California Santa Cruz (Marc Mangel), Stanford University (Fiorenza Micheli), the Biological Station of Tour du Valat in France (Alain Crivelli), and, in Italy, University of Venice (Patrizia Torricelli and Piero Franzoi) and University of Ferrara (Remigio Rossi and Michele Mistri)

I published 8 works on ISI journals as first-author and 3 more are submitted

EDUCATION

2003 - Master Degree in Environmental Sciences, University of Parma, Italy (Advisor: Prof. Corrado Rizzoli). Thesis on a simulation model to estimate the emissions of pollutants from road traffic. Magna cum laude honorary mention.

2007 - PhD in Ecology, University of Parma, Italy (Advisor: Prof. Giulio A. De Leo). "Compensatory responses and population viability analysis of translocated marble trout (*Salmo marmoratus*) populations living in Slovenian streams".

INTERNATIONAL COLLABORATIONS

2006-2009: Collaboration with the Hopkins Marine Station of Stanford University (F. Micheli), under a program financed by the Italian Ministry of Research to promote capacity building and international research networks.

2008-2009: With the University of California Santa Cruz (M. Mangel) on the dynamics of salmonid populations.

2005: With the University of Queensland (H. Possingham and H. McCallum) on methods to assess risk of extinction.

2004-ongoing: With the Biological Station of Tour du Valat (A. Crivelli) on the demography and extinction risk of marble trout in Slovenia.

HONORS AND AWARDS

- "Premio Marchetti" for best presentation at the XIII Meeting of the Italian Society of Ecology (S.It.E)

SERVICES

- Reviewer for Aquaculture, Ecology of Freshwater Fish, Conservation Biology, Journal of Environmental Management, Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, Journal of Fish Biology.

TEACHING

2006-2007: Population ecology and renewable resource management (8 credits - 70 hours, University of Parma, master degrees in Biology and in Environmental Sciences).

2008-ongoing: Environmental modeling (4 credits - 30 hours, University of Parma, master degrees in Biology and Environmental Sciences).

5 - Pubblicazioni scientifiche più significative del Responsabile Scientifico dell'Unità di Ricerca

n°	Pubblicazione
1.	VINCENZI S., CARAMORI G, ROSSI R, DE LEO G. A (2006). A GIS-based habitat suitability model for commercial yield estimation of <i>Tapes philippinarum</i> in a Mediterranean coastal lagoon (Sacca di Goro, Italy). <i>ECOLOGICAL MODELLING</i> , vol. 193; p. 90-104, ISSN: 0304-3800
2.	VINCENZI S., CRIVELLI A. J, JESENSEK D, DE LEO G. A (2008). Total population density during the first year of life as a major determinant of lifetime body-length trajectory in marble trout. <i>ECOLOGY OF FRESHWATER FISH</i> , vol. 17; p. 115-119, ISSN: 0906-6691
3.	VINCENZI S., CRIVELLI A. J, JESENSEK D, DE LEO G. A (2008). The role of density-dependent individual growth in the persistence of freshwater salmonid populations. <i>OECOLOGIA</i> , vol. 156; p. 123-134, ISSN: 0029-8549
4.	VINCENZI S., CARAMORI G, ROSSI R, DE LEO G.A (2006). Estimating clam yield potential in the Sacca di Goro lagoon (Italy) by using a two-part conditional model. <i>AQUACULTURE</i> , vol. 261; p. 1281-1291, ISSN: 0044-8486
5.	VINCENZI S., CRIVELLI A.J, JESENSEK D, RUBIN J-F, POIZAT G, DE LEO G. A (2008). Potential factors controlling the population viability of newly introduced endangered marble trout populations. <i>BIOLOGICAL CONSERVATION</i> , vol. 141; p. 198-210, ISSN: 0006-3207
6.	VINCENZI S., CRIVELLI A. J, JESENSEK D, RUBIN J.-F, DE LEO G. A (2007). Early survival of marble trout <i>Salmo marmoratus</i> : evidence for density dependence?. <i>ECOLOGY OF FRESHWATER FISH</i> , vol. 16; p. 116-123, ISSN: 0906-6691
7.	VINCENZI S., CARAMORI G, ROSSI R, DE LEO G.A (2007). A comparative analysis of three habitat suitability models for commercial yield estimation of <i>Tapes philippinarum</i> in a North Adriatic coastal lagoon (Sacca di Goro, Italy). <i>MARINE POLLUTION BULLETIN</i> , vol. 55; p. 579-590, ISSN: 0025-326X
8.	VINCENZI S., CRIVELLI A.J, JESENSEK D, RUBIN J-F, DE LEO G.A (2007). Density-dependent individual growth of marble trout (<i>Salmo marmoratus</i>) in the Soca and Idrija river basins, Slovenia. <i>HYDROBIOLOGIA</i> , ISSN: 0018-8158

6 - Risorse umane da impegnare nelle attività dell'Unità di Ricerca

6.1 - Personale a tempo indeterminato (A.1.1) e/o determinato (A.1.2)

Personale dipendente dell'Istituzione, sede dell'Unità di ricerca

n°	Cognome	Nome	Dipartimento/Istituto/ Divisione/Settore	Qualifica	Tipologia	Mesi/ uomo	Costo
1.	ROSSI	Valeria	SCIENZE AMBIENTALI	Professore Associato confermato	Tempo Indeterminato	13	86.901
2.	SOLIANI	Lamberto	SCIENZE AMBIENTALI	Professore Ordinario	Tempo Indeterminato	10	94.557
	TOTALE					23	181.458

Personale docente esterno alla sede dell'Unità di ricerca

n°	Cognome	Nome	Ente / Istituzione / Impresa	Dipartimento/Istituto/ Divisione/Settore	Qualifica	Tipologia	Mesi/ uomo	Costo
	TOTALE						0	0

Personale di Enti/Istituzioni/Imprese esterno alla sede dell'Unità di ricerca

n°	Cognome	Nome	Ente / Istituzione / Impresa	Dipartimento/Istituto/ Divisione/Settore	Qualifica	Tipologia	Mesi/ uomo	Costo
	TOTALE						0	0

6.2 -Assegnisti, dottorandi, post-doc e borsisti (A.2) - Già acquisiti con altri fondi e saltuariamente impiegato nel Progetto di Ricerca

n°	Cognome	Nome	Università	Dipartimento/Istituto	Qualifica	Mesi/ uomo
TOTALE						0

6.3 - Personale a contratto, assegnisti, borsisti, dottorandi, da destinare a questo specifico Progetto di Ricerca (A.2)

n°	Qualifica	Tipologia	Mesi/ uomo	Costo
1.	<i>Dottore di ricerca</i>	<i>assegno di ricerca</i>	33	56.718
2.	<i>Dottore di ricerca</i>	<i>borsa di studio</i>	33	63.282
TOTALE			66	120.000

6.4 - Contratti con giovani ricercatori (C.1) e/o ricercatori di chiara fama internazionale (C.2) da destinare a questo specifico Progetto di Ricerca

n°	Cognome	Nome	Qualifica	Tipologia	Mesi/ uomo	Costo
1.	VINCENZI	Simone	Dottore di ricerca	Contratto almeno triennale per giovane ricercatore	33	134.000
TOTALE					33	134.000

7 - Mesi uomo complessivi dedicati alle attività proposte

	Numero	Mesi/ uomo	Costo
Personale a tempo indeterminato (A.1.1)	2	23	181.458
Personale a tempo determinato (A.1.2)	0	0	0
Personale non dipendente (A.2)	2	66	120.000
Contratti con Giovani ricercatori (C.1)	1	33	134.000
Contratti con Ricercatori di chiara fama internazionale (C.2)	0	0	0

8 - Descrizione delle attrezzature da acquistare per il Progetto di Ricerca

n°	Anno di acquisizione	Descrizione (italiano)	Descrizione (inglese)	Valore presunto	Percentuale di utilizzo per le attività proposte
----	----------------------	------------------------	-----------------------	-----------------	---

9 - Spese complessive dell'Unità di Ricerca

Voce di spesa (DM. 199 Ric. del 08/03/01; art.6, c.6)	Spesa	Descrizione (italiano)	Descrizione (inglese)
Spesa A.1.1 (*)	181.458	Spese per impiego di un Professore Associato ed un Professore Ordinario	Costs for one Associate Professor and one Full Professor
Spesa A.1.2 (*)	0		
Spesa A.2 (*)	120.000	Assegno di ricerca per memebro de gruppo di ricerca "Modellistica Ecologica" ed una borsa di studio per membro del gruppo di ricerca "Ecologia Evolutiva"	Assegno di ricerca for member of the research group "Ecological Modelling" and scholarship for member of the research group "Evolutionary Ecology"
Spesa B	261.275	Spese generali direttamente imputabili all'attività di ricerca (obbligatoriamente)	Spese generali direttamente imputabili all'attività di ricerca (obbligatoriamente)

Spese generali direttamente imputabili all'attività di ricerca (obbligatoriamente nella misura forfettizzata del 60% del costo del personale di cui alle voci A e C)		<i>nella misura forfettizzata del 60% del costo del personale di cui alle voci A e C)</i>	<i>nella misura forfettizzata del 60% del costo del personale di cui alle voci A e C)</i>
Spesa C.1	134.000	<i>Contratto per giovane ricercatore leader del progetto</i>	<i>Contract for young researcher leader of the project</i>
Spese per giovani ricercatori			
Spesa C.2	0		
Spese per ricercatori di chiara fama internazionale			
Spesa D	5.000	<i>Software necessario per le analisi</i>	<i>Necessary software for analysis</i>
Spesa E	15.000	<i>Missioni in Italia ed all'estero per convegni ed incontri</i>	<i>Travel cost for Italy and abroad for meetings</i>
Spesa F	0		
Spesa G	19.875	<i>Costi comprensivi di IVA calcolati per acquisto di reagenti (costi fissi di primer, reagenti per estrazione DNA, agarosio, plastiche varie) e materiale vario di laboratorio</i>	<i>Costs including VAT for basic molecular reagents (primers, DNA extraction reagents, agarose, plasticware) and various lab material</i>
TOTALE	736.608		

10 - Incidenza sul costo totale del Progetto di Ricerca

Indicare la percentuale 100%

11 - Costo complessivo dell'Unità di Ricerca

	A carico del MIUR	A carico del Proponente	TOTALE
Costo delle attività di ricerca	421.826	180.782	602.608
Costo dei contratti almeno triennali (giovani ricercatori)	134.000		134.000
Costo dei contratti (ricercatori di chiara fama)	0		0
Costo complessivo della Progetto di Ricerca	555.826	180.782	736.608

12 - Conoscenza lingua inglese

Attesto di avere una ottima conoscenza della lingue inglese: *SI*

13 - Certificazione disponibilità al cofinanziamento previsto

Certifico la dichiarata disponibilità al cofinanziamento previsto: *SI*

14 - Dichiarazione di conseguimento del titolo di dottore di ricerca

Dottore di ricerca in *Ecologia*

Conseguito presso *Università degli Studi di PARMA*

In data *02/03/2007*

15 - Certificazione contratto almeno triennale da parte dell'ente

Istituzione

Università degli Studi di PARMA

Si attesta di avere acquisito apposito impegno dell'ente a stipulare con il sottoscritto apposito contratto di durata almeno triennale, secondo la normativa vigente:

SI

16 - Svolgimento attività di progetto

Mi impegno a completare le attività di progetto presso l'istituzione indicata nel punto 15: SI

Si ricorda che il cofinanziamento a carico del proponente deve essere pari al 30% del costo complessivo della proposta progettuale, detratti i costi dei contratti triennali per giovani ricercatori e per ricercatori di chiara fama, che sono finanziati al 100%.

I dati contenuti nella domanda di finanziamento sono trattati esclusivamente per lo svolgimento delle funzioni istituzionali del MIUR. Incaricato del trattamento è il CINECA- Dipartimento Servizi per il MIUR. La consultazione è altresì riservata al MIUR - D.G. della Ricerca -- Ufficio IV, alla Commissione FIRB e ai referee scientifici. Il MIUR potrà anche procedere alla diffusione dei principali dati economici e scientifici relativi ai progetti finanziati. Responsabile del procedimento è il dirigente dell'ufficio IV della D.G. della Ricerca del MIUR.

Firma

Data 27/02/2009 16:05