

LES POBLACIONS DE TRUITA COMUNA (*SALMO TRUTTA*) DE LES PLANES DE SON

FREDERIC CASALS MARTÍ,* NOELIA JIMÉNEZ
CARRASCO,* NÚRIA SANZ BALL-LLOSERÀ,**
RAQUEL FERNÁNDEZ CEBRIÁN**
I JOSÉ LUIS GARCÍA MARÍN**

* Secció de Fauna Silvestre. Departament de Producció Animal. ETSEA. Universitat de Lleida. Avinguda de Rovira Roure, 191, E-25198 Lleida. fcasals@prodan.udl.cat.

** Laboratori d'Ictiologia Genètica. Facultat de Ciències. Universitat de Girona. Campus de Montilivi s/n, E-17071 Girona. nuria.sanz@udg.edu.

CASALS MARTÍ, F.; JIMÉNEZ CARRASCO, N.; SANZ BALL-LLOSERÀ, N.; FERNÁNDEZ CEBRIÁN, R.; GARCÍA MARÍN, J. L. (2010). «Les poblacions de truita comuna (*Salmo trutta*) de les Planes de Son». A: GERMAIN, J. [cur.]. *Els sistemes naturals de les Planes de Son i la mata de València*. Barcelona: Institució Catalana d'Història Natural. (Treballs de la Institució Catalana d'Història Natural; 16), p. 655-683. ISBN: 978-84-9965-008-1.

Resum

L'estudi de les poblacions de truita comuna (*Salmo trutta*) de l'entorn de les Planes de Son ens ha permès conèixer-ne l'estructura poblacional i determinar-ne les característiques genètiques. Les poblacions amb major densitat es troben al riu de les Cabanyeres i les de menor densitat a la riera del Tinter. Les truites pertanyen majoritàriament a les classes 1+ i 2+, encara que hi trobem alguns exemplars de classe 6+, amb una longitud forcal d'uns 250 mm. Les anàlisis genètiques ens indiquen l'existència de repoblacions fins a temps recents amb una grandària efectiva de les poblacions molt petita. S'han detectat unitats poblacionals en cadascun dels rius analitzats, formades per famílies de pocs individus amb una mobilitat reduïda. Com a resultat d'aquest conjunt de característiques aquestes poblacions haurien de ser considerades com a molt vulnerables a les repoblacions o a qualsevol altre impacte potencial.

PARAULES CLAU: truita comuna, rius de muntanya, estructura de poblacions, variabilitat genètica, estructura familiar, repoblació.

Resumen

A partir del estudio de las poblaciones de trucha común (*Salmo trutta*) del área de Les Planes de Son, se ha determinado su estructura poblacional y sus características genéticas. Las poblaciones de mayor densidad se encuentran en el río de las Cabanyeres y las de menor densidad en la riera del Tinter. Las clases de edad más representadas corresponden a la 1+ y la 2+, aunque se han capturado truchas de hasta 250 mm, de la clase de edad 6+. Los análisis genéticos nos indican la existencia de repoblaciones hasta la actualidad con un tamaño efectivo de las poblaciones muy pequeño. Se han detectado unidades poblacionales en cada uno de los ríos estudiados, formadas por familias de pocos individuos y con movilidad reducida. Como consecuencia del conjunto de estas características, estas poblaciones deberían ser consideradas como muy vulnerables a las repoblaciones y a cualquier otro impacto potencial.

PALABRAS CLAVE: trucha común, ríos de montaña, estructura de poblaciones, variabilidad genética, estructura familiar, repoblación.

Abstract

Brown trout (*Salmo trutta*) populations from Les Planes de Son area have been studied in order to be genetically characterized and to elucidate their population structure. Populations with higher densities of individuals are located in the Cabanyeres River, whereas the population with the lowest density was found in the Tinter River. Most abundant age class was from 1+ and 2+ though some exemplars up to 250 mm, from age class 6+, were also captured. Genetic analysis indicated the existence of recent stocking with very low effective population

sizes. A single population unit was detected in each studied river, which comprised families of few individuals with reduced mobility. As a consequence, such populations should be considered as very vulnerable to stocking as well as to any other potential impact.

KEYWORDS: brown trout, freshwater streams, population structure, genetic variability, family structure, stocking.

1. INTRODUCCIÓ

La truita comuna (*Salmo trutta*) és l'única espècie de peix de distribució natural en rius i rierols d'alta muntanya dels Pirineus per sobre dels 1.000 m d'altitud (Casals, 2006) i és l'única espècie present a les Planes de Son. És per això que en aquest estudi ens centrarem en una component de diversitat intraespècífica, la diversitat genètica. El manteniment de la diversitat genètica que conté una espècie en les seves poblacions és bàsic per a la conservació de l'espècie i la supervivència a llarg termini ja que garanteix l'adaptació de les poblacions als possibles canvis ambientals i és també la base per a la seva evolució (Frankham *et al.*, 2002). Estudis previs sobre la diversitat genètica de la truita comuna mostren clarament que les poblacions de truita comuna del Mediterrani pertanyen a un grup evolutiu clarament diferenciat dels llinatges que es distribueixen al nord d'Europa i als rius atlàntics de la península Ibèrica. Aquest grup mediterrani està representat per llinatges molt antics, que han existit a la península Ibèrica, com a mínim, durant els darrers 100.000 anys. Els estudis genètics realitzats basats en diferents tècniques moleculars indiquen una important diferenciació genètica entre les poblacions de truita mediterrànies, fins i tot entre poblacions geogràficament properes (García-Marín & Pla, 1996; Apostolidis *et al.*, 1997; Sanz *et al.*, 2002; Cortey *et al.*, 2004). A la península Ibèrica tant els estudis fets amb marcadors enzimàtics (Sanz *et al.*, 2002) com els realitzats mitjançant seqüenciació del DNA mitocondrial (Cortey *et al.*, 2004) suggereixen que la diversitat genètica observada és fruit dels processos evolutius basats en les interaccions entre dos llinatges (ME i AD, segons la terminologia aplicada als haplotips del DNA mitocondrial) i els efectes de les repoblacions en temps recents. Des de principis de segle XX fins fa poc, la principal mesura de gestió aplicada a les poblacions de truita comuna ha estat la repoblació amb exemplars criats en centres piscícoles, amb l'objectiu de pal·liar suposades disminucions de la grandària de les poblacions com a conseqüència de la pesca i altres usos dels rius. A banda dels riscos associats a qualsevol repoblació tant per a la integritat de la població gestionada com per a l'ecosistema (Leary *et al.*, 1995; Laikre, 1999), el principal problema de les repoblacions de truita efectuades a Catalunya ha estat l'origen dels exemplars utilitzats. La majoria d'aquests exemplars provenen d'ous i alevins importats fa anys del nord i el centre d'Europa i pertanyen, per tant, a un llinatge evolutiu completament diferent del que es distribueix de manera natural als rius mediterranis. En conseqüència, els exemplars de repoblació que s'aboquen als rius mediterranis, i que es demostra que poden encreuar-se i hibridar-se amb els exemplars nadius (García-Marín *et al.*, 1998; Araguas *et al.*, 2004), produeixen processos de contaminació genètica o introgressió de gens exògens. A més, la introgressió dels mateixos gens exògens en totes les poblacions destrueix els patrons d'estructuració nativa i homogeneïtza les poblacions, i pot acabar fent desaparèixer els patrimonis genètics nadius característics de les poblacions mediterrànies (García-Marín *et al.*, 1998; Machordom *et al.*, 1999; Araguas *et al.*, 2004). Només els darrers anys, els organismes encarregats de la gestió d'aquesta espècie han començat a prendre consciència de la importància de la conservació de les poblacions natives i s'han començat a prendre mesures més sostenibles, destinades a limitar la pesca i a reduir les repoblacions. Si bé aquestes mesures són molt benvingudes des del punt de vista de la conservació, cal lamentar també que arriben tard, ja que la situació de moltes poblacions que presenten un alt grau d'hibridació de genoma exogen podria ser ja irreversible. La identificació de poblacions natives de truita comuna que encara es mantenen als nostres rius té doncs un especial interès per a la conservació d'aquesta espècie.

En aquest treball es pretén descriure quina és la situació de truita comuna dins l'entorn natural del Centre de Natura i Desenvolupament Sostenible dels Pirineus de la Fundació Territori i Paisatge de les Planes de Son:

- en relació amb l'estructura de les poblacions de truita comuna dels rius de l'àmbit d'estudi
- partint dels diferents marcadors genètics (DNA mitocondrial, marcadors nuclears)

2. MATERIALS I MÈTODES

2.1. LOCALITZACIÓ, CAPTURA I ESTUDI POBLACIONAL

El treball de camp es va realitzar durant el mes de juny de 2007, en què es va portar a terme l'avaluació de les poblacions de truita en sis trams de la zona d'estudi. El mètode de captura va ser la pesca elèctrica utilitzant un equip portàtil del model Martín Pescador (ACUITEC). Cinc d'aquests trams es localitzen a l'entorn de les Planes de Son al riu de les Cabanyeres (CA-1 i CA-2) i a la riera del Tinter (TI-1, TI-2 i TI-3), mentre que el sisè es troba al riu de Son, aigües amunt del poble de Son (SO) (figura 1). Els trams, d'uns 50 m

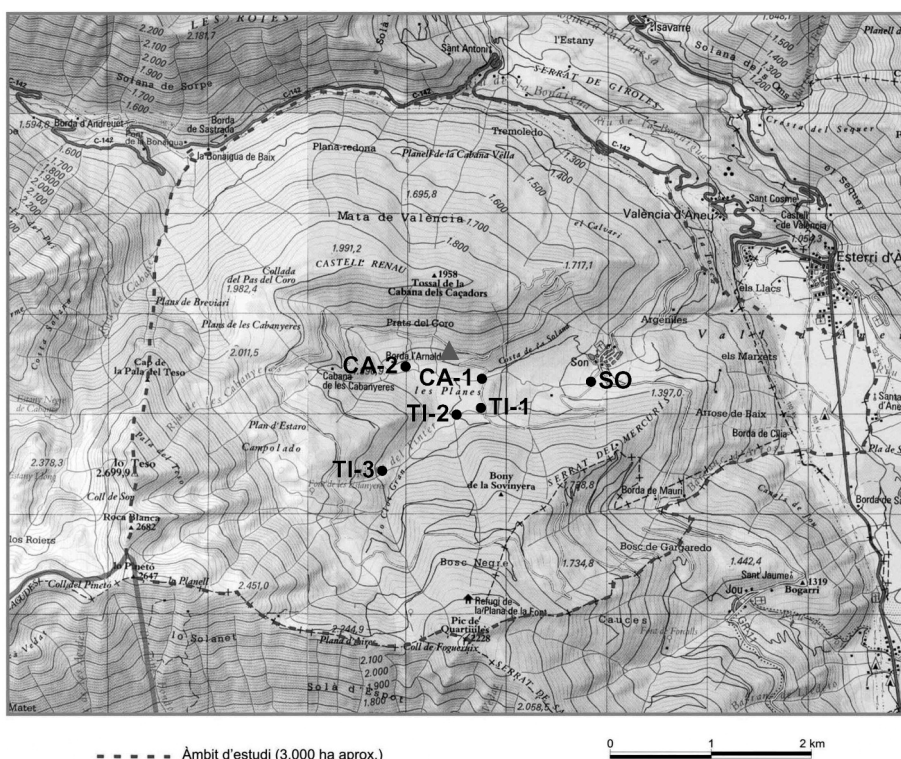


FIGURA 1. Mapa de l'àrea d'estudi. Els codis de les localitats es corresponen amb els de la taula 1. ▲ Centre de Natura i Desenvolupament Sostenible dels Pirineus de la Fundació Territori i Paisatge.

de longitud, comprenen tots els mesohàbitats existents (pous, taules, ràpids). Tots els rius mostrejats són de dimensions reduïdes, amb un màxim de 4 m d'amplada mitjana i una fondària mitjana inferior als 20 cm, com correspon a les capçaleres, tot i que podem distingir dos grups entre les estacions de mostreig (taula 1):

- un primer grup on predominen els ràpids i el substrat de pedres o graves (riera del Tinter i riu de Son).
- un segon grup on predominen les taules i la sorra (riu de les Cabanyeres).

TAULA 1. Dades ambientals de les estacions de mostreig. UTM X, UTM Y: coordenades UTM. Alt.: altitud (m). L: longitud de l'estació de mostreig. Àrea: àrea de l'estació de mostreig. Amp.: amplada mitjana de l'estació de mostreig. Fond.: fondària mitjana de l'estació de mostreig. Hab.: mesohàbitat dominant (pous, taules o ràpids). Subs.: substrat dominant (roca, pedres, graves, sorra o llim).

	<i>UTM X</i>	<i>UTM Y</i>	<i>Alt.</i>	<i>L</i>	<i>Àrea</i>	<i>Amp.</i>	<i>Fond.</i>	<i>Hab.</i>	<i>Subs.</i>
Riu de les Cabanyeres									
CA-1	342801	4720306	1.520	40	91,20	2,28	0,17	Taules	Sorra
CA-2	342547	4720141	1.580	50	45,00	0,90	0,11	Taules	Sorra
Riera del Tinter									
TI-1	342786	4719966	1.520	50	166,87	3,34	0,12	Ràpids	Pedres
TI-2	342573	4719945	1.540	50	168,75	3,38	0,11	Ràpids	Pedres
TI-3	342054	4719578	1.680	50	111,14	2,22	0,13	Ràpids	Graves
Riu de Son									
SO	343824	4720359	1.380	50	211,87	4,23	0,18	Ràpids	Pedres

Les característiques fisicoquímiques de l'aigua són molt similars a totes les estacions de mostreig, amb temperatures baixes, conductivitat molt reduïda i contingut d'oxigen elevat (taula 2).

TAULA 2. Dades fisicoquímiques de les estacions de mostreig. Temp.: temperatura (°C). Cond.: conductivitat (µS/cm). O₂: concentració d'oxigen dissolt (mg/l). % O₂: percentatge de saturació d'oxigen dissolt. pH: mesura del pH.

	<i>Temp.</i>	<i>Cond.</i>	<i>O₂</i>	<i>% O₂</i>	<i>pH</i>
Riu de les Cabanyeres					
CA-1	12,87	201	9,58	90,60	7,18
CA-2	11,20	179	9,66	88,20	7,31
Riera del Tinter					
TI-1	8,96	192	11,34	97,80	7,83
TI-2	8,64	143	11,54	99,10	7,62
TI-3	8,56	198	11,80	100,70	7,75
Riu de Son					
SO	9,69	187	11,15	98,00	7,20

De cadascun dels exemplars capturats es va procedir *in situ* a la presa de mesures (longitud, amb precisió de mm i pes, amb precisió de 0,1 g) i a l'obtenció d'un fragment d'aleta adiposa. Per això, els peixos van ser prèviament anestesiats amb metanosulfonat de tricaina (MS-222). Després de tallar el fragment d'aleta adiposa i un cop comprovat que l'individu s'havia recuperat de l'anestèsic, tots els exemplars van ser retornats al riu.

Per a l'estimació de la població de truites el mètode aplicat és el d'una sola captura corregida segons la capturabilitat de la truita comuna. Com a valor de capturabilitat s'ha fet servir el considerat al *Protocol d'avaluació de la qualitat biològica dels rius: Peixos* (Sostoa *et al.*, 2006), que és de 0,54. A partir d'aquesta estimació s'han calculat els valors de biomassa i densitat per als diferents trams.

La determinació de l'edat de les truites s'ha realitzat mitjançant el mètode basat en la freqüència de longituds disponible en el programa FISAT II (Gayanilo *et al.*, 2005). En primer lloc, els grups de les classes d'edat s'han identificat amb el mètode de Bhattacharya (1967). A continuació s'ha aplicat el mètode de l'anàlisi de progressió de la classe modal, calculant un índex de separació entre les classes d'edat que ha de ser superior a 2 perquè siguin significativament diferents (Gayanilo *et al.*, 2005). A causa del reduït nombre de captures, aquesta metodologia s'ha aplicat al conjunt dels peixos capturats sense diferenciar entre els diferents trams d'estudi.

2.2. METODOLOGIA PER A LA CARACTERITZACIÓ GENÈTICA

Per al processament de les dades, a més de la informació obtinguda de les mostres naturals, s'han utilitzat també les dades d'una mostra de l'any 2003 de 99 individus del Centre Piscícola de Bagà, analitzada prèviament al Laboratori d'Ictiologia Genètica de la Universitat de Girona. El Centre Piscícola de Bagà és la principal font d'exemplars per a la majoria de repoblacions amb truita comuna que s'han realitzat i que es realitzen als rius catalans. La inclusió d'aquestes dades permetrà comparar la composició genètica de les mostres naturals amb la del Centre Piscícola i avaluar els possibles efectes de les repoblacions en les poblacions de truita als rius estudiats.

L'extracció del DNA de cada individu s'ha realitzat a partir d'un fragment d'aleta adiposa mitjançant el protocol de Chelex-proteinasa *K* (Estoup *et al.*, 1996). A partir d'aquesta extracció, s'ha procedit a l'amplificació de 300 parells de bases del fragment terminal 3 de la regió de control del DNA mitocondrial a través de la reacció en cadena de la polimerasa (PCR) seguint el protocol descrit a Cortey & García-Marín (2002). Els productes de la seqüenciació s'han llegit mitjançant electroforesi capil·lar en un Analitzador Genètic 3130 (Applied Biosystems). Les seqüències obtingudes han estat alineades amb el programa SeqScape (versió 2.5, Applied Biosystems) i utilitzant com a referència l'haplotip d'origen mediterrani MEcs1 (Genebank ref. AY836350) descrit per Cortey *et al.* (2004). D'aquesta manera ha estat possible identificar els principals grups nadius de truita comuna i diferenciar-los dels exemplars de repoblació.

A partir de la mateixa extracció de DNA s'ha procedit també a l'amplificació i genotipatge del locus *LDH-C*, seguint el protocol de RFLP descrit per McMeel *et al.* (2001). L'al·lel *LDH-C*90* està fixat en els estocs de Centre Piscícola que s'utilitzen per repoblar els rius de Catalunya, mentre que les poblacions natives de tota la península Ibèrica estan fixades per l'al·lel *LDH-C*100* (García-Marín *et al.*, 1991 i 1999; Martínez *et al.*, 1993). Per a l'amplificació d'un fragment de 440 parells de bases d'aquest gen nuclear s'ha uti-

litzat el primer LDH2F marcat amb fluorescència FAM. D'aquesta manera, un cop feta la digestió amb l'enzim de restricció BseLI, els productes de digestió han estat llegits utilitzant l'Analitzador Genètic 3130.

Per acabar, a partir de l'extracció de DNA, s'han obtingut els genotips per a 9 loci microsatèl·lit. Els microsatèl·lits són marcadors nuclears que consisteixen en un fragment de DNA amb un número determinat de repeticions de seqüències senzilles (2-4 parells de bases) i que presenten un elevat grau de polimorfisme, característica que els fa molt adequats per estudiar estructures poblacionals a escala microgeogràfica i fins i tot familiars. En aquest treball s'han utilitzat els loci: *Str15*, *Str73* (Estoup *et al.*, 1993), *Str591INRA* (Presa & Guyomard, 1996), *Ssa85* (O'Reilly *et al.*, 1996), *Ssa408* (Cairney *et al.*, 2000), *SsHaeIII14.20* (Goodier, Genbank ref. U10050), *SsoSL417* (Slettan *et al.*, 1995), *SsoSL438* (Slettan *et al.*, 1996), *SSsp2213* (Paterson *et al.*, 2004), segons el protocol descrit a Sanz *et al.* (2009).

Per a l'estudi de variabilitat dins de les mostres i l'efecte de les repoblacions, partint de l'haplotip observat en cadascun dels individus per al DNA mitocondrial s'ha calculat la freqüència dels diferents haplotips trobats en cada mostra. A partir del genotipatge dels nou loci microsatèl·lit i un cop calculades les freqüències dels al·lels per a cada locus i mostra, s'ha estimat la diversitat genètica existent en cada localitat a través del nombre d'al·lels per locus (A), riquesa al·lèlica (RA) i heterozigositat esperada en situació d'equilibri de Hardy-Weinberg (H_s). Tots aquests paràmetres han estat calculats amb el programa Pop100gene (www.montpellier.inra.fr/URLB/pop100gene/pop100gene.html) i Fstat (Goudet, 1995). Per a aquests nou loci s'ha comprovat l'ajustament de les proporcions genotípiques observades a les esperades segons l'equilibri de Hardy-Weinberg amb el programa Genepop. Amb aquest mateix programa s'ha estimat el desequilibri gamètic entre tots els parells de loci possibles i per a cada mostra. La desviació de les proporcions genotípiques respecte a les esperades en situació d'equilibri de Hardy-Weinberg permetrà identificar l'existència de perturbacions recents, bàsicament aparellament no aleatori probablement causat per repoblacions recents. L'existència de desequilibris gamètics en les poblacions permetrà descobrir l'existència de perturbacions passades que han alterat l'estabilitat de la població en algun moment al llarg de les generacions anteriors.

Un cop genotipat cada individu pel locus de la *LDH-C* s'ha calculat la freqüència dels dos al·lels descrits per a aquest locus ($*90$ i $*100$) en cada localitat. La freqüència de l'al·lel *LDH-C*90* permetrà obtenir una estimació de l'impacte genètic de les repoblacions en cadascuna de les mostres estudiades. Per a aquest locus també s'ha comprovat l'ajustament de les proporcions genotípiques observades en cada localitat amb les esperades segons l'equilibri de Hardy-Weinberg, i s'ha utilitzat el test de probabilitats exactes incorporat al programa Genepop (Raymond & Rousset, 1995). Per acabar, el test de contingència d'aquest mateix programa s'ha utilitzat per provar l'existència de diferències significatives en l'efecte de les repoblacions entre les mostres analitzades.

A partir dels genotips dels loci microsatèl·lit, el mètode bayesià implementat en el programa Structure (Pritchard *et al.*, 2000) ha estat utilitzat per estimar la proporció de genoma exogen, procedent de les repoblacions amb exemplars del nord i el centre d'Europa, en les poblacions natives. Per a cada localitat per separat, s'ha comprovat primer si cada mostra representava una única unitat panmíctica. Seguidament, cada mostra s'ha analitzat juntament amb la mostra del Centre Piscícola de Bagà, utilitzant $K = 2$ com a número de poblacions i fixant els individus de Bagà com a exemplars que pertanyen a un únic grup. D'aquesta manera, la proporció de genoma exogen (q) s'ha pogut estimar a través de la proporció de cada individu que pertany al grup predefinit que inclou la mostra de Bagà.

La relació entre les mostres naturals i l'estoc del Centre Piscícola de Bagà ha estat finalment analitzada a partir de la distància de Rousset calculada entre els individus de cada mostra i els del Centre Piscícola amb el programa SPAGeDi (Hardy & Vekemans, 2002). Aquests índexs de distància s'han utilitzat per realitzar unes anàlisis de proximitats (MDS) que han permès projectar tots els individus en un espai de dues dimensions.

Per a l'estudi de la diferenciació interpoblacional, a partir dels genotips dels loci microsatèl·lit s'ha avaluat la diferenciació genètica entre les mostres, a través del test de contingència del programa Genepop, tant de manera general com comparant les localitats dos a dos. La contribució de cada locus a la diferenciació poblacional s'ha estudiat amb unes anàlisis de diversitat genètica, on la diversitat genètica total (H_T) s'ha distribuït entre la diversitat genètica dins de localitats (H_S) i la diferenciació genètica entre localitats (F_{ST}) mitjançant el programa Fstat. Els coeficients F_{ST} s'han utilitzat també per conèixer la diferenciació entre cada parell de mostres. Tanmateix, la divergència entre cada parell de mostres s'ha resumit amb la distància D_a de Nei (Nei *et al.*, 1983). A partir d'aquestes distàncies de Nei s'ha realitzat un arbre amb l'algorisme Neighbor-Joining per resumir les relacions de semblança entre les poblacions de truita del barranc del Tinter. La confiança de les associacions obtingudes a l'arbre s'ha estimat amb 1.000 rèpliques de *bootstrap*. Adicionalment, i a partir de la mateixa matriu de distàncies de Nei, s'han realitzat unes anàlisis de proximitats que han permès projectar les mostres en un espai de tres dimensions. Tots aquests càlculs han estat realitzats amb els programes MSA (Dieringer & Schlötterer, 2003), Phylip (Felsenstein, 1993), NTSYS (Rohlf, 1993). Les anàlisis de la variància molecular (AMOVA, Excoffier *et al.*, 1992) han permès desglossar la diferenciació entre mostres en les seves components dins de grups i entre grups segons diferents models jeràrquics.

Els genotips dels loci microsatèl·lit han estat també analitzats a través del mètode d'inferència bayesiana incorporat al programa Structure, que permet descobrir si un grup de mostres està estructurat en diverses poblacions. Aquest procediment permet obtenir el nombre més probable de poblacions que existeix en un conjunt de mostres (K) i, un cop definit aquest paràmetre, permet estimar quina proporció de genoma de cada individu pertany a un grup definit o un altre. El nombre més probable de poblacions representat per totes les mostres s'ha estimat seguint el mètode d'Evanno *et al.* (2005).

En relació amb els aspectes de demografia genètica, les dades genotípiques dels microsatèl·lits s'han utilitzat per estudiar la grandària efectiva de les poblacions de truita a la riera del Tinter i les relacions familiars entre els individus. La grandària efectiva (N_e) d'una població és un paràmetre estretament relacionat amb la variabilitat genètica que manté una població i adquireix un valor màxim quan tots els individus estan igualment adaptats i contribueixen igual a la generació següent. En condicions naturals, aquest paràmetre està generalment per sota del cens real d'individus. L'estimació de la grandària efectiva depèn de tota una sèrie de factors demogràfics, la informació dels quals no sempre està disponible. Per això, existeixen altres mètodes indirectes que permeten estimar la grandària efectiva d'una població a partir de la constitució genètica. En les nostres poblacions, la grandària efectiva ha estat estimada segons el mètode de Bartley *et al.* (1992), que calcula aquests paràmetres a través del desequilibri gamètic existent entre els loci d'una mostra.

El coneixement de l'estructura familiar permet entendre les dinàmiques que determinen l'estructura poblacional i és també important en el context de la biologia de la conservació. Per a les anàlisis de l'estructura familiar, els individus s'han agrupat prèviament en dues categories, juvenils (longitud < 17 cm) i adults (longitud \geq 17cm), segons la probabi-

litat que es reproduïssin en la darrera temporada de posta. El coeficient de parentiu i el de fraternitat de Lynch & Ritland (1999) calculats amb el programa SPAGeDi s'han utilitzat per estimar la relació familiar entre cada parell d'individus, dins de cada riu i entre els parells d'individus de rius diferents. En aquestes anàlisis els exemplars han estat classificats segons el riu de procedència (Cabanyeres, Tinter i Son). Dins de cada riu, la significació dels valors calculats amb aquest programa s'ha estimat comparant els resultats obtinguts amb les dades reals amb els obtinguts amb les dades d'una mostra simulada de 100 individus no emparentats. Aquestes simulacions han estat realitzades amb el programa Hybridlab (Nielsen *et al.*, 2006). A més, l'existència de famílies de germans complets (de pare i mare) i/o de mig germans (només d'un progenitor) ha estat avaluada mitjançant el programa Colony 1.2 (Wang, 2004).

3. RESULTATS I DISCUSSIÓ

3.1. ESTRUCTURA DE LES POBLACIONS DE TRUITA COMUNA A LES PLANES DE SON

Del total de peixos capturats (126 exemplars), 50 van ser capturats al riu de les Cabanyeres (CA-1 i CA-2), 39 a la riera del Tinter (TI-1, TI-2, TI-3) i els 37 restants al riu de Son (SO) (taula 3). Si prenem com a referència els intervals considerats en altres treballs (Nadal *et al.*, 1995; Álvarez & Leunda, 2008), les densitats presents es poden considerar com a baixes a la riera del Tinter (fins a 2.000 peixos per hectàrea); com a mitjanes al riu de Son (entre 2.000 i 4.000); i com a elevades al riu de les Cabanyeres (per sobre de 4.000). Quan analitzem els valors de biomassa per hectàrea trobem una certa correlació amb les densitats. Els valors més elevats corresponen al riu de les Cabanyeres, encara que l'elevat nombre de juvenils d'una longitud d'entre 75 i 125 mm fa que s'acostin als valors existents a la resta de rius. Les truites de menor dimensió van ser capturades en aquest riu (CA-2). En el cas contrari, trobem el tram TI-3, de la riera del Tinter, amb la menor densitat però

TAULA 3. Dades de la població de truita (*Salmo trutta*) a les estacions de mostreig. Capt.: nombre de truites capturades. Dens.: densitat de truites per hectàrea (ind./ha). Biom.: biomassa de truites per hectàrea (kg/ha). Lf màx.: major longitud forcal mesurada (mm).

	Capt.	Dens.	Biom.	Lf màx.
Riu de les Cabanyeres				
CA-1	39	7.919,10	148,84	254
CA-2	11	4.526,75	77,71	158
Riera del Tinter				
TI-1	19	2.108,48	66,58	211
TI-2	13	1.426,61	70,56	249
TI-3	7	1.166,33	109,30	246
Riu de Son				
SO	37	3.233,91	75,69	234

amb una elevada biomassa per hectàrea. A causa de la longitud mitjana més elevada en aquesta riera (figura 2), els valors de biomassa es troben en el mateix interval que a la resta de trams. En relació amb la longitud màxima de les truites capturades, aquest paràmetre és molt similar als diferents rius amb l' excepció del tram CA-2 ja comentat (taula 3 i figura 2). La manca d'hàbitats adequats n'és el principal motiu, ja que en aquest tram l'amplada mit-

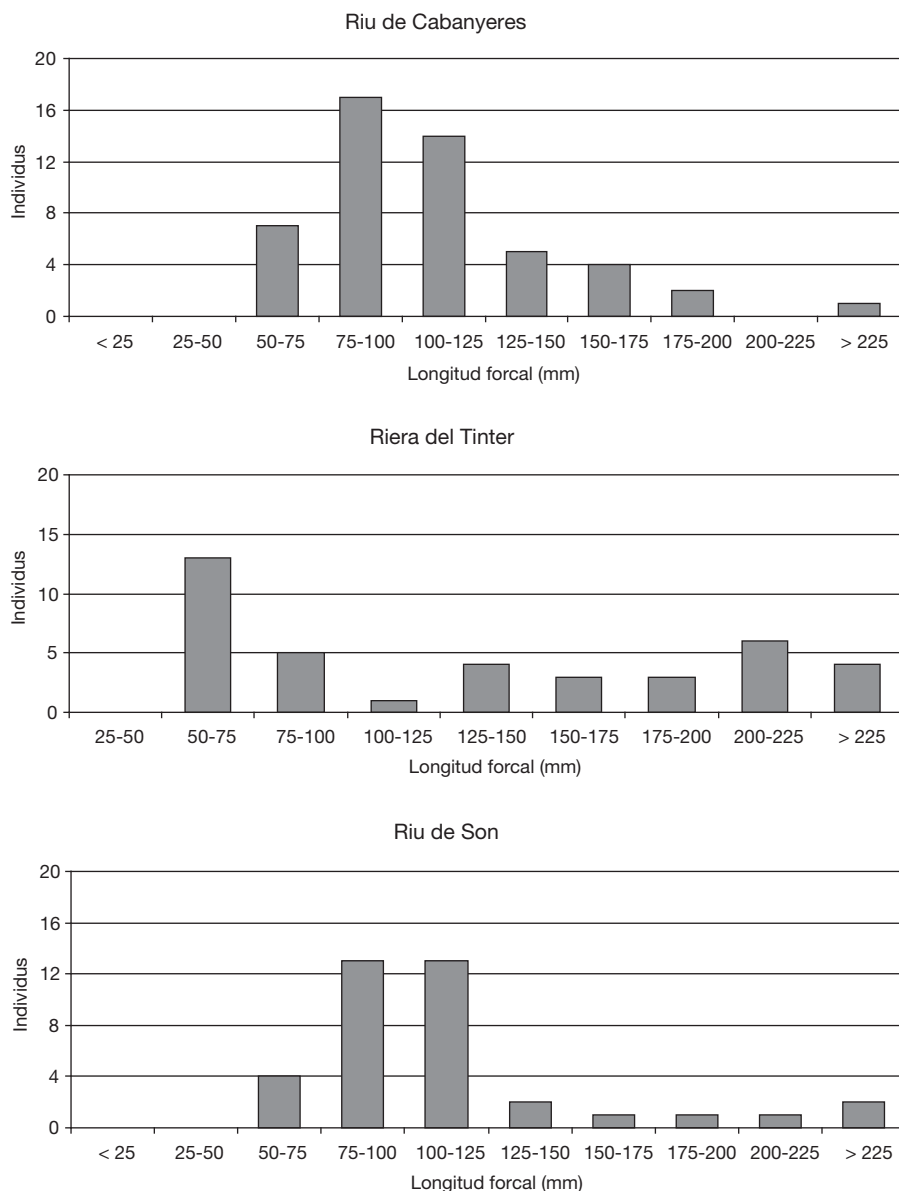


FIGURA 2. Estructura de dimensions de les poblacions de truites dels rius mostrejats.

jana és de menys d'un metre, i la fondària mitjana, de només 11 cm (taula 1). Cal comentar que a causa del baix nombre de truites capturades, les distribucions de dimensions de la figura 2 s'han agrupat per rius.

En relació amb la determinació de l'edat, s'han identificat truites fins a la classe 6+, d'una longitud mitjana de 237,01 mm (taula 4). Les diferents classes d'edat se separen significativament fins a la classe 5+ i tan sols la classe 6+ no és robusta. El reduït nombre d'individus de més de 200 mm dificulta la precisió de les longituds associades a partir de la classe 4+ (figura 3). La variació d'altitud entre el tram del riu de Son (1.380 m) i el tram TI-3 de la riera del Tinter (1.680 m) comporta una variabilitat en el creixement de les truites, que es troba correlacionat negativament amb el gradient tèrmic associat a l'altitud (Lagarrigue *et al.*, 2001). L'agrupació de les dades de totes les truites capturades encara dificulta més la precisió en la determinació de l'edat sense la lectura directa de les escates. Aquesta escassa precisió és la causa de l'estimació d'una major taxa de creixement entre les classes d'edat 3+ i 4+ i del manteniment de la taxa de creixement entre les classes 5+ i 6+ (taula 4).

TAULA 4. Descomposició de les dades de freqüència de longituds (longitud forcal, mm; d. s.: desviació estàndard) mitjançant el mètode de Bhattacharya's seguit de l'anàlisi de progressió de la classe modal pel total de les truites capturades. L'índex de separació ha de ser major de 2 per proporcionar grups significativament diferents. ΔLf : increment de longitud.

Grup	Longitud forcal		N	Índex de separació	Edat estimada	ΔLf
	Mitjana	D. s.				
1	79,39	14,5	65		1+	79,39
2	110,47	9,74	29	2,56	2+	31,08
3	146,16	14,52	18	2,94	3+	35,69
4	188,71	12,88	9	3,11	4+	42,55
5	211,22	8,51	4	2,1	5+	22,51
6	237,01	21,77	22	1,7	6+	25,79

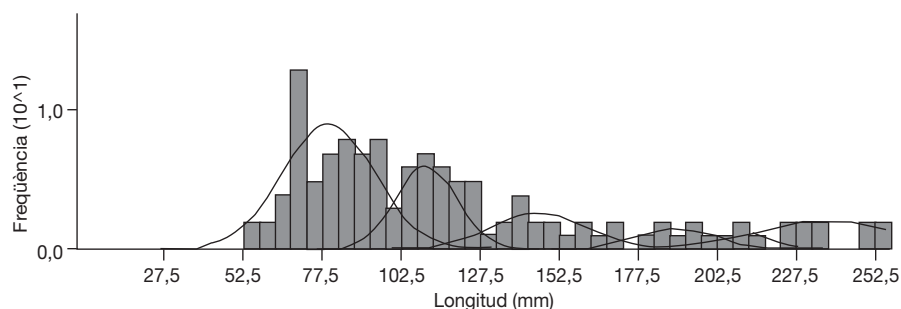


FIGURA 3. Grups resultants de la descomposició de dades de freqüència de longituds (longitud forcal, mm) mitjançant el mètode de Bhattacharya's seguit de l'anàlisi de progressió de la classe modal.

La comparació amb les dades biològiques i ecològiques disponibles en poblacions de truita comuna dels rius dels Pirineus permet situar els paràmetres estimats en el nostre estudi en relació amb la variabilitat existent a escala local (taula 5). El rang d'altituds varia entre els 1.270 m del Flamisell (Nadal *et al.*, 1995) i els 1.320 m del riu de Tavascan (Rocaspana *et al.*, 2005) fins als 1.580 m de la Noguera Pallaresa i el riu Baliera (Nadal *et al.*, 1990) i els 1.680 m de la riera del Tinter (aquest estudi). La variabilitat observada en relació amb les densitats i les biomasses per hectàrea és molt elevada, en estar relacionada amb nombrosos factors biòtics i ambientals, i això dificulta identificar-ne la causa principal. La densitat al riu de les Cabanyeres (CA-1) és la segona més elevada darrere de la màxima observada al Flamisell, en un tram situat a una altitud molt inferior, amb una major disponibilitat d'aliment, i en un riu de majors dimensions, amb major disponibilitat d'hàbitats. Les densitats més baixes es troben a la Noguera de Vallferrera, de 300 truites per hectàrea, i el riu de la Bonaigua, amb 200 truites per hectàrea. També es troben densitats reduïdes en trams localitzats en rierols i capçaleres per sobre dels 1.500 m d'altitud. Les condicions ambientals extremes poden limitar l'abundància d'aquesta espècie, en relació amb la reducció de la densitat i amb la pèrdua de condició durant els mesos hivernals (Budy *et al.*, 2008). Com ja s'ha comentat, la biomassa existent està correlacionada amb la densitat. Els valors màxims es troben al Flamisell, amb prop de 900 kg per hectàrea, i la Noguera Pallaresa, amb més de 250 kg per hectàrea. En els dos casos es tracta de trams situats en rius de dimensions majors que els de les Planes de Son, que per-

TAULA 5. Dades de creixement sobre la població de la truita en rius d'alta muntanya dels Pirineus catalans. Alt.: altitud (m). Dens.: densitat de truites per hectàrea (ind./ha). Biom.: biomassa de truites per hectàrea (kg/ha). Lf 1+: longitud forcal mitjana per a la classe 1+. Lf màx.: major longitud forcal mesurada (mm).

	Alt.	Dens.	Biom.	Lf 1+	Lf màx.
Riu de les Cabanyeres (CA-1)	1.520	7.919	148,84	79,39	254
Riu de les Cabanyeres (CA-2)	1.580	4.527	77,71	79,39	158
Riera del Tinter (TI-1)	1.520	2.108	66,58	79,39	211
Riera del Tinter (TI-2)	1.540	1.427	70,56	79,39	249
Riera del Tinter (TI-3)	1.680	1.166	109,30	79,39	246
Riu de Son (SO)	1.380	3.234	75,69	79,39	234
La Noguera de Vallferrera ¹	1.470	298	33,76	98,01	170
La Noguera Pallaresa ¹	1.580	5.561	181,00	93,54	272
La Noguera Pallaresa ¹	1.560	6.140	261,40	84,25	290
Riu Baliera ¹	1.580	1.067	28,03	93,38	261
La Noguera Pallaresa ²	1.540	1.676-3.113	118,45-182,00	73	340
El Flamisell ²	1.270	1.432-8.973	162,12-875,70	102	260
Riu de la Bonaigua ³	1.520	203	6,70	—	205
Riu de Tavascan ³	1.320	1.900	88,50	—	310
Arriu de Varradós ⁴	1.500	2.200	111,00	65	235
Riu d'Aràns ^{4,5}	1.340	1.000	30,40	—	205
Riu de la Bonaigua ⁴	1.570	1.000	46,60	70	235

1. Nadal *et al.*, 1990.

2. Nadal *et al.*, 1995.

3. Rocaspana *et al.*, 2005.

4. Rocaspana *et al.*, 2006a.

5. Rocaspana *et al.*, 2006b.

meten el manteniment de poblacions de dimensions majors. Cal remarcar el mínim de 6,70 kg per hectàrea al riu de la Bonaigua. En aquest riu es donen condicions ambientals similars a les de la zona d'estudi, però hi ha densitats i biomasses molt inferiors a les de les Planes de Son.

La longitud forcal mitjana de la classe 1+ s'ha escollit com a variable biològica que aporta una mesura del potencial de cadascun dels trams (taula 5). Els diferents mètodes de determinació de l'edat emprats pels diferents autors dificulta la comparació d'aquestes estimacions. El creixement observat en els juvenils dels rius estudiats es troba en el rang dels rius de l'entorn. No es detecta un clar factor altitudinal, encara que el valor màxim de creixement de la classe 1+ es localitza al riu de menor altitud, el Flamisell. En relació amb la dimensió màxima observada, un cop més, trobem una important variabilitat sense una tendència dominant. Els exemplars de major longitud es troben a la Noguera Pallaresa, en trams de major ordre. També es troben truites de més de 300 mm al riu de Tavascan, de menor ordre.

3.2. CARACTERITZACIÓ GENÈTICA DE LA TRUITA COMUNA A LES PLANES DE SON

En relació amb la diversitat genètica, la seqüenciació de la regió de control del DNA mitocondrial indica que tots els individus menys un tenen el mateix haplotip autòcton del llinatge ME, típic d'altres poblacions de la Noguera Pallaresa (Vera, 2006). Només un únic individu de la mostra TI-3 presenta haplotip del llinatge AT, que és característic d'exemplars de repoblació. Respecte als loci microsatèl·lit, els paràmetres de diversitat genètica estimats a les localitats estudiades es troben dins dels valors descrits en altres poblacions de truita dels Pirineus (Estoup *et al.*, 1993; Poteaux *et al.*, 1999) i són més elevats a les localitats de la riera del Tinter i del riu de Son, on, com veurem a continuació, es detecten gens de repoblació. Aquesta evidència és molt més clara si ens fixem en els paràmetres de riquesa al·lèlica (RA) i heterozigositat esperada (H_s), ja que el nombre d'al·lels per locus (A) és un paràmetre molt esbiaixat per la grandària de la mostra, de manera que s'obtenen valors més elevats a les mostres més grans (taula 6).

TAULA 6. Localització geogràfica de les mostres analitzades i paràmetres de diversitat genètica. N : nombre d'individus analitzats. A : nombre d'al·lels per locus. RA : riquesa al·lèlica. H_s : heterozigositat esperada.

	Coordenades UTM	N	A	RA	H_s
Riu de les Cabanyeres					
CA-1	342801X, 4720306Y	39	4,778	2,725	0,399
CA-2	342547X, 4720141Y	11	2,667	2,332	0,342
Riera del Tinter					
TI-1	342786X, 4719966Y	19	4,889	3,470	0,535
TI-2	342573X, 4719945Y	13	4,778	3,844	0,623
TI-3	342054X, 4719578Y	7	3,778	3,653	0,588
Riu de Son					
SO	343824X, 4720359Y	37	6,000	3,778	0,632
Bagà	Estoc del Centre Piscícola	96	7,778	4,558	0,682

TAULA 7. Introgressió de gens exògens a les mostres analitzades. *LDH-C*90*: freqüència de l'al·lel *LDH-C*90*. *AT*: freqüència de l'haplotip de repoblació *AT*. *Q*: proporció de genoma exògen estimada amb el mètode bayesià (*Structure*). *F_{ST}*: diferenciació gènica entre la mostra natural i l'estoc del centre piscícola de Bagà, *: *P* < 0,05 en el test de diferenciació gènica entre mostres (test de probabilitats exactes, *Genepop*).

	<i>LDH-C*90</i>	<i>AT</i>	<i>Q</i>	<i>F_{ST}</i>
Riu de les Cabanyeres				
CA-1	0,077	0	0,072	0,380*
CA-2	0	0	0,030	0,379*
Riera del Tinter				
TI-1	0,105	0	0,061	0,273*
TI-2	0,125	0	0,138	0,171*
TI-3	0,429	0,143	0,167	0,191*
Riu de Son				
SO	0,392	0	0,132	0,208*

La presència d'un únic exemplar amb haplotip de repoblació podria suggerir un baix efecte genètic de les repoblacions al territori de les Planes de Son. Però, malauradament, els marcadors nuclears (*LDH-C* i microsatèl·lits) detecten una presència important de gens exògens d'origen nord-europeu i centreeuropeu a les 3 mostres de la riera del Tinter i del riu de Son (taula 7 i figura 4), segurament introduïts a través de repoblacions efectuades en algun tram d'aquests rius. Malgrat que no existeixen dades oficials de repoblacions en aquesta conca, és fàcil que en algun moment s'hagin efectuat alliberaments d'exemplars al

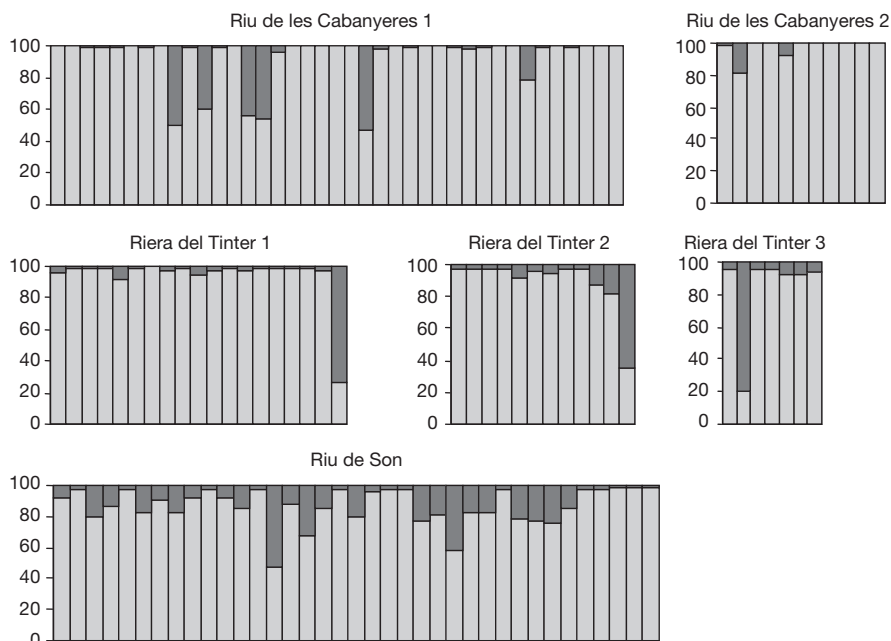


FIGURA 4. Proporció de genoma natiu (■) i de genoma de repoblació (■) per a cada individu en cadascuna de les mostres analitzades.

mateix riu de Son. Cal dir que tot el riu de Son, des de la confluència de la riera del Tinter i del riu de les Cabanyeres fins a Esterrí d'Àneu, correspon a un tram de pesca controlada i, amb l'objectiu de mantenir un bon nivell de pesca, és en aquest tipus de zones on les repoblacions són més freqüents. Tenint en compte la possible repoblació que s'hagi produït al tram explotat de Son, és aleshores possible que la presència de gens exògens a la riera del Tinter sigui deguda a la migració d'exemplars de repoblació o dels seus descendents des del riu de Son. Cal remarcar, però, que en les mostres de la riera del Tinter s'estableix un gradient d'impacte de gens exògens que augmenta a mesura que ens allunyem de la confluència amb el riu de Son, de manera que la presència de genoma exogen és més alta a la mostra de la capçalera TI-3. Aquesta observació suggereix l'existència d'algun alliberament ocasional també en aquest punt del Tinter. Tal com s'ha descrit en altres conques pirinenques (Sanz *et al.*, 1998), és possible que els peixos alliberats en aquest punt o bé aigües avall trobin refugi i sobrevisquin en aquesta zona protegida de les Planes de Son. La incidència de gens exògens és mínima o nul·la en les dues mostres del riu de les Cabanyeres. En conseqüència, el coeficient de diferenciació (F_{ST}) que es detecta entre les mostres d'aquest riu i l'estoc del Centre Piscícola de Bagà dobla gairebé el coeficient detectat entre la majoria de mostres del Tinter i Son respecte de l'estoc de repoblació. Les anàlisis de proximitats amb la matriu de distàncies de Rousset (figura 5) indiquen dos grups clarament diferenciats (mostra natural i estoc de Bagà) en les dues mostres del riu de les Cabanyeres. Tot i això, en la mostra CA-1 s'observa un grup reduït d'individus que es desplaça del nucli natiu i s'acosta a l'estoc del Centre Piscícola. Aquests 5 individus es corresponen amb exemplars que manifesten el genotip híbrid *LDH-C*90/100* i són també individus híbrids segons el mètode bayesià, amb una proporció important (aproximadament, 50 %) de genoma de repoblació (figura 4). En aquesta mostra de les Cabanyeres, el mètode bayesià de l'Structure detecta la presència de dos grups ($K = 2$), un que engloba tots els exemplars híbrids i un segon grup representat pels exemplars nadius. Malgrat que aquesta mostra no presenta en cap cas desequilibris de Hardy-Weinberg, aquests resultats i els desequilibris gamètics altament significatius que s'observen en un 34 % dels tests realitzats indicarien l'existència de perturbacions, com a conseqüència de la introducció relativament recent d'exemplars de repoblació, que possiblement han arribat a aquesta localitat de les Cabanyeres des d'àrees adjacents (Son o Tinter). De fet, la meitat dels desequilibris gamètics impliquen el locus *Str73*, que té al·lèls clarament marcadors de repoblació. A les tres mostres del riu Tinter i la del riu de Son alguns individus s'apropen o es troben inclosos al grup de Bagà (figura 5). Aquests individus tenen l'al·lel *90 del locus *LDH-C* i un elevat percentatge de genoma de repoblació d'acord amb els resultats del mètode bayesià (figura 4). A la mostra de Son (SO) s'observa clarament que un grup nombrós d'individus naturals s'agrupen amb la mostra del Centre Piscícola, fet que concorda amb l'elevada presència de gens exògens en aquesta mostra. En aquesta localitat, el mètode bayesià de l'Structure detecta la presència de dos grups ($K = 2$), un que engloba tots els exemplars híbrids o de repoblació i un segon grup representat pels pocs exemplars purament nadius. De fet, és només en aquesta darrera mostra de Son on el test d'equilibri de Hardy-Weinberg i gairebé la meitat dels tests de desequilibri gamètic resulten altament significatius ($p < 0,001$). El desequilibri de Hardy-Weinberg afecta només el locus *Str591INRA* i és degut a un dèficit d'heterozigots, sobretot de genotips *Str591INRA*148*150* i *Str591INRA*148*182*. En aquest locus, l'al·lel *Str591INRA*148* es troba gairebé fixat en l'estoc de repoblació de Bagà i l'al·lel *Str591INRA*150* és típic i exclusiu de poblacions natives. L'absència d'heterozigots per a aquests dos al·lèls indicaria que els exemplars repoblats no formen encara una única unitat reproductora amb els peixos nadius.

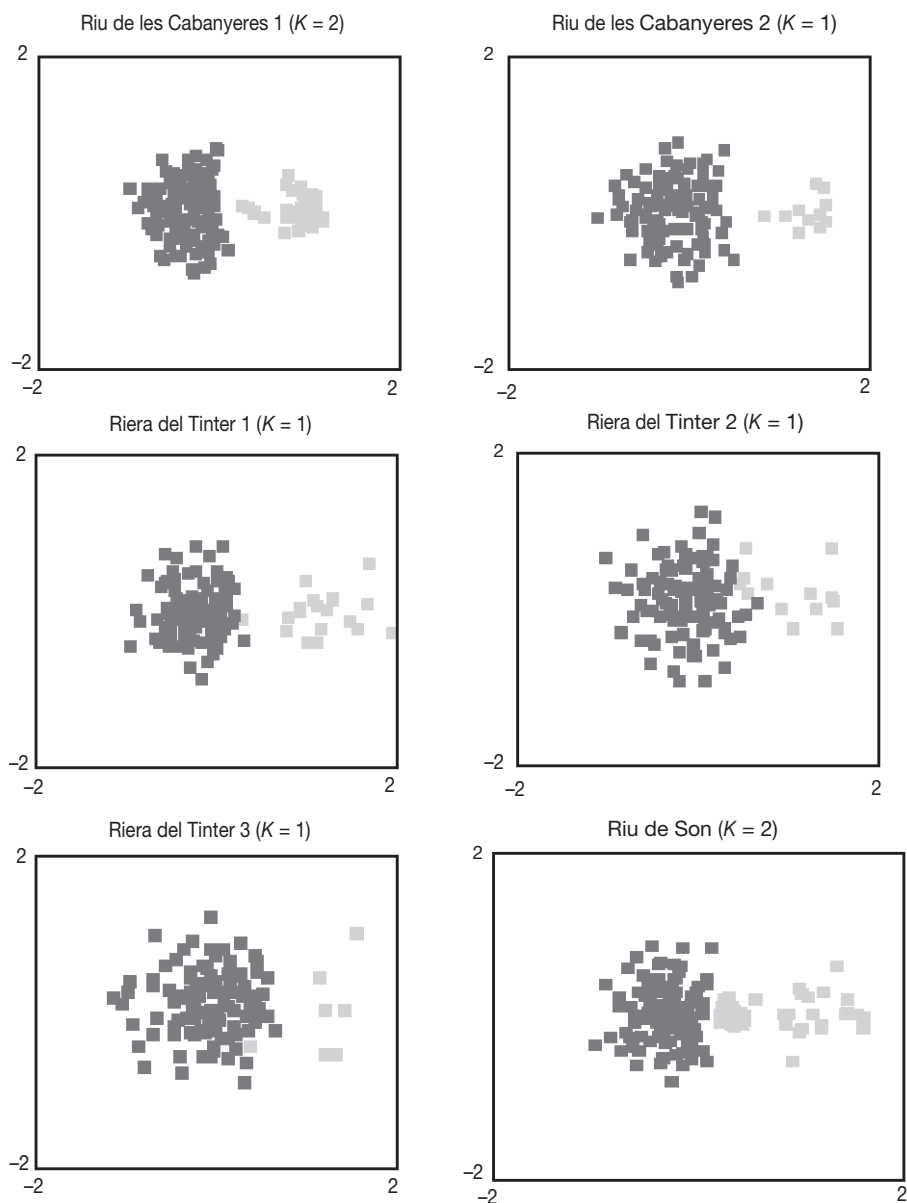


FIGURA 5. Anàlisi de proximitats (MDS) realitzada a partir de la distància de Rousset entre els individus naturals (■) i els del Centre Piscícola de Bagà (■). K : nombre de grups detectats pel programa Structure dins de cada població natural.

Pel que fa a diferenciació interpoblacional, la distribució dels al·lels en els 9 loci microsatèl·lit són diferents entre les 6 localitats analitzades en aquest estudi (taula 8). Els loci *Str591INRA*, *Str15* i *SsoSL438* presenten els coeficients de diferenciació (F_{ST}) més elevats

TAULA 8. Distribució de la diversitat genètica (Nei, 1987, Fstat). Per a cada locus s'indica la diversitat genètica dins les localitats (H_S), la diversitat genètica total (H_T) i la seva contribució a la diferenciació entre localitats (F_{ST}). S'indica també el coeficient de diferenciació $\#F_{ST}$ entre totes les mostres naturals agrupades i l'estoc del centre piscícola de Bagà. ***: $P < 0,001$ en el test de diferenciació genètica entre mostres (test de probabilitats exactes, Genepop).

Locus	H_S	H_T	F_{ST}	$\#F_{ST}$
<i>SsoSL438</i>	0,360	0,403	0,107***	0,340***
<i>Ssa85</i>	0,661	0,689	0,041***	0,121***
<i>Str73</i>	0,391	0,409	0,045***	0,431***
<i>SSsp2213</i>	0,660	0,675	0,023***	0,175***
<i>SsoSL417</i>	0,632	0,677	0,066***	0,221***
<i>Str591INRA</i>	0,526	0,718	0,267***	0,351***
<i>Str15</i>	0,389	0,445	0,126***	0,395***
<i>Ssa408</i>	0,614	0,670	0,083***	0,195***
<i>SsHaeIII4.20</i>	0,447	0,478	0,066***	0,335***
Mitjana	0,520	0,574	0,094***	0,282***

i per tant són els principals responsables d'aquesta diferenciació. A més, aquests 3 loci juntament amb els loci *Str73* i *ssHaeIII4.20* són també responsables de les principals diferències entre l'estoc de Bagà i les mostres naturals. Tots cinc tenen al·lels característics a l'estoc del Centre Piscícola, fet que fa pensar que algunes de les diferències genètiques que s'observen entre les localitats estudiades a les Planes de Son puguin explicar-se per una diferent incidència de les repoblacions, tal com ja s'ha observat en altres poblacions dels Pirineus (García-Marín *et al.*, 1998). La diferenciació genètica calculada entre tots els possibles parells de mostres resulta només significativa quan les mostres comparades pertanyen a rius diferents (taula 9). Aquests resultats suggereixen una possible diferenciació de les poblacions de truita entre els rius i rieres de Son (Cabanyeres, Tinter i Son) que es veu també reflectida en els índexs de distància Da de Nei (1983). La distància més petita és la que s'observa entre les dues mostres del riu de les Cabanyeres, mentre que les distàncies més grans són les observades entre les Cabanyeres i la capçalera del Tinter (TI-3). Aquesta homogeneïtat entre les mostres del riu de les Cabanyeres i la diferenciació respecte de la resta de localitats es veu clarament reflectida al dendrograma Neighbor-Joining realitzat a partir

TAULA 9. Diferenciació genètica entre cada parell de mostres (inclosa la mostra del Centre Piscícola de Bagà). Sobre la diagonal: distància Da de Nei (1983). Sota la diagonal: coeficient F_{ST} (*: $P < 0,05$).

	CA-1	CA-2	TI-1	TI-2	TI-3	SO	Bagà
CA-1	—	0,06371	0,12433	0,18412	0,20349	0,14874	0,51269
CA-2	0,01810	—	0,15702	0,20216	0,25962	0,18266	0,60770
TI-1	0,06200*	0,09507*	—	0,07810	0,17200	0,12221	0,38547
TI-2	0,17460*	0,18782*	0,04535	—	0,14591	0,12836	0,32131
TI-3	0,18217*	0,22232*	0,07797	0,02154	—	0,17532	0,37210
SO	0,10951*	0,11171*	0,03781*	0,03995*	0,05777	—	0,30793
Bagà	0,38009*	0,37969*	0,27285*	0,16300*	0,18869*	0,20829*	—

de la matriu de distàncies (figura 4), on la consistència de l'agrupació de les Cabanyeres és màxima (100 %). En canvi, la branca que separa les poblacions del Tinter de Son té una consistència molt menor (50 %). Aquesta observació i la major presència de gens exògens detectada als rius del Tinter i de Son suggereix que la diferenciació genètica que pot haver existit està segurament essent esborrada per la incidència de les repoblacions, tal com ja s'ha observat en altres poblacions de truita a la península Ibèrica (Machordom *et al.*, 1999; Araguas *et al.*, 2004). La projecció de les mostres sobre el pla format per les dues primeres dimensions de les anàlisis de proximitats (MDS, figura 5) indica també la manca de diferències clares entre les mostres de la riera del Tinter i del riu de Son, més afectades per les repoblacions. En aquesta projecció, les mostres sembla que es distribueixen al llarg de la dimensió 1 en funció de la incidència de gens exògens, mentre que la segona i la tercera dimensions remarquen la singularitat d'algunes de les poblacions (TI-3 i SO). Quan les mostres es projecten amb les dades de l'estoc de Bagà, s'observa novament una dimensió 1 que està clarament relacionada amb l'efecte de les repoblacions.

El mètode bayesià de l'Structure detecta la màxima probabilitat d'agrupació per a un model de dos grups de poblacions ($K = 1$, mitjana $\ln P = -6.473,485$; $K = 2$, mitjana $\ln P = -5.258,12$; $K = 3$, mitjana $\ln P = -5.124,82$). Els dos grups detectats separen les mostres de les Cabanyeres de les del Tinter i Son (taula 10). Cal fer notar que la mostra TI-1, que és la menys afectada per gens exògens del grup del Tinter i Son, presenta aproximadament un 50 % de proporció de genoma dels dos grups definits. Si repetim aquestes anàlisis incloent la mostra de l'estoc de Bagà, l'Structure detecta un altre cop una estructuració de dos grups de poblacions. En aquest cas, observem un altre cop un grup on la màxima representació és a les mostres de les Cabanyeres i un segon grup que inclou Bagà i que té una proporció variable en les diferents localitats en funció del grau d'introgessió de genoma exogen que presenten. Un altre cop, es pot observar en aquestes anàlisis que les mostres del Tinter (TI-2 i TI-3) i la mostra de Son són les més afectades per les repoblacions. Tanmateix, el fet que les anàlisis amb i sense els exemplars de Bagà detectin una estructura en dos grups alerta que les repoblacions amb els peixos de Bagà alteren estructures poblacionals natives (taula 9 i figures 6 i 7) i imposen patrons de diferenciació que es basen només en la major o menor incidència de les repoblacions (taula 10). En l'actualitat, a les Planes de

TAULA 10. Proporció de genoma de cada mostra a cadascun dels dos grups definits pel mètode bayesià de l'Structure. Entre parèntesis s'indica la proporció en cadascun dels grups quan s'inclou en les anàlisis la mostra del Centre Piscícola de Bagà.

	<i>Grup 1</i>	<i>Grup 2</i>
Riu de les Cabanyeres		
CA-1	0,857 (0,924)	0,143 (0,076)
CA-2	0,885 (0,952)	0,115 (0,048)
Riera del Tinter		
TI-1	0,497 (0,819)	0,503 (0,181)
TI-2	0,251 (0,655)	0,749 (0,345)
TI-3	0,252 (0,654)	0,748 (0,346)
Riu de Son		
SO	0,353 (0,705)	0,647 (0,295)
Bagà	(0,028)	(0,972)

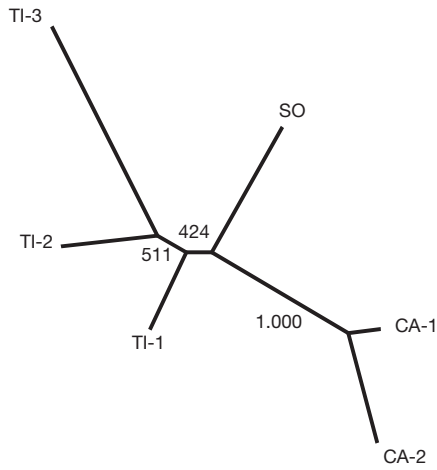


FIGURA 6. Dendrograma realitzat amb l'algoritme de Neighbor-Joining sobre la matriu de la distància de Nei de 1983 (D_a) calculada entre cada parell de localitats. Els números de les bifurcacions indiquen la freqüència de l'associació sobre 1.000 rèpliques de *bootstrap*.

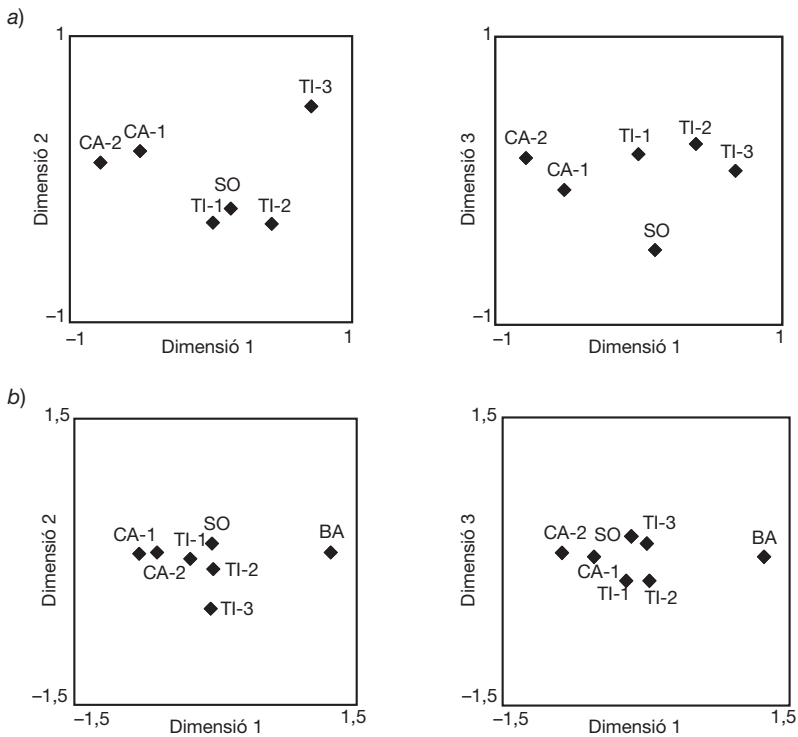


FIGURA 7. Projectió de les mostres analitzades sobre el pla format per les tres dimensions de l'anàlisi de proximitats (MDS) realitzada amb la matriu de la distància de Nei de 1983 (D_a). 7a) mostres naturals, 7b) mostres naturals i Bagà.

Son, la incidència de les repoblacions és responsable d'una part significativa de l'estructura poblacional.

Les anàlisis de la variància molecular (AMOVA) indiquen que la principal font de diversitat és en les diferències entre els individus dins de les poblacions (90 %) i que només un 10 % de la diversitat genètica està associada a les diferències entre les poblacions de rius diferents (Cabanyeres, Tinter i Son). Aquesta baixa diferenciació entre els tres cursos d'aigua no és sorprenent atesa la seva proximitat i respon a les pautes d'aïllament per distància descrites en diverses poblacions de truita (Ruzzante *et al.*, 2001; Campos *et al.*, 2007), incloent estudis en altres punts de la Noguera Pallaresa (Vera, 2006). Aquestes estructures poblacionals sembla que reflecteixen tant una fidelitat als punts de posta com un limitat intercanvi d'individus entre els territoris (Carlsson & Nilsson, 2000). Les AMOVA atribueixen el 10 % de diversitat associat a la diferenciació poblacional a diferències entre les mostres dins (3,5 %) i entre (6,5 %) els rius de les Planes de Son (taula 11). Al mateix temps, les AMOVA assenyalen també que la diferenciació entre grups (F_{CT}) és màxima amb l'agrupació suggerida pel mètode bayesià, que separa les mostres del riu de les Cabanyeres de les de la riera del Tinter i el riu de Son. No obstant això, aquesta component de diferenciació entre grups no és gaire superior a l'obtinguda amb el model abans comentat i que separa les mostres segons el riu de procedència.

En relació amb la grandària efectiva, el fet de trobar un únic haplotip natiu a tot el territori suggereix que les poblacions de truita de les Planes de Son tenen un reduït nombre d'efectius, fet que augmenta els efectes de la deriva genètica. D'acord amb l'estructura poblacional que es dedueix de les anàlisis anteriors, les estimacions de la grandària efectiva (N_e) han estat calculades agrupant els exemplars per rius (Cabanyeres, Tinter, Son). Per a tots tres rius, el valor de grandària efectiva s'aproxima als 10 exemplars (Cabanyeres, $N_e = 8,6$; Tinter, $N_e = 9,4$; Son, $N_e = 10,8$). La grandària efectiva d'una població representa el nombre d'individus d'una població ideal, que compleix les condicions de l'equilibri de Hardy-Weinberg (aparellament a l'atzar, no pateix migració, ni selecció, ni deriva) amb les mateixes expectatives evolutives que la població real en qüestió. Les poblacions amb valors reduïts d'aquest paràmetre poden extingir-se com a conseqüència de la pèrdua del patrimoni genètic. En el nostre cas, tenint en compte els valors estimats

TAULA 11. Anàlisi de la variància molecular (AMOVA) segons els diferents models d'agrupació detectats. CA: riera de les Cabanyeres, TI: riera del Tinter, SO: riu de Son.

	<i>Components de la variància</i>			
	<i>Núm. de localitats</i>	<i>Entre grups (% F_{SC})</i>	<i>Entre localitats dins de grup (% F_{CT})</i>	<i>Dins de localitats</i>
CA-TI-SO	6	6,23	3,48	90,29
CA - (TI + SO)	6	7,44	4,02	88,54
<i>Valors de referència</i>				
Campos <i>et al.</i> , 2007	6	1,87	1,08	97,05
Ruzzante <i>et al.</i> , 2001	4	3,87	1,54	94,59
Ruzzante <i>et al.</i> , 2001	6	5,53	1,80	92,67

de grandària efectiva, aquestes pèrdues poden ser del 5 % per generació ($1/(2Ne)$). Recentment, s'ha observat que les poblacions de salmònids escapen a aquests processos gràcies a intercanvis esporàdics d'exemplars entre les poblacions veïnes (Østergaard *et al.*, 2003; Jensen *et al.*, 2005; Ayllon *et al.*, 2006). Aquesta estructura poblacional en *demes* interconnectats s'ha descrit en poblacions inestables de truita comuna a Europa (Laikre *et al.*, 2002; Østergaard *et al.*, 2003) i sembla que pot reproduir-se en les poblacions de rius del Pirineus (Vera, 2006).

En els estudis sobre l'estructura familiar, els individus han estat agrupats en dues categories, «adult» (longitud ≥ 17 cm) i «juvenil» (longitud < 17 cm), segons la probabilitat

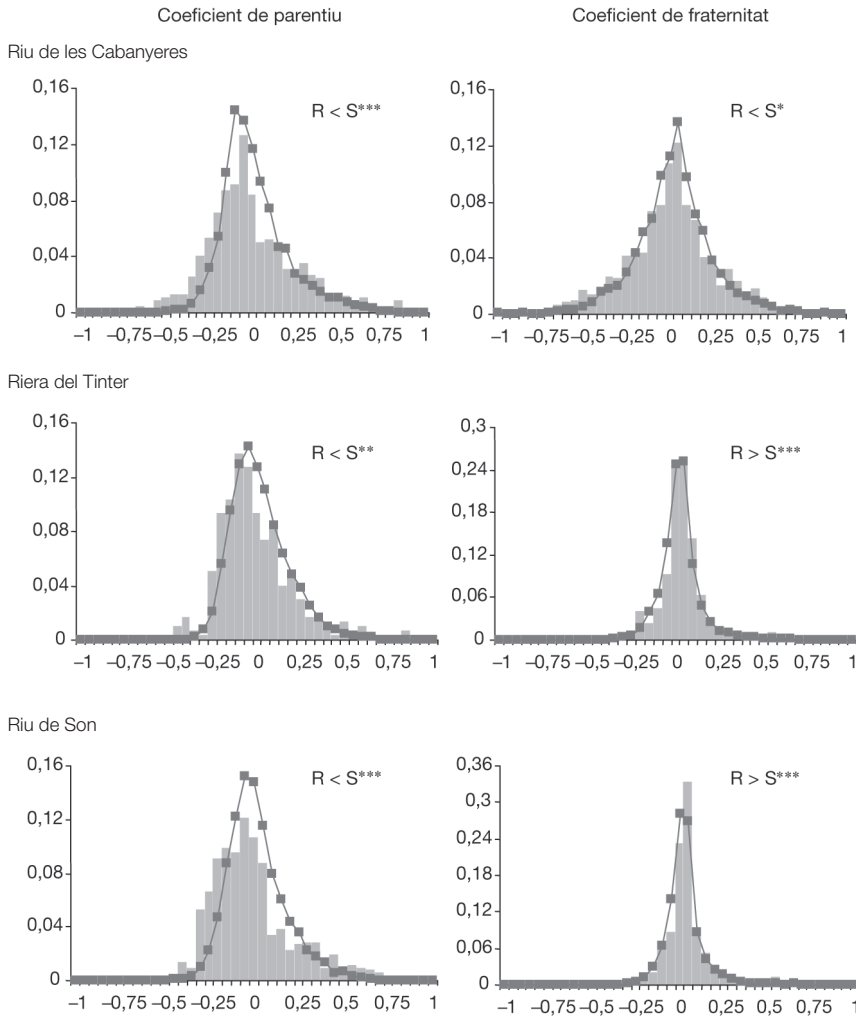


FIGURA 8. Coeficients de parentiu i de fraternitat de Lynch & Ritland (1999) calculats entra cada parell d'individus juvenils per a cada riu. Comparació de les dades reals (R) amb dades simulades (S) a partir de 100 individus no emparentats. ***: $P < 0,001$, **: $P < 0,01$, *: $P < 0,05$ en la comparació entre dades reals i simulades en el test de U-Mann-Whitney.

que es reproduïssin en la darrera temporada de posta. La longitud límit de 17 cm per diferenciar les dues categories ha estat escollida en funció de l'estructura d'edats detectada en aquest estudi (taula 4 i figura 3) i la comparació amb resultats de rius propers (Nadal *et al.*, 1995; Rocaspana *et al.*, 2006b). En aquestes anàlisis hem classificat també els exemplars segons el riu al qual pertanyen (Cabanyeres, Tinter, Son). A causa del baix nombre d'individus assignats a la categoria d'adults dins de cada riu, l'estructura familiar i les relacions de parentiu s'han analitzat només amb els grups de juvenils, on bàsicament hi ha individus de les cohorts 1+ i 2+. Òbviament, el fet de tenir aquestes dues classes d'edat genera grups familiars de germans complets entre individus de la mateixa cohort, o de mig germans, principalment entre els individus de cohorts diferents.

Les anàlisis realitzades amb el programa SPAGeDi (figura 8) indiquen que als diferents rius de les Planes de Son els coeficients de parentiu entre parells d'individus del mateix riu són significativament inferiors als estimats amb els genotips simulats de 100 individus no emparentats ($P < 0,05$, U-test de Mann Whitney). Aquests resultats suggereixen que els progenitors de les diferents famílies no estan emparentats. En canvi, a la riera del Tinter i al riu de Son els coeficients de fraternitats obtinguts entre els individus «juvenils» són significativament superiors als obtinguts amb les dades simulades ($P < 0,05$, U-test de Mann Whitney), fet que suggereix la permanència de grups de germans en aquests rius. D'altra banda, els coeficients de parentiu i fraternitat entre parells d'individus d'un mateix riu són significativament superiors quan es comparen amb els calculats entre individus de rius diferents (taula 12). Aquests resultats suggereixen que els exemplars s'agrupen per famílies que tendeixen a localitzar-se i mantenir-se agrupades a cada riu. Aquestes dinàmiques familiars són responsables de l'origen d'estructures poblacionals associades a la hidrografia. Tal com hem descrit anteriorment, la majoria d'exemplars tendeixen a mantenir-se al tram de riu original i els desplaçaments sovint estan limitats dins del riu o rierol on han nascut. Així es justifica que els coeficients de parentiu i fraternitat calculats per parelles d'individus d'un mateix punt i parelles de punts diferents dins d'un mateix riu (entre CA-1 i CA-2, per exemple) no siguin significativament diferents.

TAULA 12. Coeficients de parentiu i fraternitat mitjans entre els individus juvenils de cada riu. Comparació entre els valors calculats entre els individus d'un mateix riu i entre individus de rius diferents. ***: $P < 0,001$; **: $P < 0,01$; *: $P < 0,05$ en el test de U-Mann-Whitney. N: nombre d'individus.

	N	Parentiu (<i>r</i> Lynch & Ritland, 1999)		Fraternitat <i>delta</i> Lynch & Ritland, 1999)	
		Intra	Inter	Intra	Inter
Riu de les Cabanyeres	47	0,15026***	-0,09343***	0,00549***	0,00525***
CA-1	37	-0,02716	-0,03693	-0,01663	-0,00500
CA-2	10	0,08481	-0,03693	-0,05977	-0,00500
Riera del Tinter	25	0,02040***	-0,05096***	0,02008	0,01299
TI-1	15	0,02743***	-0,08602***	0,01096	0,02077
TI-2	8	0,02502	-0,06334	0,09875	0,03191
TI-3	2	-0,12410	-0,07389	0,04054	0,01775
Riu de Son	33	0,07151***	-0,07927***	0,03580	0,00072
Global		0,10807***	-0,07673***	0,01617*	0,00592*

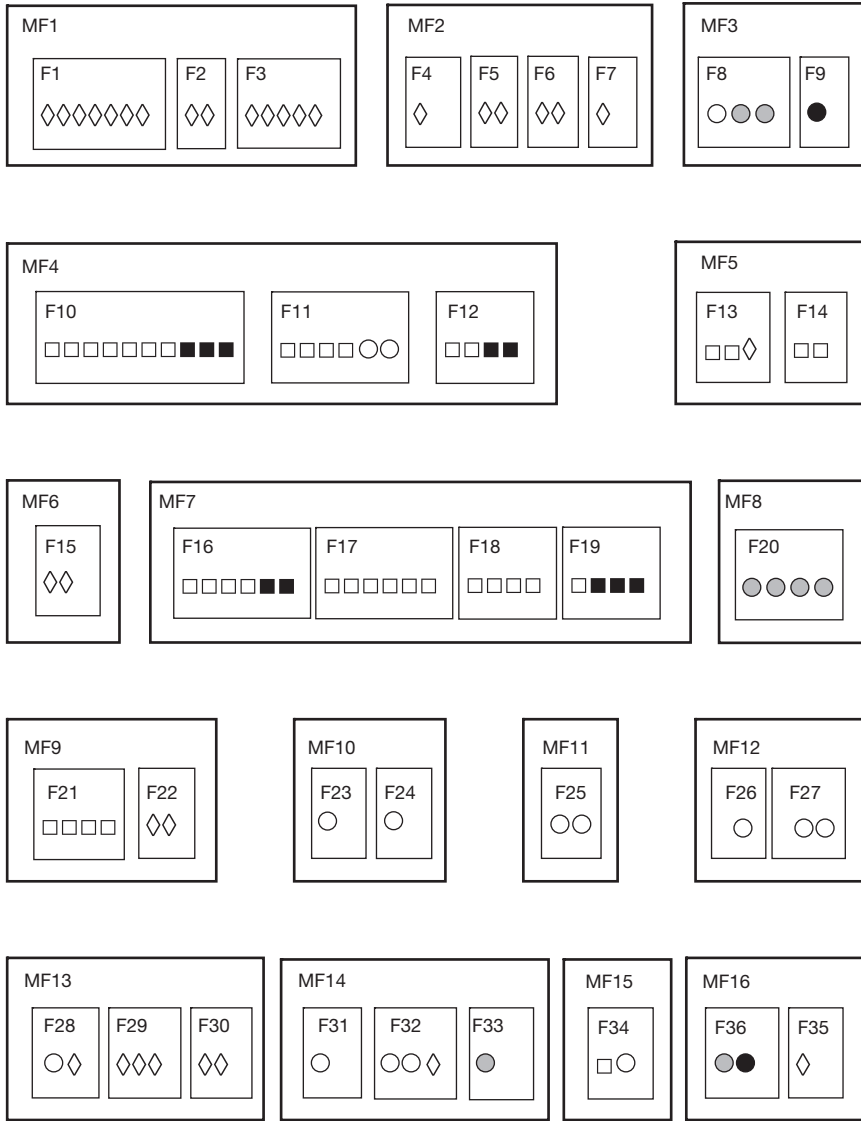


FIGURA 9. Distribució de tots els individus juvenils en famílies de germans complets (F1-F36) agrupades en famílies de mig germans (MF1-MF16) segons el programa Colony 1.2 (Wang, 2004). □: CA-1, ■: CA-2, ○: TI-1, ●: TI-2, ◆: TI-3, ◇: SO.

Els grups familiars obtinguts pel programa Colony confirmen que els grups familiars estan majoritàriament formats per individus d'un mateix riu (figura 9). Tant les famílies de germans complets com les famílies de mig germans es distribueixen en l'espai segons la localitat d'origen dels individus, i resulta altament significatiu ($P < 0,001$) el test de khi quadrat. El 75 % dels exemplars capturats a la riera del Tinter, el 80 % dels capturats al riu de les Cabanyeres i el 90 % dels obtinguts al riu de Son formen grups familiars amb exemplars

del mateix riu. En contrast amb els resultats obtinguts amb el programa SPAGeDi, aquests resultats mostren una estructura familiar al riu de les Cabanyeres que no és diferent de l'observada als altres punts. De fet, treballs realitzats per altres autors (Hansen & Jensen, 2005) indiquen que el mètode proposat per Wang (2004) implementat en el programa Colony permet una estimació més acurada de l'estructura familiar que la realitzada amb el programa SPAGeDi, ja que la interpretació de la distribució de coeficients de parentiu i fraternitat pot ser complicada quan es té un nombre relativament petit de famílies. Les famílies obtingudes confirmen el moviment d'exemplars dins i entre els diferents punts dins dels rius tant pel que fa als «juvenils» (per exemple, famílies F8, F10, F12, F13, etc.) com als «adults» reproductors. En aquest últim cas, si els adults fan la posta en diferents punts en dues temporades, es poden generar grups de mig germans en diferents punts dins del riu (grup familiar MF3) o en diferents rius (grups familiars MF9 o MF16). Aquests moviments, que com hem dit afecten com a molt el 20 % dels individus, cohesionen el patró genètic a tota la conca de Son.

La grandària mitjana de les famílies de germans complets obtinguda mitjançant el programa Colony és de 3 individus, però existeix una elevada variància per a aquesta mitjana (4,25), amb famílies que van des d'un únic individu fins a famílies de 10 germans, observades al riu de les Cabanyeres. Aquesta elevada variància del nombre de descendents de les famílies s'allunya bastant de les condicions òptimes que es defineixen per a una població estable, en què s'espera un nombre més o menys constant d'individus per família (Frankham *et al.*, 2002), i contribueix a disminuir la grandària efectiva d'aquestes poblacions.

4. CONCLUSIONS

1. La densitat de les poblacions de truita comuna de les Planes de Son es pot considerar com a baixa a la riera del Tinter, com a mitjana al riu de Son i com a elevada al riu de les Cabanyeres.

2. Les truites presents a la riera del Tinter, el riu de les Cabanyeres i el riu de Son arriben fins a la classe d'edat 6+, amb dominància d'individus juvenils (classe 1+ i 2+). Les dimensions màximes observades, fins a 250 mm, són similars als diferents rius.

3. S'han detectat gens de repoblació a tot el territori de les Planes de Son. Les anàlisis realitzades suggereixen tant repoblacions passades com alliberaments recents, i també el possible moviment d'exemplars repoblats entre zones adjacents. Aquest últim seria el cas del riu de les Cabanyeres, on, malgrat que no hi ha desequilibris de Hardy-Weinberg, es detecten desequilibris de lligament, alhora que el programa Structure suggereix la presència de dues unitats reproductores. Al riu de Son, prop del poble, l'elevat nivell de gens exògens indica repoblacions des de fa temps que possiblement s'han mantingut fins a temps recents, tal com suggereixen els desequilibris de Hardy-Weinberg, els desequilibris de lligament i la identificació de dues unitats reproductores.

4. Aquestes repoblacions comprometen la conservació de la possible estructura genètica de les poblacions de truita en aquests rius. La clara diferenciació entre les mostres del riu de les Cabanyeres i la resta de mostres podria explicar-se, simplement, per la baixa incidència de gens exògens en aquest riu si es compara amb els altres. Tot i això, la distribució d'alguns al·lels suposadament nadius i els resultats obtinguts en algunes de les anàlisis de diferenciació genètica, sembla que indiquen la possible existència d'una estructuració natural de les poblacions per rius (Cabanyeres, Tinter, Son).

5. La grandària efectiva de les poblacions analitzades és molt petita, fet que compromet la conservació dels patrimonis genètics.

6. En cadascun dels rius estudiats s'han detectat unitats poblacionals formades bàsicament per famílies d'individus. Molt pocs individus es relacionen amb grups familiars aliens al propi riu, però aquests sembla que són suficients per mantenir la cohesió del patrimoni genètic de tota la conca de Son.

7. La grandària mitjana de les famílies de germans complets és de 3 individus, amb una elevada variància del nombre de descendents entre les diferents famílies, que desvia les poblacions d'una situació ideal i possiblement contribueix a la reduïda grandària efectiva de les poblacions.

8. Les poblacions de truita comuna de les Planes de Son s'han de considerar com a fràgils en relació amb el reduït nombre d'exemplars que les formen i amb el gran efecte que origina qualsevol repoblació o impacte sobre els hàbitats existents. Cal prioritzar-ne la protecció i les mesures de recuperació de les seves característiques biològiques, ecològiques i genètiques perquè actuïn com a zona de refugi, amb altres capçaleres dels Pirineus, de la truita comuna mediterrània.

BIBLIOGRAFIA

- ÁLVAREZ, J.; LEUNDA; P. M. (2008). *Estado de las poblaciones de trucha común de Navarra en 2008*. Pamplona: Gobierno de Navarra. Departamento de Desarrollo Rural y Medio Ambiente. [Informe inèdit]
- APOSTOLIDIS, A. P.; TRIANTAPHYLLIDIS, C.; KOUTVATSI, A.; ECONOMIDIS, P. S. (1997). «Mitochondrial DNA sequence variation and phylogeography among *Salmo trutta* L. (Greek brown trout) populations». *Molecular Ecology*, vol. 6, núm. 6, p. 531-542.
- ARAGUAS, R. M.; SANZ, N.; PLA, C.; GARCÍA-MARÍN, J. L. (2004). «Breakdown of the brown trout evolutionary history due to hybridization between native and cultivated fish». *Journal of Fish Biology*, vol. 65 (suplement A), p. 28-37.
- AYLLON, F.; MORAN, P.; GARCÍA-VASQUEZ, E. (2006). «Maintenance of a small anadromous subpopulation of brown trout (*Salmo trutta* L.) by straying». *Freshwater Biology*, vol. 51, núm. 2, p. 351-358.
- BARTLEY, D.; BAGLEY, M.; GALL, G.; BENTLEY, B. (1992). «Use of linkage disequilibrium data to estimate effective size of hatchery and natural fish populations». *Conservation Biology*, vol. 6, núm. 3, p. 365-375.
- BHATTACHARYA, C. G. (1967). «A simple method of resolution of a distribution into Gaussian components». *Biometrics*, vol. 23, núm. 1, p. 115-135.
- BUDY, P.; THIEDE, G. P.; MCHUGH, P.; HANSEN, E. S.; WOOD, J. (2008). «Exploring the relative influence of biotic interactions and environmental conditions on the abundance and distribution of exotic brown trout (*Salmo trutta*) in a high mountain stream». *Ecology of Freshwater Fish*, vol. 17, núm. 4, p. 554-566.
- CAIRNEY, M.; TAGGART, J. B.; HOYHEIM, B. (2000). «Characterization of microsatellite and minisatellite loci in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) and cross-species amplification in other salmonids». *Molecular Ecology*, vol. 9, núm. 12, p. 2175-2178.
- CAMPOS, J. L.; POSADA, D.; CABALLERO, P.; MORÁN, P. (2007). «Spatio-temporal genetic variability in sea trout (*Salmo trutta*) populations from north-western Spain». *Freshwater Biology*, vol. 52, núm. 3, p. 510-524.
- CARLSSON, J.; NILSSON, J. (2000). «Population genetic structure of brown trout (*Salmo trutta* L.) within a northern boreal forest stream». *Hereditas*, vol. 132, núm. 3, p. 173-181.
- CASALS, F. (2006). «Els peixos». A: CASALS, F.; SANUY, D. *La fauna vertebrada a les terres de Lleida*. Lleida: Universitat de Lleida, p. 70-89.
- CORTEY, M.; GARCÍA-MARÍN, J. L. (2002). «Evidence for phylogeographically informative sequence

- variation in the mitochondrial control region of Atlantic brown trout». *Journal of Fish Biology*, vol. 60, núm. 4, p. 1058-1063.
- CORTEY, M.; PLA, C.; GARCÍA-MARÍN, J. L. (2004). «Historical biogeography of Mediterranean trout». *Molecular Phylogenetics and Evolution*, vol. 33, núm. 3, p. 831-844.
- DIERINGER, D.; SCHLÖTTERER, C. (2003). «Microsatellite analyser (MSA): a platform independent analysis tool for large microsatellite data sets». *Molecular Ecology Notes*, vol. 3, núm. 1, p. 167-169.
- ESTOUP, A.; LARGIADER, C. R.; PERROT, E.; CHOURROUT, D. (1996). «Rapid one-tube DNA extraction for reliable PCR detection of fish polymorphic markers and transgenes». *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, vol. 5, núm. 4, p. 295-298.
- ESTOUP, A.; PRESA, P.; KRIEG, F.; VAIMAN, D.; GUYOMARD, R. (1993). «(CT)_n and (GT)_n microsatellites: a new class of genetic markers for *Salmo trutta* L. (brown trout)». *Heredity*, vol. 71, núm. 5, p. 488-496.
- EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. (2005). «Detecting the number of clusters of individuals using the software Structure: a simulation study». *Molecular Ecology*, vol. 14, núm. 8, p. 2611-2620.
- EXCOFFIER, L.; SMOUSE, P. E.; QUATTRO, J. M. (1992). «Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data». *Genetics*, vol. 131, núm. 2, p. 479-481.
- FELSENSTEIN, J. (1993). *PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.5c*. Seattle: Universitat de Washington. Departament de Genètica.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. (2002). *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge: Cambridge University Press.
- GARCÍA-MARÍN, J. L.; JORDE, P. E.; RYMAN, N.; UTTER, F. M.; PLA, C. (1991). «Management implications of genetic differentiation between native and hatchery populations of brown trout (*Salmo trutta*) in Spain». *Aquaculture*, vol. 95, núm. 3-4, p. 235-249.
- GARCÍA-MARÍN, J. L.; PLA, C. (1996). «Origins and relationships of native populations of brown trout (*Salmo trutta*) in Spain». *Heredity*, vol. 77, núm. 3, p. 313-323.
- GARCÍA-MARÍN, J. L.; SANZ, N.; PLA, C. (1998). «Proportions of native and introduced brown trout in adjacent fished and unfished Spanish rivers». *Conservation Biology*, vol. 12, núm. 2, p. 313-319.
- GARCÍA-MARÍN, J. L.; UTTER, F. M.; PLA, C. (1999). «Postglacial colonization of brown trout in Europe based on distribution of allozyme variants». *Heredity*, vol. 82, núm. 1, p. 46-56.
- GAYANILO, F. C. JR.; SPARRE, P.; PAULY, D. (2005). *FAO-ICLARM Stock Assessment Tools II (FiSAT II): Revised Version: User's Guide*. Roma: Organització de les Nacions Unides per a l'Agricultura i l'Alimentació. (FAO Computerized Information Series; 8)
- GOUDET, J. (1995). «Fstat (version 1.2): a computer program to calculate Fstatistics». *Journal of Heredity*, vol. 86, núm. 6, p. 485-486.
- HANSEN, M. M.; JENSEN, L. F. (2005). «Sibship within samples of brown trout (*Salmo trutta*) and implications for supportive breeding». *Conservation Genetics*, vol. 6, núm. 2, p. 297-305.
- HARDY, O. P.; VEKEMANS, X. (2002). «Spagedi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels». *Molecular Ecology Notes*, vol. 2, núm. 4, p. 618-620.
- JENSEN, L. F.; HANSEN, M. M.; CARLSSON, J.; LOESCHCKE, V.; MENSBERG, K. L. D. (2005). «Spatial and temporal genetic differentiation and effective population size of brown trout (*Salmo trutta*, L.) in small Danish rivers». *Conservation Genetics*, vol. 6, núm. 4, p. 615-621.
- LAGARRIGUE, T.; BARAN, P.; LASCAUX, J. M.; DELACOSTE, M.; ABAD, N.; LIM, P. (2001). «Total length of age-3 brown trout (*Salmo trutta* L.) in French Pyrenean streams: relationships with environmental factors and influence of hydroelectric facilities». *Bulletin Français de la Pêche et de la Pisciculture*, núm. 357-360, p. 549-571.
- LAIKRE, L. (1999). *Conservation Genetic Management of Brown Trout (*Salmo trutta*) in Europe: Report by the Concerted Action on Identification, Management and Exploitation of Genetic Resources in the Brown Trout (*Salmo trutta*) ('TROUTCONCERT'; EU FAIR CT97-3882)*. Suècia: Universitat d'Estocolm. Departament de Genètica Poblacional.
- LAIKRE, L.; JARVI, L.; JOHANSSON, L.; PALM, S.; RUBIN, J. F.; GLIMSATER, C. E.; LANDERGREN, P.; RYMAN, N. (2002). «Spatial and temporal population structure of sea trout at the Island of Gotland, Sweden, delineated from mitochondrial DNA». *Journal of Fish Biology*, vol. 60, núm. 1, p. 49-71.

- LEARY, R. F.; ALLENDORF, F. W.; SAGE, G. K. (1995). «Hybridization and introgression between introduced and native fish». *American Fisheries Society Symposium*, núm. 15, p. 91-101.
- LYNCH, M.; RITLAND, K. (1999). «Estimation of pairwise relatedness with molecular markers». *Genetics*, vol. 152, núm. 4, p. 1753-1766.
- MACHORDOM, A.; GARCÍA-MARÍN, J. L.; SANZ, N.; ALMODÓVAR, A.; PLA, C. (1999). «Allozyme diversity in brown trout (*Salmo trutta*) from Central Spain: genetic consequences of restocking». *Freshwater Biology*, vol. 41, núm. 4, p. 707-717.
- MARTÍNEZ, P.; ARIAS, J.; CASTRO, J.; SÁNCHEZ, L. (1993). «Differential stocking incident in brown trout (*Salmo trutta*) populations from Northwestern Spain». *Aquaculture*, vol. 114, núm. 3-4, p. 203-216.
- MCMEEL, O. M.; HOEY, E. M.; FERGURSON, A. (2001). «Partial nucleotide sequences, and routine typing by polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism, of the brown trout (*Salmo trutta*) lactate dehydrogenase, *LDH-C1**90 and *100 alleles». *Molecular Ecology*, vol. 10, núm. 1, p. 29-34.
- NADAL, J.; SOSTOA, A. de; CASALS, F.; APARICIO, E.; VARGAS, M. J.; OLMO, J. M.; PUIG, M. A.; MALO, J. (1995). *Evaluación de caudales ecológicos: Informe técnico del equipo de ríos*. Barcelona: FECSA. [Informe inèdit]
- NADAL, J.; SOSTOA, A. de; CASALS, F.; PUIG, M. A. (1990). *Anteproyecto: Evaluación de caudales ecológicos: Informe técnico del equipo de ríos*. Barcelona: FECSA. [Informe inèdit]
- NEI, M. (1987). *Molecular Evolutionary Genetics*. Nova York: Columbia University Press.
- NEI, M.; TAJIMA, F.; TATENO, Y. (1983). «Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data». *Journal of Molecular Evolution*, vol. 19, núm. 2, p. 153-170.
- NIELSEN, E. E.; BACH, L. A.; KOTLICKI, P. (2006) «HYBRIDLAB (version 1.0): a program for generating simulated hybrids from population samples». *Molecular Ecology Notes*, vol. 6, núm. 4, p. 971-973.
- O'REILLY, P. T.; HAMILTON, L. C.; MCCONNELL, S. K.; WRIGHT, J. M. (1996). «Rapid analysis of genetic variation in Atlantic salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotids and tetranucleotide microsatellites». *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, vol. 53, núm. 10, p. 2292-2298.
- ØSTERGAARD, S.; HANSEN, M. M.; LOESCHKE, V.; NIELSEN, E. E. (2003) «Long-term temporal changes of genetic composition in brown trout (*Salmo trutta* L.) populations inhabiting an unstable environment». *Molecular Ecology*, vol. 12, núm. 11, p. 3123-3135.
- PATERSON, S.; PIERTNEY, S. B.; KNOX, D.; GILBEY, J.; VERSPOOR, E. (2004). «Characterization and PCR multiplexing of novel highly variable tetranucleotide Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) microsatellites». *Molecular Ecology Notes*, vol. 4, núm. 2, p. 160-162.
- POTEAUX, C.; BONHOMME, F.; BERREBI, P. (1999). «Microsatellite polymorphism and genetic impact of restocking in Mediterranean brown trout (*Salmo trutta* L.)». *Heredity*, vol. 82, núm. 6, p. 645-653.
- PRESA, P.; GUYOMARD, R. (1996). «Conservation of microsatellites in three species of salmonids». *Journal of Fish Biology*, vol. 49, núm. 6, p. 1326-1329.
- PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. (2000). «Inference of population structure using multilocus genotype data». *Genetics*, vol. 155, núm. 2, p. 945-959.
- RAYMOND, M.; ROUSSET, F. (1995). «GENEPOP (version 3.3): a population genetics software for exact test and ecumenicism». *Journal of Heredity*, vol. 86, núm. 3, p. 248-249.
- ROCASPANA, R.; CIA, I.; ARÉVALO, J. A.; ESCUÉ, A.; POU, J.; POU, C. (2006a). *Diagnosi ambiental de les zones lliures de pesca sense mort de Catalunya*. Barcelona: Generalitat de Catalunya. Departament de Medi Ambient i Habitatge. [Informe inèdit]
- (2006b). *Estudi de la mida mitjana de la truita en les zones d'alta muntanya de Catalunya*. Barcelona: Generalitat de Catalunya. Departament de Medi Ambient i Habitatge. [Informe inèdit]
- ROCASPANA, R.; CIA, I.; COLELL, J.; ROCASPANA, J. (2005). *Diagnosi de l'estat de les poblacions de peixos del Parc Natural de l'Alt Pirineu*. Barcelona: Generalitat de Catalunya. Departament de Medi Ambient i Habitatge. [Informe inèdit]
- ROHLF, F. J. (1993). *NTSYS-pc. Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 1.80*. Nova York: Applied Biostatistics Inc.
- RUZZANTE, D. E.; HANSEN, M. M.; MELDRUP, D. (2001). «Distribution of individual inbreeding coefficients, relatedness and influence of stocking on native anadromous brown trout (*Salmo trutta*) population structure». *Molecular Ecology*, vol. 10, núm. 9, p. 2107-2128.

- SANZ, N.; ARAGUAS, R. M.; FERNÁNDEZ, R.; VERA, M.; GARCÍA-MARÍN, J. L. (2009). «Efficiency of markers and methods for detecting hybrids and introgression in stocked populations». *Conservation Genetics*, vol. 10, núm. 1, p. 225-236.
- SANZ, N.; GARCÍA-MARÍN, J. L.; PLA, C. (1998). «Proportions of native and introduced brown trout in adjacent fished and unfished Spanish rivers». *Conservation Biology*, vol. 12, núm. 2, p. 313-319.
- (2002). «Managing fish populations under mosaic relationships: the case of brown trout (*Salmo trutta*) in peripheral Mediterranean populations». *Conservation Genetics*, vol. 3, núm. 4, p. 385-400.
- SLETTAN, A.; OLKASER, I.; LIE, Ø. (1995). «Atlantic salmon, *Salmo salar*, microsatellites at the *SSOSL25*, *SSOSL85*, *SSOSL311*, *SSOSL417* loci». *Animal Genetics*, vol. 26, núm. 4, p. 281-282.
- (1996). «Polymorphic Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) microsatellites at the *SSOSL438*, *SSOSL439* and *SSOSL444* loci». *Animal Genetics*, vol. 27, núm. 1, p. 57-58.
- SOSTOA, A. de; CAIOLA, N.; VINYOLÉS, D.; SÁNCHEZ, S.; FRANCH, C.; CASALS, F. (2006). «Protocol 4: peixos». A: MUNNÉ, A.; SOLÀ, C.; PAGÈS, J. *Protocol d'avaluació de la qualitat biològica dels rius*. Barcelona: Agència Catalana de l'Aigua, p. 66-75.
- VERA, M. (2006). *Estudio de las variaciones espaciales y temporales de la diversidad genética de la trucha común, Salmo trutta, en ríos de la península Ibérica*. Tesis doctoral. Girona: Universitat de Girona.
- WANG, J. L. (2004). «Sibship reconstruction from genetic data with typing errors». *Genetics*, vol. 166, núm. 4, p. 1963-1979.

