



UNIVERZITET U KRAGUJEVCU
PRIRODNO-MATEMATIČKI FAKULTET

Tijana Z. Veličković

**Koncipiranje modela za održivo korišćenje
populacija kompleksa potočne pastrmke
(*Salmo* spp.) na području Srbije**

Doktorska disertacija

Kragujevac, 2023



UNIVERSITY OF KRAGUJEVAC
FACULTY OF SCIENCE

Tijana Z. Veličković

**The conception of the model for
sustainable use of the brown trout species
complex (*Salmo* spp.) populations on the
territory of Serbia**

Doctoral Dissertation

Kragujevac, 2023

Autor
Ime i prezime: Tijana Z. Veličković
Datum i mesto rođenja: 23. 01.1991. godine u Smederevskoj Palanci
Sadašnje zaposlenje: asistent na Prirodno-matematičkom fakultetu Univerziteta u Kragujevcu
Doktorska disertacija
Naslov: Koncipiranje modela za održivo korišćenje populacija kompleksa potočne pastrmke (<i>Salmo</i> spp.) na području Srbije
Broj stranica: 235
Broj slika: 26 slika, 14 tabela
Broj bibliografskih podataka: 584
Ustanova i mesto gde je rad izrađen: Prirodno-matematički fakultet, Univerzitet u Kragujevcu
Naučne oblasti (UDK): Ekologija, biogeografija i zaštita životne sredine i Zoologija (597.552.53:556.53(497.11)(043.3))
Komentori: dr Vladica Simić, redovni profesor, Prirodno-matematički fakultet, Univerzitet u Kragujevcu, dr Saša Marić, redovni profesor, Biološki fakultet, Univerzitet u Beogradu
Oцена i odbrana
Datum prijave teme: 12. 12. 2018. godine
Broj odluke i datum prihvatanja teme doktorske disertacije: IV-01-1008/8, 12. 12. 2018. godine
Komisija za ocenu naučne zasnovanosti teme i ispunjenosti uslova kandidata:
<ol style="list-style-type: none"> 1. Dr Vladica Simić, redovni profesor, Prirodno-matematički fakultet, Univerzitet u Kragujevcu, uža naučna oblast: Ekologija, biogeografija i zaštita životne sredine; 2. Dr Saša Marić, vanredni profesor, Biološki fakultet, Univerzitet u Beogradu, uža naučna oblast: Morfologija, sistematika i filogenija životinja; 3. Dr Akoš Horvat, viši naučni saradnik, Fakultet poljoprivrednih i prirodnih nauka, Univerzitet Sent Ištvan, Gedele, Mađarska, naučna oblast: Poljoprivredne nauke; 4. Dr Radek Šanda, naučni saradnik, Nacionalni muzej, Prag, Češka Republika; naučna oblast: Zoologija; 5. Dr David Stanković, naučni saradnik, Nacionalni institut za biologiju, Piran, Slovenija; naučna oblast: Zoologija i zoofiziologija (područje biologija) i Animalna biotehnologija (područje biotehnologija).
Komisija za ocenu i odbranu doktorske disertacije:
<ol style="list-style-type: none"> 1. Dr Milica Stojković Piperac, vanredni profesor, Prirodno-matematički fakultet, Univerzitet u Nišu, uža naučna oblast: Ekologija i zaštita životne sredine; 2. Dr Ana Petrović, docent, Prirodno-matematički fakultet, Univerzitet u Kragujevcu, uža naučna oblast: Ekologija, biogeografija i zaštita životne sredine; 3. Dr David Stanković, naučni saradnik, Nacionalni institut za biologiju, Ljubljana, Republika Slovenija, naučne oblasti: Zoologija i zoofiziologija (područje Biologija) i Animalna biotehnologija (područje Biotehnologija); 4. Dr Radek Šanda, viši naučni saradnik, Nacionalni muzej, Prag, Češka Republika, naučna oblast: Zoologija; 5. Dr Milena Radenković, naučni saradnik, Prirodno-matematički fakultet, Univerzitet u Kragujevcu, naučna oblast: Biologija.
Datum odbrane doktorske disertacije:

Mojoj porodici

Zahvalnica

Posebnu zahvalnost dugujem svojim mentorima, **dr Vladici Simiću**, redovnom profesoru Prirodno-matematičkog fakulteta u Kragujevcu i **dr Saši Mariću**, redovnom profesoru Biološkog fakulteta u Beogradu. **Profesoru Simiću** hvala na saradnji koja traje od mojih studentskih dana, znanju koje mi je preneo, prilici da budem deo jednog izvanrednog tima, divnoj saradnji u nastavi i različitim naučno-stručnim aktivnostima Akvarijuma. Srdačno hvala i na velikom poverenju, kao i pomoći prilikom izrade ove disertacije. **Profesoru Mariću** dugujem ogromnu zahvalnost za pomoć od laboratorijskog rada, softverske obrade podataka do bezbrojnih čitanja različitih verzija tekstova ove disertacije i različitih publikacija. Takođe, veoma sam mu zahvalna na ogromnom strpljenju i uloženom vremenu, prenosu znanja, usmeravanju tokom rada i odgovoru na svako pitanje i nedoumicu koje sam imala. Saradnja sa mojim mentorima je velika škola za koju sam sigurna da će mi veoma značiti do kraja profesionalne karijere.

Dr Davidu Stankoviću, naučnom saradniku Nacionalnog instituta za Biologiju u Ljubljani, dugujem veliku zahvalnost za veliki doprinos u realizaciji ove doktorske disertacije. Takođe, zahvalna sam mu na uloženom vremenu i obuci za rad u velikom broju softverskih programa. Veliko znanje koje poseduje u oblasti bioinformatike, sve sugestije i predlozi znatno su unapredili rezultate ove disertacije.

Dr Radeku Šandi, višem naučnom saradniku Nacionalnog muzeja u Pragu, veoma zahvaljujem na pruženoj prilici za rad u njegovoj laboratoriji, velikoj pomoći, divnoj saradnji, kolegijalnom odnosu kao i velikom prenosu znanja.

Dr Mileni Radenković, naučnom saradniku Prirodno-matematičkog fakulteta u Kragujevcu, veliko hvala na izuzetnoj podršci i „glasu razuma“ tokom svih ovih godina, kao i svim korisnim savetima i sugestijama tokom pisanja ove doktorske disertacije.

Dr Ani Petrović, docentu Prirodno-matematičkog fakulteta u Kragujevcu, zahvaljujem se na vrlo korisnim sugestijama prilikom čitanja ove disertacije i dugogodišnjoj divnoj saradnji u nastavi i različitim naučnim aktivnostima.

Dr Milici Stojković Piperac, vanrednom profesoru Prirodno-matematičkog fakulteta u Nišu, zahvaljujem se na izdvojenom vremenu za pregled disertacije, kao i korisnim savetima i sugestijama.

Dr Snežani Simić, redovnom profesoru Prirodno-matematičkog fakulteta u Kragujevcu, hvala na pruženoj šansi, izuzetnoj saradnji, interesovanju za moj rad i velikoj podršci još od studentskih dana.

Dr Alešu Snoju, naučnom savetniku Biotehnološkog fakulteta u Ljubljani, zahvaljujem na prilici da se u njegovoj laboratoriji vrši analiza mikrosatelitskih lokusa i na jako korisnim sugestijama vezanim za publikaciju rezultata ove disertacije.

Kolegama departmana za Zoologiju Nacionalnog muzeja u Pragu posebno hvala na divnim trenucima koje sam provela tokom studijskih boravaka u Pragu i svakodnevnoj pomoći prilikom laboratorijskog rada, a posebno kolegicama **dr Divilé Barcytè** i **Evi Ašenbrenеровá**.

Veliku zahvalnost dugujem i **dr Jasni Vukić**, naučnom savetniku Karlovog Univerziteta u Pragu, na lepoj saradnji, interesovanju za moj rad i prijateljskoj podršci tokom pisanja disertacije.

Dr Zoranu Markoviću, redovnom profesoru i kolegama sa grupe za **Primenjenu zoologiju i ribarstvo** Poljoprivrednog fakulteta u Beogradu, najlepše hvala na kolegijalnom odnosu i pomoći tokom pojedinih analiza u njihovoj laboratoriji.

Kako je većina materijala ove disertacije prikupljena tokom izrada programa upravljanja ribarskim područjima, zahvalnost za veliku pomoć na terenu dugujem i sledećim korisnicima ribarskih područja: Asocijacija „Veternica-Vlasina“ Leskovac, „Južna Morava Dva” Niš, JP „Srbijašume“ Beograd, „Cassini Fishing“ Arilje, Zajednica ribolovaca „Timočka krajina“ Zaječar, „Plus sport“ Kraljevo, JP. „Nacionalni park Kopaonik“, „Balkan Eco Team“ Prijepolje i Pravoslavna Eparhija vranjska. **Ognjenu Krnetiću** najlepše hvala na interesovanju i pomoći tokom prikupljanja materijala. Posebnu zahvalnost dugujem **Ninoslavu Kostiću** za veliki entuzijizam i interesovanje za moj rad, pomoć i podršku tokom terenskog rada.

Privrednom društvu Mrestilište „Braduljica“ iz Ivanjice i svim entuzijastima koji su uključeni u njegov rad, a sa kojima imam divnu saradnju još od izrade master rada, izuzetno sam zahvalna na pomoći prilikom analize matičnog jata ribnjaka „Panjica“ i na uvek divnoj saradnji. Za omogućavanje uzorakovanja i lepu saradnju veliko hvala i timu **ribnjaka Sokobanjska Moravica**.

Svojim kolegama i prijateljima, **Marku Vlajkoviću**, **Bojanu Matejiću** i **Milošu Stojiljkoviću** veoma sam zahvalna na izuzetnom zalaganju i pomoći prilikom prikupljanja materijala za ovu doktorsku disertaciju. **Dr Nataši Kojadinović** sam izuzetno zahvalna za svu pomoć u terenskom radu, kao i za podršku posebno tokom početka moje profesionalne karijere.

Veliko hvala kolegama sa Instituta za biologiju i ekologiju Prirodno-matematičkog fakulteta u Kragujevcu. Posebno hvala dragim kolegama: **dr Aleksandri Milošković**, **dr Simoni Đuretanović**, **dr Neveni Đorđević**, **Miroslavu Burdžiću**, **Aleksandri Rakonjac**, **Andriji Dumanoviću**, **Predragu Simoviću**, **Mariji Jakovljević**, **Marijani Nikolić**, **Marini Nikolić** i **Aleksi Cvetkoviću** na podršci, pomoći u različitim fazama izrade ove disertacije, lepim trenucima i divnim uspomnama. Takođe, veliko hvala **Jovani Jovankić** za podršku u najtežim trenucima i svaki dragoceni savet. Izuzetno sam zahvalna i svom mlađem kolegi sa Biološkog fakulteta u Beogradu, **Đorđu Gajiću**, za svu pomoć i veliku podršku.

Hvala mojim prijateljima i kumovima koji su me bodrili i bili uz mene sve ove godine. Najlepše hvala na podršci i razumevanju za sve one dragocene trenutke koje sam ponekada morala propustiti. Posebnu zahvalnost dugujem **Danijeli Nikodijević** za najdivnije prijateljstvo, razumevanje, podršku i brigu o mojim problemima kao da su njeni.

Najveću zahvalnost dugujem svojoj porodici, majci **Krski**, ocu **Zoranu**, sestri **Jasni**, bratu **Vladimiru** i zetu **Alenu**. Njihova bezgranična ljubav, podrška, vera u mene (kada je ni sama nisam imala), kao i pomoć u svakom smislu, glavni su izvori snage, motivacije i inspiracije za sve moje životne uspehe. Za svu ljubav, požrtvovanje i razumevanje, posvećujem vam ovaj doktorat.

Tijana Veličković

APSTRAKT

U ovoj disertaciji, urađena je do sada najobimnija genetička i ekološka analiza populacija potočne pastrmke sa teritorije Srbije. Rezultati disertacije pružili su novi uvid u filogeniju i filogeografiju kompleksa potočne pastrmke sa znatno šireg areala taksona. Za teritoriju Srbije, detektovano je gotovo dvostruko više haplotipova u odnosu na prethodne studije. Haplotipska raznovrsnost dunavske filogenetske linije u Srbiji je veoma visoka u poređenju sa drugim regionima u slivu Dunava, što se ogleda kroz prisustvo haplotipova iz DA-ES i DA-BS haplogrupa, kao i iz novopisane DA-INT haplogrupe. Suprotno uobičajenom uverenju, rezultati ove disertacije jasno pokazuju da se diverzifikacija unutar kompleksa potočne pastrmke odigrala u kasnom pliocenu, a ne u pleistocenu. Primenom mikrosatelitskih markera detektovana je složena populaciona struktura potočne pastrmke u Srbiji. Međutim, u odnosu na prethodne studije, zabeležen je viši nivo introgresije i introgresivne hibridizacije između autohtone dunavske linije potočne pastrmke i alohtonih filogenetskih linija. Razvijanjem modela ESHIPPOsalmo utvrđen je umeren stepen održivosti za gotovo polovinu analiziranih populacija, dok je za šest populacija utvrđen nizak stepen održivosti. U cilju konzervacije populacija potočne pastrmke, za teritoriju Srbije, može se predložiti pet evoluciono značajnih jedinica i 19 upravljačkih jedinica. Na primeru genotipizacije matičnog jata potočne pastrmke, ribnjaka „Panjica“, planiranog za poribljavanje ribolovnih voda Srbije, ukazano je na značaj monitoringa i upotrebe genetičkih markera u cilju uspostavljanja mera za umanjeње štetnih efekata poribljavanja. Za očuvanje populacija potočne pastrmke sa teritorije Srbije, neophodno je unaprediti i pravilno sprovoditi upravljanje populacijama.

Ključne reči: kompleks potočne pastrmke, Srbija, mitohondrijska DNK, dunavska filogenetska linija, vremenski kalibrisana filogenija, mikrosateliti, ESHIPPOsalmo model, konzervacija, održivo korišćenje.

ABSTRACT

In this dissertation, the most extensive genetic and ecological analysis of brown trout populations from Serbia to date has been conducted. The obtained results also provide new insight into the phylogeny and phylogeography of the brown trout species complex from a much wider taxon area. For Serbia, almost twice as many haplotypes were detected compared to previous studies. The haplotype diversity of the Danubian lineage in Serbia is higher compared to other regions in the Danube basin, which is reflected in the presence of haplotypes from the DA-ES and DA-BS, as well as the newly described DA-INT haplogroup. Contrary to common belief, the results of this dissertation clearly show that diversification within the brown trout complex took place in the late Pliocene, not the Pleistocene. A complex population structure of brown trout in Serbia was detected by applying microsatellite markers. However, compared to previous studies, a higher level of introgression and introgressive hybridization was recorded between the autochthonous Danubian and allochthonous lineages. Development of the ESHIPPOsalmo model determined a moderate level of sustainability for almost half of the analyzed populations, while a low sustainability level was determined for six populations. Five Evolutionarily significant units and 19 Management units can be proposed to conserve brown trout populations in Serbia. By genotyping the "Panjica" hatchery brown trout broodstock planned for stocking the fishing waters of Serbia, the importance of monitoring and usage of genetic markers was indicated to establish measures for reducing the adverse effects of stocking. In order to preserve the population of brown trout from Serbia, it is necessary to improve and adequately implement population management.

Key words: brown trout species complex, Serbia, mitochondrial DNA, Danubian lineage, time-calibrated phylogeny, microsatellite DNA, ESHIPPOsalmo model, conservation, sustainable use.

SADRŽAJ

1. UVOD	1
1.1. Uvodne napomene	1
1.2. Pregled literature	3
1.2.1. Familija Salmonidae	3
1.2.1.1. Rasprostranjenje i opšte odlike familije Salmonidae	3
1.2.1.2. Klasifikacija i filogenetski odnosi unutar familije Salmonidae	5
1.2.2. Kompleks potočne pastrmke	6
1.2.2.1. Rasprostranjenje potočne pastrmke	6
1.2.2.2. Klasifikacija potočne pastrmke i taksonomski problemi	8
1.2.2.3. Biologija i ekologija potočne pastrmke – opšte odlike	9
1.2.3. Molekularno-genetička istraživanja riba	12
1.2.3.1. Molekularni markeri i metode	13
1.2.3.1.1. Mitohondrijska DNK	14
1.2.3.1.2. Mikrosatelitska DNK	15
1.2.4. Pregled dosadašnjih molekularno-genetičkih istraživanja kompleksa potočne pastrmke	17
1.2.4.1. Pregled dosadašnjih molekularno-genetičkih istraživanja kompleksa potočne pastrmke na teritoriji Srbije	23
1.2.5. Faktori ugrožavanja i konzervacija potočne pastrmke	26
2. CILJ ISTRAŽIVANJA	29
3. MATERIJAL I METODE	30
3.1. Raspored lokaliteta istraživanja, metodologija uzorkovanja i broj prikupljenih uzoraka	30
3.2. Molekularno-genetičke metode	34
3.2.1. Ekstrakcija genomske DNK	34
3.2.2. Kontrolni region mitohondrijske DNK	34
3.2.2.1. Amplifikacija, provera uspešnosti amplifikacije i sekvenciranje kontrolnog regiona mitohondrijske DNK	34
3.2.2.2. Programska analiza kontrolnog regiona mitohondrijske DNK	35

3.2.3. <i>LDH</i> gen	37
3.2.3.1. Amplifikacija, provera uspešnosti amplifikacije i restrikciona analiza <i>LDH</i> gena	37
3.2.4. Mikrosatelitska DNK	38
3.2.4.1. Amplifikacija i fragment analiza mikrosatelitskih lokusa.....	38
3.2.4.2. Programske analize mikrosatelitske DNK	41
3.3. Procena održivosti istraživanih populacija potočne pastrmke koncipiranjem modela ESHIPPOsalmo	42
4. REZULTATI	48
4.1. Filogeografske i populaciono-genetičke analize potočne pastrmke.....	48
4.1.1. Kontrolni region mitohondrijske DNK	48
4.1.2. Mikrosatelitska DNK	65
4.2. Genetička struktura matičnog jata ribnjaka „Panjica“	75
4.3. ESHIPPOsalmo model	81
5. DISKUSIJA.....	87
5.1. Vremenski kalibrisana filogenija <i>Salmo</i> spp.	87
5.2. Filogenija i filogeografija dunavske linije kompleksa potočne pastrmke.....	91
5.3. Filogeografska i populaciono-genetička struktura potočne pastrmke na teritoriji Srbije	92
5.4. Glavni ugrožavajući faktori populacija potočne pastrmke na teritoriji Srbije	100
5.5. Preporuke za konzervaciju populacija potočne pastrmke u Srbiji	103
5.6. Predlog mera za umanjenje štetnih efekata poribljavanja na primeru genotipizacije matičnog jata potočne pastrmke ribnjaka „Panjica“	110
6. ZAKLJUČCI	114
7. LITERATURA.....	116
8. PRILOG	159

1. UVOD

1.1. Uvodne napomene

Potočna pastrmka *Salmo trutta* Linnaeus, 1758 je široko rasprostranjena salmonidna vrsta, sa prirodnim arealom u Evroaziji i Severnoj Africi (Behnke, 1986). Karakteriše je postojanje brojnih divergentnih lokalnih populacija (Baric i sar., 2010), odnosno jedan od najviših stepena intraspecijskog diverziteta u grupi kičmenjaka (Laikre i sar., 1999; Bernatchez, 2001; Frank i Baret, 2013). Kao odgovor na ekološku heterogenost životne sredine, potočna pastrmka pokazuje izuzetnu morfološku i ekološku plastičnost, čak i na malom geografskom prostoru (Lobón-Cerviá, 2018). Navedeno je glavni razlog izrazitih neslaganja u pogledu njene taksonomije, sistematike i filogenije. Trenutno FishBase (baza podataka o ribama) (<http://www.fishbase.org>) prepoznaje do 45 vrsta pastrmki iz roda *Salmo* (Sanz, 2018). Veliki broj filogenetski srodnih taksona, mnogi autori svrstavaju u kompleks *S. trutta*, sa izuzetkom vrsta *Salmo salar* Linnaeus, 1758, *Salmo ohridanus* Steindachner, 1892 i *Salmo obtusirostris* (Heckel, 1851) (Bernatchez i sar., 1992; Bernatchez, 2001; Simonović i sar., 2007; Razpet i sar., 2007; Lo Brutto i sar., 2010; Snoj i sar., 2010; Meraner i sar., 2013; Gratton i sar., 2014; Pustovrh i sar., 2014; Sanz, 2018).

Analizom kontrolnog regiona mitohondrijske DNK (KR mtDNK) opisane su sledeće filogenetske linije kompleksa potočne pastrmke: dunavska, atlantska, jadranska, mediteranska, *marmoratus* (Bernatchez i sar., 1992; Bernatchez, 2001), Duero (Suárez i sar., 2001; Presa i sar., 2002; Hermida i sar., 2009; Vera i sar., 2010), Tigris (Sušnik i sar., 2005), Dades (Snoj i sar., 2011), severno-afrička (Tougaard i sar., 2018) i atlantsko-marokanska (Snoj i sar., 2021).

Kao visoko cenjena riba u rekreativnom ribolovu, direktno zavisna od kvaliteta vode i funkcionalnosti ekosistema, potočna pastrmka izaziva zainteresovanost ribolovaca, javnosti i državnih institucija (Young i sar., 2018). Potočna pastrmka je slatkovodna vrsta sa najdužom zabeleženom istorijom upravljanja (Buckland, 1863; Halford, 1902; Buckland-Nicks i sar., 2012; Young i sar., 2018). Jedna je i od najviše proučavanih slatkovodnih riba, te predstavlja i značajan model sistem u konzervacionoj biologiji i ekologiji (Elliott, 1996; Crisp, 2000; Hendry i Stearns, 2003; Harris i Milner, 2007; Young i sar., 2018).

Balkansko poluostrvo karakterišu fenotipski najraznovrsnije populacije *Salmo* spp. (Kottelat i Freyhof, 2007; Simonović i sar., 2007; Apostolidis i sar., 2011).

Srbija se može označiti kao hidrografski čvor Balkana (Marić i sar., 2006a), budući da reke sa teritorije Srbije otiču u tri mora: Crno (92,6%), Jadransko (5,2%) i Egejsko (2,2%) (Gavrilović i Dukić, 2002; Simić i Simić, 2012). U okviru Crnomorskog sliva izdvajaju se sistemi Dunava, Tise, Save, Drine, Kolubare, Velike Morave i Timoka. Jadranski sliv čini sistem Belog Drima, a Egejski sliv čine sistemi Lepenca, Pčinje i Dragovišnice (Urošev i sar., 2022).

Hidrografske karakteristike Srbije su rezultat paleogeografskih, paleoklimatskih i geotektonskih događaja (Stevanović, 1982) koji su uzrokovali pojavu odvojenih, lokalno specifičnih populacija potočne pastrmke (Marić i sar., 2006a). U ranijim studijama detektovano je pet taksona potočne pastrmke na teritoriji Srbije. Gornje tokove rečnih sistema Crnomorskog sliva, odnosno Zapadnu Moravu, Južnu Moravu, Veliku Moravu, Mlavu, nekoliko pritoka Dunava u Đerdapskoj klisuri i Timok naseljava *Salmo labrax* Pallas, 1814

(Janković, 1963; Simonović, 2001; Marić i sar., 2006a), dok sistem Save naseljava *Salmo taleri* (Karaman, 1933) (Georgijev, 2003; Simonović i sar., 2007). Jadranski sliv naseljava primorska pastrmka *Salmo farioides* Karaman, 1938 i glavatica *Salmo marmoratus* Cuvier, 1829, a Egejski sliv makedonska pastrmka *Salmo macedonicus* (Karaman, 1924) (Šorić, 1990; Marić i sar., 2004). Izraziti diverzitet kompleksa potočne pastrmke na teritoriji Srbije potvrđen je i filogeografskim i populaciono-genetičkim studijama (Marić i sar., 2006b, 2022; Tošić i sar., 2014, 2016; Simonović i sar., 2017; Škraba Jurlina i sar., 2020; Kanjuh i sar., 2021).

U vodenim ekosistemima Srbije zabeleženo je višedecenijsko smanjenje brojnosti populacija potočne pastrmke, prouzrokovano promenama vodnog režima, tipa i kvaliteta staništa, ali i introdukcijom alohtonih jedinki prilikom neadekvatnog i neplanskog poribljavanja (Marić, 2005; Marić i sar., 2022).

U ovoj disertaciji sprovedena je najobimnija genetično-ekološka analiza potočne pastrmke za teritoriju Srbije. Analizirane su populacije iz rečnih sistema Dunava, Strume i Vardara, kao i ribnjačke populacije.

Filogenetska i filogeografska struktura populacija procenjena je analizom KR mtDNK, koji je označen kao „zlatni standard” i najzastupljeniji molekularni marker za proučavanje filogeografske istorije potočne pastrmke (Sanz, 2018).

Uvid u populaciono-genetičku strukturu ostvaren je analizom mikrosatelitske DNK. Analiza mikrosatelitskih lokusa omogućila je procenu genetičkog diverziteta populacija, stepena srodstva jedinki, kao i uticaja introdukcije alohtonih jedinki na autohtone populacije (Hansen i sar., 2000a; Hansen, 2002; Jug i sar., 2005; Apostolidis i sar., 2008; Meier i sar., 2011). Informacije dobijene karakterizacijom mikrosatelitskih lokusa, veoma su upotrebljive i pri odabiru jedinki za formiranje matičnog jata za potrebe proizvodnje autohtonog materijala za poribljavanje (Hansen i sar., 2000b).

Primenom ESHIPPOsalmo modela, koncipiranog u ovoj disertaciji, procenjena je održivost populacija potočne pastrmke na teritoriji Srbije. Model uključuje analizu osnovnih bioloških parametara (veličinu populacije, odlike životne istorije, ekologiju, populacione trendove i genetičku strukturu), kao i faktore ugrožavanja analiziranih populacija. Na osnovu sprovedenih molekularno-genetičkih analiza i primene pomenutog modela procenjen je i nivo ugroženosti populacija.

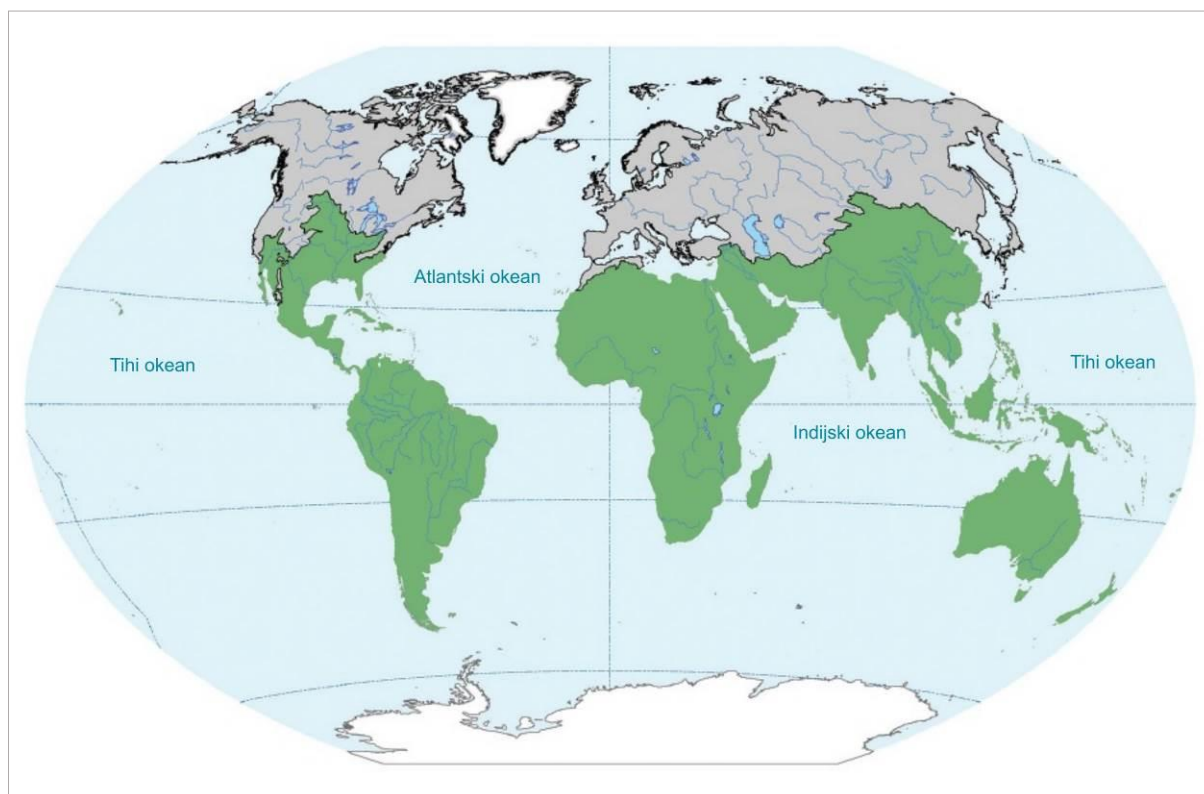
U cilju monitoringa i kontrole poribljavanja pastrmskih populacija na teritoriji Srbije, izvršena je genotipizacija matičnog jata ribnjaka „Panjica“. Jedinke koje su planirane za poribljavanje ribolovnih voda Crnomorskog sliva analizirane su pomoću tri tipa molekularnih markera (KR mtDNK, *LDH* gen i mikrosateliti).

1.2. Pregled literature

1.2.1. Familija Salmonidae

1.2.1.1. Rasprostranjenje i opšte odlike familije Salmonidae

Familija Salmonidae ima cirkumpolarno rasprostranjenje, odnosno prisutna je na severnoj Zemljinoj hemisferi (Slika 1), dok su pojedini predstavnici introdukovani u hladnovodne ekosisteme širom sveta, usled značaja za komercijalni, rekreativni ribolov i akvakulturu (Kottelat i Freyhof, 2007; Simonović, 2001; Stanković i sar., 2015). Predstavnici familije naseljavaju gornje tokove reka, visokoplaninska jezera i priobalja mora (migratorne vrste i populacije). Većina vrsta naseljava hladne vode, bogate kiseonikom, dok određene vrste imaju i znatno širu ekološku valencu (Simonović, 2001).



Slika 1. Geografsko rasprostranjenje familije Salmonidae. Nativna distribucija familije prikazana je sivom bojom (Lee i sar., 1980; Berra, 2001; Behnke, 2002; Nelson, 2006; modifikovano prema Keeley, 2019).

Familija uključuje anadromne vrste, koje najveći deo životnog ciklusa provode u morima, i potamodromne vrste, prilagođene isključivo životu u slatkim vodama (poput mekousne pastrmke *S. obtusirostris* ili mladice *Hucho hucho* (Linnaeus, 1758)). Anadromne salmonide karakteriše primarna metamorfoza do koje dolazi prilikom nizvodnih migracija mlađi u marinske ekosisteme. Sekundarna metamorfoza se odvija tokom uzvodnih migracija, kada pred period mresta dolazi do promena glavenog skeleta, što je izraženo kod mužjaka u vidu kukastog zakrivljenja donje vilice. Kod pripadnika pojedinih rodova, poput roda *Salmo*, promene nastale sekundarnom metamorfozom se gube tokom nizvodnih migracija nakon reprodukcije, kada dolazi do takozvane „regresivne metamorfoze“ (Saundres i Schom, 1985; Tošić, 2016).

Glavne dijagnostičke karakteristike familije su sledeće: zubi su prisutni na jezičnoj kosti; prisutan je *os mesocoracoideum* u ramenom pojasu; spoj škržnih duplikatura u kojima se nalaze branhiostegalne kosti postavljen je anteriorno i ne prekriva *isthmus*; prisutan je aksilarni izraštaj na trbušnim perajima (*eng.* pelvic axillary process); spoljašnja površina kičmenih pršljenova je izbrazdana i konkavna; poslednja tri kičmena pršljena su izdignuta u odnosu na raspored ostalih pršljenova u kičmenici; 11-210 piloričnih nastavaka; 7-20 branhiostegalnih kostiju (*os branchiostegalia*); 50-75 kičmenih pršljenova; juvenilne jedinke većine vrsta karakterišu bočne uspravne šare (Nelson i sar., 2016). Takođe, jedna od osnovnih zajedničkih karakteristika svih vrsta riba iz familije Salmonidae je postojanje masnog ili adipoznog peraja, koje se nalazi između leđnog i repnog peraja (Marić, 2005).

Telo svih predstavnika familije je vretenastog oblika, prekriveno sitnim krljuštima, koje odsustvuju sa glave. Bočna linija je jasno uočljiva. Leđno peraje je kratko. Dentalne, gornjovilične i međuvilične kosti su nazubljene, što važi i za vomer, koji je nazubljeniji u odnosu na kosti gornje vilice. Štaviše, oblik i nazubljenost vomera, kao i broj piloričnih nastavaka su važani taksonomski karakteri za identifikaciju riba iz ove familije (McDowall i sar., 1998; Marić, 2005). Salmonidne vrste karakterišu i crne i/ili crvene pege na leđima i bokovima tela, a pojedine vrste i različiti tipovi pruga i šara (McDowall i sar., 1998).

Ribe iz ove familije dostižu različite dimenzije tela, u rasponu od ~13 cm do 2 m totalne dužine (Nelson i sar., 2016). Dok vrste iz rodova *Salmo* i *Salvelinus* u manjim ekosistemima narastu približno do 30 ili 40 cm totalne dužine i između 0,3 i 1 kg mase tela, one iz većih, dubljih reka ili jezera mogu narasti znatno više, čak i preko 22 kg, a pojedine (mladica) i preko 50 kg (Aganović, 1979).

Mrest se odvija od jeseni do proleća, uglavnom od novembra do januara, ređe do februara, zavisno od vrste, mada ima izuzetaka, odnosno vrsta koje se mreste s proleća, u martu i aprilu (npr. mladica, mekousna pastrmka, lipljen *Thymallus thymallus* (Linnaeus, 1758)). Mrest se odvija isključivo u slatkoj vodi, i to u izvorišnim delovima potoka ili reka, ili pak u priobalnim delovima jezera, obično na peskovitom ili šljunkovitom dnu. Tokom sezone mresta jedinke se skupljaju u veće agregacije, bore se za mresno mesto (tzv. bojišta) i polažu ikru, koju nakon oplodnje repom zatrpavaju u podlogu. Teritorijalnost se ogleda u borbi za mresno mesto (Simonović, 2001; Marić, 2005; Tošić, 2016).

Salmonidne vrste karakteriše raznovrsna ishrana koja uključuje larve akvatičnih insekata, račiće i sitniju ribu (McDowall i sar., 1998).

Veliki broj vrsta ove familije ima izuzetan privredni i socio-ekonomski značaj. Doprinos lokalnoj, ali i globalnoj ekonomiji ogleda se u njihovom značaju za akvakulturu i rekreativni sportski ribolov (Davidson i sar., 2010; Stanković i sar., 2015).

1.2.1.2. Klasifikacija i filogenetski odnosi unutar familije Salmonidae

Phylum – Chordata

Subphylum – Vertebrata

Classis – Osteichthyes

Subclassis – Actinopterygii

Infraclassis – Teleostei

Superordo – Protacanthopterygii

Ordo – Salmoniformes

Familia – Salmonidae

Klasifikacija familije salmonida (Nelson i sar., 2016).

Evolucijski odnosi unutar familije Salmonidae su decenijama u fokusu opsežnih sistematskih i filogenetskih istraživanja (Norden, 1961; Behnke, 1972; Stearley i Smith, 1993; Phillips i Oakley, 1997; Crespi i Fulton, 2004; Crête-Lafrenière i sar., 2012; Fricke i sar., 2019; Campbell i sar., 2020).

Inicijalna morfološka istraživanja dovela su do brojnih neslaganja u vezi sa filogenetskim odnosima unutar familije (Norden, 1961; Kendall i Behnke, 1984; Dorofeeva, 1989; Stearley i Smith, 1993).

Najmlađi zajednički predak familije Salmonidae datiran je za period donje krede (pre 63 do 135 mgod) (Tchernavin, 1939), dok je procena da se genomska duplikacija kod predstavnika familije odigrala približno pre 60 mgod (Macqueen i Johnston, 2014; Lien i sar., 2016). Potfamilija Salmoninae datira iz epohe miocena, pre 13 do 25 mgod (Legendre, 1980; D'Agaro i sar., 2022).

Morfološke karakteristike podržavaju monofiliju familije Salmonidae, kao i postojanje tri potfamilije unutar familije: Coregoninae (ozimice), Thymallinae (lipljani) i Salmoninae (pastrmke i lososi) (Norden, 1961; Stearley i Smith, 1993; Kendall i Behnke, 1984; Crête-Lafrenière i sar., 2012). Međutim, pojedini autori navedene potfamilije smatraju posebnim familijama: Thymalidae, Coregonidae i Salmonidae (Simonović, 2001; Kottelat i Freyhof, 2007).

Dok je monofilija potfamilija generalno prihvaćena u naučnoj zajednici, njihove međusobne relacije još uvek nisu sasvim razjašnjene. Pojedine morfološke analize sugerišu da je potfamilija Coregoninae sestrinska klada preostalom delu familije Salmonidae (Stearley i Smith, 1993; Wilson i Li, 1999). Ovo je potvrđeno i molekularnim analizama mitohondrijskih sekvenci pojedinih vrsta familije Salmonidae (Yasuike i sar., 2010). Međutim, Koop i sar. (2008) na osnovu filogenetske analize seta jedarnih gena, sugerišu da bi potfamilija Thymallinae mogla zauzeti sestrinsku poziciju u odnosu na preostale dve potfamilije.

Na osnovu morfoloških (Sanford, 1990; Wilson i Williams, 2010) i molekularnih analiza (Yasuike i sar., 2010; Shedko i sar., 2012; Betancur-R i sar., 2013) potfamilije Salmoninae i Thymallinae se smatraju sestrinskim grupama. S druge strane, pojedine molekularno-genetičke studije u sestrinsku kladu svrstavaju Coregoninae i Salmoninae (Crête-Lafrenière i sar., 2012; Near i sar., 2012; Alexandrou i sar., 2013). Zatim, nekoliko autora kao sestrinske grupe označava Coregoninae i Thymallinae (Li i sar., 2010; BurrIDGE i sar., 2012; Campbell i sar., 2013; Macqueen i Johnston, 2014; Robertson i sar., 2017; Horreo, 2017). Dakle, svaka od tri navedene opcije je podržana u naučnoj literaturi.

Unutar potfamilije Coregoninae još uvek postoje nerazjašnjeni filogenetski odnosi između rodova *Coregonus* i *Stenodus* (Bodaly i sar., 1991; Bernatchez i sar., 1991; Sajdak i Phillips, 1997; Vuorinen i sar., 1998; Crête-Lafrenière i sar., 2012; Horreo, 2017). Velika neslaganja javljaju se i za poziciju roda *Parahucho* u potfamiliji Salmoninae (Oakley i Phillips, 1999; Crespi i Fulton, 2004; Matveev i sar., 2007; Shedko i sar., 2012; Crête-Lafrenière i sar., 2012; Campbell i sar., 2013, 2020; Alexandrou i sar., 2013; Horreo, 2017; Lecaudey i sar., 2018).

Trenutno, priznato je 10 rodova u okviru familije Salmonidae, pri čemu većina pripada potfamiliji Salmoninae. Konkretno, u okviru Salmoninae nalaze se rodovi: *Brachymystax*, *Hucho*, *Oncorhynchus*, *Parahucho*, *Salmo* i *Salvelinus*; u okviru Coregoninae: *Coregonus*, *Prosopium* i *Stenodus*; dok je potfamilija Thymallinae predstavljena rodom *Thymallus* (Wang i sar., 2022).

Na osnovu pregleda recentne literature, familija Salmonidae uključuje 228 vrsta, od kojih 86 spada u potfamiliju Coregoninae, 18 u potfamiliju Thymallinae i 124 vrste u potfamiliju Salmoninae (Fricke i sar., 2019; Campbell i sar., 2020).

Uprkos brojnim istraživanjima posvećenim rešavanju različitih aspekata filogenije salmonida, nejasnoće u vezi sa brojnim interspecijskim odnosima ostaju nerešene (Crête-Lafrenière i sar., 2012). U novijoj literaturi predložene su mnoge hipoteze o odnosima unutar familije koje ukazuju na ozbiljne izazove u proceni molekularno-filogenetskih odnosa. Dupliranje celokupnog genoma (*eng.* Whole Genome Duplication – WGD), karakteristično za ovu familiju, označava se kao jedan od doprinosećih faktora navedenih problema (Ohno, 1970; Allendorf i Thorgaard, 1984; Berthelot i sar., 2014; Macqueen i Johnston, 2014; Lien i sar., 2016; Campbell i sar., 2020).

1.2.2. Kompleks potočne pastrmke

1.2.2.1. Rasprostranjenje potočne pastrmke

Poslednjih decenija, nekoliko autora je, uz određena neslaganja, objavilo detaljne mape koje prikazuju nativni areal potočne pastrmke, kao i područja u koja je introdukovana (Fletcher, 1958; MacCrimmon i Marshall, 1968; MacCrimmon i sar., 1970; Heacox, 1974; Welcomme, 1988; Baglinière i Maisse, 1991; Kottelat i Freyhof, 2007; Lobón-Cervía, 2018).

Najšire prihvaćeni stav je da nativni areal potočne pastrmke obuhvata milione kvadratnih kilometara koji se prostiru na tri kontinenta – što implicira da je potočna pastrmka jedna od najšire rasprostranjenih salmonidnih vrsta (Lobón-Cervía, 2018). Konkretno, nativni areal potočne pastrmke se prostire od Islanda na severozapadu do sistema Aralskog jezera u

Avganistanu na istoku, i od Norveške i Rusije na severu i severozapadu do planine Atlas u Maroku na jugu (MacCrimmon i Marshall, 1968; Behnke, 1986; Elliott, 1994a; Berra, 2001; Slika 2).



Slika 2. Nativna distribucija potočne pastrmke. Isprekidane linije predstavljaju distribuciju anadromnih populacija (modifikovano prema Jonsson i Jonsson, 2011; Nevoux i sar., 2019).

Od 19. veka, usled ekonomskog značaja, započete su introdukcije potočne pastrmke u preostale delove Azije i Afrike, Australiju, Novi Zeland, Severnu i Južnu Ameriku (Laikre i sar., 1999; Klemetsen i sar., 2003). U područjima u koja je introdukovana, potočna pastrmka često formira samoodržive populacije, ali i ispoljava invazivni karakter (MacCrimmon i Marshall, 1968; MacCrimmon i sar., 1970).

Današnja široka geografska distribucija potočne pastrmke je posledica njene izrazite ekološke varijabilnosti, ekonomskog značaja za konzum i rekreativni ribolov, kao i odlične sposobnosti kolonizacije novih vodenih staništa (Klemetsen i sar., 2003).

1.2.2.2. Klasifikacija potočne pastrmke i taksonomski problemi

Phylum – Chordata

Subphylum – Vertebrata

Classis – Osteichthyes

Subclassis – Actinopterygii

Infraclassis – Teleostei

Superordo – Protacanthopterygii

Ordo – Salmoniformes

Familia – Salmonidae

Genus – *Salmo* Linnaeus, 1758

Species – *Salmo trutta* Linnaeus, 1758

Klasifikacija potočne pastrmke (Nelson i sar., 2016).

Uprkos dugogodišnjim i opsežnim istraživanjima, nomenklatura i taksonomski status brojnih populacija potočne pastrmke su još uvek nerazjašnjeni (Lobón-Cerviá, 2018). Usled izrazite fenotipske plastičnosti i postojanja velikog broja geografski izolovanih populacija, sa karakterističnim morfološkim odlikama, tokom godina je opisan veliki broj vrsta roda *Salmo* (Bernatchez i sar., 1992; Elliott, 1994b; Kottelat i Freyhof, 2007; Sanz, 2018).

Jonsson i Jonsson (2011) navode da usled nedovoljnog uzimanja u obzir visoke varijabilnosti ove politipske vrste, autori često dolaze do pogrešnih zaključaka koji rezultiraju slučajnim opisima vrsta. Takođe, veliki broj opisanih vrsta se javlja i usled nedovoljnog poznavanja pravila nomenklature i morfologije riba, kao i primene različitih koncepata vrste (Marić, 2005).

Taksonomski problemi su počeli pre oko 300 godina kada je Karl Line opisao tri ekološke forme potočne pastrmke (videti poglavlje 1.2.2.3) kao tri različite vrste (Linnaeus, 1758; Elliott, 1994b; Tougaard, 2022). U narednom periodu, objavljivane su brojne studije opisa novih vrsta, podvrsta i „morpha“ (Lobón-Cerviá, 2018), te se taksonomska klasifikacija zasnovana na boji i obliku tela, zadržala sve do 19. veka (Jonsson i Jonsson, 2011).

Dosadašnje morfološke studije roda *Salmo* rezultirale su različitim brojem opisanih vrsta za takson koji se danas naziva potočna pastrmka. Konkretno, broj opisanih vrsta varira od nekoliko (Cronquist, 1978), preko 30 (Kottelat i Freyhof, 2007; IUCN, 2022), do preko 50 (Behnke, 1986; Froese i Pauly, 2021). Samo za Balkansko poluostrvo opisano je preko 15 taksona roda *Salmo*: *S. labrax*, *S. marmoratus*, *S. obtusirostris*, *Salmo dentex* (Heckel, 1851), *S. ohridanus*, *Salmo letnica* (Karaman, 1924), *S. macedonicus*, *Salmo balcanicus* (Karaman, 1927), *S. taleri*, *Salmo montenigrinus* (Karaman, 1933), *S. farioides*, *Salmo peristericus* (Karaman, 1938), *Salmo zrmanjaensis* (Karaman, 1938), *Salmo pelagonicus* (Karaman, 1938), *Salmo visovacensis* (Taler, 1950), *Salmo lumi* Poljakov, Filipi, Basho & Hysenaj, 1958, *Salmo aphelios* Kottelat, 1997 i *Salmo lourosensis* Dellling, 2011 (Dellling, 2002, 2010; Simonović i sar., 2007; Berrebi i sar., 2013). Međutim, primenom molekularnih metoda

validnost pojedinih vrsta poput *S. dentex* (Snoj i sar., 2010) ili *Salmo platycephalus* Behnke, 1968 (Sušnik i sar., 2004) je osporena, dok je reklasifikacija u rod *Salmo* potvrđena za vrste poput *S. obtusirostris* (Snoj i sar., 2002) i *S. ohridanus* (Phillips i sar., 2000; Sušnik i sar., 2006).

Većina opisanih (morfo)vrsta je filogenetski veoma bliska vrsti *S. trutta*, i iz tog razloga, brojne taksonomske i filogenetske studije označavaju *S. trutta* kao kompleks vrsta, isključujući taksone *S. salar*, *S. obtusirostris* i *S. ohridanus* (Patarnello i sar., 1994; Bernatchez, 2001; Simonović i sar., 2007; Snoj i sar., 2010; Lo Brutto i sar., 2010; Vera i sar., 2011; Meraner i sar., 2013; Gratton i sar., 2014; Splendiani i sar., 2017; Sanz, 2018; Tougard, 2022). *Salmo trutta* se, takođe, posmatra kao polimorfna vrsta, koja uključuje populacije sa različitim morfotipovima i ekotipovima, razvrstane u najmanje 10 divergentnih evolucionih linija (Bernatchez i sar., 1992; Bernatchez, 2001; Suárez i sar., 2001; Sušnik i sar., 2005; Bardakci i sar., 2006; Vera i sar., 2010; Snoj i sar., 2011; Tougard i sar., 2018; Tougard, 2022; videti poglavlje 1.2.4.).

Do danas nije sprovedena filogenetska studija zasnovana na morfološkim karakteristikama koja uključuje sve vrste roda *Salmo*, dok su analize molekularne filogenije vršene za ograničen broj vrsta ovog roda (Tougard, 2022). Takođe, filogenetski odnosi između evolucionih linija kompleksa potočne pastrmke nisu u potpunosti razjašnjeni (Pustovrh i sar., 2014; Sanz, 2018; Tougard i sar., 2018, 2022; Guinand i sar., 2021; Hashemzadeh Segherloo i sar., 2021).

Navedeni problemi sistematike i taksonomije onemogućavaju razumevanje evolucione istorije potočne pastrmke i razvoj odgovarajućih strategija za konzervaciju autohtonih populacija (Bernatchez i sar., 1992; Antunes i sar., 2001; Fumagalli i sar., 2002; Snoj i sar., 2010; Crête-Lafrenière i sar., 2012; Gratton i sar., 2013; Ninua i sar., 2018; Hashemzadeh Segherloo i sar., 2021; Tougard, 2022).

Krajnji zaključci u vezi sa taksonomijom kompleksa potočne pastrmke moraju se zasnovati na integrativnom pristupu koji kombinuje genetičke, morfološke i ekološke podatke (Hashemzadeh Segherloo i sar., 2021).

1.2.2.3. Biologija i ekologija potočne pastrmke – opšte odlike

Potočna pastrmka, kao i ostali predstavnici familije Salmonidae, poseduje adipozno peraje bez žbica, koje se nalazi između leđnog i repnog peraja (Simonović, 2010). Vilice, vomer, jezična kost i palatinske kosti poseduju zube (Norden, 1961; Robison i Buchanan, 1988), koji su zakrivljeni ka unutrašnjosti usta i služe da zadrže plen kojim se pastrmka hrani (Povž i Sklet, 1990; Marić, 2005). Na vomeru se zubi zadržavaju tokom čitavog života, raspoređeni u dva do šest nizova u prednjem delu, dok je u zadnjem delu prisutan samo jedan niz (Simonović, 2001). Zadnji kraj gornje vilice daleko premašuje zadnju ivicu oka. Na prvom škržnom luku prisutno je od 18 do 24 branhiospine. Želudac je izrazito mišićav, a broj piloričnih nastavaka je od 40 do 100 (Vuković i Ivanović, 1971; Simonović, 2001). Riblji mehur postoji i dobro je razvijen (Tait, 1960). Bočna linija broji 112-132 krljušti (Simonović, 2001).

Telo je vretenastog oblika, prekriveno sitnim krljuštima, koje odsustvuju sa glave. Leđa i bokovi su najčešće tamnije obojeni sa izraženim pegama crne i/ili crvene boje, koje se

javljaju još na leđnom peraju i operkulumu (Povž i sar., 1996; Simonović, 2001). Juvenilne i rezidentne adultne jedinke mogu imati crven ili narandžast obod adipoznog peraja (Kottelat i Freyhof, 2007), dok juvenilne jedinke imaju i karakteristične poprečne pruge koje se gube u kasnijim fazama života (Jevtić, 1989). Međutim, boja tela jedinki veoma varira u zavisnosti od osobina staništa.

Na severnoj hemisferi potočna pastrmka se mresti od oktobra do marta, a najčešće u novembru ili decembru. Mrest se odvija na šljunkovitom dnu u brzim tekućicama ili u priobalnim delovima jezera u zoni talasa (Frost i Brown, 1967). Tokom mresta izražen je polni dimorfizam. Ženke imaju zaobljen trbuh i crven nabubrela polni otvor, dok se mužjaci odlikuju veoma razvijenom donjom vilicom u obliku kuke (Marić, 2005). Jaja se inkubiraju od šest do osam nedelja. Po izvaljivanju, larve opterećene žumančanom kesom su slabo pokretne i miruju u šljunku dok ne apsorbuju veći deo žumanca, nakon toga proplivavaju i počinju da se hrane planktonskim i bentosnim beskičmenjacima. Polnu zrelost stižu sa dve do tri godine (Sømme, 1941; Klemetsen i sar., 2003). Rastu prilično sporo. U prvoj godini jedinke narastu 10 do 14 cm, dok totalna dužina dvogodišnjih jedinki može dostići 20 do 25 cm (Jevtić, 1989). Zabeleženi maksimalni životni vek je oko 20 godina (Sømme, 1941), međutim, većina jedinki živi znatno kraće (Klemetsen i sar., 2003).

Potočna pastrmka naseljava bistre i hladne vode, sa temperaturom oko 10 °C i visokom koncentracijom kiseonika, poput planinskih potoka, gornjih tokova reka, visoko planinskih jezera, ili u slučaju migratornih vrsta – morske ekosisteme (Simić i Simić, 2012). Uglavnom živi u predelima umereno kontinentalne klime i u borealnoj zoni. Ukoliko postoji odgovarajući supstrat za mrest, temperaturni uslovi i zadovoljavajući kvalitet vode, ova vrsta može naseljavati niz različitih staništa, uključujući male potoke, velike reke, jezera, fjordove i priobalne vode (Klemetsen i sar., 2003).

Potočna pastrmka je izuzetno prilagodljiva različitim uslovima staništa spram kojih pokazuje visok nivo fenotipske plastičnosti, što se reflektovalo na postojanje velikog broja geografski specifičnih populacija, sa karakterističnim morfološkim odlikama (Marić, 2005). U zavisnosti od uslova staništa, pastrmka može razviti tri ekološke forme: rečnu (*Salmo trutta* forma *fario*), jezersku (*Salmo trutta* forma *lacustris*) i marinsku (*Salmo trutta* forma *trutta*) (Slika 3, 4, 5, respektivno).



Slika 3. *Salmo trutta* forma *fario* – rečna ekološka forma potočne pastrmke iz Džepske reke, Srbija (foto Saša Marić).



Slika 4. *Salmo trutta* forma *lacustris* – jezerska ekološka forma potočne pastrmke iz jezera Millstättersee, Austrija (foto Johannes Schöffmann).



Slika 5. *Salmo trutta* forma *trutta* – marinska ekološka forma potočne pastrmke, jugozapadna Norveška (foto Johannes Schöffmann).

Marinska forma je anadromna, veći deo životnog ciklusa provodi u morskim ekosistemima gde se hrani i polno sazreva, dok mrest obavlja u rečnim ekosistemima. Jezerska forma veći deo životnog ciklusa provodi u jezerskim ekosistemima, gde se može i mrestiti, ali mrest može obavljati i u rečnim ekosistemima. Rečna forma je rezidentna, odnosno čitav životni ciklus provodi u rečnim ekosistemima, u okviru kojih obavlja manje ili veće migracije (Elliott, 1994a). Važno je napomenuti da različite ekološke forme pastrmke mogu koezistirati u okviru istog staništa (Klemetsen i sar., 2003). Kao rezultat adaptacija na specifične uslove staništa, ekološke forme se karakterišu razlikama u životnom ciklusu, kao i u morfologiji (naročito veličini tela) (Frost i Brown, 1967; Campbell, 1977; Baglinière i sar., 2001). Rečnu formu pastrmke karakteriše vitko telo i obično može narasti do 50 cm (Slika 3). Jezerska forma dostiže veće dimenzije tela, do 1 m i preko 20 kg, na bokovima tela dominiraju crne krupne tačke, dok crvene gotovo da izostaju (Simonović, 2001; Slika 4). Marinska forma dostiže najveće dimenzije tela, veoma je slična atlantskom lososu i karakterišu je srebrnkasta leđa i crne piknje po leđima i bokovima (Chiereghini, 1818; Simonović, 2001; Slika 5). Uprkos suprotnom mišljenju Berga (1948), do nedavno, ekološke forme potočne pastrmke, smatrane su različitim vrstama (npr. Mills, 1971; Elliott, 1994a). Takođe, neki autori su ih tretirali kao podvrste: *S. trutta fario*, *S. trutta trutta* i *S. trutta lacustris* (npr. Whitehead i sar., 1984; Lelek, 1987). Međutim, nekoliko genetičkih studija je dokazalo da su pomenute forme zapravo ekotipovi iste vrste (Fleming, 1983; Skaala i Nævdal, 1989; Berrebi i sar., 2022a).

Potočnu pastrmku karakteriše oportunistička ishrana koja zavisi od uslova staništa, sezone, starosti i veličine jedinki (Bridcut i Giller, 1995). Juvenilne jedinke se uglavnom hrane sitnim bentosnim organizmima. Pastrmke pri dostizanju dužine od 20 do 30 cm, počinju da se hrane i ribama (Kahilainen i Lehtonen, 2002). Adulti potočne pastrmke se hrane i bentosnim makroinvertebratama, odnosno larvama i adultima Ephemeroptera, Coleoptera, Trichoptera i Diptera, amfipodnim i izopodnim rakovima, terestričnim beskičmenjacima koji upadnu u vodu i ikrom drugih riba (Hunt i Jones, 1972; Aganović, 1979; Montori i sar., 2006; Čanak Atlagić i sar., 2021).

1.2.3. Molekularno-genetička istraživanja riba

U cilju razlikovanja ribljih populacija najčešće se primenjuju morfološke i molekularno-genetičke metode. U analizama morfološke varijabilnosti, pored tradicionalnih metoda klasične morfometrije i meristike, sve više se koriste savremene metode geometrijske morfometrije (Koehl, 1996; Sekulić, 2013). Međutim, visoka fenotipska plastičnost ribljih vrsta, poput salmonida, onemogućava upotrebu isključivo morfoloških analiza pri određivanju filogenetskih odnosa (Behnke, 1972).

Genetički diverzitet populacija može se utvrditi korišćenjem molekularnih markera koji predstavljaju sekvencu DNK molekula koja se može lako detektovati i čije je nasleđivanje moguće pratiti (Ford-Lloyd, 1996; Marić, 2005). Izučavanje polimorfizama je omogućeno otkrićem DNK tehnika, prvenstveno lančane reakcije polimeraze (*eng.* Polymerase Chain Reaction – PCR) (Ryman i Utter, 1987). U upotrebi je veliki broj molekularno-genetičkih analiza poput elektroforetske detekcije polimorfizma alozima, restrikcione analize (*eng.* Restriction Fragment Length Polymorphism – RFLP), sekvenciranja mtDNK i jedarne DNK, uključujući i najsavremenije tehnike sekvenciranja nove generacije.

Primena navedenih analiza je omogućila brojna saznanja na poljima filogenije, ekologije i evolucije, kao i podatke o genetičkoj strukturi i konzervaciji populacija i vrsta (Avice, 2004).

Izbor molekularnog markera zasniva se na njegovoj varijabilnosti (informativnosti), kao i na tehničkim i finansijskim mogućnostima u vezi sa njihovom upotrebom (Morán, 2002; Ludwig, 2006; Toro i sar., 2009). Adekvatna slika genetičkog polimorfizma postiže se analizom većeg broja lokusa, jer se na taj način povećava pouzdanost rezultata, budući da svaki molekularni marker ima svoje prednosti i mane. Pri korišćenju jednog markera analizira se samo mali deo genoma, što smanjuje mogućnost uočavanja razlika i dobijanja reprezentativnih rezultata (Elliott, 1994a).

1.2.3.1. Molekularni markeri i metode

Metoda koja se najčešće primenjuje za utvrđivanje filogenetskih odnosa je poređenje DNK sekvenci različitih taksona. Za rasvetljavanje odnosa veoma divergentnih grupa primenjuju se geni koji sporije evoluiraju, poput jedarnog *18S rRNK* eukariota (Hillis i Dixon, 1991), dok se za rasvetljavanje filogenetskih odnosa nižih taksonomskih jedinica koriste brže evoluirajući regioni DNK, poput kontrolnog regiona mitohondrijske DNK životinja (Marić i sar., 2023a). Nekodirajući kontrolni region mtDNK je posebno koristan za analizu odnosa između populacija i vrsta, odnosno taksona koji su nedavno divergirali (Meyer, 1993; Cecconi i sar., 1995; Marić i sar., 2023a).

U cilju tzv. DNK barkodiranja životinja koriste se određeni regioni mitohondrijskog gena za subjedinicu I citohrom-oksidge (*COI*). Analiza *COI* gena upotrebom standardizovanih prajmera za amplifikaciju kratkih regiona DNK omogućava identifikaciju ili klasifikaciju vrsta na osnovu sličnosti sekvenci (Will i sar., 2005; Krishnamurthy i Francis, 2012). Konzorcijum za barkodiranje života (*eng.* Consortium for the Barcode of Life – CBOL) osnovan je 2004. godine kao međunarodna inicijativa sa ciljem uspostavljanja DNK barkodiranja kao globalnog standarda za identifikaciju vrsta (Marić i sar., 2023a).

Analiza mitohondrijske DNK ima širu primenu u studijama populacija riba u odnosu na jedarnu DNK. Međutim, neophodno je naglasiti da usled materinskog nasleđivanja mtDNK, analiza ovog markera ne odražava u potpunosti evolucionu istoriju celokupnog genoma. Stoga, za genetičku identifikaciju taksona se preporučuje korišćenje i jedarnih markera poput mikrosatelita, ribozomalne RNK (rRNK) ili polimorfizma pojedinačnih nukleotida tzv. snipova (*eng.* Single Nucleotide Polymorphism – SNP) (Marić i sar., 2023a).

Geni za rRNK i ITS regioni (*eng.* Internal Transcribed Spacer – ITS) u širokoj su upotrebi pri rasvetljavanju dubljih evolucionih odnosa između taksona, usled univerzalnog prisustva u genomu svih organizama, spore stope evolucije, kao i prisustva regiona sa različitim evolucionim stopama (Booton i sar., 1999).

Najčešće detektovane promene u kodogenim regionima su snipovi, koji se mogu javiti i kao nusproizvodi sekvenciranja, posebno sekvenciranja nove generacije (*eng.* Next Generation Sequencing – NGS). Koriste se pri lociranju gena koji su povezani sa određenim fenotipom, a najčešće se genotipiziraju kod model organizama, korišćenjem komercijalno dostupnih SNP čipova specifičnih za vrstu. Ovi čipovi sadrže do milion snipova koji uniformno pokrivaju genom (Ngoc-Thuy i sar., 2014; Marić i sar., 2023a).

Za precizniju procenu genetičkog diverziteta unutar vrste ili populacije, kao i procenu profila ekspresije i adaptivnog potencijala, veliki broj podataka dobija se primenom sekvenciranja nove generacije i brojnih aplikacija koje proizilaze iz ove tehnologije. Najznačajnije uključuju: karakterizaciju epigenoma, sekvenciranje transkriptoma – RNA-seq i ChIP sekvenciranje ili tzv. interakciju DNK i proteina (Marić i sar., 2023a).

U ovoj disertaciji, molekularno-genetičke analize populacija potočne pastrmke u Srbiji vršene su sekvenciranjem kontrolnog regiona mtDNK i genotipizacijom mikrosatelitskih lokusa. Detaljnije informacije o navedenim markerima prikazane su u okviru naredna dva potpoglavlja, kako bi se omogućilo bolje razumevanje i interpretacija rezultata dobijenih njihovom primenom.

1.2.3.1.1. Mitohondrijska DNK

Mitohondrije su ćelijske organele koje poseduju sopstvenu DNK (mtDNK), te su sposobne za replikaciju, transkripciju i translaciju genetičke informacije u proteine. Prisutne su u citoplazmi skoro svih ćelija eukariota (Pantić, 1997; Zhang i sar., 2011). Današnja mtDNK predstavlja samo deo nekada znatno većeg genoma, čiji su geni gusto raspoređeni jedan uz drugi, dok kontrolni region predstavlja jedinu regulatornu sekvencu (Harrison, 1989; Gray i sar., 1999; Savić-Pavićević i Matić, 2011; Marić i sar., 2023a).

Veličina mitohondrijskog genoma je znatno manja od veličine jedarnog genoma, što se ogleda i u malobrojnijem genskom sastavu mtDNK. Međutim, geni mtDNK imaju veoma važnu ulogu u funkcionisanju ćelije. Mitohondrijski genomi viševićijskih životinja su dominantno predstavljeni kružnim dvolančanim molekulima čija veličina varira između vrsta (Billington i Herbert, 1991; Pantić, 1997; Beebe i Rowe, 2004; Savić-Pavićević i Matić, 2011; Kolesnikov i Gerasimov, 2012; Sekulić, 2013; Marić i sar., 2023a). Dužina kompletne mtDNK 49 vrsta salmonida, za koje su dostupni podaci u NCBI bazi, iznosi između 16.526 i 16.997 bp (Wang i sar., 2022).

Količina mtDNK znatno varira u ćelijama različitih eukariotskih vrsta. Broj gena mtDNK kod različitih organizama varira od 12 do 92 (Marić i sar., 2023a). U sastav mtDNK većine salmonidnih vrsta ulazi kontrolni region i 37 gena: dva koja kodiraju rRNK, 22 gena koji kodiraju tRNK i 13 koji kodiraju polipeptide koji učestvuju u respiratornom lancu (Awise, 1994). Od proteina, na mtDNK se kodiraju citohrom b, sedam subjedinica NADH dehidrogenaze, tri subjedinice citohrom oksidaze i dve subjedinice ATP sintetaze (Gillham, 1994). Kontrolni region (*eng.* control region) ili D-petlja (*eng.* D-loop region) je smešten između *tRNKPro* i *tRNKPhe* gena (Hurst i sar., 1999), dužine je približno 1000 bp i učestvuje u regulaciji replikacije, transkripcije i translacije (Borst i Grivell, 1981). Navedeni procesi su u potpunosti autonomni u odnosu na iste procese u jedarnoj DNK (Awise, 1994; Gillham, 1994; Savić-Pavićević i Matić, 2011).

Mitohondrijska DNK se nasleđuje po materinskoj liniji, kod najvećeg broja životinjskih vrsta, jer pri oplodnji jajne ćelije obično dolazi do razgradnje mitohondrija i mtDNK prispelih iz spermatozoida (Harrison, 1989; Sato i Sato, 2013). Usled haploidnosti mitohondrijskog genoma, efektivna veličina populacije za gene mtDNK iznosi samo jednu četvrtinu u odnosu na gene jedarne DNK (Nei i Tajima, 1981; Birky, 1983; Marić i sar., 2023a). Takođe, usled jednostranog nasleđivanja, za razliku od jedarne DNK, između molekula mtDNK obično ne dolazi do rekombinacija, što znači da se mtDNK nepromenjena

prenosi na potomstvo. Homoplazmija je pojava kada potomstvo u svim ćelijama ima isti mtDNK haplotip. Međutim, kada u jednom organizmu postoje različiti mtDNK haplotipovi takva pojava se označava kao heteroplazmija (Awise, 2000).

Mitohondrijsku DNK kičmenjaka karakteriše vrlo visok stepen mutacija. Utvrđeno je da stepen supstitucija iznosi $5,7 \times 10^{-8}$ po sinonimnom mestu na godinu dana, što znači da mtDNK akumulira 2-4% mutacija na milion godina (Marić i sar., 2023a). Uzrok visoke stope mutacija mtDNK je njena intenzivnija dinamika i 5 do 10 puta brža mogućnost replikacije u odnosu na jedarnu DNK (Brown i sar., 1979, 1982; Lewin, 2000; Marić i sar., 2023a).

Učestalost mutacija nije ista duž čitavog genoma. Najnižu učestalost mutacija imaju regije koje kodiraju rRNK molekule (Ferris i Berg, 1988), dok kontrolni region predstavlja najvarijabilniji deo mtDNK, koji zbog manjeg funkcionalnog pritiska poseduje najviše mutacija naročito na 3' i 5' kraju (Shedlock i sar., 1992; Beebe i Rowe, 2004). Kontrolni region je najvarijabilniji region mitohondrijske DNK u pogledu stope supstitucija i dužinskog polimorfizma (Bentzen i sar., 1988; Hoelzel i sar., 1991; Meyer, 1993; Cecconi i sar., 1995; Suárez i sar., 2001). Centralni deo kontrolnog regiona je evoluciono najočuvaniji (Shedlock i sar., 1992; Beebe i Rowe, 2004).

Pored KR mtDNK, jako bitni mitohondrijski markeri koji se koriste za DNK barkodiranje životinja su *COI*, citohrom b (*Cyt b*), i *16S rRNK*, među kojima je fragment 5' kraja *COI* u dužini od ~650 bp (Folmerova regija; Folmer i sar., 1994) predložen kao globalni barkod standard za ovu grupu organizama. Citohrom b spada u najkorisnije markere za rekonstrukciju filogenetskih odnosa između veoma bliskih taksona, mada njegova informativnost može biti linijski uslovljena i opada sa evolucionom dubinom (Patwardhan i sar., 2014; Marić i sar., 2023a).

Mitohondrijska DNK se koristi kao molekularni marker za utvrđivanje filogenetskih odnosa, introgresije, praćenja procesa specijacije, kao i za taksonomska razmatranja (Awise i sar., 1987; Awise, 1994; Zhang i Hewitt, 2003; Marić i sar., 2023a). Nalazi primenu i pri proceni genetičkog diverziteta vrsta u prošlosti, putem analize muzejskih uzoraka (Giuffra i sar., 1994; Lahnsteiner i Jagsch, 2005; Splendiani i sar., 2017) i/ili areheoloških ostataka (Splendiani i sar., 2016a). Poseban značaj ove primene ogleda se u činjenici da tokom vremena dolazi do degradacije nukleinskih kiselina, a mtDNK je dostupna u mnogo većem broju kopija u ćeliji u poređenju sa jedarnom DNK (Höss, 2000; Wandeler i sar., 2003; Tougrad, 2022).

U poređenju sa jedarnom DNK, mtDNK karakteriše brza evolucija, genom male veličine koji se lako izoluje, jednostavna struktura i uniparentalno nasleđivanje sa izostankom rekombinacija, čime se omogućava dobijanje validnih informacija o maternoj filogeniji, korisnih i za molekularno datiranje (Hynes i sar., 1989; Meyer, 1993; Tougrad, 2022).

1.2.3.1.2. Mikrosatelitska DNK

Mikrosateliti su kodominatni markeri koji se odlikuju ponavljajućim DNK sekvencama i to barem jednom na svakih 10 kb. Raspoređeni su po celom genomu eukariota (i pojedinih prokariota, ali sa manjom učestalošću), međutim, uglavnom su ograničeni na euhromatin (Tautz, 1989; Stallings i sar., 1991; Marić, 2005; Marić i sar., 2023a).

Mikrosateliti predstavljaju jednostavne nukleotidne nizove ponovljenih osnovnih motiva, čija dužina može biti od 1 do 6 bp. Broj uzastopnih ponovaka osnovnog motiva je od svega nekoliko pa do više od 100 po lokusu. U odnosu na tip ponovka mikrosateliti mogu biti: potpuni, sastavljeni i prekinuti (Jarne i Lagoda, 1996). Broj ponovljenih motiva se često razlikuje između jedinki i kreće se u određenom opsegu variranja karakterističnom za dati lokus i vrstu (Marić i sar., 2023a). Dužinski polimorfizam nastaje kao posledica replikacionog proklizavanja pri formiranju novog DNK lanca, koji se karakteriše različitim brojem ponavljajućih motiva u odnosu na roditeljski lanac (Stallings i sar., 1991; Jarne i Lagoda, 1996; Savić-Pavićević i Matić, 2011). Najčešći su dinukleotidni ponovci (npr. CA ponavljajući motiv kod kičmenjaka), pa zatim tri- i tetranukleotidni ponovci koje karakterišu sve moguće kombinacije nukleotida u osnovnom motivu (Tautz, 1989; Lagercrantz i sar., 1993; Marić, 2005; Weising i sar., 2005; Marić i sar., 2023a).

Mikrosatelite odlikuje visoka stopa mutacija koja po generaciji iznosi između 10^{-2} i 10^{-6} , što je znatno više u odnosu na neponavljajuću DNK (za koju vrednosti stope mutacija iznose 10^{-9} po generaciji) (Li, 1997; Ellegren, 2000). Stopa polimorfizma je, pretežno, srazmerna broju ponovaka osnovnog motiva i razlikuje se između različitih tipova ponovaka, između lokusa sa ponovcima istog tipa, pa čak i između alela istog lokusa (Schlötterer, 1998; Marić i sar., 2023a).

Funkcija mikrosatelita u genomu je nedovoljno poznata i generalno su okarakterisani kao neutralni markeri. Međutim, prisutni su i u kodirajućim regionima koji su pod selekcionim pritiskom, pri čemu mogu imati funkciju kodirajućih ili regulatornih elemenata (Ellegren, 2004; Savić-Pavićević i Matić, 2011; Sekulić, 2013).

Visok nivo polimorfizma, kodominantno nasleđivanje, jednostavna izolacija i umnožavanje iz veoma male količine biološkog materijala (uključujući arheološki i muzejski materijal) (Constable i sar., 1995; Bruford i sar., 1998), kao i jednostavna optimizacija umnožavanja više lokusa u jednoj reakciji – multipleksu (Jug, 2002), omogućili su veoma široku upotrebu mikrosatelita kao genetičkih markera. Koriste se, uglavnom, za precizno utvrđivanje populacione strukture, koja prikazuje pre savremene nego dublje – ancestralne evolucione odnose (Hewitt, 2004; Marić i sar., 2023a).

Pri korišćenju mikrosatelita kao genetičkih markera, mogu se javiti i pojedine poteškoće poput postojanja nultih alela ili pak homoplazije, odnosno pojave kada nezavisne mutacije mogu finalno proizvesti istu dužinu mikrosatelita (Estoup i sar., 2002; Brown i sar., 2005; Marić i sar., 2023a). Takođe, kod pojedinih vrsta, javljaju se poteškoće pri izolaciji, amplifikaciji i karakterizaciji mikrosatelitskih lokusa (Goldstein i Schlötterer, 1999; Coltman i Slate, 2003; Sekulić, 2013). Kako nisu očuvani između manje srodnih vrsta, neophodna je zahtevna priprema mikrosatelitskih markera specifičnih za vrstu (Sušnik, 2001).

U ihtiologiji, upotreba mikrosatelita u proučavanju genetičke varijabilnosti populacija ima široki spektar primena koje uključuju: dodelu jedinki populacijama, utvrđivanje geografskog porekla jedinki, analizu srodstva uzorkovanih jedinki, formiranje matičnih jata za poribljavanje, itd. (Hansen i sar., 2000a, 2001; Chistiakov i sar., 2005; Jones i sar., 2009; Saura i Faria, 2011).

1.2.4. Pregled dosadašnjih molekularno-genetičkih istraživanja kompleksa potočne pastrmke

Do kraja 1980-tih godina, za analizu varijabilnosti pastrmskih populacija najčešće su korišćeni proteinski markeri (alozimi) (Ryman i Ståhl, 1980; Ferguson i Mason, 1981; Vuorinen i Piironen, 1984; Guyomard i Krieg, 1986; Skaala i Nævdal, 1989). Međutim, proteinskom elektroforezom je moguće utvrditi samo mali deo svih aminokiselinskih supstitucija i vrši se analiza samo kodirajućih regiona genoma (Hynes i sar., 1989; Tougard, 2022). Stoga, primenom alozima, analiza genetičkog diverziteta se vrši u kontekstu sličnosti ili razlika između populacija, ali izostaju informacije o njihovoj filogeografskoj i evolucionoj istoriji (Tougaard, 2022).

Značajan napredak u utvrđivanju genetičke diferencijacije pastrmskih vrsta i populacija postignut je početkom 1990-tih godina uvođenjem dve klase dijagnostičkih markera: jedarnog *LDH-C** gena koji kodira specifičan enzim oka (Hamilton i sar., 1989; McMeel i sar., 2001) i mitohondrijske DNK (Hynes i sar., 1989).

*LDH-C** gen potočne pastrmke je polimorfan za dva kodominantna alela: *LDH-C1*100* (*Ldh-5* (100)) i *LDH-C1*90* (*Ldh-5* (90)). Prema Hamilton i sar. (1989) alel *LDH-C1*90* je nastao u severozapadnoj Evropi tokom ili nakon poslednjeg perioda glacijacije i tradicionalno se koristio kao filogeografski marker za praćenje obrazaca postglacijalne kolonizacije. U kasnijim studijama (García-Marín i sar., 1999; Aurelle i Berrebi, 2001) oba *LDH* alela su detektovana u regionima koji nisu bili zahvaćeni glacijacijom, te je opovrgnuta pomenuta hipoteza Hamiltona i sar. (1989) o postojanju modernih (nosioci *LDH-C1*90* alela) i ancestralnih (nosioci *LDH-C1*100* alela) populacija potočne pastrmke. *LDH-C1*100* alel je karakterističan za autohtone dunavske i južnoevropske populacije (mediteransku, jadransku i populacije sa juga areala atlantske filogenetske linije), a alel *LDH-C1*90* za severnoevropske populacije (atlantske filogenetske linije) potočne pastrmke (Berrebi i sar., 2019), sa izuzetkom nekoliko norveških populacija (García-Marín i sar., 1999). Takođe, alel *LDH-C1*90* je prisutan i u atlantskim populacijama koje se često koriste za poribljavanje, a potiču iz nekoliko severnoevropskih zemalja (Berrebi i sar., 2019). Stoga, *LDH* gen se pokazao kao veoma informativan za identifikaciju domestikovanog stoka atlantske linije potočne pastrmke (Marić i sar., 2010). Analiza *LDH* gena se koristi za razlikovanje autohtonih populacija od domestikovanih atlantskih populacija, kao i za detekciju i karakterizaciju obrazaca introgresije alohtonih alela (Berrebi i sar., 2019; Rossi i sar., 2019; Vera i sar., 2019; Kanjuh i sar., 2020; Škraba-Jurlina i sar., 2020). Dijagnostički alel *LDH* gena za populacije *marmoratus* filogenetske linije kompleksa potočne pastrmke je *LDH-C1*120* (Delling, 2002).

Najčešće korišćeni molekularni marker u filogeografskim i filogenetskim studijama potočne pastrmke je mtDNK. Štaviše, danas se smatra referentnim markerom za identifikaciju filogenetskih linija i vrsta pastrmki (Tougaard, 2022).

Detekcija polimorfizama mtDNK može se vršiti RFLP analizom i/ili sekvenciranjem parcijalnih ili kompletnih mitohondrijskih gena (Hansen i Loeschcke, 1996; Osinov i Bernatchez, 1996; Machordom i sar., 2000; Weiss i sar., 2000; Aurelle i Berrebi, 2001; Bernatchez, 2001; Sell i Spirkovski, 2004; Bardakci i sar., 2006; Splendiani i sar., 2006; Apostolidis i sar., 2008; Cortey i sar., 2009; Griffiths i sar., 2009; McKeown i sar., 2010; Schenekar i sar., 2014).

RFLP je relativno jeftina i jednostavna metoda, koja pruža brzu produkciju rezultata (Aranishi, 2005). Metoda je bazirana na dužinskom polimorfizmu specifičnih restrikciono

isečenih fragmenata (Rasmussen i Morrissey, 2008). Gene od interesa je neophodno prvo umnožiti, a zatim ih restrikcione endonukleaze selektivno iseku na određeni broj fragmenata različite dužine (Liu i Cordes, 2004). Ova metoda je posebno pogodna za identifikaciju genetičke udaljenosti između različitih populacija iste vrste, sa šireg geografskog područja. Iako postoje savremenije i informativnije metode, RFLP i dalje nalazi čestu primenu u analizi polimorfizama KR mtDNK i *LDH* gena potočne pastrmke (npr. Araguas i sar., 2008; Marić i sar., 2010; Berrebi i sar., 2019).

Široka upotreba mitohondrijskih markera, naročito kontrolnog regiona, započeta je objavljivanjem studije Bernatchez i sar. (1992). Danas, najveći broj podataka u Banci Gena (Sayers i sar., 2022) koji se odnose na filogenetske i filogeografske studije kompleksa potočne pastrmke je dobijen upravo analizom KR mtDNK.

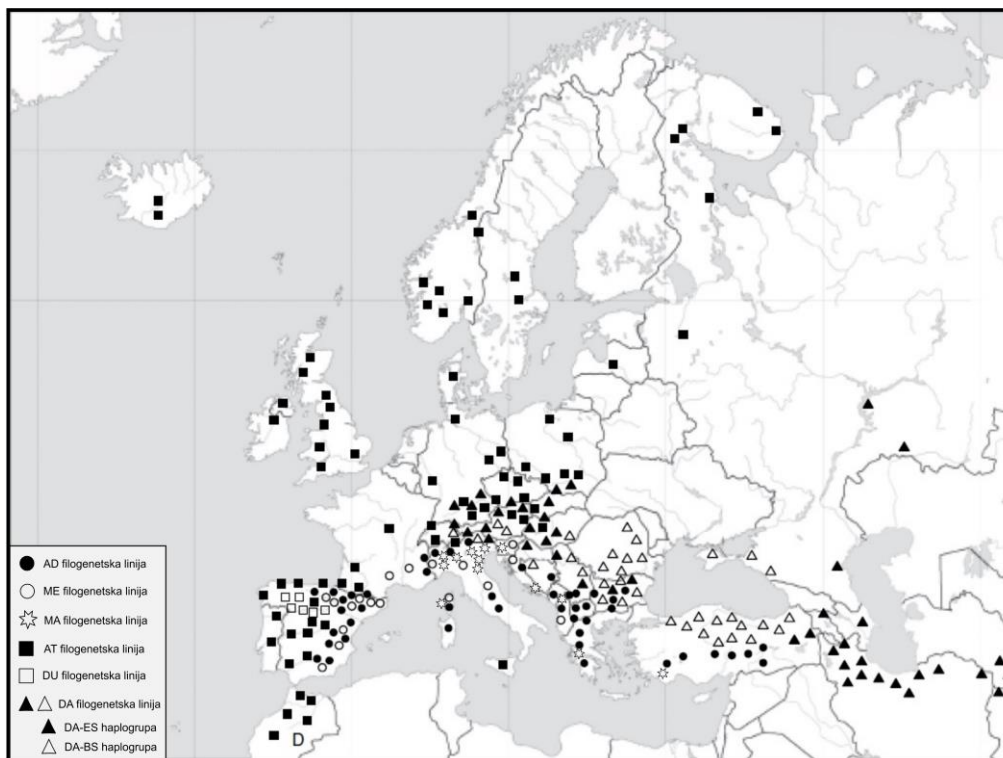
U cilju razrešenja taksonomskih nedoumica i utvrđivanja filogenetskih odnosa geografski i morfološki različitih populacija pastrmki u Evropi, Bernatchez i sar. (1992) su sekvencirali KR mtDNK dužine 640 bp. U istraživanje su uključili 151 jedinku iz 24 populacije pastrmki iz atlantskog, dunavskog, jadranskog i mediteranskog basena, sve tri ekološke forme (rečnu, jezersku i marinsku), kao i vrste *S. marmoratus*, *Salmo macrostigma* (Duméril, 1858), *Salmo carpio* Linnaeus, 1758 i *S. letnica*. Na osnovu dobijenih rezultata, autori su izdvojili pet filogenetskih linija pastrmki: jadransku (AD), mediteransku (ME), *marmoratus* (MA), atlantsku (AT) i dunavsku (DA) (Bernatchez i sar., 1992; Bernatchez, 2001).

Jadranska filogenetska linija je rasprostranjena u basenu Mediterana od istočnog dela Pirinejskog poluostrva do Turske (Bernatchez, 2001; Cortey i sar., 2004; Bardakci i sar., 2006; Slika 6). Distribucija ME filogenetske linije je duž severne obale Mediterana. Smatra se da ova linija potiče sa Pirinejskog poluostrva, gde preovlađuje i odakle je širila svoj areal (Bernatchez, 2001; Cortey i sar., 2004). Populacije ME filogenetske linije se mogu naći i u Francuskoj (uključujući Korziku), Italiji, Hrvatskoj, Albaniji i Grčkoj (Apostolidis i sar., 1997; Cortey i sar., 2004; Splendiani i sar., 2006; Snoj i sar., 2009; Berrebi, 2015; Jadan i sar., 2015; Slika 6). *Marmoratus* linija je prisutna u slivovima reka južnih Alpa (Severna Italija i Slovenija), u rekama Jadranskog sliva Balkanskog poluostrva (Hrvatska, Albanija i Grčka), Jonskog i Egejskog sliva (Grčka), Egejskog sliva (jugozapadna Turska), Tirenskog mora (centralna Italija i Korzika) (Berrebi i sar., 2000; Snoj i sar., 2000, 2009; Bernatchez, 2001; Splendiani i sar., 2006; Apostolidis i sar., 1997, 2008, 2011; Jadan i sar., 2015; Bardakci i sar., 2022; D'Agaro i sar., 2022; Slika 6). Atlantska filogenetska linija ima široko rasprostranjenje koje se prostire u basenu Atlantskog okeana od Skandinavije i basena Belog mora na severu do zapadnog dela Pirinejskog poluostrva i planine Atlas u severnoj Africi na jugu (Osinov i Bernatchez, 1996; Bernatchez, 2001; Kohout, 2013; Slika 6). Kao posledica intenzivnog uzgajanja u komercijalne svrhe ova linija je danas rasprostranjena i van svog prirodnog areala (Berrebi i sar., 2000; Marić i sar., 2006b; Hashemzadeh Segherloo i sar., 2021).

Dunavska filogenetska linija ima široku geografsku distribuciju i prisutna je u basenima Crnog mora, Kaspijskog mora i Aralskog jezera (Bernatchez i sar., 1992; Osinov i Bernatchez, 1996; Slika 6). U okviru DA linije identifikovane su dve haplogrupe (Bernatchez, 2001; Kohout i sar., 2013; Sanz, 2018). Jedna se uglavnom nalazi u donjem slivu Dunava i južnim pritokama Crnog mora (*eng.* Danubian-Black Sea – DA-BS), dok je druga (*eng.* Eastern Danubian – DA-ES ili DaDA *sensu* Kohout i sar., 2013) mnogo šire rasprostranjena. Haplogrupa DA-ES je prisutna u slivovima Kaspijskog mora i Aralskog jezera, istočnim pritokama Crnog mora, kao i u gornjem i srednjem toku Dunava (Kohout i sar., 2013; Sanz,

2018). Distribucija haplotipova obe DA haplogrupe preklapa se u sistemu Džepske reke, pritoke Južne Morave u Srbiji, gde su otkrivena dva najdivergentnija DA-BS haplotipa, zajedno sa DA-ES haplotipovima (Marić i sar., 2006b, 2022; Kohout i sar., 2013). DA-BS haplotip je detektovan i u reci Vrli (Marić i sar., 2022). Obe reke izvire na Vlasinskoj visoravni (jugoistočna Srbija), koja pripada najstarijoj kopnenoj masi Balkanskog poluostrva (Schöffmann, 2021). Smatra se da je distribucija DA-BS i DA-ES haplotipova posledica kolonizacija i sekundarnih kontakata tokom različitih doba pleistocena (Sanz, 2018; Schöffmann, 2021). Diskontinuirana geografska distribucija DA-BS haplotipova verovatno proizilazi iz nedostatka uzoraka iz pojedinih ključnih oblasti Balkana i Kavkaza.

Nastavljena filogeografska istraživanja populacija širom prirodnog areala potočne pastrmke dovela su do identifikacije i sledećih nezavisnih evolucionih linija: Duero (DU, Suárez i sar., 2001; Presa i sar., 2002; Hermida i sar., 2009; Vera i sar., 2010), Tigris (TI, Sušnik i sar., 2005), Dades (Snoj i sar., 2011), severno-afrička (North African – NA, Tougard i sar., 2018) i atlantsko-marokanska (Atlantic-Morocco – AT-M, Snoj i sar., 2021); koje imaju znatno užu geografsku distribuciju. Duero filogenetska linija je endemična za severo-zapadni deo Pirinejskog poluostrva, odnosno za sistem reke Duero (Suárez i sar., 2001; Cortey i sar., 2009; Vera i sar., 2010, 2015; Slika 6). Tigris linija uključuje populacije sa severoistoka Anadolije iz sliva reke Tigar (Sušnik i sar., 2005; Bardakci i sar., 2006), dok je Dades linija predstavljena jednim, visoko divergentnim, haplotipom iz reke Draa u Maroku (Snoj i sar., 2011). Severno-afrička filogenetska linija ima distribuciju u Maroku, Alžiru, Siciliji i eventualno Španiji (Tougaard i sar., 2018; Splendiani i sar., 2019), dok atlantsko-marokanska linija nije zabeležena van Maroka (Snoj i sar., 2021).



Slika 6. Približna nativna distribucija mitohondrijskih linija kompleksa potočne pastrmke. Mitohondrijske linije prikazane su različitim simbolima (legenda u donjem levom uglu) (modifikovano prema Sanz, 2018).

U studiji Sanz (2018) filogenetske analize kompleksa potočne pastrmke su rezultovale grupisanjem haplotipova u tri „glavne“ linije (mediteranska, dunavska i atlantska), odnosno devet „manjih“ linija. Unutar „glavne“ mediteranske filogenetske linije nalaze se AD, ME i MA linije. U okviru „glavne“ dunavske linije identifikovane su DA-BS i DA-ES linije, dok se unutar „glavne“ atlantske linije nalaze AT i DU linije. Preostale dve „manje“ filogenetske linije su TI i Dades. Na osnovu filogenetskih rekonstrukcija ove studije, TI linija se nalazi unutar „glavne“ dunavske linije, međutim, filogenetski položaj Dades linije nije u potpunosti razrešen. Dodatne podgrupe haplotipova su detektovane uglavnom unutar AT, DA-BS i AD linija.

Nakon inicijalnih neslaganja, u studijama Phillips i sar. (2000) i Snoj i sar. (2002) vrste *S. obtusirostris* i *S. ohridanus* reklasifikovane su u rod *Salmo* i označene kao filogenetski bliske kompleksu potočne pastrmke. Pustovrh i sar. (2014) su na osnovu analize jedarnih i mitohondrijskih markera označili *S. obtusirostris* kao sestrinski takson kompleksa *S. trutta*, dok *S. ohridanus* zauzima bazalni položaj u odnosu na prethodna dva taksona. Takođe, druge analize mitohondrijskih i jedarnih sekvenci jasno potvrđuju klasifikaciju ovih taksona kao različitih vrsta unutar roda *Salmo* (Sušnik i sar., 2006; Snoj i sar., 2008; Sanz, 2018), koje se često uključuju kao “outgroup” u filogenetske studije kompleksa potočne pastrmke (Snoj i sar., 2009; Vera i sar., 2011; Hashemzadeh Segherloo i sar., 2012; Berrebi i sar., 2013; Sanz, 2018).

U opsežnoj filogenetskoj studiji familije Salmonidae, Crête-Lafrenière i sar. (2012) analizirali su sekvence *Cyt b* i *COI* gena sa ciljem razlučivanja odnosa unutar roda *Salmo*. U analizu je uključeno 12 jedinki, četiri jedinke *S. trutta*, po jedna *S. marmoratus* i *S. platycephalus* i po dve jedinke *S. obtusirostris*, *S. ohridanus* i *S. salar*. Sve sprovedene analize su snažno podržale pozicioniranje *S. salar* kao sestrinske vrste preostalim delu roda. Rezultati su pokazali slabo razlučivanje filogenetskih odnosa između preostalih vrsta roda *Salmo*, kao i različitu filogenetsku poziciju dva analizirana uzorka *S. obtusirostris*. *Salmo ohridanus* i *S. obtusirostris* sa lokaliteta Buna (Bosna i Hercegovina) formirale su statistički podržanu sestrinsku kladu u odnosu na *S. trutta*, *S. marmoratus*, *S. platycephalus* i *S. obtusirostris* sa lokaliteta Krka (Hrvatska).

Opšte je priznato da je diverzifikacija unutar roda *Salmo* započeta u kasnom pliocenu. Međutim, smatra se da je većina podela unutar kompleksa potočne pastrmke, koje se danas uočavaju, nastala u pleistocenu, usled klimatskih, ekoloških i geomorfoloških promena tokom glacijacija. Ovi događaji su oblikovali hidrogeografiju glavnih evropskih rečnih sistema i doveli do izolacije populacija pastrmki, koje su posledično evoluirale u različite filogenetske linije (Osinov i Bernatchez, 1996; Bernatchez, 2001; Crête-Lafrenière i sar., 2012; Alexandrou i sar., 2013; Pustovrh i sar., 2014; Lecaudey i sar., 2018; Ninua i sar., 2018; Hashemzadeh Segherloo i sar., 2021). Za procenu vremena divergencije KR mtDNK (Bernatchez i sar., 1992) prvobitno je korišćena kalibracija molekuskog sata, odnosno stopa evolucije od 2% na milion godina, koja je izvedena iz mtDNK viših primata (Brown i sar., 1979). Pretpostavka pleistocenskog porekla filogenetskih linija potočne pastrmke zadržana je i prilikom primene sporijih stopa kalibracije molekuskog sata (1-2% u Bernatchez, 2001; i 0,75% na milion godina u Shedlock i sar., 1992 i Sanz, 2018) za procenu evolucione divergencije sekvenci KR mtDNK ili za sekundarnu kalibraciju datiranja porekla *S. ohridanus* (Pustovrh i sar., 2014; Ninua i sar., 2018). U navedenim studijama, primenjene su molekulske kalibracije prema Sušnik i sar. (2006), u čijem radu je starost Ohridskog jezera datirana na period od pre 3 do 5 mgod. Međutim, ova procena više nije validna (Wagner i sar., 2019; Veličković i sar., 2023).

O postojanju kompleksa potočne pastrmke već u Gelasianu tokom ranog pleistocena (pre 2,58- 0,0117 mgod *sensu* Gibbard i Head, 2009, Gibbard i sar., 2010) svedoči fosil *Salmo derzhavini* (Vladimirov, 1946; Rukhkyan, 1989), otkriven u Jermeniji (Kavkaz), koji je živio u paleo-Vorotan slivu pre oko dva miliona godina (Osinov i Bernatchez, 1996; Bernatchez, 2001; Gabrielyan i sar., 2004; Pipoyan i sar., 2011; Sanz, 2018). Međutim, budući da nije jasno da li se radi o krunskom ili stem fosilu kompleksa potočne pastrmke, ovi dokazi ne isključuju mogućnost da su filogenetske linije još starije. Takav scenario sugerišu i neke regionalno ograničene studije u Turskoj (Sušnik i sar., 2005; Bardakci i sar., 2006) i Grčkoj (Apostolidis i sar., 1997). Analize drugih mitohondrijskih gena, (*Cyt b* i *COI*; Crête-Lafrenière i sar., 2012), kao i primena RAD-sekvenciranja (Lecaudey i sar., 2018) sugerišu da unutar kompleksa potočne pastrmke pojedine filogenetske linije mogu imati pliocensko poreklo. Međutim, s obzirom da je rod *Salmo* nedovoljno zastupljen u obe studije i da su kalibracije vršene na osnovu fosilnih nalaza koji su prvenstveno informativni za rodove *Salvelinus* i *Oncorhynchus*, datiranje linija kompleksa potočne pastrmke ostaje nerazjašnjeno (Veličković i sar., 2023).

Pored *S. derzhavini*, za procenu starosti roda *Salmo* kao vremenska odrednica može se koristiti i *Salmo immigratus*. Ovaj, u filogenetskim studijama nedovoljno zastupljeni fosil roda *Salmo*, koji je pronađen u Hrvatskoj blizu Zagreba, a živio je u zapadnom Paratetisu (Panonski basen) tokom donjeg sarmata srednjeg miocena (Gorjanović-Kramberger, 1891; Anđelković, 1989), može pružiti važnu vremensku odrednicu za procenu divergencije između *S. salar* i zajedničkog pretka ostalih predstavnika roda *Salmo*. Takođe, prilikom korišćenja jednog brzo-evoluirajućeg genetičkog markera, poput KR mtDNK, efekat saturacija supstitucija na procenu molekuskog sata može biti ublažen korišćenjem više nezavisnih kalibracionih tačaka (Lukoschek i sar., 2012; Veličković i sar., 2023).

U filogenetskim studijama roda *Salmo*, pored kontrolnog regiona, analizirani su i drugi mitohondrijski geni poput *Cyt b*, *COI*, *12S rRNK*, *16S rRNK*, zatim gena koji kodiraju podjedinice ATPaze i NADH-dehidrogenaze, a sve sa ciljem boljeg razumevanja klasifikacije i filogenetskih odnosa (Giuffra i sar., 1994; Patarnello i sar., 1994; Machordom i sar., 2000; Marzano i sar., 2003; Snoj i sar., 2008; Dudu i sar., 2010, 2011; Lo Brutto i sar., 2010; McKeown i sar., 2010; Crête-Lafrenière i sar., 2012; Shedko i sar., 2013; Rezaei, 2015; Turan i sar., 2020; Tougard, 2022).

Brojne konzervacione, filogenetske i populaciono-genetičke studije roda *Salmo* uključivale su i analize alozima (Bernatchez i Osinov, 1995; Riffel i sar., 1995; Apostolidis i sar., 1996; Antunes i sar., 1999; Bouza i sar., 2001; Cagigas i sar., 2002), i jedarnih gena, kao što su gen za transferin (Antunes i sar., 2002), gen za C intron hormona rasta 2 (*GH2Ci*; Razpet i sar., 2007), gen za somatolaktin (Snoj i sar., 2010), *RAG-1* gen (*eng.* Recombination Activating Gene 1; Shedko i sar., 2012), kao i ITS1 region (*eng.* Internal Transcribed Spacer 1; Presa i sar., 2002; Turan i sar., 2009; Vera i sar., 2011).

Za proučavanje populacija pastrmki mikrosatelitski lokusi počinju da se koriste krajem prošlog veka u cilju razlikovanja populacija iz različitih basena, kao i utvrđivanja mikrogeografskih diferencijacija populacija koje su se razdvojile u bliskoj prošlosti (npr. Martínez i sar., 2007; Razpet i sar., 2007; Sušnik i sar., 2007; Snoj i sar., 2010, 2011; Hashemzadeh Segherloo i sar., 2012; Kohout i sar., 2012, 2013; Berrebi i sar., 2013, 2019; Querci i sar., 2013; Gratton i sar., 2014; Marić i sar., 2017a, 2022).

Filogeografske i taksonomske analize roda *Salmo* vršene su i primenom velikog skupa jedarnih gena (Pustovrh i sar., 2011a, 2014; Gratton i sar., 2014). Ovi markeri su omogućili detekciju hibridizacije između filogenetskih linija (što nije moglo biti identifikovano analizom haploidne mtDNK). Jedarne filogenije su se uglavnom slagale sa filogenijama zasnovanim na analizama mtDNK, uz nekoliko neslaganja koja se uglavnom odnose na filogeniju *S. obtusirostris* i MA linije kompleksa potočne pastrmke Zapadnog Balkana (Pustovrh i sar., 2014).

Tokom godina, razvijeni su molekularni dijagnostički protokoli koji omogućavaju brzu identifikaciju pastrmki, primenom analiza snipova (npr. snipova KR mtDNK u radu Apostolidis i sar., 2007 ili snipova jedarne DNK u radovima Pustovrh i sar., 2011a i Casanova i sar., 2022) ili pirosekvenciranja (Keller i sar., 2010). Međutim, oba pristupa nisu postigla očekivani uspeh (Tougaard, 2022). Stoga, genetička karakterizacija pastrmki se uglavnom sprovodi analizom sekvenci mtDNK ili jedarne DNK, a kombinacija ovih markera pruža bolje zaključke o sistematici i taksonomiji pastrmke. Tougaard (2022) navodi najbolje primere koji potkrepljuju ovu tvrdnju: uključivanje vrsta *Acantholingua ohridana* (analizom sekvenci *Cyt b*, ITS1 i *GH2Ci*; Phillips i sar., 2000) i *Salmothymus obtusirostris* (analizom sekvenci KR, *Cyt b* i *LDH-C1**; Snaj i sar., 2002) u rod *Salmo* (prema važećoj nomenklaturi danas reimenovane u *S. ohridanus* i *S. obtusirostris*, respektivno), kao i reklasifikacija *Salmo (Platysalmo) platycephalus* u nižu taksonomsku kategoriju (analizom sekvenci KR, *Cyt b* i ITS1; Sušnik i sar., 2004).

Metode RAD-sekvenciranja (eng. RADsequencing – RADseq) i ddRAD-sekvenciranja (eng. double-digest RADseq – ddRADseq) su relativno nove tehnike koje se sve više primenjuju za skrining genetičkih polimorfizama potočne pastrmke (Leitwein i sar., 2016, 2018; Saint-Pé i sar., 2019). U ovim studijama, razvijeni su novi genomske resursi koji mogu biti od velike koristi za proučavanje genetičkog diverziteta na nivou celokupnog genoma, kao i njegove distribucije u različitim regionima genoma, kako u prirodnim, tako i u ribnjačkim populacijama. Dostupnost hiljada novih markera omogućiće dalju procenu stepena introgresije i lokalnih adaptacija, što su, u stvari, ključni aspekti za rešavanje brojnih konzervacionih i upravljačkih pitanja u vezi sa *S. trutta* kompleksom. Za proučavanje filogenetskih odnosa, hibridizacije i vremena divergencije unutar potfamilije Salmoninae, Lecaudey i sar. (2018) koristili su RAD-sekvenciranje i genotipizaciju snipova primenom sekvenciranja nove generacije (eng. Genotyping By Sequencing – GBS). U navedenoj studiji istaknuta je problematika u vezi sa pokušajima razjašnjenja pojedinih interspecijskih odnosa unutar potfamilije. Otkriveno je nekoliko signifikantnih signala introgresije, verovatno drevnih, u rodu *Salvelinus*. Datiran je najmlađi zajednički predak familije Salmonidae na pre približno 58,9 mgod. Divergencija između rodova potfamilije Salmoninae datirana je na period između kasnog eocena i srednjeg miocena (pre ≈38-11 mgod), dok se diverzifikacija vrsta odvijala uglavnom tokom neogena (pre ≈22-1,5 mgod), pri čemu se više od polovine događaja diverzifikacije odigralo u poslednjih 10 mgod.

Hashemzadeh Segherloo i sar. (2021) primenili su sekvenciranje KR mtDNK i GBS tehnologiju za genotipizaciju 15.169 snipova, kako bi istražili filogenetske odnose između 21 opisane vrste i tri neopisane grupe potočne pastrmke. Ova studija obuhvatila je analize populacija širom prirodnog areala potočne pastrmke u Evropi, Zapadnoj Aziji i Severnoj Africi. Genomski udeo domestifikovanih stokova severne grupe atlantske filogenetske linije potočne pastrmke detektovan je u svim glavnim morskim basenima, izuzev basena Aralskog mora i slivova Severne Afrike. Ovo ukazuje da je introgresivna hibridizacija autohtonih potočnih pastrmki pod jakim uticajem introdukcije domestifikovanih atlantskih sojeva. U radu

je sugerisan i značaj prirodne hibridizacije između različitih filogenetskih linija potočne pastrmke u formiranju nekoliko potencijalnih vrsta, uključujući *S. marmoratus*, *S. carpio*, *S. farioides*, *S. pellegrini*, *S. caspius* (u slivu reke Kura) i *Salmo* sp. (u slivu Dunava). Rezultati ove studije podržavaju taksonomski pristup kojim je potočna pastrmka predstavljena većim brojem vrsta. Takođe, u Jadransko-Mediterranskom i Crnomorskom slivu detektovane su vrste koje pripadaju bliskom genomskom klasteru i zahtevaju taksonomsku reviziju.

Pojavom tehnologija sekvenciranja nove generacije kompletni mitohondrijski genomi postali su lako dostupni za filogenetska istraživanja roda *Salmo* (Horreo, 2017). Prve kompletne mitohondrijske genome potočne pastrmke publikovali su Li i sar. (2016) upotrebom PCR amplifikacije i Sangerovog sekvenciranja preklapajućih fragmenata mtDNK, odnosno Sahoo i sar. (2016) korišćenjem NGS tehnologija, odnosno Illumina sekvenciranja (*eng.* Illumina sequencing). Podaci o kompletnim mitohondrijskim genomima dobijeni su analizama recentnog (Rezaei i Akhshabi, 2017; Rezaei i sar., 2017) ili muzejskog materijala (Levin i sar., 2018, 2022; Nedoluzhko i sar., 2018; Tougard i sar., 2018) za sledeće taksone: *S. macrostigma*, *Salmo ischchan* Kessler, 1877 i *Salmo caspius* Kessler, 1877. Takođe, razvojem tehnologija sekvenciranja nove generacije, nedavno je u NCBI bazi objavljena i struktura kompletnog genoma potočne pastrmke (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/31807>). U cilju daljih istraživanja ove vrste, odnosno kompleksa vrsta, kompletni genomi, markirani hromozomi, kao i geni od interesa, mogu se uporediti sa podacima dostupnim u NCBI bazi (Sass i sar., 2016; Hughes i sar., 2018; Cloutier i sar., 2019; Hansen i sar., 2021).

Tehnologije sekvenciranja nove generacije pružaju mogućnosti za značajan napredak u proučavanju filogenije potočne pastrmke. Njihovom primenom potencijalno je moguće razjašnjenje filogenetskih odnosa unutar kompleksa, kao i dobijanje dubljih uvida u evoluciju morfoloških karaktera koji se i dalje primenjuju kao ključni u opisu i identifikaciji pastrmki (Tougaard, 2022).

1.2.4.1. Pregled dosadašnjih molekularno-genetičkih istraživanja kompleksa potočne pastrmke na teritoriji Srbije

Distribucija nekoliko filogenetskih linija potočne pastrmke preklapa se u južnoj Evropi, uglavnom na Pirinejskom, Balkanskom i Anadoljskom poluostrvu (Baric i sar., 2010; Sanz, 2018). Potočnu pastrmku Balkanskog poluostrva čini mozaik KR mtDNK haplotipova koji pripadaju DA, AD, ME i MA filogenetskim linijama, u okviru kojih populacije pokazuju naročito visoke nivoe genetičkog polimorfizma i ancestralnog endemizma (Apostolidis i sar., 1997, 2008; Marić i sar., 2006b; Razpet i sar., 2007; Sušnik i sar., 2007; Kohout i sar., 2013). Jadranska linija je rasprostranjena u zapadnim, južnim i jugoistočnim oblastima, dok DA linija zauzima severne, istočne i centralne delove Balkana (Georgijev, 2003). MA i ME linije imaju znatno uže rasprostranjenje na Balkanskom poluostrvu i sporadično se javljaju u slivovima Jadranskog, Jonskog i Egejskog mora (Kohout i sar., 2013; Sanz, 2018). Štaviše, na teritoriji Balkanskog poluostrva, evolucione linije kompleksa potočne pastrmke iznova prolaze kroz periode ekspanzija, promovišući zone sekundarnog kontakta, hibridizacije i introgresije (Kryštufek i Reed, 2004).

Smeštena na centralnom delu Balkanskog poluostrva, teritorija Srbije pruža veliki broj filogeografskih podataka na relativno malom geografskom opsegu (Marić i sar., 2006b). Analizom KR mtDNK potočne pastrmke sa teritorije Srbije (Marić i sar., 2006, 2022; Tošić i sar., 2014, 2016; Simonović i sar., 2017; Kanjuh i sar., 2021) evidentirana je visoka

raznolikost i veliki broj haplotipova za relativno malu teritoriju, kao i jasno uočljiv geografski obrazac distribucije haplotipova. Velika varijabilnost linija potočne pastrmke između slivova na teritoriji Srbije, praćena je i veoma visokom međupopulacionom varijabilnošću unutar slivova, što je najverovatnije posledica skorašnje izolacije i lokalne diferencijacije unutar svake od linija (Marić, 2005).

Prva filogeografska istraživanja pastrmskih populacija sa teritorije Srbije sproveli su Marić i sar. (2006b) analizom KR mtDNK jedinki uzorkovanih u sva tri sliva. Autori su pronašli 15 haplotipova koji pripadaju DA, AD i AT filogenetskim linijama. Raspored autohtonih haplotipova, odnosno linija, korespondirao je sa slivnim područjima. Najviši nivo polimorfizma registrovan je u Crnomorskom slivu. Unutar DA linije, zabeleženo je osam haplotipova (najfrekventniji haplotip je Da1a), dok su dva novoopisana haplotipa – Da*Dž i Da*Vr, na osnovu filogenetskih rekonstrukcija pokazala ancestralni karakter. U radu je detektovano i šest AD haplotipova. Alohtoni AT haplotip detektovan je kod jedne jedinke u populaciji iz Crnomorskog sliva i jedne jedinke u populaciji iz Egejskog sliva.

Nakon ove studije, usledila su dodatna istraživanja populacija potočne pastrmke u Srbiji, uglavnom lokalnog karaktera.

U studiji Tošić i sar. (2014) detektovana su dva DA haplotipa (od kojih je jedan novoopisan) u populacijama potočne pastrmke sa tri lokaliteta u slivu Crnog Timoka.

Na osnovu rezultata Tošić i sar. (2016), analizom populacija pastrmki Crnomorskog sliva sa devet lokaliteta u okviru šireg područja Nacionalnog parka „Đerdap”, detektovana su dva DA haplotipa i jedan AT. Na tri lokaliteta detektovane su jedinke alohtone AT linije. Populaciono-genetička struktura pastrmki ovog područja, primenom analize mikrosatelitskih lokusa, prikazana je u radu Škraba-Jurlina i sar. (2020). Rezultati studije su ukazali na niže vrednosti mikrosatelitskih parametara za populacije iz pritoka Đerdapske akumulacije u odnosu na populacije iz sliva Une (Bosna i Hercegovina) i Mrtvice (Crna Gora). U okviru Nacionalnog parka „Đerdap” zabeleženo je prisustvo četiri genetički diferencirane populacije potočne pastrmke: (1) reka Kožica, (2) reka Rečka, (3) reke Vratna i Zamna i (4) reke Mala Boljetinska i Zlatica, što ukazuje na verovatnu komunikaciju i protok gena između populacija u okviru grupa 3 i 4.

Simonović i sar. (2017) su objavili studiju analize KR mtDNK potočne pastrmke Dunavskog sliva Zapadnog Balkana koja je uključivala, većinom, već prethodno objavljene podatke. Sa teritorije Srbije uključene su informacije o distribuciji haplotipova pastrmskih populacija iz sistema Drine, Kolubare, Zapadne Morave, Južne Morave, Timoka i direktnih pritoka Dunava u okviru šireg područja Nacionalnog parka „Đerdap”. Studija je potvrdila prethodne navode (Marić i sar., 2006b, 2012; Tošić i sar., 2014, 2016), o ukupnom broju detektovanih haplotipova za teritoriju Srbije: devet DA haplotipova, jedan AT i jedan AD haplotip, od kojih su poslednja dva alohtona za Dunavski sliv. Na lokalitetima Dunavskog sliva Zapadnog Balkana, osim haplotipova DA linije, zabeleženi su i alohtoni AT, AD i MA haplotipovi. Filogenetske rekonstrukcije istakle su ancestralni položaj haplotipova Da*Vr, Da*Dž i Da-s6 unutar DA klade. Navedeni haplotipovi zauzimaju intermedijarnu poziciju u odnosu na ostale filogenetske linije i moderne haplotipove DA linije. Sa druge strane, široka distribucija i ekskluzivnost na pojedinim lokalitetima impliciraju ancestralni karakter Da1 haplotipa u kladi modernih DA haplotipova.

Analizom kompletnog KR mtDNK populacija potočne pastrmke južnih padina Stare planine u Srbiji, Kanjuh i sar. (2021) su detektovali sedam haplotipova u okviru tri

filogenetske linije (DA, AD i AT). Autori navode da među njima dva haplotipa imaju autohtono poreklo (Da-s6/Da21 i Da1a) dok je nativnost haplotipa Da22 upitna. Takođe, haplotipovi AT (ATcs1 i At1f) i AD (ADcs1 i AdAE1) filogenetskih linija, detektovani u populaciji reke Jerme, alohtonog su porekla.

Marić i sar. (2022) su analizirali populacije Vlasinske visoravni iz sliva Južne Morave i Strume, kao i jednu ribnjačku populaciju. U studiji je detektovano šest haplotipova (od kojih su dva novoopisana) u okviru DA-ES haplogrupe, tri (od kojih su dva novoopisana) u okviru DA-BS haplogrupe, kao i po dva haplotipa u okviru AD i AT filogenetskih linija. Alohotoni AT haplotipovi su detektovani u ribnjačkoj populaciji i kod jedne jedinke Crnomorskog sliva. Međutim, u dunavskim populacijama su detektovani i, za taj sliv, alohotoni AD haplotipovi. U ovom radu pored analize mtDNK, vršena je i analiza mikosatelitskih lokusa. Rezultati su otkrili kompleksnu genetičku strukturu i pokazali različite nivoe introgresivne hibridizacije iz egejskih populacija u dunavske populacije, što je direktna posledica translokacija koje su rezultat antropogenog delovanja. Nasuprot tome, populacije Egejskog sliva Vlasinske visoravni naseljene su isključivo jedinkama autohtone AD linije.

U nedavnoj publikaciji, Marić i sar. (2023b) procenili su vreme divergencije između haplotipova sa nekoliko lokaliteta zapadnog Balkana (šire područje Đerdapske klisure u istočnoj Srbiji, jugoistočna Srbija i kontinentali deo Crne Gore). Zabeležena je kongruencija između datiranja dobijenog metodom molekuskog sata i dostupnih geoloških podataka kada su u pitanju moderni haplotipovi. Nasuprot tome, kongruencija je bila slabija kada je u pitanju datiranje divergencije ancestralnih haplotipova. Takođe, prikazane su razlike u proceni vremena divergencije u zavisnosti od primenjene metode kalibracije molekuskog sata. Na primer, procena vremena divergencije na osnovu parcijalnih sekvenci ancestralnih KR haplotipova i primenom stope mutacija: $\lambda_1 = 1\%$ (prema Bernatchez, 2001) i $\lambda_2 = 0,31\%$ (prema Crête-Lafrenière i sar., 2012) ukazala je da se razdvajanje između AD (Ad*Bož) i DA (Da*Vr) linija odigralo pre 1,972 mgod, odnosno pre 3,450 mgod, respektivno. Sa druge strane, određivanjem vremena divergencije pomoću RelTime metode (Tamura i sar., 2021) u softveru Mega X (uz stopu supstitucije $\lambda = 0,31\%$), vreme divergencije između AD (Ad*Bož) i DA (Da*Vr) linija je procenjeno na pre 4,740 mgod.

Prethodno navedene studije evidentno ukazuju na veoma visok diverzitet populacija potočne pastrmke na teritoriji Srbije. Detektovani KR mtDNK haplotipovi raspoređeni su u okviru DA, AD i AT filogenetskih linija. Posebno bitan podatak je jasna indikacija divergentnosti unutar DA linije, postojanje dva haplotipa (Da*DŽ i Da*Vr) koji su intermedijarno pozicionirani između DA i preostalih linija (Marić i sar., 2006b, Simonović i sar., 2017). Kasnije studije, Kohout i sar. (2013) i Marić i sar. (2022), analizom dužih segmenata KR mtDNK, pozicionirale su navedene haplotipove unutar DA-BS haplogrupe. Zajedno sa dva pomenuta haplotipa, opisan je još jedan haplotip iz DA-BS haplogrupe (Marić i sar., 2022).

Uzimajući u obzir da je haplotipska raznovrsnost dunavske filogenetske linije u Srbiji veoma visoka, što se ogleda u prisustvu haplotipova iz DA-ES i DA-BS haplogrupa, neophodna je filogenetska rekonstrukcija evolucione istorije potočne pastrmke, analizom obimnijeg uzorka sa teritorije Srbije. Takođe, dobra geografska pokrivenost pružila bi nove uvide u filogeniju i filogeografiju kompleksa potočne pastrmke sa teritorije Srbije, ali i sa znatno šireg areala analiziranog taksona.

1.2.5. Faktori ugrožavanja i konzervacija potočne pastrmke

Potočna pastrmka naseljava različite tipove staništa, što je doprinelo njenoj uspešnoj introdukciji širom sveta (Klemetsen i sar., 2003; Frank i Baret, 2013). Međutim, usled relativno izražene stenovalentnosti u pogledu fizičko-hemijskih parametara vode, osetljiva je na promene životne sredine (Frank i Baret, 2013).

Izumiranje lokalnih populacija, odnosno smanjenje ili gubljenje intraspecijskog diverziteta potočne pastrmke posledica je, uglavnom, antropogenih aktivnosti. Najizraženiji negativni efekti javljaju se posredno, usled degradacije staništa, ali i neposredno putem prekomernog ribolova, neplanskog i neadekvatnog poribljavanja (Allendorf, 1988; Laikre i Ryman, 1996; Laikre i sar., 1999; Marić, 2005).

Introdukcija alohtonih linija kompleksa potočne pastrmke i njihova hibridizacija sa autohtonim populacijama predstavlja jedan od glavnih ugrožavajućih faktora diverziteta ovog taksona. Zahvaljujući lakom uzgoju i visokom prirastu, atlantski domestifikovani sojevi su se u velikoj meri proširili izvan njihovog prirodnog areala, do sliva Dunava i sliva Mediterana (Laikre i sar., 1999). Štaviše, poribljavanje jedinkama ribnjačkog porekla je gotovo redovna praksa u svim delovima areala u kojima se vrši aktivno upravljanje populacijama potočne pastrmke (Laikre i sar., 1999; Aragusas i sar., 2008; Berrebi i sar., 2019, 2020, 2021). Nedavno, Berrebi i sar. (2021) su potvrdili da atlantski domestifikovani sojevi prevladavaju u populacijama 26 evropskih ribnjaka.

Iskustva u upravljanju populacijama potočne pastrmke i prateća istraživanja nedvosmisleno ukazuju da se poribljavanjem jedinkama atlantskog porekla, usled kompeticije i hibridizacije sa autohtonim populacijama, narušava adaptivni potencijal autohtonih populacija (Laikre, 1999; Dudgeon i sar., 2006; Araki i Schmid, 2010; Caudron i sar., 2011). Negativni efekti ove prakse uključuju i gubitak genetičkog diverziteta, promenu populacione strukture, smanjenje efektivne veličine populacija, kao i epigenetske promene (Hagen i sar., 2019).

Poslednjih decenija prepoznata je važnost očuvanja intraspecijskog diverziteta i lokalno prilagođenih filogenetskih linija kao ključnih faktora za dugoročni opstanak vrste. U cilju podrške održivom upravljanju potočnom pastrmkom, konzervacioni genetičari su sprovedli istraživanja prirodnih i ribnjačkih populacija (npr. Laikre i sar., 1999; Berrebi i sar., 2019, 2021; Marić i sar., 2010, 2022), sa ciljem identifikacije filogenetskih linija, detekcije introgresivne hibridizacije, procene genetičkog diverziteta i populaciono-genetičkih parametara. Prvi korak u identifikaciji odgovarajućih populacija koje će se koristiti za poribljavanje (donorske populacije) je razlikovanje autohtonih populacija od alohtonih i introgresiranih populacija. Uspostavljen molekularno-genetički pristup za razlikovanje domestifikovanih atlantskih sojeva od prirodnih populacija Dunavskog sliva i sliva Mediterana zasniva se na primeni dijagnostičkih snipova mitohondrijske (npr. kontrolni region; Bernatchez i sar., 1992) i jedarne DNK (npr. *LDH* gen; Hamilton i sar., 1989; McMeel i sar., 2001), kao i na analizi srodničkih odnosa primenom analize mikrosatelitskih lokusa. Dok mtDNK identifikuje evolucionu liniju kojoj populacija ili jedinka pripada prema maternalnom tipu nasleđivanja, jedarni markeri pružaju dodatne informacije o genetičkom diverzitetu, pojavi introgresivne hibridizacije i admiksije u populaciji (Hansen i sar., 2000a, 2001; Chistiakov i sar., 2005; Jones i sar., 2009; Saura i Faria, 2011).

Potočna pastrmka se uzgaja, u relativno malom broju, na nekoliko hladnovodnih ribnjaka brdsko-planinskih predela Zapadne, Istočne i Južne Srbije (Marković, 2022). Gajenje

jedinki za poribljavanje otvorenih voda se rutinski obavlja poslednjih 30-ak godina, međutim, selekcija matičnih jedinki se uglavnom vrši na osnovu fenotipskih karakteristika. Poribljavanje jedinkama ribnjačkog porekla je postala uobičajena praksa u nekim delovima Srbije, međutim, poreklo ribnjačkih populacija nije ispitivano, samim tim ni posledice njihove introdukcije u prirodne ekosisteme (Marić i sar., 2022). Štaviše, alohtoni haplotipovi, poreklom iz Atlantskog i Jadranskog/Egejskog sliva su detektovani u autohtonim populacijama potočne pastrmke (Marić i sar., 2006b, 2017; Tošić i sar., 2016; Simonović i sar., 2017; Škraba Jurlina i sar., 2020). Marić i sar. (2022) zabeležili su pojavu introgresivne hibridizacije alohtonih jadranskih linija u autohtone dunavske populacije Vlasinske visoravni.

U skladu sa Zakonom o zaštiti i održivom korišćenju ribljeg fonda („Sl. glasnik RS“, br. 128/14 i 95/18 – dr. zakon) poribljavanje otvorenih voda u Srbiji se može sprovoditi samo jedinkama autohtonih vrsta. Međutim, zakon ne uzima u obzir filogenetske linije unutar vrste, koje su veoma važne za lokalne adaptacije populacija. Takođe, zakonom nije prepoznat značaj genetičkog monitoringa jedinki planiranih za poribljavanje otvorenih voda (Lenhardt i sar., 2020).

Faktori ugrožavanja svih predstavnika roda *Salmo* uključuju promene u funkcionalnosti staništa, odnosno narušavanje staništa usled regulacija i zagađenja vodotokova, kao i prekomeran ribolov (Crisp, 2000; Roni i sar., 2008; Dauwalter i sar., 2020). Degradacija staništa uključuje i promenu sastava ribljih zajednica. Ove promene se ogledaju u nestanku ribljih vrsta sa kojima je potočna pastrmka prirodno koegzistirala, kao i u introdukciji alohtonih vrsta u njena staništa (Marić, 2005). Alohtone riblje vrste mogu imati indirektan uticaj na potočnu pastrmku putem promena uslova staništa i unošenja novih i nepoznatih bolesti u populaciju, ili direktno putem predatorstva, kompeticije ili hibridizacije (Marić, 2005; Kovach i sar., 2016). Kalifornijska pastrmka *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum, 1792) je potencijalno konkurentna vrsta potočnoj pastrmki i njeno prisustvo može imati negativan uticaj na populacije potočne pastrmke (Crisp, 2000; Lenhardt i sar., 2011). Međutim, iako je veoma rasprostranjena u evropskim slivovima (Crisp, 2000; Tošić, 2016), kalifornijska pastrmka u Srbiji još uvek nema samoodržive populacije i uglavnom se može naći u blizini ribnjaka u kojima se uzgaja (Lenhardt i sar., 2011; Tošić, 2016; Simić i sar., 2023).

Negativni antropogeni uticaji na pastrmske populacije mogu se javiti i posredno, putem zagađenja koja proizilaze iz građevinarstva, industrije, puteva, saobraćaja, urbanizacije, turističkih objekata, kao i razvoja šumarstva i poljoprivrede (Tošić, 2016; Simić i sar., 2023).

Sve aktuelnije globalne pretnje, poput klimatskih promena, predstavljaju značajne izazove i opasnosti za autohtone populacije pastrmki i njihova staništa (Hari i sar., 2006; Kovach i sar., 2016; Muhlfeld i sar., 2018; Dauwalter i sar., 2020). Negativan uticaj na lokalne pastrmske populacije može imati i neovlašćeno i nepravilno gazdovanje vodama koje one naseljavaju (Baskaya i sar., 2011; Zapletal i sar., 2021).

Na teritoriji Srbije, glavni ugrožavajući faktori pastrmskih populacija su introgresija, prekomeran ribolov i narušavanje staništa usled izgradnje hidroenergetskih objekata. Ovi objekti su doveli do promena u vodnom režimu, tipu i kvalitetu staništa. Takođe, jedan od najčešćih uzroka hibridizacije i unošenja alohtonih gena u autohtone populacije je translokacija riba i alteracija staništa (Allendorf i sar., 2001; Tošić, 2016).

Ribolov može imati negativan uticaj na abundancu i genetički diverzitet populacija. Preterano ribolovno opterećenje, uključujući i ilegalni ribolov, glavni je uzrok velikog pritiska na riblje populacije (Marić, 2005).

Efektivna konzervacija potočne pastrmke mora se zasnivati na genetičkim razlikama između populacija. Stoga, karakterizacija genofondova je od velike važnosti jer pruža mogućnost propisivanja određenih konzervacionih mera populacijama koje još uvek imaju nejasan i nerazrešen taksonomski status, ali i poseduju posebne adaptivne i genetičke osobine. Karakterizacija genofondova se postiže kroz definisanje konzervacionih jedinica koje uključuju: evoluciono značajne jedinice (*eng.* Evolutionarily Significant Units – ESUs), upravljačke jedinice (*eng.* Management Units – MUs) i akcione jedinice (*eng.* Action Units – AUs) (Wan i sar., 2004; Tošić, 2016). Definisanje konzervacionih jedinica omogućava bolje razumevanje genetičkog diverziteta i adaptabilnosti populacija, što je ključno za dugoročno očuvanje vrsta.

Na osnovu IUCN klasifikacije, potočna pastrmka je označena kao najmanje ugroženi takson (*eng.* Least Concern – LC; Freyhof, 2011). Takođe, i na teritoriji Srbije ona nema status ugrožene vrste (Simonović, 2001). Međutim, prisustvo različitih ugrožavajućih faktora koji onemogućavaju opstanak lokalnih populacija može dovesti do smanjenja intraspecijskog i genetičkog diverziteta i na taj način direktno ugroziti opstanak ove vrste.

Dakle, od suštinskog značaja za efikasno i održivo upravljanje populacijama potočne pastrmke su maksimalno očuvanje prirodnih staništa ove vrste, očuvanje genetičke strukture i minimalne vijabilne veličine lokalnih populacija (Frankel, 1974; Meffe, 1986; Ryman, 1991; Laikre i sar., 1999).

Rangiranje populacija na osnovu njihovog biološkog i evolucionog značaja i identifikacija potencijalnih pretnji za njihov dalji opstanak, omogućavaju postavljanje prioriteta za konzervaciju. Na taj način, omogućava se i efikasna alokacija ograničenih resursa i ciljano sprovođenje mera zaštite (Muhlfeld i sar., 2019). Modeli, kao što je ESHIPPO, koncipiran sa ciljem procene rizika izumiranja i prioriteta konzervacije akvatičnih organizama na nacionalnom i lokalnom nivou (Simić i sar., 2007, 2014, 2015, 2016, 2022a), doprinose dugoročnoj zaštiti i oporavku vrsta.

2. CILJ ISTRAŽIVANJA

Rasvetljavanje filogeografskih obrazaca i evolucione istorije vrste od suštinskog su značaja za razumevanje razlika između populacija, očuvanje genetičke raznovrsnosti i definisanje efikasne strategije upravljanja. Kada su u pitanju vrste poput potočne pastrmke, rasvetljavanje navedenih pitanja je prilično kompleksno usled velike raznolikosti fenotipova (koji nekorespondiraju uvek sa genetičkim razlikama), neusklađenosti između različitih filogenetskih istorija izvedenih iz različitih molekularnih markera i nedostataka snažno podržanih filogeografskih obrazaca. Osim toga, procesi introgresije među različitim filogenetskim linijama, koji su izazvani antropogenim uticajem, povećavaju složenost ovog, ionako, veoma složenog biološkog problema.

S obzirom na aktuelnost teme, postavljeni su **opšti ciljevi** doktorske disertacije:

- Utvrđivanje genetičke raznovrsnosti populacija kompleksa potočne pastrmke na teritoriji Srbije, upotrebom molekularno-genetičkih metoda;
- Modifikacija osnovnog modela ESHIPPO (Simić i sar., 2007) prilagođavanjem parametara modela za primenu unutar kompleksa potočne pastrmke, uz inkorporaciju genetičke komponente istraživanih populacija u model;
- Molekularno-genetička analiza matičnog jata ribnjaka „Panjica“ koji je uključen u program proizvodnje salmonidne riblje mlađi za potrebe poribljavanja odgovarajućih ribolovnih voda Dunavskog sliva;
- Predlaganje mera zaštite, očuvanja i održivog korišćenja populacija potočne pastrmke u slivovima Srbije.

Na osnovu iznetog, izvedeni su i **specifični ciljevi** istraživanja:

- Analizom kontrolnog regiona mitohondrijske DNK, uz korišćenje literaturnih podataka, istražiti filogenetske obrasce unutar dunavske linije i distribuciju njenih haplogrupa, a nakon toga integrisati rezultate u šire filogeografske i kolonizacione obrasce kompleksa potočne pastrmke;
- Sprovođenje revizije molekularnog datiranja kompleksa potočne pastrmke;
- Utvrđivanje genetičkih razlika među populacijama potočne pastrmke na teritoriji Srbije analizom mikrosatelitskih lokusa jedarne DNK;
- Utvrđivanje glavnih ugrožavajućih faktora i procena efekata njihovog delovanja na populacije potočne pastrmke;
- Procena stepena ugroženosti i održivog korišćenja populacija potočne pastrmke na teritoriji Srbije.

3. MATERIJAL I METODE

3.1. Raspored lokaliteta istraživanja, metodologija uzorkovanja i broj prikupljenih uzoraka

Terenska istraživanja obavljena su u periodu od 2014. do 2018. godine. Jedinke potočne pastrmke su uzorkovane iz 52 vodotoka Crnomorskog i Egejskog sliva i tri ribnjaka sa teritorije Srbije (Tabela 1).

Uzorkovanje riba je obavljeno metodom elektroribolova (apparat Aquatech IG 1300; SRPS EN 14011:2008). Nakon izlova, merena je standardna dužina tela (SL, cm), totalna dužina tela (TL, cm) i masa tela (W, g) izlovljenih jedinki. Nakon merenja, sterilnim makazama jedinkama je odstranjen deo analnog peraja (~ 0,5 cm²), koji je konzerviran u 96% etanolu za potrebe genetičkih analiza, a jedinke su vraćene u vodu.

Za potrebe filogeografskih i populaciono-genetičkih analiza, u uzorak su uključene i četiri referentne pastrmske populacije atlantske filogenetske linije, od kojih je po jedna ribnjačka iz Češke Republike i Danske, a preostale dve su poreklom iz Aterskog jezera (Austrija) i reke Trebišnjice (Bosna i Hercegovina). Osim navedenih populacija, uključena je i referentna populacija jadranske filogenetske linije iz reke Radike (Makedonija). Ukupan obim uzorka čine 1102 jedinke prikupljene sa 60 lokaliteta (Tabela 1).

Za potrebe genotipizacije matičnog jata ribnjaka „Panjica“ tokom jula 2019. godine uzorkovana je 141 jedinka (Tabela 1). Jedinke su anestetizirane uljem karanfilića (Eugenol; Sigma-Aldrich Ltd., MO, SAD) i čipovane (FDX-B transponders, Virbac), a zatim im je, prema opisanoj metodologiji, uzorkovan deo analnog peraja za buduće genetičke analize.

U analizu genetičke strukture matičnog jata ribnjaka „Panjica“ uključene su i referentna dunavska populacija (reka Panjica) i atlantske referentne populacije (ribnjak „Braduljica“ (jugozapadna Srbija), ribnjak iz Danske, Atersko jezero i reka Trebišnjica, čineći ukupan uzorak od 202 jedinke (Tabela 1).

Za potrebe filogeografskih i populaciono-genetičkih analiza, kao i genotipizacije matičnog jata ribnjaka „Panjica“, ukupno je analizirano 1256 jedinki sa 61 lokaliteta (Tabela 1). Geografski raspored lokaliteta na teritoriji Srbije prikazan je na Slici 7.

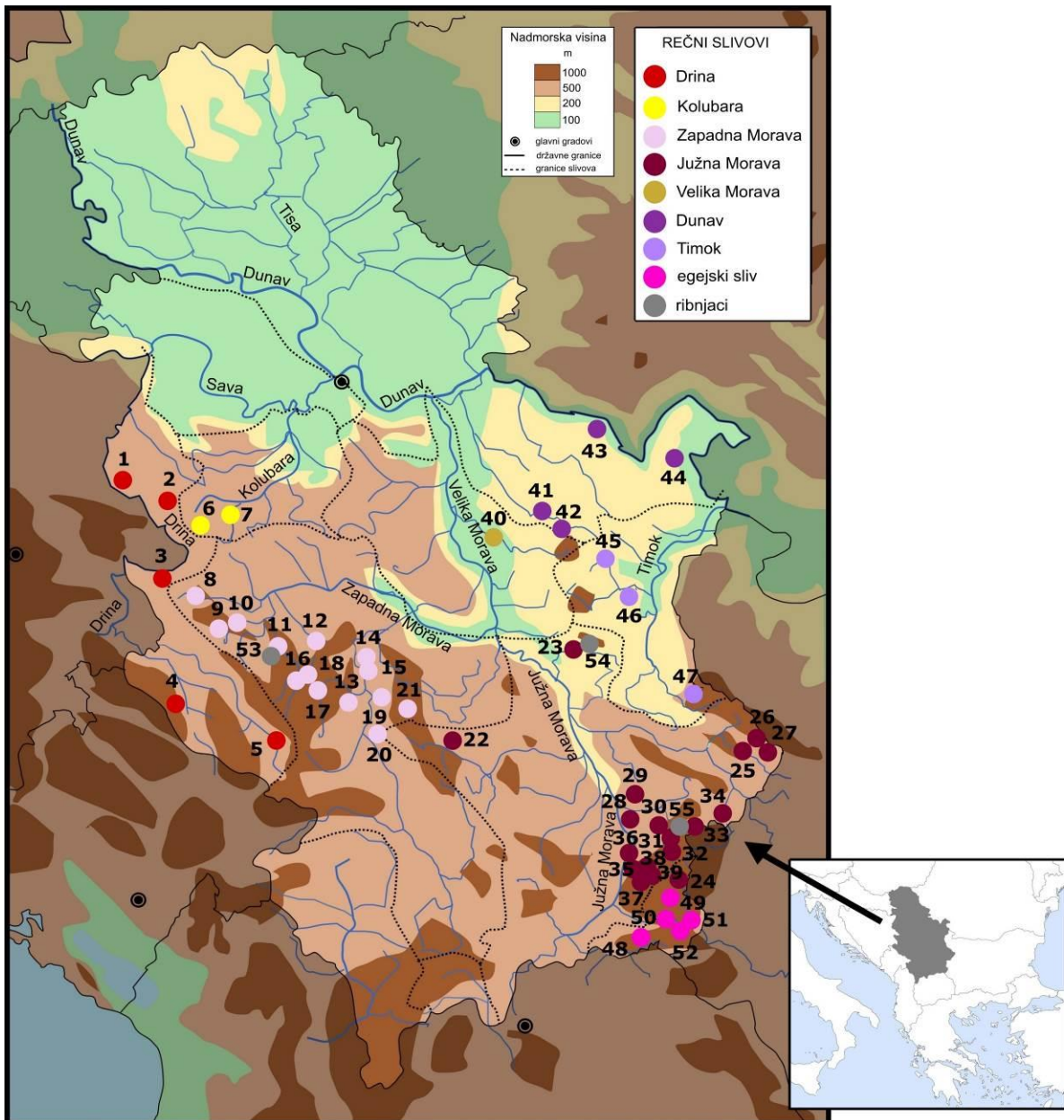
Procena održivog korišćenja i prioriteta konzervacije analiziranih populacija potočne pastrmke Crnomorskog i Egejskog sliva na teritoriji Srbije izvršena je koncipiranjem ESHIPPOsalmo modela.

Tabela 1. Lokaliteti uzorkovanja potočne pastrmke na teritoriji Srbije. Tabela uključuje: redni broj lokaliteta, naziv lokaliteta, geografske koordinate lokaliteta i broj analiziranih uzoraka po lokalitetu za određeni genetički marker.

Lokalitet	Geografske koordinate	Broj analiziranih uzoraka po lokalitetu		
		mtDNK	LDH gen	mikrosatelitski lokusi
<i>Sliv Drine</i>				
1. Boranjska reka	44°19'23.8" N, 19°09'30.9" E	15	-	15
2. Ljuboviđa	44°14'11.4" N, 19°28'26.9" E	20	-	20
3. Rača	43°55'15.8" N, 19°31'50.8" E	20	-	20
4. Gračanica	43°18'08.5" N, 19°40'07.7" E	20	-	20
5. Vapa	43°14'15.1" N, 20°05'52.8" E	19	-	20
<i>Sliv Kolubare</i>				
6. Povolnska reka	44°10'28.9" N, 19°45'37.1" E	20	-	20
7. Gradac	44°14'59.1" N, 19°53'07.1" E	18	-	20
<i>Sliv Zapadne Morave</i>				
8. Đetinja	43°51'47.2" N, 19°37'47.9" E	20	-	20
9. Katušnica	43°38'43.6" N, 19°52'01.8" E	20	-	20
10. Veliki Rzav	43°43'59.5" N, 19°55'52.9" E	20	-	20
11. Panjica	43°38'49.3" N, 20°02'06.5" E	20	-	20
12. Tolišnica	43°39'51.2" N, 20°26'25.1" E	20	-	20
13. Brvenica	43°20'45.4" N, 20°34'03.8" E	18	-	18
14. Maglička reka	43°36'07.0" N, 20°33'02.0" E	5	-	5
15. Bresnička reka	43°34'05.9" N, 20°33'06.5" E	19	-	20
16. Studenica	43°25'28.4" N, 20°22'39.5" E	20	-	20
17. Izubra	43°25'24.7" N, 20°24'23.7" E	20	-	20
18. Brevina	43°25'41.3" N, 20°27'22.7" E	20	-	20
19. Gokčanica	43°27'09.4" N, 20°40'07.9" E	20	-	20
20. Samokovska reka	43°19'32.3" N, 20°45'42.1" E	20	-	20
21. Brzečka reka	43°18'34.6" N, 20°51'09.0" E	13	-	13
<i>Sliv Južne Morave</i>				
22. Štavska reka	43°15'42.5" N, 20°58'16.7" E	19	-	20
23. Sokobanjska Moravica	43°39'31.0" N, 21°50'45.3" E	20	-	20
24. Toplodolska reka	42°35'53.7" N, 22°22'08.4" E	18	-	19
25. Visočica	43°10'15.6" N, 22°46'48.9" E	20	-	20
26. Dojkinačka reka	43°16'57.4" N, 22°45'55.1" E	20	-	20
27. Vodenička reka	43°09'51.0" N, 22°55'59.0" E	21	-	21
28. Dursunska reka	42°50'12.0" N, 22°13'39.0" E	20	-	22
29. Bistrička reka	42°57'28.0" N, 22°13'27.0" E	20	-	21
30. Vlasina	42°47'07.0" N, 22°19'19.0" E	24	-	24
31. Polomska reka	42°45'43.4" N, 22°19'33.3" E	5	-	5
32. Vučja reka	42°43'24.4" N, 22°23'08.8" E	19	-	19
33. Jerma gornji tok	42°46'52.0" N, 22°26'25.0" E	22	-	22
34. Jerma donji tok	42°53'48.0" N, 22°39'27.0" E	11	-	11
35. Jelašnička reka	42°37'57.0" N, 22°07'05.0" E	17	-	17
36. Garvanica	42°44'47.0" N, 22°11'34.0" E	19	-	22
37. Masurička reka	42°38'51.0" N, 22°10'50.0" E	19	-	21
38. Vrla	42°39'07.0" N, 22°17'44.0" E	19	-	19
39. Šaovice	42°41'07.3" N, 22°19'03.3" E	20	-	20
<i>Sliv Velike Morave</i>				
40. Resava	44°06'02.0" N, 21°26'14.0" E	20	-	20

Tabela 1. Nastavak.

Lokalitet	Geografske koordinate	Broj analiziranih uzoraka po lokalitetu		
		mtDNK	LDH gen	mikrosatelitski lokusi
<i>Direktne pritoke Dunava</i>				
41. Mlava	44°15'39.3" N, 21°32'58.3" E	20	-	20
42. Krupaja	44°11'02.6" N, 21°36'17.5" E	20	-	20
43. Kožica	44°36'04.0" N, 21°58'06.0" E	20	-	20
44. Vratna	44°22'42.0" N, 22°20'52.5" E	20	-	20
<i>Sliv Timoka</i>				
45. Zlotska reka	44°01'40.6" N, 21°57'37.7" E	20	-	20
46. Mirovštica	43°50'02.6" N, 21°53'05.1" E	14	-	20
47. Janjska reka	43°25'31.8" N, 22°31'07.2" E	17	-	20
<i>Sliv Vardara</i>				
48. Tripušnica	42°24'49.0" N, 22°13'20.4" E	20	-	20
<i>Sliv Strume</i>				
49. Lisinska reka	42°34'37.0" N, 22°20'49.0" E	22	-	22
50. Ljubatska reka	42°29'40.0" N, 22°20'59.0" E	19	-	20
51. Dragovištica	42°27'21.0" N, 22°29'51.0" E	21	-	21
52. Brankovačka reka	42°23'53.0" N, 22°27'28.0" E	22	-	22
<i>Ribnjačke populacije</i>				
53. ribnjak Panjica	43°39'34.1" N, 20°04'21.1" E	20 141	- 141	20 141
54. ribnjak Sokobanjska Moravica	43°37'54.0" N, 21°59'26.0" E	19	-	20
55. ribnjak Jerma	42°56'33.0" N, 22°36'51.0" E	9	-	9
<i>Referentne populacije</i>				
56. ribnjak Braduljica (atlantska referentna populacija)	43°29'11.7" N, 20°23'42.9" E	13	-	13
57. ribnjak Češka Republika (atlantska referentna populacija)	50°36'22.0" N, 15°09'49.0" E	5	-	5
58. ribnjak Danska (atlantska referentna populacija)	55°38'52.0" N, 09°15'59.0" E	10	-	10
59. Atersko jezero (Traun – Crnomorski sliv) (atlantska referentna populacija)	47°52'40.0" N, 13°32'39.0" E	8	-	8
60. Trebišnjica (Neretva – Jadranski sliv) (atlantska referentna populacija)	42°42'47.2" N, 18°21'51.5" E	20	-	20
61. Radika (Drim – Jadranski sliv) (jadranska referentna populacija)	41°33'01.5" N, 20°36'43.8" E	11	-	11
Ukupno		1231	141	1256



Slika 7. Prostorni raspored analiziranih lokaliteta na teritoriji Srbije (naziv i redni broj lokaliteta iz Tabele 1 odgovara broju i položaju lokaliteta na karti).

3.2. Molekularno-genetičke metode

3.2.1. Ekstrakcija genomske DNK

Genomska DNK iz uzoraka peraja izolovana je pomoću komercijalno dostupnih kitova za izolaciju, Tissue Genomic DNA Mini Kit (Geneaid Biotech, Tajvan) i DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, Nemačka) prema uputstvima proizvođača.

3.2.2. Kontrolni region mitohondrijske DNK

3.2.2.1. Amplifikacija, provera uspešnosti amplifikacije i sekvenciranje kontrolnog regiona mitohondrijske DNK

Lančanom reakcijom polimeraze umnožen je kompletan kontrolni region mitohondrijske DNK dužine ~ 1200 bp. Početni oligonukleotidi (prajmeri) koji su korišćeni za umnožavanje KR mtDNK su: LRBT-25 (5'-AGAGCGCCGGTCTTGTAATC-3') i LRBT-1195 (5'-GCTAGCGGGACTTTCTAGGGTC-3') (Uiblein i sar., 2001).

Smeša za PCR reakciju pripremljena je u ukupnoj zapremini od 25 µl i sadržala je: 1 µl 10 pmol/µl od svakog prajmera, 12,5 µl 2X PPP Master Mix-a (koji je sadržao: 150 mM Tris-HCl pH 8,8 (25 °C), 40 mM (NH₄)₂SO₄, 0,02% Tween 20, 5 mM MgCl₂, po 400 µM dATP, dCTP, dGTP i dTTP, 100 U/ml *Taq* DNA polimeraze, boju, stabilizatore i aditive; Top-Bio S.R.O., Češka Republika), 9,5 µl PCR H₂O i 1 µl genomske DNK.

Amplifikacija je vršena na aparatu GenePro (Bioer Technology, Kina). Program pod kojim je obavljena amplifikacija KR mtDNK se sastojao od inicijalne denaturacije (94 °C, 3 min) koja je praćena sa 35 ciklusa denaturacije lanaca (94 °C, 45 s), hibridizacije prajmera (54 °C, 45 s) i elongacije (72 °C, 2 min), nakon kojih je sledila završna ekstenzija (72 °C, 10 min).

Nakon završene PCR reakcije, izvršena je provera kvaliteta i dužine PCR produkata. Svi PCR produkti su razdvojeni na horizontalnom 1,5% agaroznom gelu u 1x TAE puferu (*eng.* TAE buffer). Gel je obojen etidijum-bromidom (1 µg/mL) da bi se omogućila vizuelizacija dobijenih PCR produkata. Na gel su uz produkte amplifikacije nanošeni negativna kontrola (PCR smeša bez genomske DNK) i dužinski DNK standard (GeneRuler™ 100 kb DNA Ladder, Thermo Fisher Scientific, SAD) koji je dizajniran za dimenzioniranje i približnu kvantifikaciju DNK na agaroznom gelu. Razdvajanje je trajalo 30 minuta pri naponu od 110 V. Nakon elektroforeze usledila je vizuelizacija PCR produkata pomoću MiniBIS UV transluminatora (DNR Bio-Imaging Systems, Izrael).

Prečišćavanje PCR produkata i bidirekciono sekvenciranje uslužno su obavljani u kompaniji MacroGen Service Centre (Amsterdam, Holandija), upotrebom uređaja Applied Biosystems™ 3730xl DNA Analyzer (Thermo Fisher Scientific, SAD). Za sekvenciranje su korišćeni isti prajmeri kao i pri amplifikaciji KR mtDNK (LRBT-25 i LRBT-1195).

3.2.2.2. Programska analiza kontrolnog regiona mitohondrijske DNK

Sekvence KR mtDNK su pregledane pomoću programa Chromas Lite v.2.6.5 (Technelysium Pty Ltd, Australija; <http://technelysium.com.au/wp/chromas/>) i poravnate u programu AliVIEW v.1.27 (Larsson, 2014). Alatka BLAST (*eng.* Basic Local Alignment Search Tool; Altschul i sar., 1990) je korišćena za poređenje dobijenih sekvenci sa dostupnim sekvencama iz Banke Gena (Sayers i sar., 2022; <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), u okviru baze NCBI (*eng.* National Center for Biotechnology Information).

Pored sekvenci uzoraka iz ove disertacije, u filogeografske analize je uključena i 281 sekvenca DA, AD, ME, MA, AT, DU, TI i Dades linije, koje su preuzete iz Banke Gena. Kao „outgroup“ u analizu su uključene sekvence vrsta *S. obtusirostris*, *S. ohridanus* i *S. salar* (Tabela 1 u Prilogu). Dužina sekvenci je iznosila 985 bp u svim analizama osim u metodama koje su zasnovane na najvećoj verodostojnosti (*eng.* Maximum Likelihood – ML), Bajesovom zaključivanju/statistici (*eng.* Bayesian inference – BI) i određivanju vremena divergencije. Za potrebe navedenih metoda, sekvence su modifikovane isecanjem „poli T“ bloka u dužini od 13 bp, a dužina preostalih sekvenci je bila od 1005 do 497 bp.

U cilju sagledavanja geneoloških odnosa između haplotipova, konstruisana je mreža u programu PopART v.1.7 (Leigh i Bryant, 2015), primenom Median-Joining algoritma (MJ; Bandelt i sar., 1999). Pre izrade mreže, pojedinačne insercije/delecije (indeli) su kodirane kao karakteri korišćenjem metode jednostavnog indel kodiranja (*eng.* Simple Indel Coding – SIC; Simmons i Ochoterena, 2000), koja je implementirana u program SeqState v.1.4.1 (Müller, 2005). Za sagledavanje odnosa unutar DA filogenetske linije konstruisana je dodatna MJ mreža haplotipova, takođe u PopART v.1.7 programu. Na mreži DA filogenetske linije, prikazane su frekvence haplotipova detektovanih u ovoj studiji, kao i iz publikovanih izvora (Bernatchez i sar., 1992; Weiss i sar., 2001; Duftner i sar., 2003; Marić i sar., 2006b, 2016; Meraner i sar., 2007; Griffiths i sar., 2009; Osinov, 2009; Baric i sar., 2010; Vera i sar., 2011; Hashemzadeh Segherloo i sar., 2012; Kohout i sar., 2012, 2013; Özen, 2013; Schenekar i sar., 2014; Tošić i sar., 2014, 2016; Simonović i sar., 2017; Levin i sar., 2018; Kanjuh i sar., 2020, 2021; Tabele 2 i 3 u Prilogu). Filogeografska distribucija DA haplotipova je prikazana na posebnoj mapi.

Za konstrukciju filogenetskih stabala, najbolji model nukleotidne supstitucije procenjen je prema Bajesovom kriterijumu (*eng.* Bayesian Information Criterion – BIC) u programu jModeltest v.2.1.10 (Darriba i sar., 2012). Za najbolji model supstitucije izabran je Hasegawa-Kishino-Yano (HKY), uz predloženu proporciju evoluciono invarijabilnih mesta (I) i gama distribuciju (G) (Hasegawa i sar., 1985; Yang, 1994; Steel i sar., 2000).

Stablo najveće verodostojnosti (ML) konstruisano je u programu RAxML v.8.2.12 (Stamatakis, 2014) primenom GTRGAMMAX modela. Statistička podrška grupisanja sekvenci na stablu dobijena je pomoću 1000 bootstrap ponavljanja (BS; Felsenstein, 1985) korišćenjem GTRCATX modela (Stamatakis, 2006). Takođe, konstruisano je i dodatno ML stablo od podskupa haplotipova svake filogenetske linije, radi uzimanja u obzir zasićenja filogenetskog signala pri upotrebi bootstrap tehnike za procenu statističke podrške među sličnim sekvencama.

Alternativne topologije ML stablu su istraživane po metodi „split decomposition“ (Bandelt i Dress, 1992) u programu SplitsTree v.5 (Huson i Bryant, 2006) korišćenjem „NeighborNet distance transformation“ (Bryant i Moulton, 2004) i „equal angle splits transformation“ (Dress i Huson, 2004), uz podršku od 1000 BS ponavljanja.

MrBayes v.3.2.6 program (Ronquist i sar., 2012) je korišćen u cilju istraživanja filogenetskih odnosa zasnovanih na Bajesovoj statistici (BI; Rannala i Yang, 1996). Tokom analize, istovremeno su vršena dva nezavisna ciklusa od četiri Markovljeva lanca (*eng.* Markov chains; Mau i Newton, 1997) za 30 miliona generacija sa uzorkovanjem na svakih 3000 generacija. Nakon provera efektivne veličine uzorka (*eng.* Effective Sample Size – ESS; ESS >> 500) i konvergencije u programu Tracer v.1.7.1 (Rambaut i sar., 2018) odbačeno je prvih 25% uzoraka (opcija „burn-in“), a zatim je konstruisano „majority rule consensus“ stablo sa aposteriornim verovatnoćama (*eng.* Posterior Probability – PP).

Konačno, dobijena ML i BI stabla su vizuelizovana u programu Figtree v.1.4.3 (Rambaut, 2017).

Vrednosti haplotipskog diverziteta (H) i nukleotidnog diverziteta (π) (Nei, 1987) sekvenci kontrolnog regiona mtDNK izračunati su u programu DnaSP v.6 (Rozas i sar., 2017).

Za određivanje vremena divergencije korišćen je programski paket BEAST 2 v.2.6.7 (Bouckaert i sar., 2014), koji je pokrenut na CIPRES Science Gateway v.3.3 internet platformi (Miller i sar., 2010) i lokalnom računarskom serveru.

Najvažniji aspekt u određivanju vremena divergencije je kalibracija molekuskog sata. U ovoj disertaciji, hronogram je kalibrisan pomoću tri vremenske odrednice koje se odnose na dostupne fosilne i geološke podatke. Za navedenu kalibraciju dodatno je definisan stepen odstupanja korišćenjem log-normalne raspodele podataka. Za procenu starosti roda *Salmo* kao vremenska odrednica korišćena je vrsta *S. immigratus*, pronađena u Hrvatskoj, a koja datira iz perioda donjeg sarmata (srednji miocen) (Gorjanović-Kramberger, 1891; Anđelković, 1989). Navedena izumrla vrsta predstavlja stem liniju, odnosno najstariji poznati fosil roda *Salmo*, te je 10 miliona godina poslužilo kao „conservative minimum boundary“ za procenu najmlađeg zajedničkog pretka roda *Salmo* (Tabela 2). Kao tačka kalibracije za procenu vremena divergencije kompleksa *S. trutta*, uključena je vrsta *S. derzhavini*, najstariji poznati fosil potočne pastrmke. Fosilni ostaci *S. derzhavini* pronađeni su u Jermeniji i datirani za period gornjeg pliocena (Vladimirov, 1946; Rukhkyan, 1989), stoga je 1,8 miliona godina korišćeno kao minimalno vremensko ograničenje (*eng.* minimum time constrain) za datiranje najmlađeg zajedničkog pretka kompleksa potočne pastrmke. Pored fosilnih podataka, u analizu su uključene i najsavremenije procene o geološkom poreklu Ohridskog jezera. U radu Wagner i sar. (2019) starost jezera je procenjena na 1,36 miliona godina, te je ova vremenska odrednica korišćena kao minimalna granica za procenu najmlađeg zajedničkog pretka *S. ohridanus*. Takođe, kao informacije za kalibraciju hronograma, korišćeni su i podaci ML/BI pristupa na osnovu kojih su grupe sa visokim vrednostima PP verovatnoća (> 90%) i BS ponavljanja (> 50) tretirane kao *a priori* monofiletičke.

Kako je kalibracija procena vremena divergencije vršena na interspeicijskom nivou, primenjeni su „Birth-Death“ model gustine stabla (Gernhard, 2008) i nekorelisani log-normalni relaksiran model molekuskog sata (Drummond i sar., 2006). Proračuni su vršeni korišćenjem BEAGLE library (Ayres i sar., 2012) u tri nezavisna ponavljanja za 100 miliona generacija sa uzorkovanjem svakih 10.000 generacija. Konvergencija lanaca i ESS su provereni u programu Tracer v.1.7.1 (videti tekst iznad), zatim je odbačeno prvih 10% uzoraka i dobijena stabla su kombinovana u programu LogCombiner. Konačno, program TreeAnnotator je korišćen za izračunavanje „maximum clade credibility tree“, „common

ancestor heights“, aposteriornih verovatnoća i 95% HPD intervala pouzdanosti (eng. Highest Posterior Density – HPD).

Da bi se procenio efekat svake tačke kalibracije (tri vremenske odrednice) na procenu vremena divergencije uzorka, kalibracija hronograma je vršena i sa dve tačke. Odnosno, urađena su tri alternativna hronograma korišćenjem sledećih kombinacija vremenskih odrednica: „*S. immigratus* + *S. derzhavini*“, „*S. immigratus* + *S. ohridanus*“ i „*S. derzhavini* + *S. ohridanus*“, primenom istih podešavanja kao pri kalibraciji u tri tačke.

Tabela 2. Fosilne i geološke kalibracije primenjene za određivanje vremena divergencije. Prikazane su taksonomske grupe za koje su unapred zadati tzv. *prior*-i za procenu najmlađeg zajedničkog pretka (NZP). Dodatne informacije o kalibraciji hronograma i literaturni izvori su takođe uključeni. Sve vrednosti su prikazane u milionima godina – mgod. SD – standardna devijacija; 5% i 95% – HPD intervali pouzdanosti.

Takson sa zadatim <i>prior</i> -ima za određivanje NZP	Offset varijabla	Log	Log (SD)	Medijana	5%	95%	Izvori i dodatne informacije
<i>Salmo</i>	10,0	5,0	1,0	13,0	10,6	25,70	<i>Salmo immigratus</i> iz sarmata (srednji miocen) kao stem fosil <i>Salmo</i> (Gorjanović-Kramberger, 1891; Anđelković, 1989)
<i>Salmo trutta</i> kompleks	1,8	1,0	1,0	2,41	1,92	4,94	<i>Salmo derzhavini</i> iz ranog pliocena (Vladimirov, 1946; Rukhkyan, 1989)
<i>Salmo ohridanus</i>	1,3	0,6	1,5	1,49	1,32	3,60	Formiranje Ohridskog jezera, datirano na pre 1,36 mgod (Wagner i sar., 2019)

3.2.3. LDH gen

3.2.3.1. Amplifikacija, provera uspešnosti amplifikacije i restrikciona analiza LDH gena

Analiza polimorfizama *LDH* gena uključivala je PCR amplifikaciju i restrikcionu analizu (eng. Restriction Fragment Length Polymorphism – RFLP) *Bse*LI enzimom. *LDH* gen kao genetički marker je korišćen u cilju razlikovanja alela *LDHC1*100* (genotip *LDHC1*100/100*), koji karakteriše autohtonu potočnu pastrmku Dunavskog sliva i alela *LDHC1*90* (genotip *LDHC1*90/90*) karakterističnog za introdukovane atlantske (AT) jedinke severno evropskog i zapadno evropskog porekla (McMeel i sar., 2001).

LDH gen u dužini od 428 bp umnožen je PCR reakcijom, korišćenjem prajmera Ldhxon3F (5'-GGCAGCCTCTTCCTCAAAAACGCCCAA-3') i Ldhxon4R (5'-CAACCTGCTCTCTCCCTCCTGCTGACGAA-3') (McMeel i sar., 2001). Smeša za PCR reakciju, ukupne zapremine od 13 µl, sadržala je: 0,5 µl 10 pmol/µl svakog prajmera, 6 µl 2X PPP Master Mix-a (Top-Bio S.R.O., Češka Republika), 5 µl PCR H₂O i 1 µl genomske DNK. PCR reakcija se odvijala u aparatu GenePro (Bioer Technology, Kina) i započeta je inicijalnom denaturacijom (95 °C, 3 min) koja je praćena sa 30 ciklusa denaturacije lanaca

(94 °C, 45 s), hibridizacije prajmera (62 °C, 45 s) i elongacije (72 °C, 2 min), nakon kojih je sledila završna ekstenzija (72 °C, 10 min).

Uspešnost amplifikacije DNK fragmenata proverena je na horizontalnom 1,5% agaroznom gelu u 1x TAE puferu. Elektroforeza je vršena po protokolu prikazanom u Poglavlju 3.2.2.1. Nakon elektroforeze, pomoću MiniBIS UV transluminatora (DNR Bio-Imaging Systems, Izrael) vršena je vizuelizacija dobijenih DNK fragmenata.

Polimorfizmi umnoženih DNK fragmenata detektovani su postavljanjem restriktione digestije ukupnog volumena od 20 µl, koja je sadržala: 0,5 µl restriktionog enzima *BseLI*, 2 µl Tango pufera za digestiju, 12,5 µl PCR H₂O i 5 µl produkta PCR reakcije. Napravljena reakcija je inkubirana 3 č na temperaturi od 55 °C.

Po završenoj inkubaciji, na 1,5% agarozni gel, u 1x TAE puferu, naneti su produkti restriktione reakcije (uzorci) i dužinski DNK standard (100 bp). Nakon elektroforeze koja je trajala 60 min na 110 V, rezultati restrikcije provereni su na MiniBIS UV transluminatoru (DNR Bio-Imaging Systems, Izrael).

U programu GDA (Lewis i Zaykin, 2001), izračunat je diverzitet *LDH* gena, koji je uključivao vrednosti prosečnog broja alela po lokusu (*eng.* number of alleles per locus – *A*), utvrđene heterozigotnosti (*eng.* observed heterozygosity – *H_O*) i očekivane heterozigotnosti (*eng.* expected heterozygosity – *H_E*). U istom programu, na osnovu koeficijenta inbridinga (*eng.* inbreeding coefficient – *F_{IS}*) procenjeno je odstupanje od Hardi-Vajnbergove ravnoteže (*eng.* Hardy-Weinberg equilibrium – *HWE*).

3.2.4. Mikrosatelitska DNK

3.2.4.1. Amplifikacija i fragment analiza mikrosatelitskih lokusa

Populaciono-genetička analiza uzoraka vršena je na osnovu polimorfizama 12 mikrosatelitskih lokusa: *SsoSL438* (Slettan, 1995), *Str60INRA*, *Str73INRA* (Estoup i sar., 1993), *Ssa85* (O'Reilly i sar., 1996), *SsoSL417* (Slettan i sar., 1995), *SSsp2216*, *SSsp2213*, (Paterson i sar., 2004), *Ssa410Uos*, *Ssa408Uos* (Cairney i sar., 2000), *SsaD190*, *SsaD71* (King i sar., 2005) i *OMM1064* (Rexroad i sar., 2002). Amplifikacija mikrosatelitskih lokusa izvršena je prema protokolu Lerceteau-Köhler i Weiss (2006) iz koga su preuzete i očekivane dužine PCR produkata. Publikacije iz kojih su preuzete sekvence prajmera za umnožavanje mikrosatelitskih lokusa prikazane su u Tabeli 3.

Svaki ushodni prajmer obeležen je odgovarajućom fluorescentnom značkom koja omogućava detekciju fragmenta, čija se dužina očitava u odnosu na dužinski DNK standard. Amplifikacija fragmenata 12 lokusa urađena je u dve multipleks reakcije. U svakoj multipleks reakciji kombinovani su lokusi koji se na elektroferogramu mogu razlikovati ili po dužini ili po fluorescentnoj znački koju nose (Tabela 3).

Smeša za PCR reakciju napravljena je u volumenu od 10 µl i sadržala je: 5,5 µl vode (Sigma), 1,1 µl 10 x PCR pufera, 0,25 µl 2 mM smeše dNTP-a, 0,65 µl 25 mM MgCl₂, 1,5 µl 10 pmol/µl smeše prajmera određenog multipleksa, 0,05 µl *Taq* DNA – polimeraze 5 U/µl i 1 µl genomske DNK. Program pod kojim se odvijala amplifikacija započinje inicijalnom denaturacijom u trajanju od 3 min na 94 °C za kojom sledi 35 ciklusa: denaturacije (94 °C, 45 s), vezivanja prajmera (57 °C, 1 min i 30 s) i elongacije (65 °C, 1 min). Nakon 35 ciklusa

sledi finalna elongacija od 30 min na 60 °C. Uslovi amplifikacije za obe multipleks reakcije bili su identični, a razlika je postojala samo u finalnim koncentracijama prajmera koje su prikazane u Tabeli 3. Dužina dobijenih produkata očitavana je fragment analizom.

Produkti amplifikacije mikrosatelitskih lokusa analizirani su korišćenjem kapilarne elektroforeze koja razdvaja DNK fragmente na osnovu njihove dužine sa rezolucijom od 1 bp. Pre sprovođenja kapilarne elektroforeze, uzorci su ispipetirani na ploču sa 96 polja (MicroAmp™ Optical 96-Well Reaction Plate, Applied Biosystems, SAD). Svaki uzorak je sadržao: 9,1 µl Hi-Di formamida (Applied Biosystems, SAD), 0,4 µl dužinskog DNK standarda (Gene Scan 500 Rox Standard, Applied Biosystems, SAD) i 2,5 µl PCR produkta. Ploča je inkubirana 5 min na 95 °C i potom stavljena na led u trajanju od tri minuta. Nakon toga, ploča je centrifugirana oko 10 s na 700 rcf i prenetu u automatski sekvenator na utvrđivanje dužinskog polimorfizma amplifikovanih lokusa. Kapilarna elektroforeza, izvedena je na sekvenatoru ABI-3130xl Genetic Analyzer (Applied Biosystems, SAD).

Dobijeni rezultati su analizirani u softveru GeneMapper® ID v.4.0 (Applied Biosystems, SAD).

Tabela 3. Analizirani mikrosatelitski lokusi, njihova struktura, fluorescentni obeleživači (NED, HEX ili FAM) prajmera korišćenih za amplifikaciju mikrosatelitskih lokusa, koncentracija prajmera i očekivana dužina PCR produkta (Lerceteau-Köhler i Weiss, 2006).

Lokus	Ponavljajući motiv	Boja	Sekvence prajmera	Referenca	Koncentracija prajmera (μ M)	Očekivana dužina produkta (bp)
Prva multipleks reakcija						
<i>SsoSL438</i>	(CA) _x	NED	5'-GACAACACACAACCAAGGCAC-3' 5'-TTATGCTAGGTCCTTATGCATTGT-3'	Slettan, 1995	0,2	89–109
<i>Str60INRA</i>	(GT) _x	HEX	5'-TGCAGGCAGACGGATCAGGC-3' 5'-AATCCTCTACGTAAGGGATTTGC-3'	Estoup i sar., 1993	0,15	93–103
<i>Ssa85</i>	(CA) _x (CG) ₂ (CA) ₂	FAM	5'-AGGTGGGTCCTCCAAGCTAC-3' 5'-ACCCGCTCCTCACTTAATC-3'	O'Reilly i sar., 1996	0,1	101–113
<i>Str73INRA</i>	(GT) ₃ (CTATTT)(GT) _x	FAM	5'-CCTGGAGATCCTCCAGCAGGA-3' 5'-CTATTCTGCTTGTAAGTAGACCTA-3'	Estoup i sar., 1993	0,2	138/142/144
<i>SsoSL417</i>	(GT) _x	HEX	5'-GACAACACACAACCAAGGCAC-3' 5'-TTATGCTAGGTCCTTATGCATTGT-3'	Slettan i sar., 1995	0,4	169–195
<i>SSsp2216</i>	(TAAC) _x	NED	5'-GGCCAGACAGATAAACAAACACGC-3' 5'-GCCAACAGCAGCATCTACACCCAG-3'	Paterson i sar., 2004	0,05	133–215
<i>Ssa410Uos</i>	(CAGA) _x	FAM	5'-GGAAAATAATCAATGCTGCTGGTT-3' 5'-CTACAATCTGGACTATCTTCTTCA-3'	Cairney i sar., 2000	1	172–310
<i>Ssa408Uos</i>	(GACA) _x	HEX	5'-ACATGTGTTCCCTGCTGTAT-3' 5'-GATTTTTGGAGCAGTTGTCA-3'	Cairney i sar., 2000	0,75	205–305
Druga multipleks reakcija						
<i>SsaD190</i>	(GATG) _x	FAM	5'-GGCATTGGAGGTAAGGACAC-3' 5'-CCAGACCACTGAACTTCTCATC-3'	King i sar., 2005	0,0375	115–157
<i>SSsp2213</i>	(GGTT) ₄ TGATTA(GTTA) _x	HEX	5'-ATGTGGAGGTCAACTAACCAGCGTG-3' 5'-CATCAATCACAGAGTGAGGCACTCG-3'	Paterson i sar., 2004	0,875	159–229
<i>OMM1064</i>	(ACAG) _x (ACAG) ₂ (ACAAAC)(ACAG) _x	NED	5'-AGAATGCTACTGGTGGCTGTATTGTGA-3' 5'-TCTGAAAGACAGGTGGATGGTTCC-3'	Rexroad i sar., 2002	0,375	163–286
<i>SsaD71</i>	(TATC) _x	FAM	5'-AACGTGAAACATAAATCGATGG-3' 5'-TTAAGAATGGGTTGCCTATGAG-3'	King i sar., 2005	0,0875	183–239

3.2.4.2. Programske analize mikrosatelitske DNK

Mikrosatelitski lokusi su najpre analizirani u programima Microchecker v.2.2.3 (Van Oosterhout i sar., 2004) i MicroDrop v.1.01 (Wang i sar., 2012) kako bi se ustanovilo potencijalno prisustvo nultih alela, nasumičnog izostanka alela (*eng.* allelic dropouts) ili grešaka pri unosu podataka u bazu. Za utvrđivanje srodničkih odnosa jedinki korišćen je program COLONY v.2.0.6.5 (Jones i Wang, 2010). Odabrani algoritam je kombinovani rezultat verovatnoća „Pair-Likelihood-Score“ – PLS/„Full-Likelihood“ – FL (= FPLS) u cilju određivanja jedinki koje su u punorodnom srodstvu (*eng.* full-siblings).

Vrednosti očekivane (H_E) i utvrđene (H_O) heterozigotnosti kao i prosečnog broja alela po lokusu (A) izračunate su u programu GENETIX v.4.04 (Belkhir i sar., 1996–2004), dok je bogatstvo alela (*eng.* allelic richness – Ar) izračunato u programu ADZE (Szpiech i sar., 2008). Za izračunavanje parnih F_{ST} indeksa genetičke diferencijacije (*eng.* differentiation among subpopulations relative to the total population – F_{ST}) na osnovu 1000 permutacija i odstupanja od Hardi-Vajnbergove ravnoteže (HWE), korišćen je program FSTAT v.2.9.3.2 (Goudet, 2002). Genetički odnosi između populacija procenjeni su preko proporcije zajedničkih alela, odnosno D_{AS} distanci (Bowcock i sar., 1994) u programu POPULATIONS (Langella, 2015). Tri populacije sa malim brojem jedinki (< 8 jedinki) su isključene iz navedenih analiza.

Procena populacione strukture izvršena je na osnovu hijerarhijske STRUCTURE analize (Pritchard i sar., 2000). U programu STRUCTURE v.2.3.4 na osnovu Bajesove metode, procenjen je najverovatniji broj genetičkih grupa (K) u analiziranom uzorku. Inicijalna analiza je obuhvatala 60 populacija (52 iz prirode, tri ribnjačke i pet referentnih populacija iz: Češke Republike, Danske, Aterskog jezera, Trebišnjice i Radike) čime su dobijene informacije o ukupnoj genetičkoj diferencijaciji. Međutim, kako na osnovu jedne analize nije bilo moguće utvrditi poreklo introgresije alohtonih alela i admiksije u analiziranim populacijama, urađene još tri dodatne STRUCTURE analize. Dalje analize su sprovedene i u cilju prevazilaženja potencijalnih nedostataka metode ΔK (Evanno i sar., 2005) na osnovu koje se vrednost $K = 2$ često identifikuje kao najviši nivo hijerarhijske strukture, čak i kada je prisutno više subpopulacija (Janes i sar., 2017). Za tri dodatne analize, populacije raspoređene u dunavsku grupu (iz prvog koraka analize celokupnog uzorka) su posebno analizirane sa: (1) dve populacije sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Jadranskog sliva, (2) sedam populacija sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Egejskog sliva i (3) 12 populacija sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Atlantskog sliva, respektivno. U svim analizama, simulacije MCMC ponavljanja (*eng.* Markov chain Monte Carlo – MCMC) su sprovedene sa ciljem raspodele analiziranih jedinki u K grupe. U zavisnosti od konvergencije, korišćeno je od 20.000 do 200.000 ponavljanja (*eng.* burn-in iterations) i od 100.000 do 1.000.000 MCMC. Nezavisne analize ponovljene su sedam puta za svaku vrednost K . Dalje, sprovedeno je hijerarhijsko postupno isključivanje najdiferenciranijih grupa, omogućavajući preciznije grupisanje preostalih jedinki, a bez eliminisanja jedinki u admiksiji. Svaka isključena grupa je dalje analizirana kako bi se uočile eventualne skrivene podgrupe, odabirom K vrednosti prema svakoj specifičnoj postavci. Za procenu najverovatnijeg K , korišćena je metoda ΔK (Evanno i sar., 2005) u kojoj najviša dobijena vrednost ΔK predstavlja najverovatniji broj grupa.

Posebna STRUCTURE analiza je izvršena i za procenu genetičke strukture jedinki planiranih za formiranje autohtonog matičnog jata ribnjaka „Panjica“. Broj genetičkih grupa je istražen od $K = 1$ do $K = 7$. Nezavisne simulacije su ponovljene sedam puta za svaku

vrednost K , postavljanjem 1.000.000 MCMC ponavljanja nakon odbacivanja prvih 250.000 ponavljanja. Metoda ΔK je primenjena za procenu najverovatnijeg K .

3.3. Procena održivosti istraživanih populacija potočne pastrmke koncipiranjem modela ESHIPPOsalmo

Model ESHIPPO je koncipiran sa ciljem procene rizika izumiranja i prioriteta konzervacije akvatičnih organizama na nacionalnom i lokalnom nivou (Simić i sar., 2007). Model se zasniva na kvantitativnom merenju dva elementa, od kojih se prvi odnosi na Ekološku Specijalizaciju taksona (ES) u odnosu na stanište, ishranu, reproduktivnu strategiju, životni ciklus, veličinu tela i nivo endemizma istraživanog taksona (Fisher i Owens, 2004). Drugi element se odnosi na uticaj ugrožavajućih faktora na diverzitet, koji su definisani akronimom „HIPPO“, koji je izveden od početnih slova sledećih reči: H – **H**abitat alteration (izmene/promene staništa), I – **I**nvasive species (invazivne, alohtone vrste), P – **P**ollution (zagađenje), P – **P**opulation growth (rast humane populacije), O – **O**ver-exploitation (prekomerena eksploatacija) (Brennan i Withgott, 2005). Navedeni parametri elemenata modela ocenjuju se trostepenom bodovnom skalom (1, 3 i 5 poena). Od visine zbira vrednosti parametara ES i HIPPO zavisi i stepen ugroženosti, nivo rizika od izumiranja i prioritet konzervacije istraživanog taksona.

Nakon prve verzije ESHIPPO modela, usledile su njegove modifikacije u cilju procene ugroženosti populacija dekapodnih rakova, komercijalno značajnih ribljih vrsta, ali i ekološke održivosti rečnih slivova (Simić i sar., 2014, 2015, 2016, 2022a).

U ovoj disertaciji, procena održivog korišćenja i prioriteta konzervacije populacija potočne pastrmke na teritoriji Srbije izvršena je koncipiranjem ESHIPPOsalmo modela, modifikacijom ESHIPPO–*fishing* modela (Simić i sar., 2014) koji je prvenstveno dizajniran za procenu održivosti populacija komercijalno značajnih vrsta riba.

Najznačajnija karakteristika ESHIPPO–*fishing* modela, u odnosu na prvu verziju modela, je prisustvo dodatnog elementa, Indeksa lokalne održivosti ribljih populacija (ILSFP). Za procenu ILSFP korišćeni su prostorni i vremenski indikatori stanja populacija koji su obuhvatali sledeće: dominantnost i frekventnost vrste u uzorku, vrednosti biomase jedinki, procenat reproduktivno aktivnih ženki, procenat mesta za mrest na staništu, broj uzrasnih klasa, prosečnu dužinu riba i procenat populacije u okviru zaštićenog područja.

U modelu ESHIPPOsalmo u odnosu na ESHIPPO–*fishing*, zadržan je element ES, dok je sa druge strane, uključen novi element koji se odnosi na Genetičku Strukturu (GS) populacija. Takođe, izvršena je modifikacija elementa ILSFP. U cilju adekvatne procene stanja populacija potočne pastrmke, ILSFP se procenjuje na osnovu: gustine populacije (broj jedinki po površini od 1 m²), ostvarene produkcije (odnos vrednosti realne i potencijalne produkcije, prema metodi Chapman, 1971), broja uzrasnih klasa, prosečne dužine jedinki i procenta prisustva populacije u zaštićenom području. Konačno, u okviru HIPPO elementa modela, modifikovan je parametar Invazivne/alohitone vrste (I). Naime, pored podataka o prisustvu invazivnih/alohitoni vrsta na staništu uključene su i informacije o prisustvu alohtonih filogenetskih linija potočne pastrmke za teritoriju Srbije.

U cilju istraživanja pojedinačnih nivoa uticaja analiziranih parametara ESHIPPOsalmo modela i vizuelizacije dobijenih rezultata korišćena je kombinacija metoda nenadgledanog

mašinskog učenja pomoću UMAP modela (*eng.* Uniform Manifold Approximation and Projection) i nadgledanog učenja pomoću klasifikacionog algoritma Stablo odlučivanja (*eng.* Decision Tree) u programu BioVinci v.3.0.9 (BioTuring Inc., SAD).

Ulazna matrica se sastojala od 46 redova (svaki red predstavlja populaciju sa jednog lokaliteta) i 19 kolona koje su predstavljale analizirane parametre ESHIPPOsalmo modela (Stanište, Ishrana, Reproductivni sistem, Životni ciklus, Veličina tela, Nivo endemizma i izolacije populacije, Filogeografska struktura populacije, Gustina populacije, Ostvarena produkcija, Broj uzrasnih klasa, Prosečna zabeležena dužina jedinki u populaciji, Procenat prisustva populacije u zaštićenom području, Promena staništa, Destrukcija staništa, Fragmentacija staništa, Prisustvo alohtone vrste ili filogenetske linije, Zagađenje staništa, Rast humane populacije i Ekspolatacija staništa).

Budući da je UMAP model zasnovan na Euklidskoj distanci, pre same analize, izvršena je Hellinger transformacija podataka čime se smanjuje uticaj dužine gradijenta (Legendre i sar., 2010; Milošević i sar., 2022; Jakovljević i sar., 2023).

Zatim, izvršena je determinacija najznačajnijih parametara koji grupišu populacije u različite podskupove (klustere) putem algoritama koji iterativno kreiraju sve moguće podskupove, a zatim na osnovu klasifikacionog algoritma procenjuju koji podskup ima najbolji učinak (Hall, 1998; Arrighi i sar., 2023). Virtuelna mesta uzorkovanja ordinirana u 2D-UMAP grafiku klasifikovana su pomoću algoritma Stabla odlučivanja koji je deo programskog paketa BioVinci v.3.0.9.

Koncept i elementi ESHIPPOsalmo modela prikazani su u Tabelama 4, 5 i 6. Navedeni parametri elemenata modela ocenjuju se trostepenom bodovnom skalom (1, 3 i 5 poena). Od visine zbira vrednosti elemenata ES, GS, ILSF i HIPPO zavisi i prioritet konzervacije i stepen održivosti populacije. Više vrednosti zbira elemenata ukazuju na veći stepen održivosti populacija. U Tabeli 7 prikazana je bodovna skala za određivanje stepena održivog korišćenja i prioriteta zaštite populacija potočne pastrmke prema modifikovanom modelu ESHIPPOsalmo.

Podaci potrebni za procenu stepena održivosti populacija dobijeni su iz terenskih istraživanja i filogeografskih analiza ove disertacije, kao i iz baze Biodiverzitet Akvatičnih Ekosistema Srbije, *ex situ* zaštita (BAES *ex situ*; Simić i sar., 2006) koja poseduje podatke monitoringa populacija za period između 2003. i 2022. godine.

Tabela 4. Parametri i sistem bodovanja za procenu Ekološke Specijalizacije (ES) ESHIPPOsalmo modela.

Ekološka specijalizacija (ES)		
<i>parametar</i>	<i>Indikatorska oznaka*</i>	<i>Bodovi ES</i>
Stanište (h)	h1, h2, h3, h4, h5	1 - (h)(d)(rs); nisko specijalizovan, tolerantan, eurivalent (euritop) za sve ili > 3 indik. h. (d): d1. (rs): rs1.1, rs2.1, rs3.1, rs3.2, rs4.3, (lc): lc1.1, lc1.3, lc2.1, lc3.1, lc3.4, lc4.1, lc4.4, lc6.2. (bs): bs1.1. (re): re1.
Ishrana (d)	d1, d2, d3	
Reproduktivni sistem (rs)	rs1, rs2, rs3, rs4	3 - (h)(d)(rs); umereno specijalizovan, osetljiv. Stenovalent (umeren) za 1 - 3 indik. h. (d): d2; (rs): rs1.1, rs2.2, rs3.3, (lc): lc1.2, lc2.2, lc3.2, lc3.5, lc4.2, lc4.5; (bs): bs1.2; (re): re2.
Životni ciklus (lc)	lc1, lc2, lc3, lc4	
Veličina tela (bs)	bs1	5 - (h)(d)(rs); visoko specijalizovan. Stenovalent (stenotop) za sve ili > 3 indik. h. (d): d3, (rs): rs1.3, rs2.3; (lc): lc1.3, lc3.3, lc3.6, lc4.3, lc4.6, lc6.1; (bs): bs1.3; (re): re3.
Nivo endemizma i izolacija populacija (re)	re1, re2	

*(h): h1) distribucija po ekoregionima, h2) nadmorska visina: < 200, 200 – 500, 500 – 800, 800 – 1500 i > 1500, h2.1) tip ekosistema i ekološka zona: tekuće vode: eukrenon, hipokrenon, epiritron, metaritrion, hiporitrion, stajaće vode: litoral, sublitoral, profundal, h3) morfometrijski parametri vodenih ekosistema: dubina (m), karakter dna (%); h4) fizički i hemijski parametri: temperatura (°C), brzina vode, elektroprovodljivost, kiseonik (mg/l, %), pH, tvrdoća vode (dH), BPK5 (mg/l), h5) kvalitet vode: posebne prilagođenosti ili osetljivost na određene hemijske, toksične ili radioaktivne materije; (d): d1) eurifag-omnivor, d2) specifičan tip ishrane i specifične morfometrijske adaptacije na ishranu, d3) stenofag, specifične prilagođenosti za ishranu; (rs): rs1) reprodukcija – nije specifičan tip reprodukcije, rs2), specifično vreme reprodukcije, rs3) trajanje perioda emergencije; (lc): lc1) životni ciklus (godina), (lc1.1) < 1, (lc1.2) približno 1, (lc1.3) > 1, (lc2.1) pokretljivost/tip kretanje - veoma pokretni/plivanje, (lc2.2) umereno pokretni/plivanje, lc3) socijalni život, (lc3.1) solitarni, (lc3.2) formiraju periodične agregacije, (lc3.3) žive u zajednici, (lc3.4) van teritorije, (lc3.5) ponekad teritorijalne, (lc3.6) trajno teritorijalne, lc4) briga o potomstvu, (lc4.1) ne postoji, (lc4.2) čuvaju jaja, (lc4.3) briga o juvenilima, (lc4.4) nema polnog dimorfizma, (lc4.5) polni dimorfizam tokom reprodukcije, (lc4.6) prisutan polni dimorfizam; (bs): veličina tela (cm): < 0,5 (bs1.1), 0,6 – 3 (bs1.2), > 3 (bs1.3); (re): re1) nije endem i nije ugrožen, re2) endem za jedan ekoregion, ranjiv, re3) stenoendem za relativno male ili veoma male teritorije (jedan ekosistem, jedan biotop), i izolovane populacije, ugrožene i kritično ugrožene.

Tabela 5. Parametri i sistem bodovanja za procenu Genetičke Strukture (GS) i Indeksa lokalne održivosti populacija (ILSFP) ESHIPPOsalmo modela.

Genetička Struktura (GS) populacije		
<i>parametar</i>	<i>kriterijum bodovanja</i>	<i>ocena (broj poena)</i>
Filogeografska struktura (ps) populacije	prisustvo jedinki alohtonih filogenetskih linija	1
	sve analizirane jedinke nose haplotipove autohtone filogenetske linije	3
	sve analizirane jedinke nose haplotipove autohtone filogenetske linije uz detekciju novih/privatnih haplotipova karakterističnih za dotičnu populaciju	5
Indeks lokalne održivosti populacije		
<i>parametar</i>	<i>kriterijum bodovanja</i>	<i>ocena (broj poena)</i>
Gustina populacije (pd; N/m ²)	< 0,1	1
	0,1 – 1	3
	> 1	5
Ostvarena produkcija (ap; kg/km)	realna : potencijalna produkcija < 30%	1
	realna : potencijalna produkcija 30 – 60%	3
	realna : potencijalna produkcija > 60%	5
Broj uzrasnih klasa (nAge)	< 2	1
	2 – 3	3
	> 3	5
Prosečna zabeležena dužina jedinki u populaciji (Lmean; cm)*	< 20 cm	1
	20 – 25 cm	3
	> 25 cm	5
Procenat prisustva populacije u zaštićenom području (pa; %)	populacija nije u okviru zaštićenog područja	1
	≈ 50% populacije u zaštićenom području	3
	cela populacija se nalazi u okviru zaštićenog područja	5

*vrednost postavljena u odnosu na prosečnu dužinu procenjenju za vrstu (rečna ekološka forma potočne pastirke: 20 – 30 cm; Kottelat i Freyhof, 2007)

Tabela 6. Protokol HIPPO faktora ESHIPPOsalmo modela: parametri i sistem bodovanja.

HIPPO		
<i>parametar</i>	<i>kriterijum bodovanja</i>	<i>ocena (broj poena)</i>
	prisutna usled kontinuiranog negativnog antropogenog uticaja	1
Promena staništa – bez fragmentacije (H)	moguća usled prirodnog delovanja ili antropogenog uticaja (predviđene ili planirane aktivnosti u skorijoj budućnosti)	3
	odsutna	5
Destrukcija (de) staništa	prisutna usled negativnog antropogenog uticaja i/ili je već zabeležena osetljivost ekosistema	1
	moguća usled prirodnih promena ili antropogenog uticaja (predviđene ili planirane aktivnosti u skorijoj budućnosti)	3
	odsutna	5
Fragmentacija (i izolacija) (fe) staništa	prisutna uz potpuni izostanak komunikacije između subpopulacija	1
	proces koji se dešavaju usled antropogenog uticaja, još uvek nisu završeni, ali se ne poštuje princip komunikacije između populacija	3
	odsutna i veoma su male šanse da će se dogoditi u skorijoj budućnosti (zaštićeno područje)	5
Invazivne vrste (I) = Alohtone vrste i/ili filogenetske linije	prisustvo alohtonih vrsta i/ili alohtonih filogenetskih linija kompleksa potočne pastrmke	1
	prisustvo alohtonih vrsta dok alohtone filogenetske linije kompleksa potočne pastrmke nisu zabeležene	3
	odsustvo alohtonih vrsta i alohtonih filogenetskih linija kompleksa potočne pastrmke	5
Zagađenje (P) (<i>eutrofizacija, organsko zagađenje, toksično zagađenje, acidifikacija, mešano zagađenje</i>)	prisutni negativni efekti	1
	prisutni umereni efekti	3
	odsustvo zagađenja uz mogućnost nastanka	5
Rast humane populacije (P)	ubrzan rast	1
	umeren rast	3
	odsustvo rasta	5
Eksploatacija (O)	prisutna nekontrolisana eksploatacija	1
	postoje planovi za eksploataciju, ali se još uvek ne dešava	3
	odsutna i ne planira se u budućnosti	5

Tabela 7. Bodovna skala za određivanje stepena održivog korišćenja i prioriteta zaštite populacija potočne pastrmke prema modelu ESHIPPOsalmo.

Ekološka specijalizacija (ES)	< 10	11 – 20	21 – 30	> 30
	nizak	umeren	visok	veoma visok
Genetička struktura (GS) populacije	/	1	3	5
Indeks lokalne održivosti populacija (ILSFP)	< 6	7 – 15	16 – 20	> 20
Nivo vrednosti indeksa lokalne održivosti populacija	nizak	umeren	visok	veoma visok
Uticaj HIPPO faktora	< 10	11 – 20	21 – 30	> 30
Nivo negativnih uticaja HIPPO faktora	veoma visok	visok	umeren	nizak
Ukupan broj bodova (ES + GS + ILSFP + HIPPO)	< 60	61 – 70	71 – 80	> 80
Stepen održivosti populacije	nizak	umeren	visok	veoma visok
	0	1	2	3

4. REZULTATI

4.1. Filogeografske i populaciono-genetičke analize potočne pastrmke

4.1.1. Kontrolni region mitohondrijske DNK

Sekvenciranjem kontrolnog regiona mtDNK 1077 jedinki potočne pastrmke sa 60 lokaliteta, detektovano je 35 haplotipova. U okviru DA filogenetske linije, detektovano je 23 haplotipa, 19 u okviru DA-ES i po dva u okviru DA-BS i novoopisane DA-INT haplogrupe, dok je po šest haplotipova zabeleženo u okviru AD i AT filogenetske linije (Tabela 8).

Na teritoriji Srbije ukupno su registrovana 32 haplotipa, od koji je 11 novoopisano (Tabela 8; Slika 8): devet DA-ES (Da29-Da37), jedan AD (ADcs22) i jedan AT (ATcs54) haplotip. Poslednja dva haplotipa, pronađena su u Crnomorskom slivu i alohtoni su za teritoriju Srbije (Tabela 8; Slika 8). Novoopisani DA haplotipovi zabeleženi su u nekoliko rečnih slivova. Haplotip Da33 je zabeležen u slivu Južne Morave i Timoka, dok je Da30 nađen u slivu Zapadne, Južne i Velike Morave. Haplotipovi Da29 i Da37 su detektovani u po jednoj populaciji u slivu Južne Morave, dok je Da32 zabeležen u sistemu Mlave, a Da34 u dve direktne pritoke Dunava. Preostala tri novoopisana haplotipa (Da31, Da35 i Da36) zabeleženi su u slivu Zapadne Morave (Slika 8). Od navedenih novoopisanih haplotipova, tri (Da30, Da33 i Da36) su nađena i u ribnjačkoj populaciji iz Sokobanjske Moravice (Slika 8).

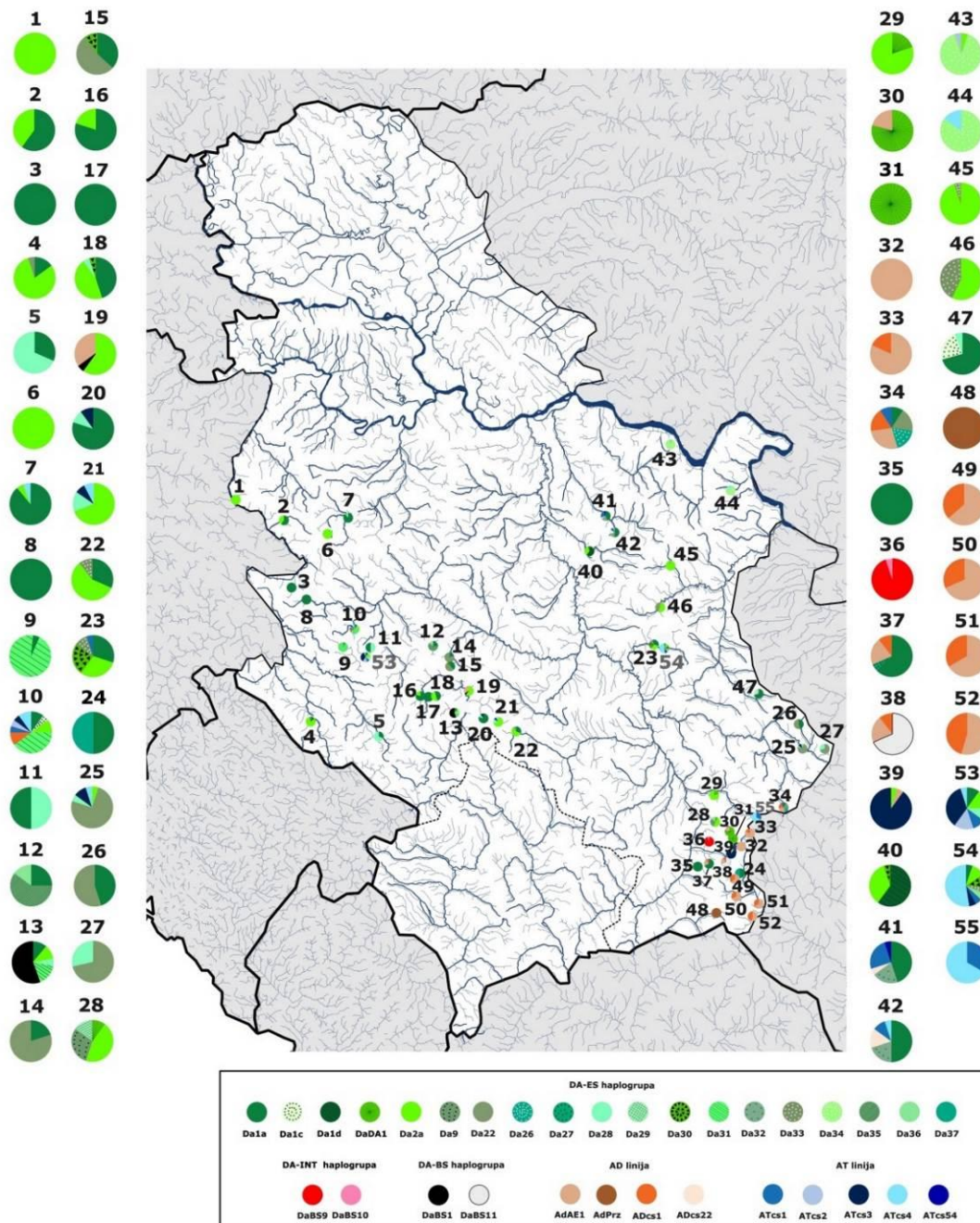
Među preostalim haplotipovima detektovanim u Srbiji (21 haplotip; Tabela 8), četiri su pripadala AT, tri AD liniji, deset DA-ES, dva DA-BS i dva novoopisanoj DA-INT haplogrupi. Haplotipovi DaBS9 i DaBS10 zabeleženi su samo u reci Garvanici (sliv Južne Morave), i prema filogenetskim rekonstrukcijama iz ove studije pozicionirani su unutar DA-INT haplogrupe (*eng.* DANUBE INTERMEDIATE; Slika 9, 10, 11, 12). Unutar DA-BS haplogrupe, haplotip DaBS1 je po prvi put zabeležen van sliva Južne Morave.

I pored velikog broja detektovanih haplotipova, pet haplotipova čini 64% analiziranog uzorka sa teritorije Srbije (Da1a – 25%, Da2a – 18%, AdAE1 – 11%, Da22 – 6%, ADcs1 – 4%; Tabela 8, Slika 8). Većina haplotipova pronađena je u dva i više rečnih slivova (Slika 8).

Unutar DA-ES haplogrupe, najučestaliji haplotip je Da1a, slede Da2a i Da22, dok je DaBS11 najzastupljeniji unutar DA-BS, a DaBS9 unutar DA-INT haplogrupe (Tabela 8).

Najbrojniji AD haplotip je AdAE1, sledi ADcs1; oba haplotipa su detektovana u Egejskom, ali i u Crnomorskom slivu.

Unutar AT filogenetske linije, četiri haplotipa (ATcs1-ATcs4), karakteristična za domestifikovane – ribnjačke populacije, dominiraju u uzorku.



Slika 8. Prostorni raspored detektovanih haplotipova na teritoriji Srbije. Naziv i redni broj lokaliteta iz Tabele 8, odgovara broju i položaju lokaliteta na karti. Kružni dijagrami koji se nalaze oko karte prikazuju distribuciju i učestalost haplotipova kontrolnog regiona mtDNK po lokalitetima.

Haplotipovi DA filogenetske linije detektovani su na 47 lokaliteta, pri čemu su na 29 lokaliteta detektovani isključivo haplotipovi iz DA linije, od kojih je na sedam lokaliteta zabeležen samo po jedan DA haplotip (Slika 8). Haplotipovi AT linije su identifikovani na 12 lokaliteta u slivu Dunava, dok su u istom slivu AD haplotipovi detektovani na 11 lokaliteta; uključujući dve populacije u kojima je registrovan novoopisani haplotip – ADcs22 (Mlava i Krupaja; Tabela 8; Slika 8). Na pet lokaliteta iz pomenutog sliva detektovani su haplotipovi sve tri filogenetske linije (DA, AT i AD; Slika 8).

Tabela 8. Prikaz haplotipova KR mtDNK po lokalitetima i njihova učestalost. Novoopisani haplotipovi su obeleženi zvezdicom (*). *N* – broj analiziranih uzoraka.

Učestalost KR mtDNK haplotipova																																								
Lokalitet	<i>N</i>	DA-ES haplogrupa															DA-INT haplogrupa		DA-BS haplogrupa		AD linija				AT linija															
		Da1a	Da1c	Da1d	DaDA1	Da2a	Da9	Da22	Da26	Da27	Da28	Da29*	Da30*	Da31*	Da32*	Da33*	Da34*	Da35*	Da36*	Da37*	DaBS9	DaBS10	DaBS1	DaBS11	AdAE1	AdPrz	ADcs1	ADcs22*	Haplo 14	R3c	ATcs1	ATcs2	ATcs3	ATcs4	Atcs12	ATcs54*				
<i>Sliv Drine</i>																																								
1. Boranjska r.	15					15																																		
2. Ljuboviđa	20	12				8																																		
3. Rača	20	20																																						
4. Gračanica	20	3				16	1																																	
5. Vapa	19	6									13																													
<i>Sliv Kolubare</i>																																								
6. Poblenska r.	20					20																																		
7. Gradac	18	16				1																																1		
<i>Sliv Zapadne Morave</i>																																								
8. Đetinja	20	20																																						
9. Katušnica	20	1											19																											
10. Veliki Ržav	20	2	1			2							8													2										1	1	1	2	
11. Panjica	20	10								10																														
12. Tolišnica	20	5																																						
13. Brvenica	18	2				2					1		3										10																	
14. Maglička r.	5	1						4																																
15. Bresnička r.	19	7						10				2																												
16. Studenica	20	16				4																																		
17. Izubra	20	20																																						
18. Brevina	20	9									1		1																											
19. Gokčanica	20					12																	1		7															
20. Samokovska r.	20	16									2																											2		
21. Brzečka r.	13					9					2																											1	1	

Tabela 8. Nastavak.

Učestalost KR mtDNK haplotipova																																								
Lokalitet	N	DA-ES haplogrupa																DA-INT haplogrupa		DA-BS haplogrupa		AD linija					AT linija													
		Da1a	Da1c	Da1d	DaDA1	Da2a	Da9	Da22	Da26	Da27	Da28	Da29*	Da30*	Da31*	Da32*	Da33*	Da34*	Da35*	Da36*	Da37*	DaBS9	DaBS10	DaBS1	DaBS11	AdAE1	AdPrz	Adcs1	Adcs22*	Haplo 14	R3C	ATcs1	ATcs2	ATcs3	ATcs4	Atcs12	ATcs54*				
<i>Sliv Južne Morave</i>																																								
22. Štavská reka	19	6			11										2																									
23. S. Moravica	20	6			6							5		2																					1					
24. Toplodolska r.	18	9																	9																					
25. Visočica	20				1		15		1																											2	1			
26. Dojkinačka r.	20	9								11																														
27. Vodenička r.	21									15					6																									
28. Dursunska r.	20				2	9	6					3																												
29. Bistrička r.	20				4	16																																		
30. Vlasina	24				19																			5																
31. Polomska reka	5				5																																			
32. Vučja reka	19																							19																
33. Jerma gornji tok	22																							18	4															
34. Jerma donji tok	11	1					2	2																3	2										1					
35. Jelašnička reka	17	17																																						
36. Garvanica	19																		18	1																				
37. Masurička reka	19	12							1															4	2															
38. Vrla	19																							13	4	2														
39. Šaovice	20				1																			1														18		
<i>Sliv Velike Morave</i>																																								
40. Resava	20				12	7						1																												
<i>Direktno pritoke Dunava</i>																																								
41. Mlava	20	9													4												1									5			1	
42. Krupaja	20	10													4												3									2			1	
43. Kožica	20					1																															1			
44. Vratna	20																																							3

Tabela 8. Nastavak.

Učestalost KR mtDNK haplotipova																																																				
Lokalitet	N	DA-ES haplogrupa																DA-INT haplogrupa		DA-BS haplogrupa		AD linija						AT linija																								
		Da1a	Da1c	Da1d	DaDA1	Da2a	Da9	Da22	Da26	Da27	Da28	Da29*	Da30*	Da31*	Da32*	Da33*	Da34*	Da35*	Da36*	Da37*	DaBS9	DaBS10	DaBS1	DaBS11	AdAE1	AdPrz	ADcs1	ADcs22*	Haplo 14	R3C	ATcs1	ATcs2	ATcs3	ATcs4	ATcs12	ATcs54*																
<i>Sliv Timoka</i>																																																				
45. Zlotska reka	20					19																																														
46. Mirovštica	14					8																																														
47. Janjska reka	17	12	4							1																																										
<i>Sliv Vardara</i>																																																				
48. Tripušnica	20																										20																									
<i>Sliv Strume</i>																																																				
49. Lisinska reka	22																								14	8																										
50. Ljubatska reka	19																								13	6																										
51. Dragovištica	21																								14	7																										
52. Brankovačka r.	22																								12	10																										
<i>Ribnjačke populacije</i>																																																				
53. ribnjak Panjica	20	2				3				2																											2	3	7	1												
54. ribnjak S. Moravica	19	1				2					2				1				1																				1	1	10											
55. ribnjak Jerma	9																																						3		6											
<i>Referentne populacije</i>																																																				
56. ribnjak Češka	5																																						1	1		1	2									
57. ribnjak Danska	10																																							7		3										
58. Atersko jezero	8																																								1	7										
59. Trebišnjica	20																																								1	10	5	4								
60. Radika	11																																								9		1	1								
Ukupno	1077	260	5	12	30	182	6	58	2	1	39	3	11	30	8	12	35	12	4	9	18	1	11	13	114	29	43	4	1	1	19	23	44	34	2	1																
% haplotipa u ukupnom uzorku		24,1	0,5	1,1	2,8	16,9	0,6	5,4	0,2	0,1	3,6	0,3	1,0	2,8	0,7	1,1	3,3	1,1	0,4	0,8	1,7	0,1	1,0	1,2	10,6	2,7	4,0	0,4	0,1	0,1	1,8	2,1	4,1	3,2	0,2	0,1																

U sva tri ribnjaka detektovani su AT haplotipovi (ATcs1-ATcs4), karakteristični za gajene, ribnjačke populacije potočne pastrmke; u ribnjacima Panjica i Sokobanjska Moravica registrovani su i DA haplotipovi (kod približno 25% i 30% jedinki, respektivno) (Tabela 8, Slika 8, 9).

U referentnim AT populacijama zabeležen je haplotip ATcs12 zajedno sa najučestalijim haplotipovima u ribnjačkim populacijama (ATcs1-ATcs4). Haplotip AdPrz detektovan je u reci Tripušnici, a zabeležen je i u jadranskoj referentnoj populaciji (reka Radika), zajedno sa još jednim AD haplotipom (R3C) i haplotipom karakterističnim za vrstu *S. letnica* – Haplo 14 (Tabela 8).

Vrednosti diverziteta haplotipova analiziranih populacija su u rasponu od 0 (populacije sa devet lokaliteta na kojima je detektovan po jedan haplotip) do 0,900, što je zabeleženo u referentnoj, ribnjačkoj AT populaciji iz Češke Republike. Izuzetno visoke vrednosti zabeležene su i u populacijama sa lokaliteta Jerma donji tok, ribnjak Panjica i Veliki Rzav (0,891, 0,842 i 0,832, respektivno). Najviše vrednosti nukleotidnog diverziteta zabeležene su u populaciji ribnjaka Sokobanjska Moravica (0,00741), slede populacije sa lokaliteta Veliki Rzav (0,00711) i Jerma donji tok (0,00647) (Tabela 9).

Tabela 9. Vrednosti haplotipskog diverziteta (H) i nukleotidnog diverziteta (π) sekvenci kontrolnog regiona mtDNK istraživanih populacija potočne pastrmke.

Lokalitet	H	π
<i>Sliv Drine</i>		
1. Boranjska reka	0,000	0,00000
2. Ljuboviđa	0,505	0,00051
3. Rača	0,000	0,00000
4. Gračanica	0,353	0,00036
5. Vapa	0,456	0,00046
<i>Sliv Kolubare</i>		
6. Poblenska reka	0,000	0,00000
7. Gradac	0,216	0,00158
<i>Sliv Zapadne Morave</i>		
8. Đetinja	0,000	0,00000
9. Katušnica	0,100	0,00020
10. Veliki Rzav	0,832	0,00711
11. Panjica	0,526	0,00053
12. Tolišnica	0,584	0,00079
13. Brvenica	0,673	0,00350
14. Maglička reka	0,400	0,00041
15. Bresnička reka	0,608	0,00082
16. Studenica	0,337	0,00034
17. Izubra	0,000	0,00000
18. Brevina	0,621	0,00074
19. Gokčanica	0,542	0,00559
20. Samokovska reka	0,358	0,00231
21. Brzečka reka	0,526	0,00422

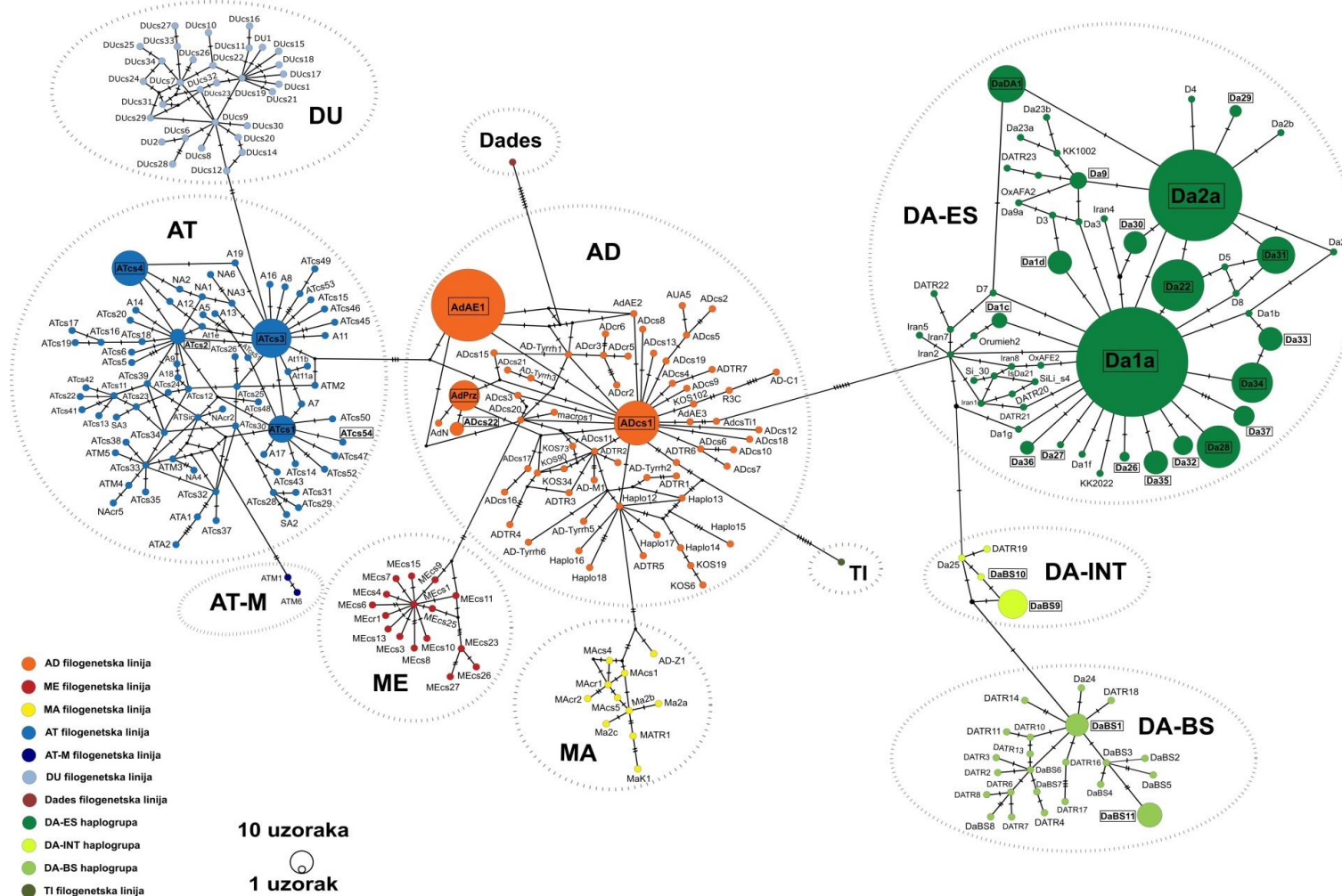
Tabela 9. Nastavak.

Lokalitet	H	π
<i>Sliv Južne Morave</i>		
22. Štavska reka	0,585	0,00093
23. Sokobanjska Moravica	0,784	0,00233
24. Toplodolska reka	0,529	0,00108
25. Visočica	0,442	0,00373
26. Dojkinačka reka	0,521	0,00053
27. Vodenička reka	0,429	0,00087
28. Dursunska reka	0,568	0,00064
29. Bistrička reka	0,337	0,00034
30. Vlasina	0,344	0,00420
31. Polomska reka	0,000	0,00000
32. Vučja reka	0,000	0,00000
33. Jerma gornji tok	0,312	0,00032
34. Jerma donji tok	0,891	0,00647
35. Jelašnička reka	0,000	0,00000
36. Garvanica	0,105	0,00011
37. Masurička reka	0,573	0,00479
38. Vrla	0,503	0,00468
39. Šaovice	0,195	0,00170
<i>Sliv Velike Morave</i>		
40. Resava	0,542	0,00113
<i>Direktne pritoke Dunava</i>		
41. Mlava	0,726	0,00574
42. Krupaja	0,711	0,00597
43. Kožica	0,195	0,00151
44. Vratna	0,268	0,00382
<i>Sliv Timoka</i>		
45. Zlotska reka	0,100	0,00030
46. Mirovštica	0,527	0,00161
47. Janjska reka	0,471	0,00051
<i>Sliv Vardara</i>		
48. Tripušnica	0,000	0,00000
<i>Sliv Strume</i>		
49. Lisinska reka	0,485	0,00049
50. Ljubatska reka	0,456	0,00046
51. Dragovištica	0,467	0,00047
52. Brankovačka reka	0,519	0,00053
<i>Ribnjačke populacije</i>		
53. ribnjak Panjica	0,842	0,00631
54. ribnjak S. Moravica	0,725	0,00741
55. ribnjak Jerma	0,500	0,00152
<i>Referentne populacije</i>		
56. ribnjak Češka Republika	0,900	0,00183
57. ribnjak Danska	0,467	0,00095
58. Atersko jezero	0,250	0,00051
59. Trebišnjica	0,679	0,00089
60. Radika	0,345	0,00177

Na MJ mreži sekvence su raspoređene u okviru 11 grupa (Slika 9), koje su uglavnom u korelaciji sa evolucionim linijama identifikovanim u prethodnim studijama. Centralnu poziciju zauzima AD filogenetska linija, dok se generalni raspored filogenetskih linija može sagledati na sledeći način:

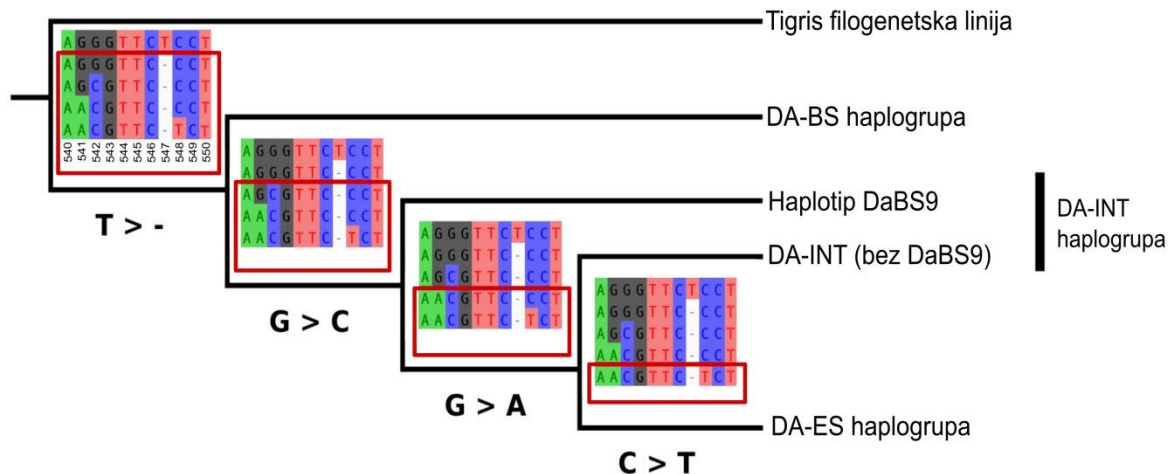
- tri haplogrupe unutar DA linije: (1) DA-ES, (2) DA-BS i (3) prethodno neopisana grupa haplotipova, uslovno nazvana DA-INT, koja je intermedijarno pozicionirana između navedene dve DA haplogrupe i od obe je odvojena po dva mutaciona koraka;
- tri filogenetske linije mediteranskog basena: (4) AD, (5) ME *sensu stricto* (udaljena tri mutaciona koraka od AD) i (6) MA (udaljena tri mutaciona koraka od AD);
- tri filogenetske linije atlantskog basena: (7) AT *sensu stricto*, (8) DU (udaljena dva mutaciona koraka od AT) i (9) AT-M (udaljena četiri mutaciona koraka od AT);
- dve visoko divergentne filogenetske linije: (10) Dades i (11) TI, koje proizilaze iz AD (udaljene 10 i osam mutacionih koraka od AD, respektivno) (Slika 9).

Haplotipovi iz Srbije raspoređeni su u okviru AD i AT filogenetske linije i tri DA haplogrupe (Slika 9). U DA-ES haplogrupi detektovano je 19 haplotipova. Od centralno pozicioniranog Da1a haplotipa deset haplotipova (Da1c, Da1d, Da2a, Da22, Da26, Da27, Da28, Da32, Da34 i Da36) se razlikuje za po jedan mutacioni korak, dok je najudaljeniji haplotip Da37 koji se od Da1a razlikuje za tri mutaciona koraka. Haplotip Da33 se razlikuje za jedan mutacioni korak od haplotipa Da34. Preostalih pet haplotipova (DaDA1, Da9, Da29, Da30 i Da31) se razlikuju za po jedan mutacioni korak od haplotipa Da2a (Slika 9). U okviru DA-INT haplogrupe, dva detektovana haplotipa (DaBS9 i DaBS10) se međusobno razlikuju za jedan mutacioni korak. Posmatranjem MJ mreže u celini, centralnu poziciju u okviru DA-BS haplogrupe zauzima DaBS1 haplotip, koji se od drugog DA-BS haplotipa (DaBS11) razlikuje za četiri mutaciona koraka. Što se tiče AD haplotipova, ADcs1 zauzima centralno mesto, a od njega se AdAE1 razlikuje za jedan, a AdPrz za tri mutaciona koraka. Najudaljeniji haplotip je novoopisani ADcs22, koji se od AdPrz haplotipa razlikuje za jedan mutacioni korak. U okviru alohtone AT filogenetske linije, novoopisani haplotip ATcs54 razlikuje se za jedan mutacioni korak od haplotipa ATcs1 (Slika 9).



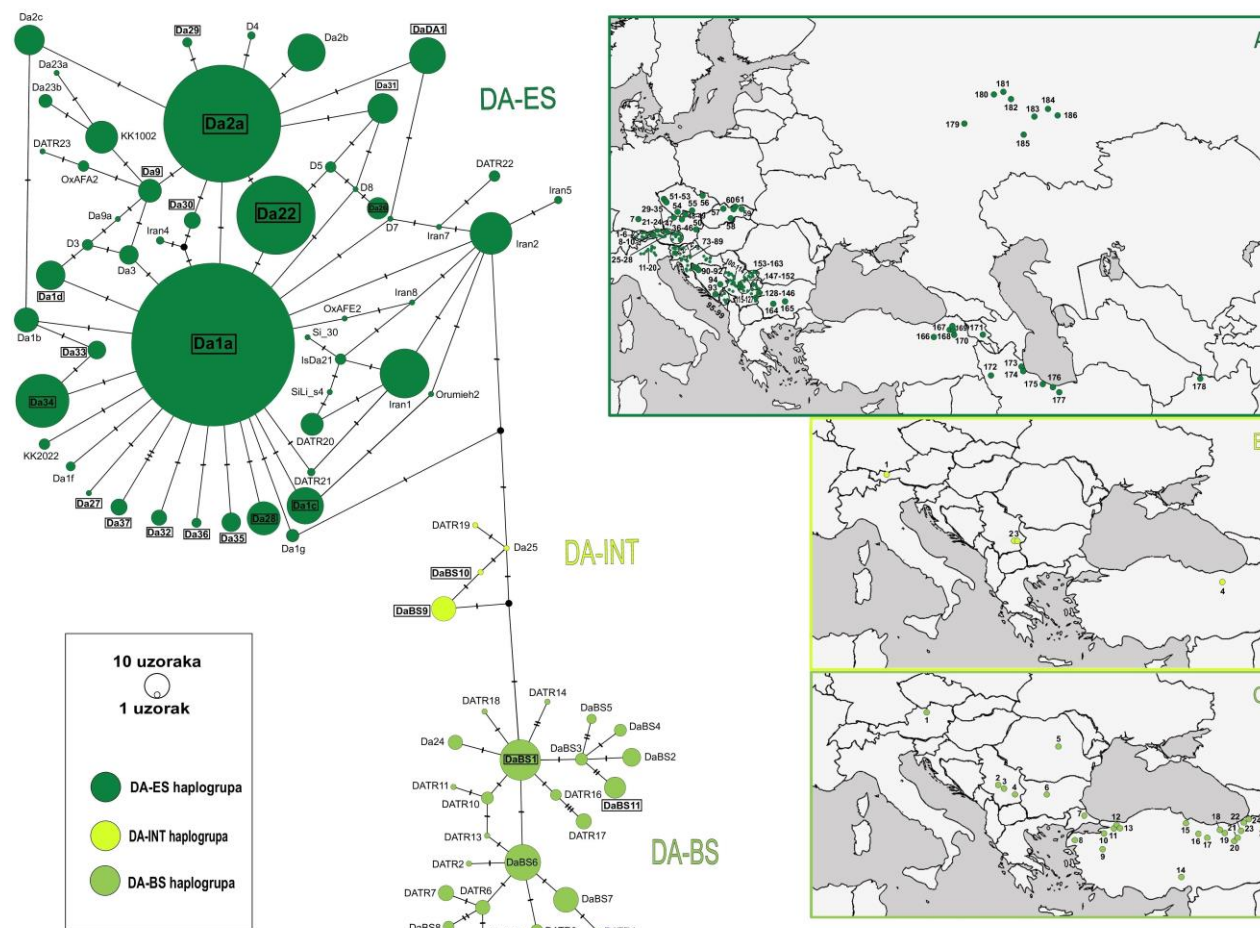
Slika 9. Median Joining mreža konstruisana na osnovu KR mtDNK sekvenci kompleksa potočne pastrmke. Krugovi predstavljaju haplotipove (Tabela 1 u Prilogu), a njihove boje odgovaraju mitohondrijskim linijama kompleksa potočne pastrmke (legenda u donjem levom uglu). Haplotipovi sa teritorije Srbije detektovani u ovoj disertaciji su uokvireni, a veličina krugova koji ih predstavljaju je proporcionalna njihovoj učestalosti. Broj mutacionih koraka je predstavljen crticama na spojnim linijama između haplotipova. Crni krugovi predstavljaju teorijski nedostajuće ili izumrle haplotipove.

Pregledom varijabilnih nukleotidnih mesta u kontrolnom regionu, uočava se da je podela DA filogenetske linije na tri grupe najbolje definisana sa tri molekularne sinapomorfije (bez uočenih povratnih mutacija), koje su pozicionirane u centralnom delu kontrolnog regiona (nukleotidne pozicije 540-550 poravnanja) (Slika 1 u Prilogu). Sinapomorfija 542 G → C definiše razdvajanje DA-ES + DA-INT i DA-BS haplogrupe, sinapomorfija 541 G → A razdvajanje DA-ES + DA-INT (bez haplotipa DaBS9) od DaBS9 haplotipa, dok sinapomorfija 548 C → T definiše DA-ES haplogrupu; prva mutacija predstavlja jednu od samo dve informativne transverzije u DA poravnanju (Slika 10) (Veličković i sar., 2023).



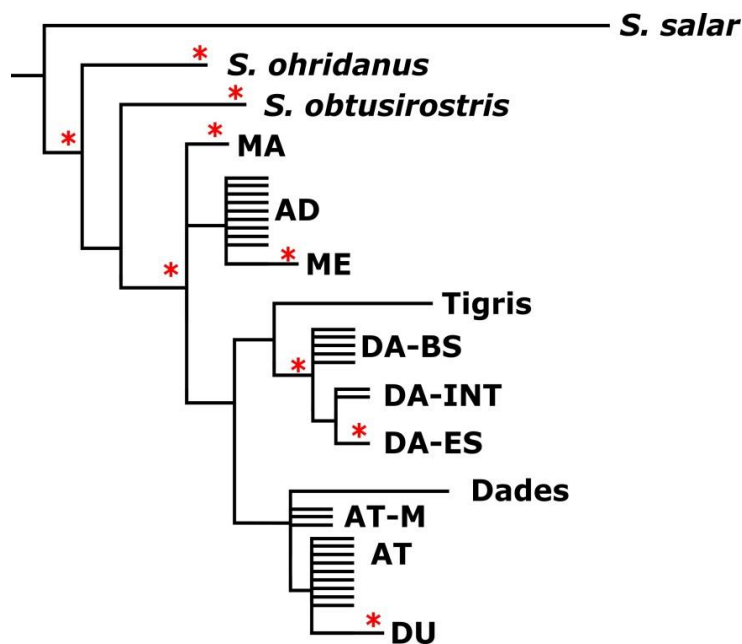
Slika 10. Rekonstrukcija evolucije sekvenci dunavske filogenetske linije.

Filogeografska distribucija DA haplogrupa, na osnovu podataka iz ove disertacije i literature, prikazana je na posebnoj mapi (Slika 11). Unutar DA linije, DA-ES haplogrupa ima najširu geografsku distribuciju. DA-ES haplogrupa se prostire na zapadu od gornjeg toka Dunava, na istoku uključuje reke Avganistana koje se ulivaju u Aralsko more i na severu uključuje reke Rusije koje se ulivaju u Kaspijsko more. Haplogrupa DA-ES je, takođe, prisutna u najistočnijim delovima basena Crnog mora i južno u basenu Kaspijskog mora (Slika 11A). DA-BS haplogrupa preovlađuje u delu Crnomorskog sliva koji ne obuhvata tok Dunava, dok je u samom slivu Dunava retka (jedan haplotip je zabeležen na jednom lokalitetu u gornjem toku Dunava, dva haplotipa na tri lokaliteta u srednjem toku Dunava i pet haplotipova na dva lokaliteta u donjem toku Dunava) (Slika 11C). DA-INT haplotipovi imaju veoma difuznu distribuciju i veoma su retki. Naime, haplotipovi DaBS9 i DaBS10 su zabeleženi samo u slivu Džepske reke (Južna Srbija), dok su preostala dva DA-INT haplotipa (Da25 i DATR19) detektovana u pritoci gornjeg toka Dunava u Austriji i u istočnom delu crnomorskog basena u Turskoj, respektivno (Slika 11B). Filogeografska distribucija haplogrupa se u izvesnoj meri preklapa, što je najuočljivije u Srbiji, gde je zabeleženo prisustvo sve tri haplogrupe. Nasuprot tome, u slivu Kaspijskog mora prisutna je samo DA-ES haplogrupa (Veličković i sar., 2023).



Slika 11. Median Joining mreža konstruisana na osnovu KR mtDNK sekvenci dunavskih haplogrupa. Krugovi su proporcionalni učestalosti haplotipova (iz ove disertacije ili preuzetih iz literaturnih izvora; Tabele 2 i 3 u Prilogu). Haplotipovi iz ove studije su uokvireni i označeni bold fontom. Broj mutacionih koraka je predstavljen crticama na spojnim linijama između haplotipova. Crni krugovi predstavljaju teorijski nedostajuće ili izumrle haplotipove. Mape prikazuju geografsku distribuciju haplotipova prikazanih na mreži (A – DA-ES haplotipovi, B – DA-INT haplotipovi, C – DA-BS haplotipovi). Naziv i redni broj lokaliteta iz Tabele 2 u Prilogu, odgovara broju i položaju lokaliteta na karti.

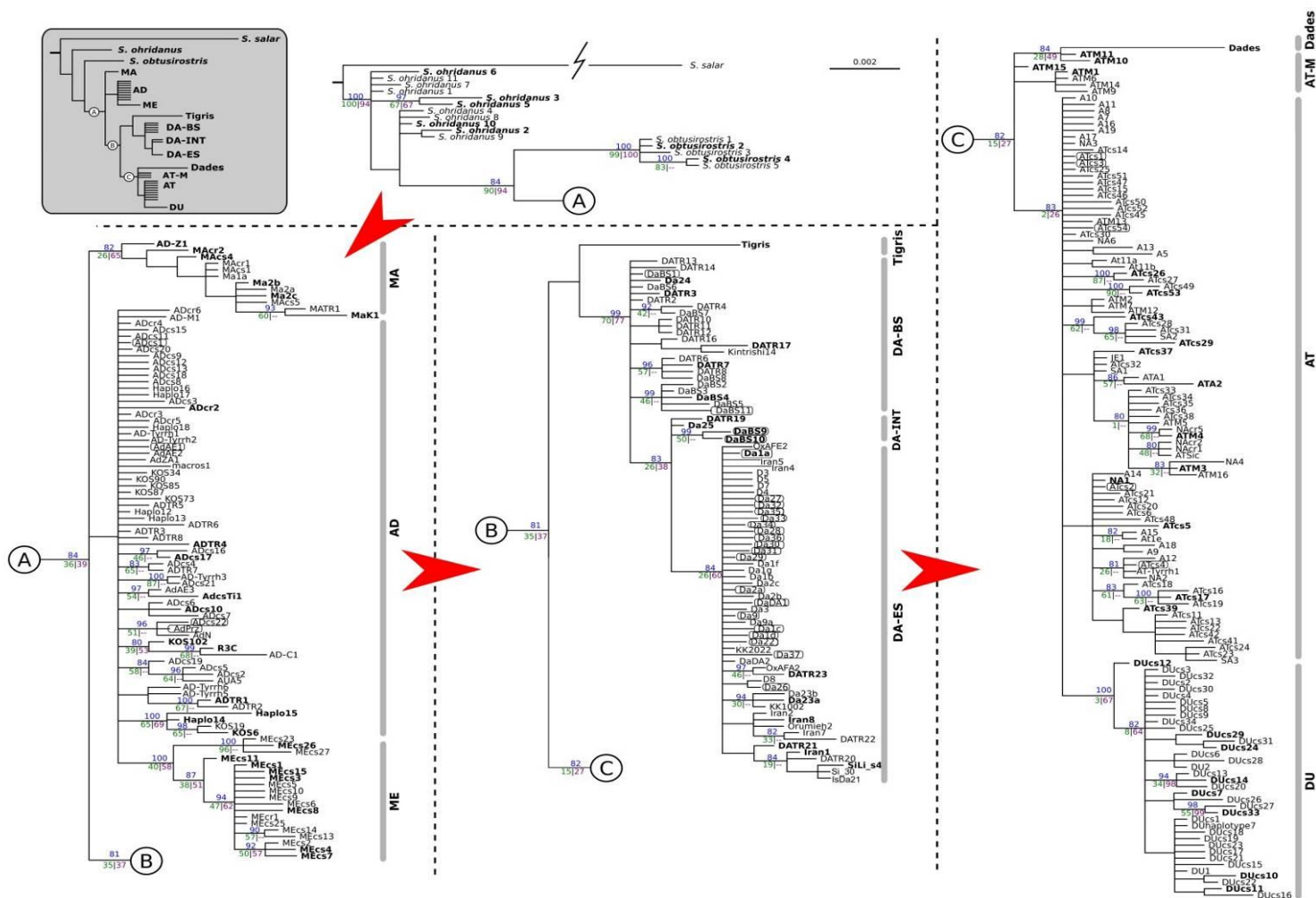
Topologija ML i BI filogenetskih stabala (Slika 12) potvrdila je “outgroup” poziciju *S. salar* u odnosu na ostale vrste roda *Salmo*, dok *S. ohridanus* zauzima bazalni položaj u odnosu na *S. obtusirostris* i kompleks potočne pastrmke. Analize ML i BI su rezultirale sličnim topologijama, koje su se generalno podudarale sa filogenetskim obrascima unutar kompleksa potočne pastrmke koji su uočeni na mreži haplotipova, uključujući i prisustvo tri haplogrupe unutar DA filogenetske linije. Vrednosti BS ponavljanja su generalno niske, ali znatno više kada se koriste podaci dobijeni od podskupa haplotipova svake filogenetske linije (Slika 13). Statistički nesignifikantne, ali vrednosti $PP \geq 0,80$ su dobijene za monofiliju MA i AT, dok su podrške za DA, ME i DU filogenetske linije bile statistički značajne ($PP \geq 0,99$). Takođe, unutar AT i AD filogenetskih linija, postojala je statistički značajna podrška za nekoliko manjih subklada. U okviru DA, identifikovane su tri haplogrupe sa nekoliko subklada koje su imale visoke statističke podrške (Slika 13).



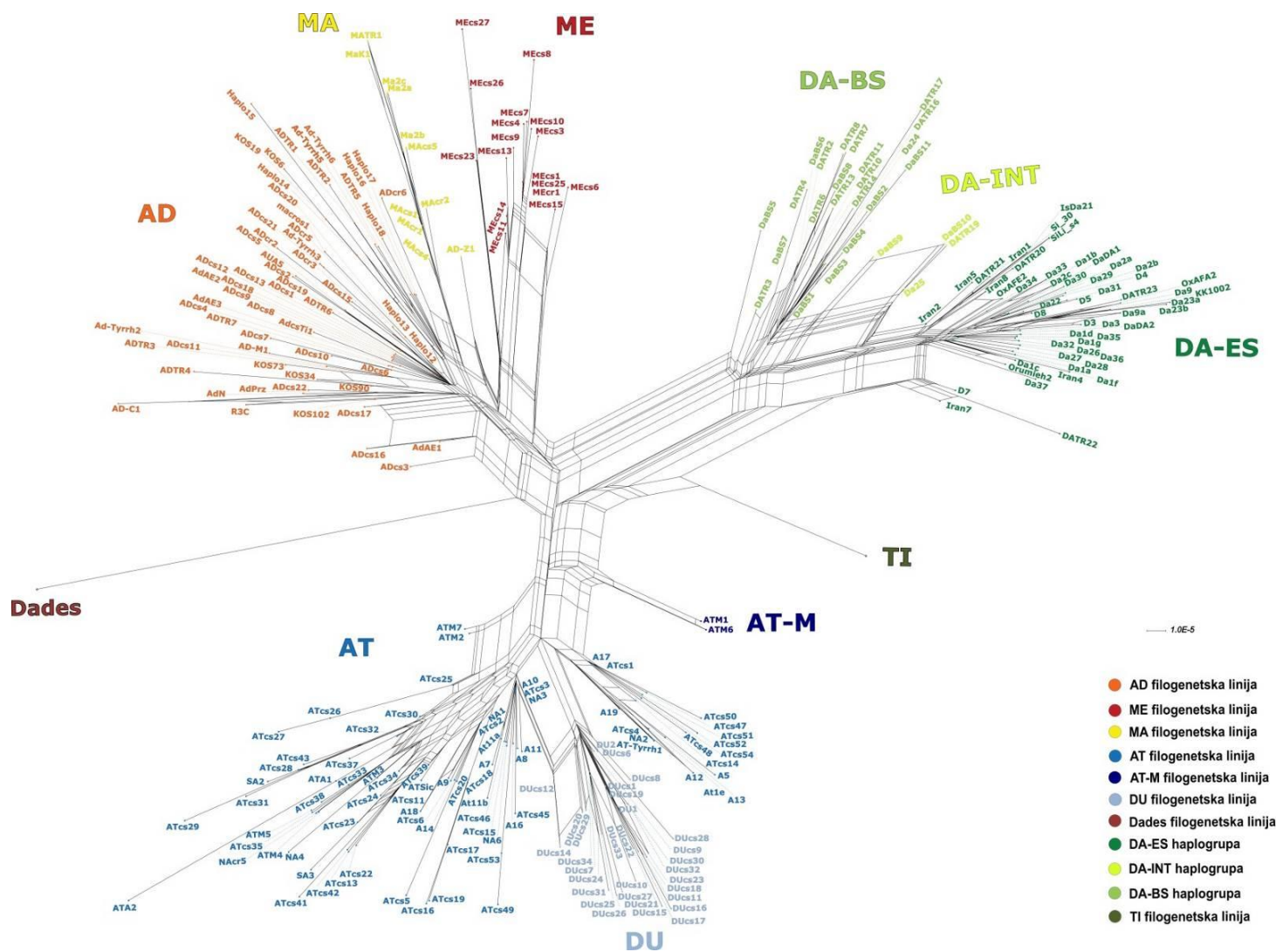
Slika 12. Skica ML/BI filogenetskog stabla konstruisana na osnovu KR mtDNK sekvenci. Klade koje karakterišu vrednosti BS ponavljanja $> 50\%$ i/ili vrednosti $PP \geq 0,90\%$ su označene crvenom zvezdicom. Detaljna filogenija sa prikazanim vrednostima BS ponavljanja i aposteriornim verovatnoćama je prikazana na Slici 13.

Takođe, na osnovu detaljnijeg filogenetskog stabla evidentno je da su haplotipovi iz ove studije grupisani u već poznate linije/haplogrupe (AD, AT, DA-ES i DA-BS) i novoopisanu DA-INT haplogrupu (Slika 13).

Alternativne topologije ML stablu prikazane su metodom dekompozicije stabla (*eng.* Split decomposition) (Slika 14). Haplotipovi su grupisani u 11 filogenetskih linija/haplogrupa, sa rearanžmanima prvenstveno prisutnim u blizini centra mreže (Slika 14). Filogenetske linije su dalje grupisane kao na filogenetskom stablu (AD – MA – ME; DA-BS – DA-INT – DA-ES; AT – DU – AT-M). Generalno, grane koje vode do različitih linija su približnih dužina, osim dve duge grane koje povezuju divergentne TI i Dades linije sa centrom mreže. Alternativni rearanžmani su prisutni u okviru baza pojedinih filogenetskih linija, sa nekoliko haplotipova koji su formirali dalje podgrupe unutar filogenetskih linija (npr. ATM2 i ATM7 unutar AT) (Slika 14) (Veličković i sar., 2023).

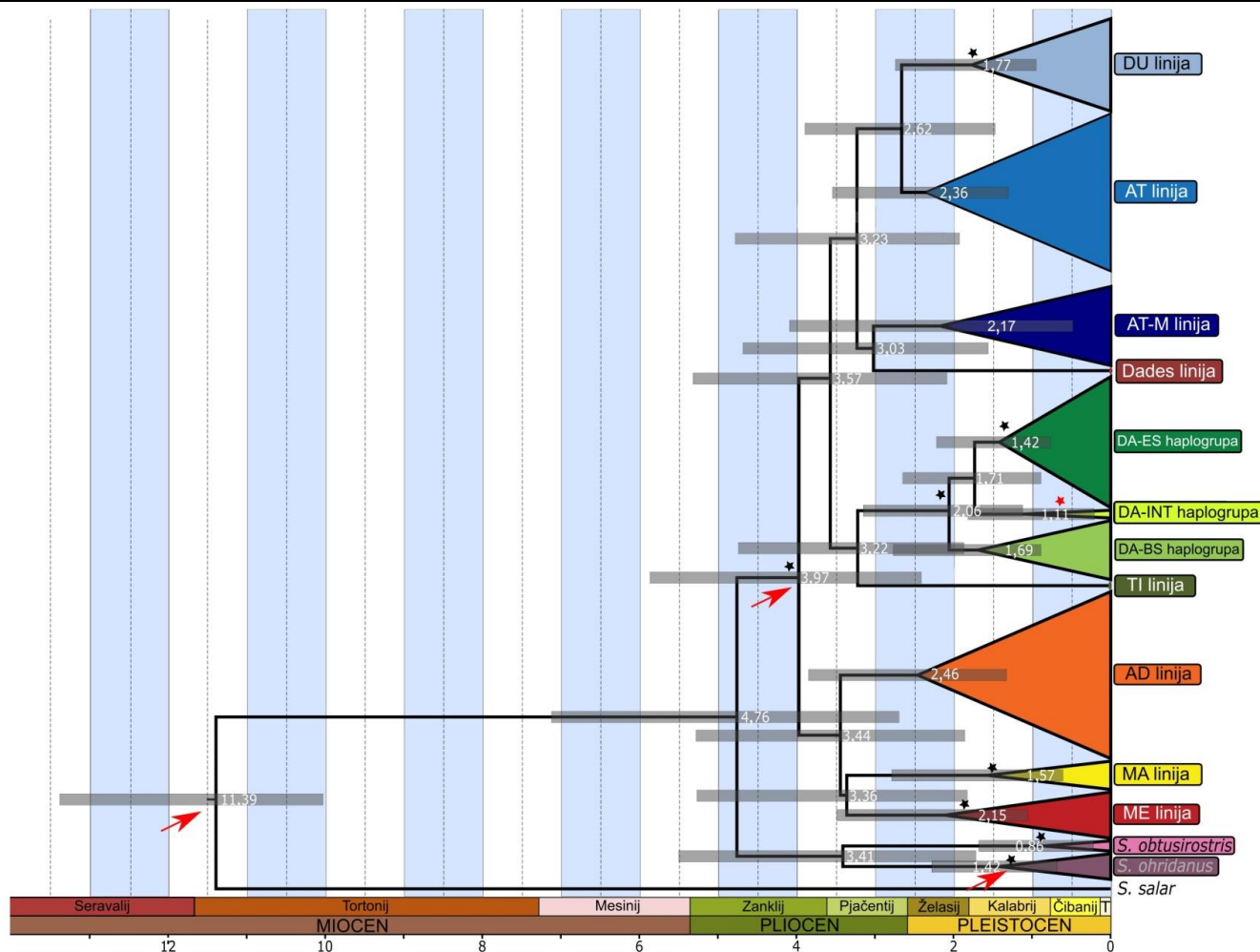


Slika 13. Filogenetsko stablo generisano korišćenjem Bajesove statistike (BI). Dužine grana predstavljaju supstitucije, dok skala prikazuje broj supstitucija po poziciji. Bajesove aposteriorne verovatnoće su prikazane plavom bojom iznad grana stabla, dok su ispod grana prikazane statističke podrške dobijene metodom najveće verodostojnosti (ML) (zelenom bojom). Ljubičastom bojom ispod grana prikazane su statističke podrške za ML stablo konstruisano od podskupa haplotipova (haplotipovi korišćeni za njegovu izradu su boldirani). Haplotipovi detektovani u ovoj disertaciji su uokvireni.



Slika 14. Metoda dekompozicije stabla filogenetskih linija kompleksa potodne pastrmke. Boje haplotipova odgovaraju različitim mitohondrijskim linijama kompleksa potodne pastrmke. Skala predstavlja nukleotidne supstitucije po mestu.

Analiza određivanja vremena divergencije rezultirala je hronogramom čija topologija odgovara topologiji ML/BI filogenetskog stabla. Razdvajanje kompleksa potočne pastrmke, *S. obtusirostris* i *S. ohridanus* u odnosu na najmlađeg zajedničkog pretka datirano je na 4,76 mgod, dok je procenjeno vreme za najmlađeg zajedničkog pretka kompleksa potočne pastrmke datirano na 3,97 mgod (Tabela 10, Slika 15). Navedeno je praćeno daljom diverzifikacijom ancestralnih ME, AT i DA filogenetskih linija. Razdvajanje ancestralne ME linije na moderne AD, ME i MA linije započeto je pre 3,44 mgod. Sličan scenario odigrao se i pri razdvajanju unutar ancestralne AT linije, koje je započeto pre oko 3,23 mgod i praćeno je razdvajanjem između Dades i AT-M (pre 3,03 mgod), odnosno AT i DU linija (pre 2,62 mgod). Diverzifikacija ancestralne dunavske linije (DA + TI) započeta je približno kao i kod ostalih predačkih linija unutar kompleksa potočne pastrmke, dok je diverzifikacija unutar moderne DA linije datirana za recentniji period. Naime, najmlađi zajednički predak DA-ES, DA-INT i DA-BS haplogrupa datiran je na 2,06 mgod, što je dalje praćeno diverzifikacijom unutar DA-BS haplogrupe i razdvajanjem DA-ES i DA-INT haplogrupa u približno istom vremenskom periodu (pre oko 1,7 mgod) (Tabela 10, Slika 15) (Veličković i sar., 2023).



Slika 15. Hronogram roda *Salmo* kalibrisan primenom fosilne i geološke kalibracije i relaksiranog modela molekuskog sata u programu BEAST 2. 95% HPD intervali pouzdanosti označeni su sivim pravougaonicima na čvorovima. Kalibracione tačke su označene crvenim strelicama. Procenjena srednja vremena divergencije su prikazana pored čvorova. Sve vrednosti su prikazane u milionima godina. Klade tretirane kao *a priori* monofiletičke su označene crnom zvezdicom, dok su klade sa vrednostima PP verovatnoća > 90% obeležene crvenom zvezdicom.

Tabela 10. Odabrane vrednosti vremena divergencije do najmlađeg zajedničkog pretka za vremenski kalibrisanu filogeniju roda *Salmo*.

	tri tačke kalibracije	dve tačke kalibracije: <i>S. immigaratus</i> + <i>S. ohridanus</i>	dve tačke kalibracije: <i>S. immigaratus</i> + <i>S. derzhavini</i>	dve tačke kalibracije: <i>S. ohridanus</i> + <i>S. derzhavini</i>
<i>S. immigratus</i>	11,39 [10,03; 13,38]	11,86 [10,09; 14,83]	11,60 [10,09; 14,06]	4,38 [2,20; 7,05]
<i>S. ohridanus</i>	1,42 [0,69; 2,28]	1,75 [0,82; 2,83]	1,78 [0,70; 3,08]	0,89 [0,51; 1,35]
<i>S. obtusirostris</i>	0,86 [0,22; 1,68]	1,10 [0,25; 2,17]	0,97 [0,24; 1,97]	0,49 [0,13; 0,94]
BT	3,97 [2,34; 5,88]	5,22 [2,86; 8,02]	4,43 [2,39; 6,78]	2,27 [1,82; 3,05]
ME + AD + MA	3,44 [1,86; 5,28]	4,45 [2,24; 7,12]	3,83 [1,89; 6,04]	1,93 [1,14; 2,82]
AD	2,46 [1,35; 3,87]	3,15 [1,56; 5,03]	3,30 [1,55; 5,42]	1,32 [0,76; 1,96]
MA	1,57 [0,61; 2,79]	1,98 [0,70; 3,53]	1,72 [0,62; 3,11]	0,88 [0,34; 1,50]
ME	2,15 [1,03; 3,49]	2,72 [1,18; 4,54]	2,38 [1,05; 3,97]	1,18 [0,59; 1,84]
AT + DU + Dades	3,23 [1,90; 4,77]	4,13 [2,22; 6,27]	3,59 [1,95; 5,51]	1,78 [1,16; 2,52]
AT	2,36 [1,31; 3,55]	3,01 [1,60; 4,69]	2,64 [1,37; 4,14]	1,31 [0,82; 1,89]
AT-M	2,17 [0,49; 4,10]	2,73 [0,67; 5,33]	2,27 [0,53; 4,53]	1,17 [0,31; 2,10]
AT-M + Dades	3,03 [1,57; 4,69]	3,82 [1,80; 6,05]	/	1,63 [0,76; 2,45]
DU	1,77 [0,90; 2,75]	2,23 [1,08; 3,57]	1,96 [0,96; 3,14]	0,97 [0,54; 1,46]
DA + Tigris	3,22 [1,90; 4,77]	4,06 [2,19; 6,25]	3,51 [1,88; 5,42]	1,78 [1,16; 2,52]
DA	2,06 [1,12; 3,15]	3,06 [1,59; 4,75]	2,66 [1,35; 4,14]	1,33 [0,81; 1,91]
DA-ES	1,42 [0,77; 2,22]	2,10 [1,07; 3,32]	1,85 [0,92; 2,91]	0,91 [0,54; 1,33]
DA-BS	1,69 [0,89; 2,77]	2,48 [1,11; 4,03]	2,16 [0,97; 3,57]	1,09 [0,58; 1,68]
DA-INT	1,11 [0,21; 1,82]	1,32 [0,28; 2,71]	1,15 [0,25; 2,43]	0,59 [0,15; 1,18]

4.1.2. Mikrosatelitska DNK

Nakon inicijalnih analiza mikrosatelitskih podataka, utvrđeno je prisustvo nultih alela za lokus (*Ssa85*), koji je isključen iz daljih analiza. Takođe, uzorci koji su posedovali više od 0,3 stope nasumičnog izostanka alela, kao i uzorci (odnosno jedinke), koji su u punorodnom srodstvu, isključeni su iz daljih analiza. Dakle, varijabilnost mikrosatelitske DNK procenjena je analizom 11 mikrosatelitskih lokusa. Procena populacione strukture u programu STRUCTURE izvršena je analizom 981 jedinke dok je za preostale analize (usled isključivanja tri populacije sa < 8 jedinki; videti poglavlje 3.2.4.2.) uključeno 966 jedinki.

Za analizirane populacije detektovane su vrednosti bogatstva alela od 2,20 do 7,23; dok su se vrednosti očekivane heterozigotnosti kretale od 0,229 do 0,804. Najviše vrednosti bogatstva alela (7,23), utvrđene (0,854) i očekivane heterozigotnosti (0,804) detektovane su kod populacije sa lokaliteta Mlava, dok je najviša vrednost prosečnog broja alela po lokusu (10,55) zabeležena kod populacije sa lokaliteta Veliki Rzav (Tabela 11). Najniže vrednosti bogatstva alela (2,20), prosečnog broja alela po lokusu (2,36), utvrđene (0,252) i očekivane heterozigotnosti (0,229) detektovane su kod populacije sa lokaliteta Izubra. Odstupanje od Hardi-Vajnbergove ravnoteže je utvrđeno za populaciju sa lokaliteta Šaovice (Tabela 11).

Tabela 11. Vrednost statističkih parametara za mikrosatelitsku DNK populacija potočne pastrmke iz Srbije i referentnih populacija. N – broj jedinki; H_O – utvrđena heterozigotnost; H_E – očekivana heterozigotnost; F_{IS} – koeficijent inbridinga; A – prosečan broj alela po lokusu; Ar – bogatstvo alela.

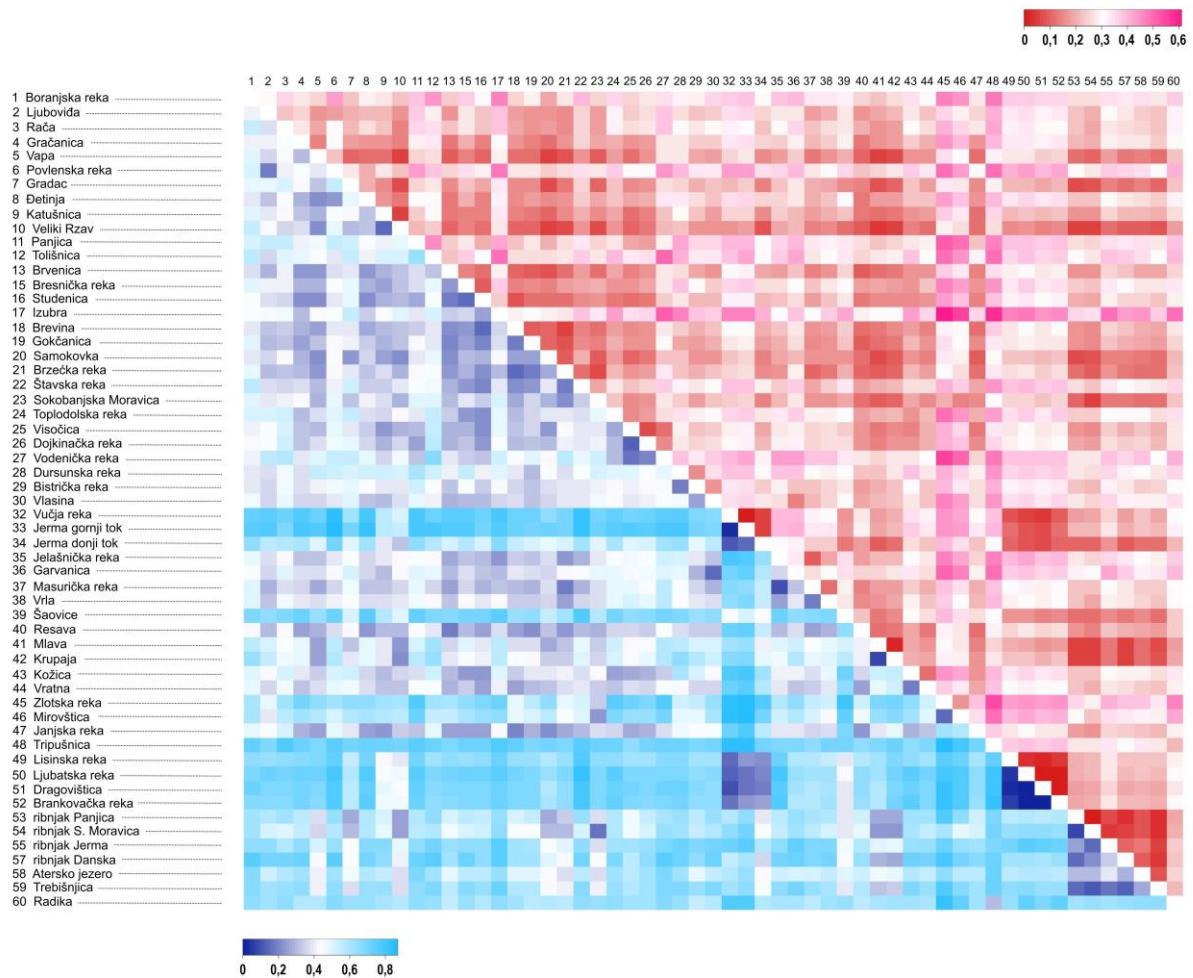
Lokalitet	mikrosatelitska DNK					
	N	H_O	H_E	F_{IS}	A	Ar
<i>Sliv Drine</i>						
1. Boranjska reka	11	0,446	0,390	-0,099	3,00	2,79
2. Ljuboviđa	18	0,495	0,495	0,029	5,00	3,88
3. Rača	14	0,545	0,526	0,000	3,64	3,32
4. Gračanica	19	0,565	0,523	-0,051	5,64	4,43
5. Vapa	15	0,715	0,683	-0,012	6,45	5,49
<i>Sliv Kolubare</i>						
6. Povlenska reka	15	0,370	0,367	0,027	3,09	2,65
7. Gradac	20	0,745	0,722	-0,007	10,18	6,56
<i>Sliv Zapadne Morave</i>						
8. Đetinja	19	0,507	0,514	0,040	6,55	4,56
9. Katušnica	20	0,600	0,610	0,043	5,73	4,48
10. Veliki Rzav	20	0,718	0,784	0,109	10,55	7,14
11. Panjica	18	0,444	0,425	-0,016	4,09	3,23
12. Tolišnica	18	0,364	0,376	0,061	3,73	3,15
13. Brvenica	18	0,581	0,590	0,044	7,00	5,18
14. Maglička reka	-	-	-	-	-	-
15. Bresnička reka	18	0,511	0,466	-0,065	4,91	3,93
16. Studenica	20	0,509	0,539	0,082	6,36	4,67
17. Izubra	13	0,252	0,229	-0,058	2,36	2,20
18. Brevina	17	0,658	0,583	-0,097	5,00	4,17
19. Gokčanica	17	0,626	0,604	-0,006	5,91	4,78
20. Samokovska reka	17	0,687	0,705	0,055	8,36	6,25
21. Brzečka reka	10	0,591	0,656	0,152	6,73	6,08

Tabela 11. Nastavak.

Lokalitet	mikrosatelitska DNK					
	<i>N</i>	<i>H_O</i>	<i>H_E</i>	<i>F_{IS}</i>	<i>A</i>	<i>Ar</i>
<i>Sliv Južne Morave</i>						
22. Štavská reka	18	0,485	0,448	-0,054	4,82	3,55
23. Sokobanjska Moravica	18	0,697	0,701	0,035	7,73	5,90
24. Toplodolska reka	17	0,503	0,468	-0,044	4,27	3,36
25. Visočica	20	0,600	0,602	0,028	7,82	5,37
26. Dojkinačka reka	19	0,603	0,580	-0,013	6,64	5,07
27. Vodenička reka	16	0,369	0,384	0,071	3,91	3,21
28. Dursunska reka	18	0,480	0,440	-0,061	3,73	3,24
29. Bistrička reka	18	0,534	0,478	-0,088	3,36	3,04
30. Vlasina	19	0,435	0,443	0,045	4,64	3,63
31. Polomska reka	-	-	-	-	-	-
32. Vučja reka	18	0,611	0,646	0,083	4,45	3,93
33. Jerma gornji tok	20	0,650	0,634	-0,000	4,91	3,96
34. Jerma donji tok	11	0,769	0,732	-0,002	6,73	5,92
35. Jelašnička reka	14	0,403	0,391	0,009	4,00	3,30
36. Garvanica	21	0,383	0,366	-0,021	3,64	2,98
37. Masurička reka	20	0,504	0,507	0,031	5,55	4,16
38. Vrla	16	0,500	0,516	0,064	4,45	3,75
39. Šaovice	20	0,850	0,696	-0,197	5,27	4,30
<i>Sliv Velike Morave</i>						
40. Resava	19	0,636	0,629	0,015	6,91	5,24
<i>Direktne pritoke Dunava</i>						
41. Mlava	20	0,854	0,804	-0,038	10,45	7,23
42. Krupaja	20	0,764	0,787	0,055	9,55	6,80
43. Kožica	15	0,533	0,488	-0,058	4,18	3,59
44. Vratna	17	0,524	0,544	0,068	4,82	3,91
<i>Sliv Timoka</i>						
45. Zlotska reka	17	0,401	0,371	-0,051	3,09	2,74
46. Mirovštica	16	0,415	0,402	-0,000	3,64	3,11
47. Janjska reka	18	0,636	0,567	-0,092	5,55	4,44
<i>Sliv Vardara</i>						
48. Tripušnica	13	0,517	0,445	-0,122	2,64	2,53
<i>Sliv Strume</i>						
49. Lisinska reka	22	0,593	0,591	0,022	5,36	4,12
50. Ljubatska reka	19	0,566	0,611	0,101	5,82	4,53
51. Dragovištica	20	0,653	0,648	0,019	6,36	4,84
52. Brankovačka reka	21	0,589	0,615	0,067	6,09	4,49
<i>Ribnjačke populacije</i>						
53. ribnjak Panjica	15	0,818	0,769	-0,030	8,09	6,52
54. ribnjak S. Moravica	16	0,790	0,784	0,025	8,55	6,70
55. ribnjak Jerma	9	0,717	0,663	-0,023	5,36	5,17
<i>Referentne populacije</i>						
56. ribnjak Češka	-	-	-	-	-	-
57. ribnjak Danska	10	0,799	0,762	0,005	6,73	6,28
58. Atersko jezero	8	0,761	0,663	-0,082	5,18	5,18
59. Trebišnjica	20	0,777	0,773	0,020	8,27	6,26
60. Radika	11	0,587	0,563	0,006	4,73	4,26
Σ 966						

Test poređenja parnih vrednosti indeksa genetičke diferencijacije (F_{ST}), pokazao je statistički značajne razlike između najvećeg broja parova populacija, dok su statistički neznačajne vrednosti karakterisale 20 parova populacija (Slika 16, Tabela 4 u Prilogu). Vrednosti F_{ST} indeksa su varirale od 0,002 do 0,606 (Tabela 4 u Prilogu). Najviše vrednosti F_{ST} indeksa zabeležene su za parove populacija od kojih je jedna bila sa lokaliteta Izubra (sliv Zapadne Morave), a druga iz Zlotske reke (sliv Timoka; $F_{ST} = 0,606$), Tripušnice (sliv Vardara; $F_{ST} = 0,584$), Mirovštice (sliv Timoka; $F_{ST} = 0,562$), Vodeničke reke (sliv Južne Morave; $F_{ST} = 0,518$) i Tolišnice (sliv Zapadne Morave; $F_{ST} = 0,503$). Najniže, ujedno i statistički neznačajne vrednosti, zabeležene su za parove populacija iz sliva Strume (Ljubatska reka i Dragovištica, $F_{ST} = 0,002$; Ljubatska reka i Brankovačka reka, $F_{ST} = 0,002$). Niske vrednosti utvrđene su za populacije sa lokaliteta Vučja reka i Jerma gornji tok (sliv Južne Morave; $F_{ST} = 0,014$), populacije sa lokaliteta Mlava i Krupaja (direktna pritoka Dunava, $F_{ST} = 0,017$), ali i za dve ribnjačke populacije (ribnjak Panjica i ribnjak Sokobanjska Moravica, $F_{ST} = 0,014$) (Slika 16, Tabela 4 u Prilogu).

Navedeni rezultati evidentne diferencijacije populacija, takođe su potvrđeni i preko D_{AS} distanci, koje su iznosile od 0,001 do 0,874 (Slika 16, Tabela 4 u Prilogu). Najviša vrednost D_{AS} distanci zabeležena je za populacije sa lokaliteta Jerma gornji tok i Zlotska reka (sliv Južne Morave i sliv Timoka, respektivno), praćena vrednošću za populacije iz Zlotske reke i Tripušnice (sliv Timoka i Vardara, respektivno, $D_{AS} = 0,866$). Visoke vrednosti su zabeležene i za parove populacija koje, takođe, potiču iz različitih slivova (Povlenska reka i Jerma gornji tok, $D_{AS} = 0,859$; Vučja reka i Zlotska reka, $D_{AS} = 0,846$; Štavska reka i Vučja reka, $D_{AS} = 0,834$; Đetinja i Jerma gornji tok, $D_{AS} = 0,822$). Sa druge strane, najniže vrednosti su zabeležene za tri para populacija iz sliva Strume ($D_{AS} = 0,001$ - $0,028$), dve introgresirane populacije sliva Južne Morave (Vučja reka i Jerma gornji tok, $D_{AS} = 0,031$), kao i u dve ribnjačke populacije sa teritorije Srbije (ribnjak Panjica i ribnjak Sokobanjska Moravica, $D_{AS} = 0,084$) (Slika 16, Tabela 4 u Prilogu).



Slika 16. Toplotna mapa (*eng.* heat map) F_{ST} vrednosti (iznad dijagonale) i vrednosti D_{AS} distanci (ispod dijagonale) izračunatih za parove populacija na osnovu mikrosatelitskih podataka. Vrednosti za parove populacija predstavljene su bojama čiji su opsezi prikazani na skali.

U programu STRUCTURE analizirano je 60 populacija. U prvom koraku analize, primenom ΔK metode (Evanno i sar., 2005) utvrđeno je da ΔK dostiže maksimalnu vrednost za $K = 2$ (Tabela 5 u Prilogu), odnosno da su populacije podeljene u dve grupe (Slika 17). Prvu grupu (dominantno crvena) sačinjava 39 populacija iz sliva Dunava sa teritorije Srbije, dok drugu grupu (dominantno plava) čine refrentne AT i AD populacije, populacije iz Egejskog sliva, ribnjačke populacije i osam populacija iz Dunavskog sliva, odnosno ukupno 21 populacija. U drugom hijerarhijskom koraku, iz prve, dominantno crvene dunavske grupe daljim strukturiranjem su otkrivena 24 klastera. U drugoj grupi, populacije su podeljene u dva klastera (tamno plavi i ljubičasti). Tamno plavi klaster uključuje pet populacija iz Dunavskog sliva, populaciju iz sliva Vardara, ribnjačke populacije, AT i AD referentne populacije, dok ljubičasti klaster čine populacije iz sliva Strume i tri populacije iz Dunavskog sliva. U trećem i četvrtom hijerarhijskom koraku, uočena je dalja diferencijacija dunavskih populacija, koje su u drugom koraku podeljene na 24 klastera. Tokom trećeg i četvrtog koraka, uočena je dalja diferencijacija i u klasterima koje su činile populacije iz tamno plave grupe, kao i u ljubičastom klasteru. U poslednjem, petom hijerarhijskom koraku, prikazana je

subdiferencijacija populacije sa lokaliteta Veliki Rzav, dok u narednim koracima, dalje subdiferencijacije u okviru ostalih klastera nije bilo (Slika 17; Tabela 5 u Prilogu).

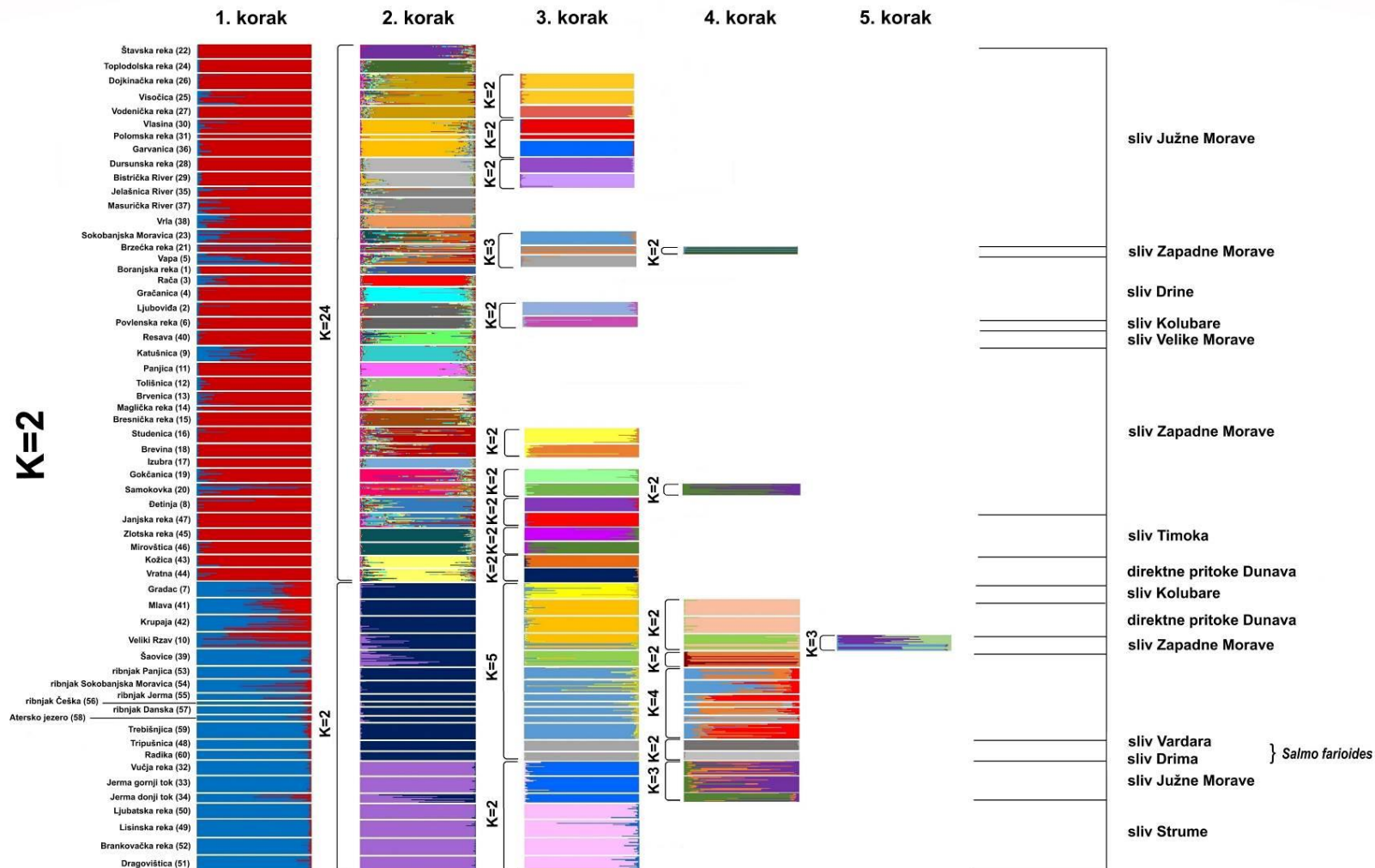
U drugu STRUCTURE analizu uključena je 41 populacija, konkretno, 39 populacija dominantno dunavske grupe iz prvog koraka STRUCTURE analize celokupnog uzorka i dve populacije sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Jadranskog sliva. U prvom hijerarhijskom koraku, populacije su raspoređene u 24 klastera (Slika 18), odnosno ΔK je dostigao maksimalnu vrednost za $K = 24$ (Tabela 6 u Prilogu). Populacije iz Dunavskog sliva čine 23 klastera, dok se u okviru posebnog klastera nalazi populacija sa lokaliteta Tripušnica i referentna AD populacija sa lokaliteta Radika (Slika 18). U drugom hijerarhijskom koraku, uočena je dalja diferencijacija populacija iz sliva Dunava, kao i diferencijacija na dve populacije sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Jadranskog sliva (Tripušnica i Radika). Treći hijerarhijski korak karakterisala je dalja diferencijacija nekoliko dunavskih populacija (Dursunska i Bistrička reka; Vlasina, Polomska reka i Garvanica) i subdiferencijacija ($K = 2$) populacija sa lokaliteta Brzečka reka i Samokovska reka. U narednim koracima, dalje subdiferencijacije u okviru ostalih klastera nije bilo (Slika 18, Tabela 6 u Prilogu).

Treća hijerarhijska STRUCTURE analiza uključivala je 46 populacija, odnosno 39 populacija dominantno dunavske grupe iz prvog koraka STRUCTURE analize celokupnog uzorka i sedam populacija sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Egejskog sliva. U prvom hijerarhijskom koraku, ΔK je dostigao maksimalnu vrednost za $K = 2$ (Tabela 7 u Prilogu), odnosno populacije su raspoređene u dve grupe (Slika 19). Prvu, dominantno crvenu grupu, sačinjava 39 populacija iz Dunavskog sliva, dok drugu, dominantno narandžastu grupu, čine četiri populacije iz sliva Strume i tri populacije iz Dunavskog sliva. Poređenjem sa STRUCTURE analizom celog uzorka (Slika 17), iste populacije su detektovane u okviru dominantno dunavskog klastera prvog hijerarhijskog koraka u obe analize (Slika 17, 19). U drugom hijerarhijskom koraku, iz prve, dominantno crvene, dunavske grupe daljim strukturiranjem detektovana su 24 klastera, dok su u drugoj, dominantno narandžastoj grupi, detektovana dva klastera, jedan oker boje, koji uključuje populacije iz sliva Strume i drugi zelene boje koji uključuje populacije iz Dunavskog sliva sa lokaliteta Vučja reka, Jerma gornji tok i Jerma donji tok. Treći hijerarhijski korak je karakterisala dalja diferencijacija populacija iz Crnomorskog Dunavskog sliva. U četvrtom hijerarhijskom koraku i ove STRUCTURE analize, uočena je subdiferencijacija populacija sa lokaliteta Brezečka reka i Samokovska reka, dok dalje subdiferencijacije u okviru ostalih klastera nije bilo (Tabela 7 u Prilogu).

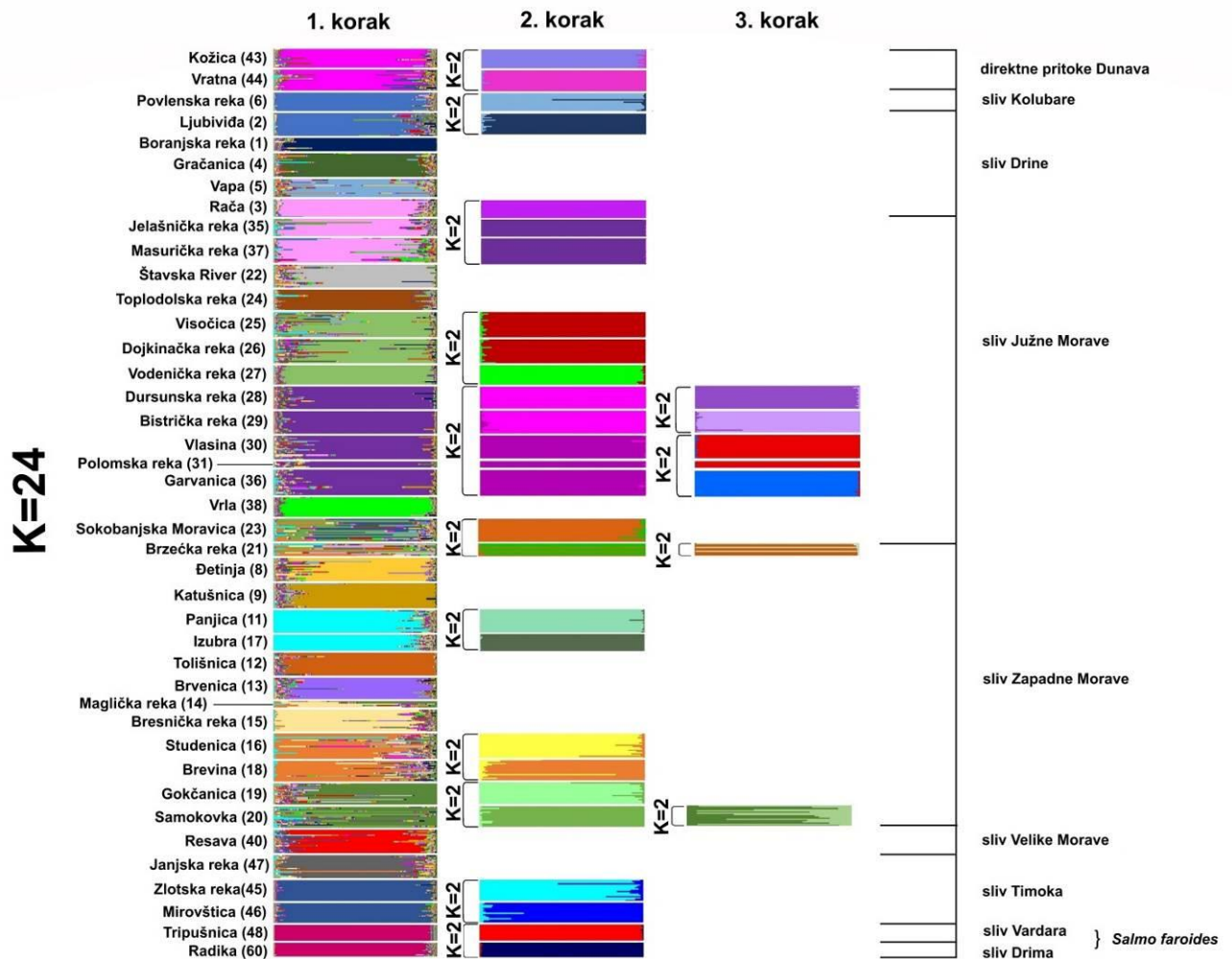
Četvrta hijerarhijska STRUCTURE analiza uključivala je 39 populacija dominantno dunavske grupe iz prvog koraka STRUCTURE analize celokupnog uzorka i 12 populacija sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Atlantskog sliva; ukupno 51 populacija. U prvom hijerarhijskom koraku, analizirane jedinice su podeljene na svetlo narandžastu grupu populacija iz Dunavskog sliva i svetlo plavu grupu koju čini 15 populacija, odnosno četiri AT referentne populacije, tri ribnjačke populacije i osam populacija iz Dunavskog sliva ($K = 2$; Tabela 8 u Prilogu, Slika 20). Za razliku od prethodno sprovedenih STRUCTURE analiza (39 populacija; Slika 17, 19) u ovoj analizi u okviru dominantno dunavske grupe nalazi se 36 populacija iz Dunavskog sliva. U drugom hijerarhijskom koraku, prva, svetlo narandžasta grupa, podeljena je na 25 klastera, dok je druga, svetlo plava podeljena na dva klastera, odnosno populacije sa lokaliteta Zlotska reka i Mirovštica su činile ljubičasti klaster u odnosu na ostalih 13 populacija koje su činile dominantno tamno plavi klaster. U trećem hijerarhijskom koraku, uočena je dalja diferencijacija populacija iz Dunavskog sliva (koje su

podeljene u 25 klastera u drugom koraku); jedinke sa lokaliteta Zlotska reka i Mirovštica (ljubičast klaster drugog koraka) su podeljene u posebne klasterne, dok su jedinke iz tamno plave grupe drugog koraka podeljene u klaster koji čini pet populacija iz Crnomorskog Dunavskog sliva (dominantno tamno crveni) i klaster sačinjen od AT referentnih, ribnjačkih i populacije sa lokaliteta Šaovice (dominantno svetlo zeleni). U četvrtom i petom hijerarhijskom koraku evidentna je dalja diferencijacija populacija iz tamno crvenog i svetlo zelenog klastera, kao i dalja subdiferencijacija populacija sa lokaliteta Samokovska reka, Brzećka reka, Veliki Rzav, Šaovice, i referentnih/ribnjačkih AT populacija. Dalje subdiferencijacije u ostalim klasterima nije bilo (Slika 20, Tabela 8 u Prilogu).

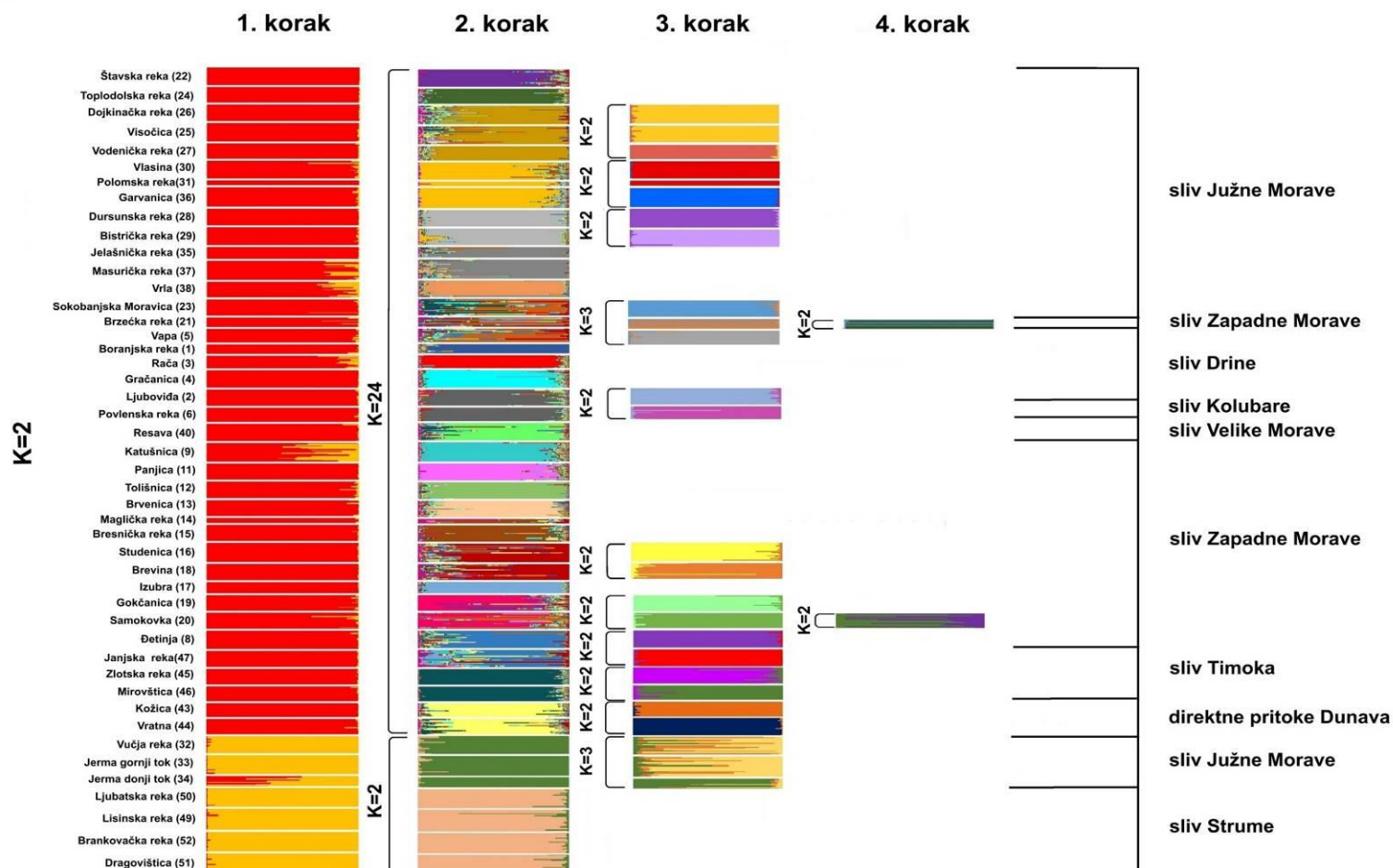
Pregledom rezultata četiri hijerarhijske STRUCTURE analize, od 47 analiziranih populacija Dunavskog sliva, u okviru 26 populacija nije uočen ili je uočen izrazito nizak nivo introgresije alelima poreklom iz linija alohtonog porekla. U populaciji iz sliva Vardara (reka Tripušnica) prisutni su aleli jadranskog porekla. Sa druge strane, kod četiri populacije sliva Strume nije uočena introgresija alelima alohtonog porekla, dok su tri ribnjačke populacije dominantno introgresirane alelima AT porekla (Slika 17, 18, 19, 20).



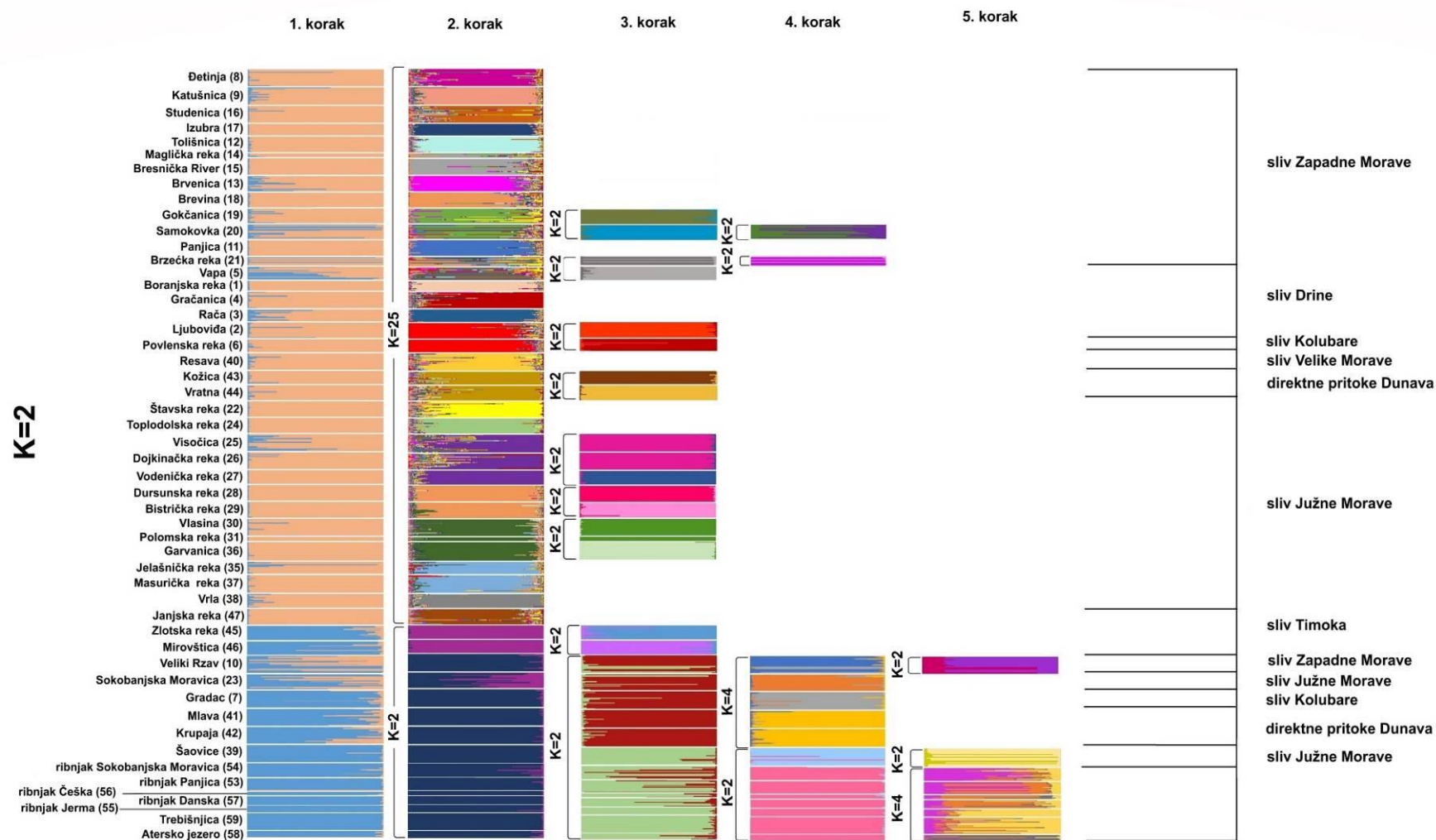
Slika 17. Procena populacione strukture 60 populacija potočne pastmrke na osnovu mikrosatelitskih podataka, upotrebom hijerarhijske STRUCTURE analize. Bele linije razdvajaju analizirane populacije. Najverovatniji broj grupa (K) analiziranog uzorka zasnovan je na ΔK metodi.



Slika 18. Procena populacione strukture dominantno dunavske grupe populacija i populacija sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Jadranskog sliva, na osnovu mikrosatelitskih podataka, upotrebom hijerarhijske STRUCTURE analize. Bele linije razdvajaju analizirane populacije. Najverovatniji broj grupa (K) analiziranog uzorka zasnovan je na ΔK metodi.



Slika 19. Procena populacione strukture dominantno dunavske grupe populacija i populacija sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Egejskog sliva, na osnovu mikrosatelitskih podataka, upotrebom hijerarhijske STRUCTURE analize. Bele linije razdvajaju analizirane populacije. Najverovatniji broj grupa (K) analiziranog uzorka zasnovan je na ΔK metodi.



Slika 20. Procena populacione strukture dominantno dunavske grupe populacija i populacija sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Atlantskog sliva, na osnovu mikrosatelitskih podataka, upotrebom hijerarhijske STRUCTURE analize. Bele linije razdvajaju analizirane populacije. Najverovatniji broj grupa (K) analiziranog uzorka zasnovan je na ΔK metodi.

4.2. Genetička struktura matičnog jata ribnjaka „Panjica“

Rezultati analize kontrolnog regiona mtDNK jedinki potočne pastrmke pokazali su da je u populaciji ribnjaka „Panjica“ detektovano sedam KR mtDNK haplotipova, od kojih su četiri u okviru DA-ES haplogrupe, a tri u okviru AT filogenetske linije (Tabela 12). Od ukupno 141 analizirane jedinke, kod 108 (76,6%) su detektovani DA-ES haplotipovi, dok su kod preostale 33 jedinke (23,4%) detektovani AT haplotipovi. Najzastupljeniji haplotip je Da28, sledi ATcs3, zatim dva haplotipa sličnih učestalosti (Da1c i Da1a), dok su preostali haplotipovi zabeleženi kao pojedinačni nalazi (Tabela 12, 13). Haplotipovi Da28 i Da1a registrovani su i u referentnoj dunavskoj populaciji iz reke Panjice (Tabela 13). Haplotipovi AT filogenetske linije zabeleženi u matičnom jatu ribnjaka „Panjica“ karakteristični su za domestifikovane – ribnjačke populacije. Detektovani AT haplotipovi matičnog jata ribnjaka „Panjica“, prisutni su i u referentnim populacijama, zajedno sa još jednim haplotipom (ATcs2), takođe ribnjačkog porekla (Tabela 13).

Tabela 12. Učestalost KR mtDNK haplotipova, *LDH* alela i genotipova, kao i vrednost statističkih parametara za mikrosatelitsku DNK jedinki matičnog jata ribnjaka „Panjica“. Vrednost inbriding koeficijenta (F_{IS}) nije pokazala statistički značajna odstupanja od Hardy-Vajnbergove ravnoteže (HWE). N – broj jedinki; H_O – utvrđena heterozigotnost; H_E – očekivana heterozigotnost; F_{IS} – koeficijent inbridinga sa statističkim značajnostima (** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$); A – broj alela po lokusu; Ar – bogatstvo alela.

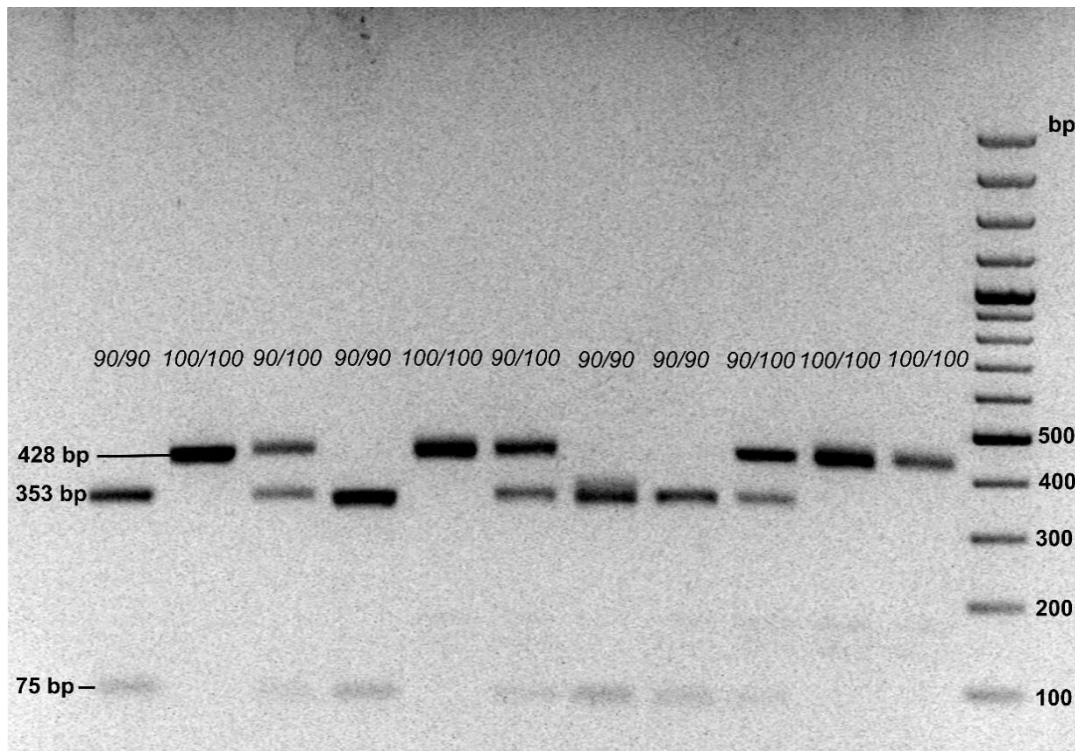
KR mtDNK		
Učestalost KR mtDNK haplotipova		
N		
Da28	58	(41,13%)
Da1c	27	(19,15%)
Da1a	21	(14,89%)
Da2a	2	(1,42%)
ATcs1	1	(0,71%)
ATcs3	31	(21,99%)
ATcs4	1	(0,71%)
<i>LDH</i> gen		
<i>LDH</i> aleli		
N		
alel 100	210/282	(74,47%)
alel 90	72/282	(25,53%)
<i>LDH</i> genotipovi		
N		
100/100	81/141	(57,45%)
90/90	12/141	(8,51%)
90/100	48/141	(34,04%)
<i>LDH</i> gen		
H_O	0,340	
H_E	0,382	
F_{IS}	0,108	
A	2	
mikrosatelitska DNK		
H_O	0,682	
H_E	0,666	
F_{IS}	-0,019***	
A	8,583	
Ar	4,583 ± 0,65	

Tabela 13. Učestalost KR mtDNK haplotipova, LDH genotipova, kao i vrednost statističkih parametara za mikrosatelitsku DNK matičnog jata ribnjaka „Panjica“ i referentnih populacija. Grupe matičnog jata ribnjaka „Panjica“: Grupa 1 (autohtone jedinke koje karakteriše DA mtDNK haplotip, 100/100 genotip i > 0,99% dunavskih alela mikrosatelitske DNK), Grupa 2 (hibridne jedinke koje pokazuju neusaglašenost na različitim genetičkim markerima), Grupa 3 (alohtone jedinke koje karakteriše AT mtDNK haplotip, 90/90 genotip i > 0,99% atlantskih alela mikrosatelitske DNK).

N – broj jedinki; H_O – utvrđena heterozigotnost; H_E – očekivana heterozigotnost; F_{IS} – koeficijent inbridinga sa statističkim značajnostima (**P < 0,01; ***P < 0,001); A – broj alela po lokusu; Ar – bogatstvo alela.

Populacija	N	Učestalost mtDNK haplotipova								LDH-CI* genotipovi			mikrosatelitska DNK			
		Da28	Da1c	Da1a	Da2a	ATcs1	ATcs2	ATcs3	ATcs4	90/90	90/100	100/100	H_O	H_E	F_{IS}	A
reka Panjica	20	10		10								0,408	0,389	-0,023***	3,833	3,698 ± 0,60
ribnjak Panjica Grupa 1	70	36	22	12							70	0,655	0,614	-0,059***	4,583	4,583 ± 0,66
ribnjak Panjica Grupa 2	66	22	5	9	2			27	1	7	48	0,701	0,682	-0,021***	7,333	6,392 ± 0,88
ribnjak Panjica Grupa 3	5					1		4		5		0,800	0,682	-0,064***	4,667	3,247 ± 0,21
ribnjak Braduljica	13					2	3	7	1			0,763	0,736	0,003**	6,500	6,500 ± 0,72
ribnjak Danska	10							8	2			0,799	0,755	-0,006***	6,500	6,310 ± 0,76
Atersko jezero	8					1	7					0,708	0,618	-0,081***	4,917	4,920 ± 0,60
Trebišnjica	10					1	5	2	2			0,767	0,733	0,007	6,667	6,670 ± 0,83
Σ	202	68	27	31	2	5	15	48	6							

Na osnovu RFLP analize *LDH* gena, autohtoni alel *100* je prisutan kod 74,5% jedinki ribnjaka „Panjica“, dok je alohtoni alel *90* detektovan kod 25,5% jedinki (Tabela 12). Učestalost genotipova *90/90*, *90/100* i *100/100* iznosila je 8,5%, 34,0% i 57,5%, respektivno (Tabela 12, Slika 21). Detektovane vrednosti genetičkog diverziteta *LDH* gena reflektuju prisustvo hibridnih jedinki u matičnom jatru, dok su vrednosti inbriding koeficijenta statistički neznačajne.

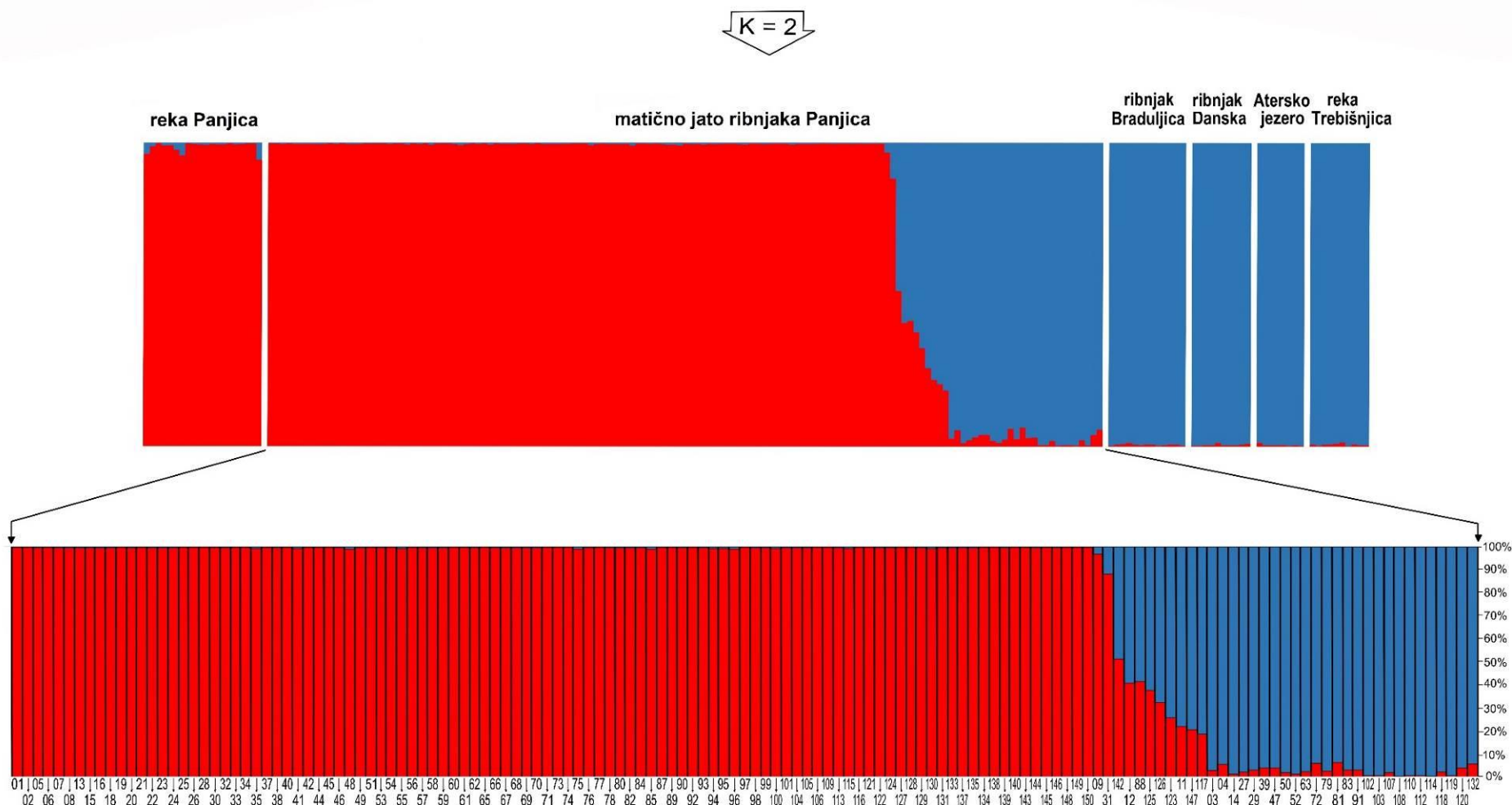


Slika 21. Restrikcija *LDH* gena (428 bp) *Bse*LI enzimom. Uzorci koji pripadaju dunavskoj liniji ostaju neisečeni, u pitanju su homozigoti za alel *100* (genotip *100/100*). Uzorci atlantske linije su homozigoti za alel *90* (genotip *90/90*), koji je isečen na dva fragmenta dužine 353 i 75 bp (fragmenti dužine 75 bp su suviše kratki i nisu jasno uočljivi na gelu). Hibridne jedinke su heterozigoti sa alelima *90* i *100* (genotip *90/100*).

Nakon inicijalne analize mikrosatelitskih podataka, multi aleli nisu detektovani u uzorku, niti je zabeleženo odstupanje od HWE, odnosno sve populacije su u genetičkoj ravnoteži.

Vrednosti parametara genetičkog diverziteta (H_o , H_e , A i Ar) najniže su u populaciji iz reke Panjice, dok su u ribnjačkim populacijama zabeležene evidentno više vrednosti (Tabela 13).

Na osnovu rezultata STRUCTURE analize, utvrđeno je da ΔK dostiže maksimalnu vrednost za $K = 2$ (Tabela 9 u Prilogu), odnosno da su populacije jasno podeljene u grupe koje korespondiraju dunavskom i atlantskom poreklu (Slika 22). Prvu grupu (Slika 22; označena crvenom bojom) činile su jedinke iz reke Panjice, i ova grupa je okarakterisana kao dunavska. Drugu grupu činile su jedinke iz ribnjaka Braduljica, ribnjaka iz Danske, Aterskog jezera i reke Trebišnjice (Slika 22, označena plavom bojom), i ova grupa je okarakterisana kao atlantska.



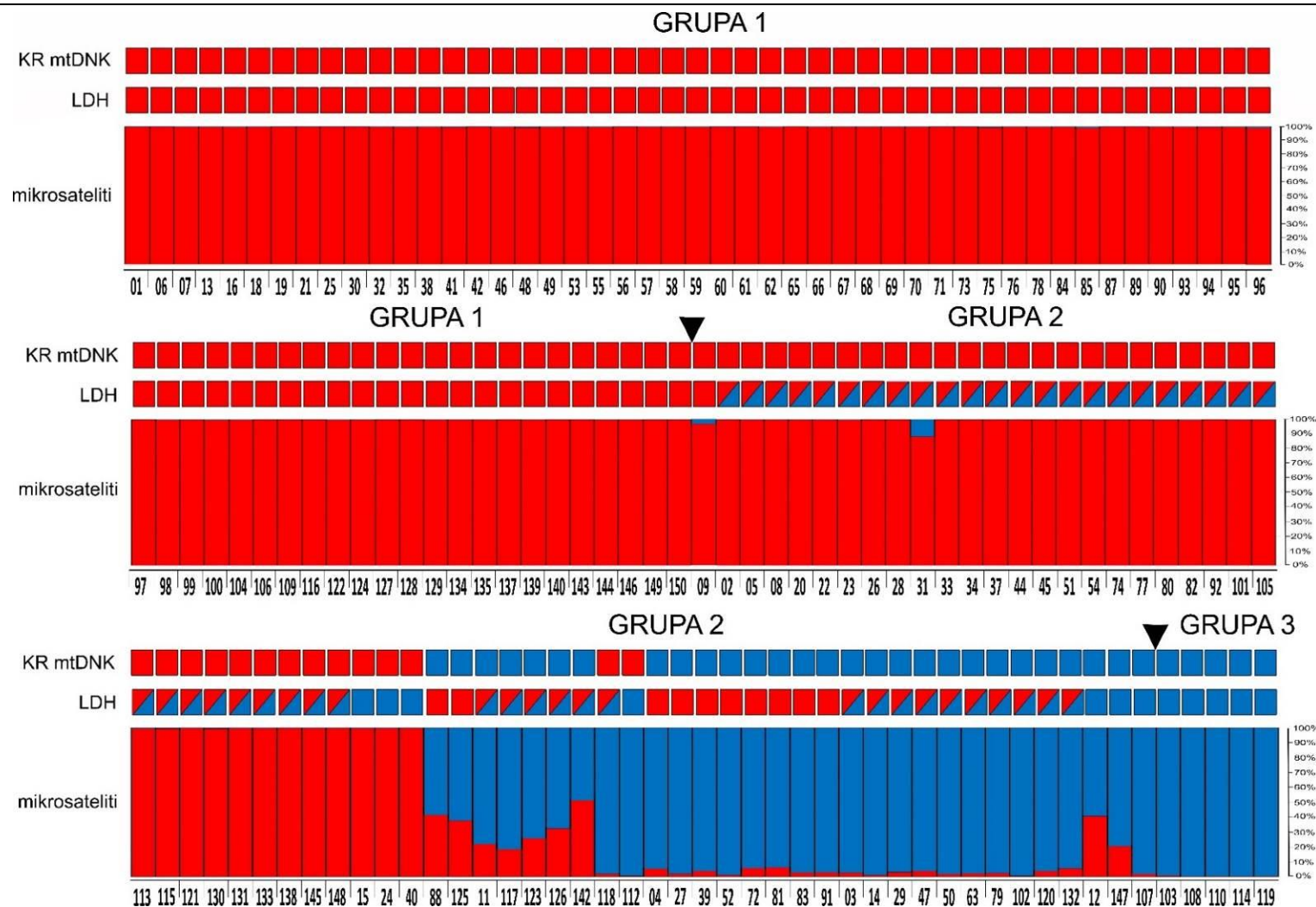
Slika 22. Procenjena populaciona struktura u STRUCTURE analizi mikrosatelitske DNK. Bele linije razdvajaju analizirane populacije. Najverovatniji broj grupa (K) analiziranih uzoraka zasnovan je na ΔK metodi; u narednim koracima, dalje subdiferencijacije u okviru svake od grupa nije bilo. Struktura populacije matičnog jata ribnjaka „Panjica“ je uvećana i prikazana između strelica, pri čemu svaka kolona predstavlja jedinku (broj ispod kolone odgovara šifri jedinice iz Tabele 10 u Prilogu). Crvena boja ilustruje genetički udeo DA, a plava AT alela.

Jedinke matičnog jata ribnjaka „Panjica“ su raspoređene u obe grupe, pri čemu kod većine (104 jedinke, 73,8% matičnog jata) nije zabeleženo prisustvo AT alela ($> 0,99$ DA alela), odnosno detektovana je niska introgresija AT alela – dve jedinke su posedovale 0,97 i 0,88 udela DA alela, respektivno (Slika 22, 23, Tabela 10 u Prilogu). Sve jedinke raspoređene u prvu, dunavsku grupu imale su autohtoni DA mtDNK haplotip, međutim, među njima 32 jedinke imale su heterozigotni *LDH* genotip, a tri su bile homozigoti za *LDH 90* alel. U ostatku uzoraka, devet jedinki je imalo nivoe introgresije AT alelima u rasponu od 0,49 do 0,82 i AT haplotipove. Takođe, svi tipovi *LDH* zigotnosti, uključujući *LDH 100* homozigote su bili prisutni unutar ove hibridne grupe (Slika 22, 23, Tabela 10 u Prilogu). Preostalih 26 jedinki pripadalo je atlantskom klasteru, sa udelom DA alela ispod 0,07. Ove jedinke su pretežno imale AT poreklo i na drugim markerima (KR mtDNK i *LDH*; Slika 23).

U cilju utvrđivanja autohtonog genetičkog udela, nakon sprovedenih analiza (sekvenciranje KR mtDNK, RFLP analiza *LDH* gena i STRUCTURE analiza mikrosatelitskih lokusa), jedinke ribnjaka „Panjica“ raspoređene su u tri grupe (Tabela 13; Tabela 10 u Prilogu; Slika 23).

Prva, Grupa 1, obuhvatala je 70 autohtonih jedinki, odnosno jedinke koje poseduju DA KR mtDNK haplotip, *100/100 LDH* genotip i izuzetno visok udeo DA alela ($> 0,99$). Grupa 2 uključivala je 66 jedinki koje su bile hibridi ili su pokazivale neusaglašenost na različitim genetičkim markerima. Grupa 3 se sastojala od pet autohtonih jedinki koje su nosile AT KR mtDNK haplotip, *90/90 LDH* genotip i izuzetno visok udeo AT alela ($> 0,99$), (Tabela 13; Tabela 10 u Prilogu; Slika 23).

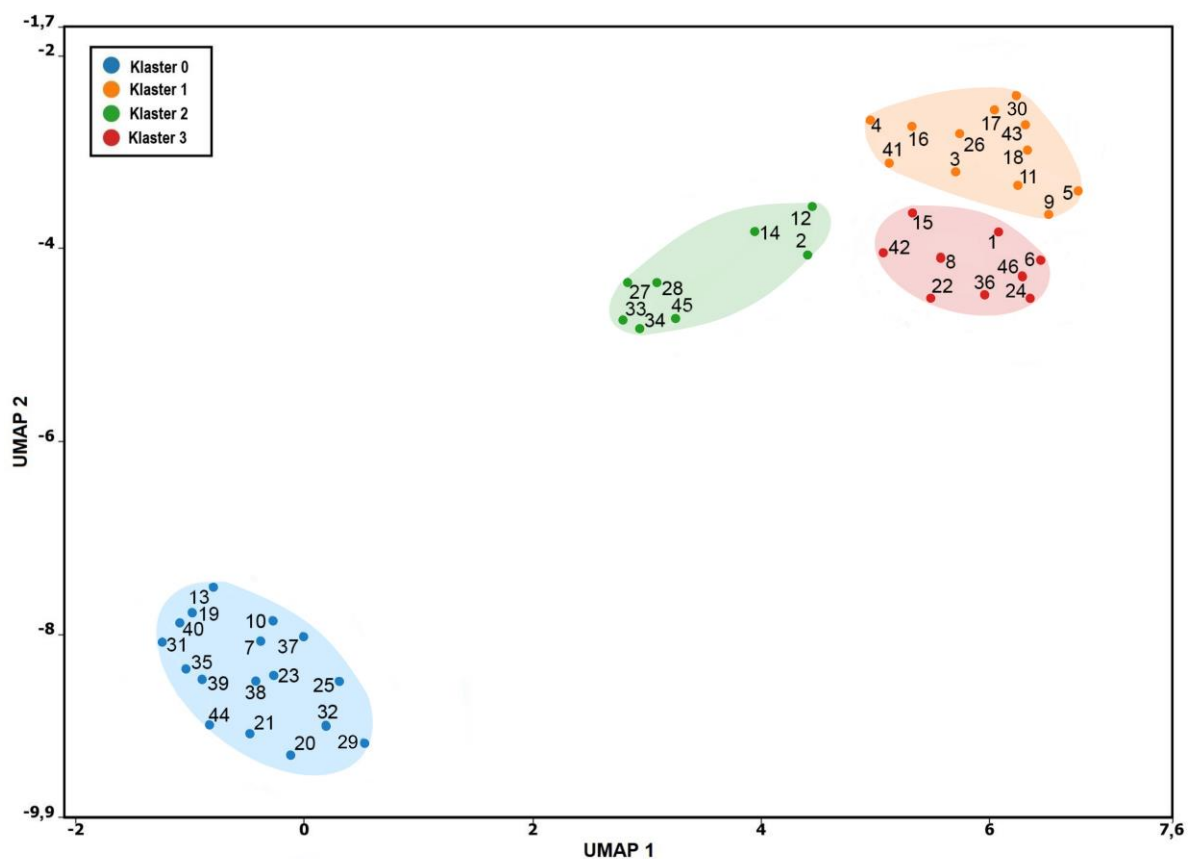
Na osnovu analize srodničkih odnosa 70 jedinki Grupe 1 matičnog jata ribnjaka „Panjica“ identifikovano je 11 punorodnih familija. Svaku identifikovanu punorodnu familiju činile su dve jedinke. Sedam punorodnih familija karakterisale su „Prob (Inc.)“ vrednosti više od 0,500 i „Prob (Exc.)“ vrednosti niže od 0,500 (Tabela 11 u Prilogu).



Slika 23. mtDNK haplotip, *LDH* genotip i udeo dunavskih alela mikrosatelitske DNK kod jedinki matičnog jata ribnjaka „Panjica“. Crvenom bojom je prikazan DA genetički udeo, a plavom AT genetički udeo. Kolone predstavljaju jedinke koje su analizirane na tri genetička markera (šifre jedinki i grupe kojima one pripadaju odgovaraju broju jedinke i dodeljenoj grupi u Tabeli 10 u Prilogu).

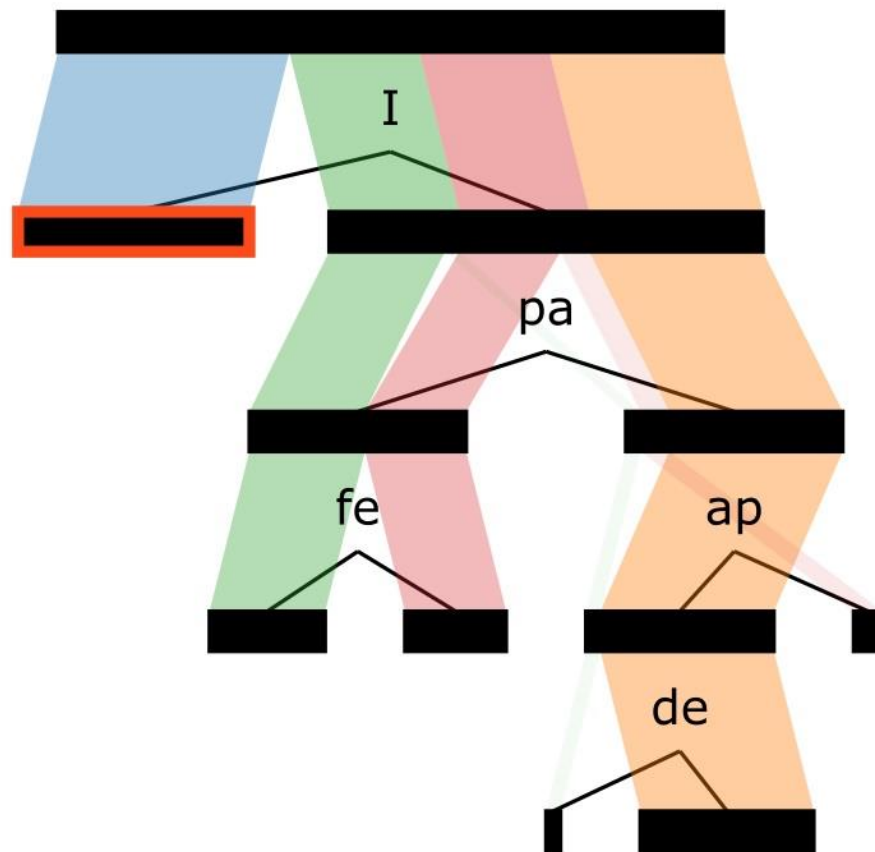
4.3. ESHIPPOsalmo model

Primenom ordinacionog procesa UMAP modela izdvojeni su glavni diskriminirajući parametri ESHIPPOsalmo modela za procenu održivog korišćenja i prioriteta konzervacije analiziranih populacija potočne pastrmke (Slika 24, 25). Populacije sa 46 lokaliteta su ordinirane primenom UMAP modela u dvodimenzionalnom prostoru (Slika 24) i raspoređene u četiri klastera pomoću Stablo odlučivanja algoritma (Slika 25). Na podelu populacija u klastera, kao i na njihov položaj u UMAP prostoru primarno su uticali ugrožavajući faktori na diverzitet, koji su definisani akronimom „HIPPO“. Prisustvo alohtonih filogenetskih linija kompleksa potočne pastrmke (parametar I; Slika 25) izdvaja se kao glavni parametar koji je uticao na razdvajanje populacija u četiri klastera. Na Slici 24 je jasno definisan gradijent i to: sa leve strane (Klaster 0 koji čine 15 lokaliteta sa ocenom 1, parametra I) ka desnoj strani (Klasteri 1, 2 i 3 koji čine 31 lokalitet sa ocenom 5, parametra I) UMAP prostora.



Slika 24. Grupisanje analiziranih populacija primenom ordinacionog procesa UMAP modela. Četiri identifikovana klastera korišćenjem Stablo odlučivanja algoritma su označeni različitim bojama. Analizirane populacije su prikazane rednim brojevima u UMAP prostoru, koji korespondiraju rednom broju i nazivu lokaliteta iz Tabele 14. Klaster duž donjeg levog dela UMAP prostora (plava boja) karakteriše se prisustvom alohtonih filogenetskih linija potočne pastrmke, nasuprot klasterima koji se nalaze u gornjem desnom uglu (narandžasti, zeleni i crveni).

U donjoj levoj strani UMAP prostora (Klaster 0) grupisano je 17 populacija sa prisustvom alohtonih filogenetskih linija, nasuprot gornjoj desnoj strani u kojoj se izdvajaju preostala tri klastera. Populacije koje se ne nalaze u okviru zaštićenog područja (ili je manje od 50% populacije u zaštićenom području; parametar pa; Slika 24) grupisane su u Klaster 2 i 3, koji se nalaze u gornjem desnom uglu UMAP prostora. Klaster 1, koji se nalazi uz Klaster 2 i 3, čine populacije sa 12 lokaliteta koje su gotovo kompletno u okviru zaštićenog područja (Slika 24). Takođe, fragmentacija staništa (parametar fe; Slika 25) je identifikovana kao jedan od značajnih parametara za raspodelu populacija u Klaster 2 (populacije sa osam lokaliteta na kojima je zabeležena fragmentacija staništa) i 3 (populacije sa devet lokaliteta na kojima nije prisutna fragmentacija staništa) (Slika 24). Ostvarena produkcija (parametar ap) i destrukcija staništa (parametar de) su parametri koji su doprineli raspodeli populacija u Klaster 2; međutim, odnose se samo na dodatnu diferencijaciju populacija unutar pomenutog klastera.



Slika 25. Šematski prikaz rezultata Stablo odlučivanja algoritma kojim su detektovani najbitniji parametri za grupisanje analiziranih populacija u klastera na Slici 24. I – prisustvo alohtonih vrsta i/ili filogenetskih linija; pa – procenat prisustva populacije u zaštićenom području; fe – fragmentacija (i izolacija) staništa; ap – ostvarena produkcija; de –destrukcija staništa.

Na osnovu ukupnog broja bodova ESHIPPOsalmo modela procenjen je nivo održivosti analiziranih populacija (Tabela 14), dok je prostorni raspored i prikaz održivosti populacija na teritoriji Srbije prikazan na Slici 26.

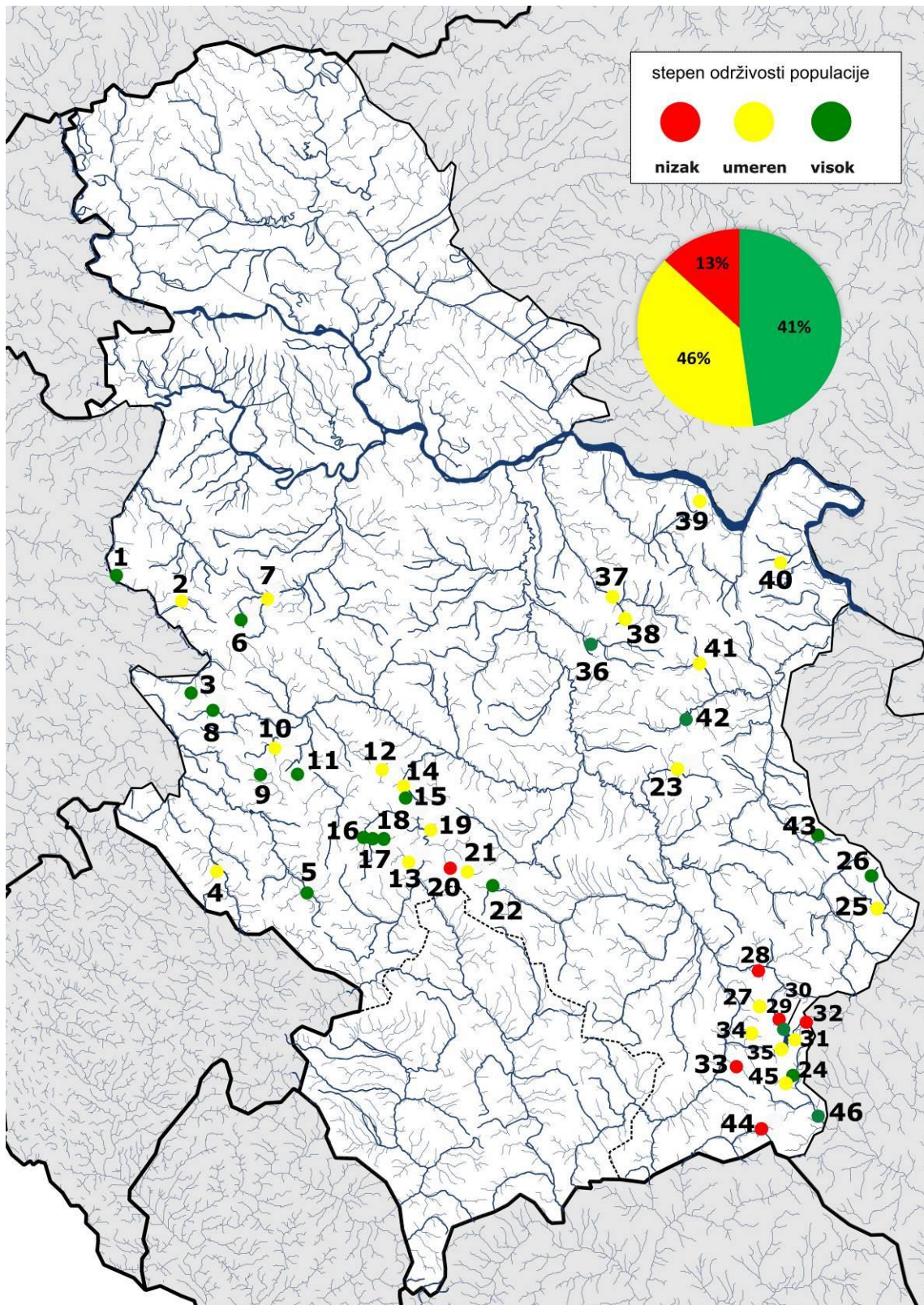
Tabela 14. Rezultati ESHIPPOsalmo modela za procenu održivosti istraživanih populacija potočne pastrmke. Klaster UMAP modela – ordinacija populacija u klasterne na osnovu UMAP analize (Slika 24).

Ekološka specijalizacija vrste (ES): h – stanište, d – ishrana, rs – reproduktivni sistem, lc – životni ciklus, bs – veličina tela, re – nivo izolacije populacije; Genetičke Strukture populacije (GS): ps – filogeografska struktura populacije; Indeks lokalne održivosti populacija (ILSFP): pd – gustina populacije, ap – ostvarena produkcija, nAge – broj uzrasnih klasa, Lmean – prosečna zabeležena dužina jedinki u populaciji, pa – procenat prisustva populacije u zaštićenom području; HIPPO faktori: H – promena staništa (bez fragmentacije), de – destrukcija staništa, fe – fragmentacija (i izolacija) staništa, I – alohtone vrste i/ili filogenetske linije, P – zagađenje, P – rast humane populacije, O – eksploatacija.

	klaster UMAP modela	ES							Σ ES	GS	ILSFP					Σ ILSFP	HIPPO					Σ HIPPO	Σ	nivo održivosti populacije	
		h	d	rs	lc	bs	re	pd			ap	nAge	Lmean	pa	H		I	P	P	0					
1. Boranjska reka	3	5	3	5	3	5	3	24	3	1	3	3	1	1	9	5	5	5	5	5	5	5	35	71	visok
2. Ljuboviđa	2	5	3	5	3	5	3	24	3	3	1	3	3	1	11	3	5	3	5	5	3	3	27	65	umeren
3. Rača	1	5	3	5	3	5	3	24	3	1	3	1	1	3	9	5	5	5	5	5	5	5	35	71	visok
4. Gračanica	1	5	3	5	3	5	5	26	3	1	1	1	1	5	9	1	5	3	5	5	5	5	29	67	umeren
5. Vapa	1	5	3	5	3	5	3	24	3	3	3	5	1	3	15	5	5	5	5	5	5	5	35	77	visok
6. Povolnska reka	3	5	3	5	3	5	3	24	3	3	5	3	1	1	13	5	5	5	5	5	5	5	35	75	visok
7. Gradac	0	5	3	5	3	5	3	24	1	1	3	3	3	3	13	3	5	5	1	5	5	3	27	65	umeren
8. Đetinja	3	5	3	5	3	5	5	26	3	3	5	3	1	3	15	3	5	3	5	5	3	5	29	73	visok
9. Katušnica	1	5	3	5	3	5	3	24	5	1	3	3	1	3	11	5	5	5	5	5	3	5	33	73	visok
10. Veliki Rzav	0	5	3	5	3	5	3	24	1	1	3	3	3	5	15	5	5	5	1	5	5	3	29	69	umeren
11. Panjica	1	5	3	5	3	5	3	24	3	3	3	3	1	3	13	5	5	5	5	5	5	5	35	75	visok
12. Tolišnica	2	5	3	5	3	5	5	26	5	1	1	3	1	1	7	3	5	3	5	5	5	5	31	69	umeren
13. Brvenica	0	5	3	5	3	5	5	26	1	1	3	3	1	3	11	5	5	5	1	5	5	5	31	69	umeren
14. Maglička reka	2	5	3	5	3	5	5	26	3	1	1	3	1	1	7	3	3	3	5	3	5	5	27	63	umeren
15. Bresnička reka	3	5	3	5	3	5	5	26	3	1	3	1	1	1	7	5	5	5	5	5	5	5	35	71	visok
16. Studenica	1	5	3	5	3	5	5	26	3	1	3	3	1	5	13	3	5	3	5	5	5	3	29	71	visok
17. Izubra	1	5	3	5	3	5	3	24	3	3	1	1	1	5	11	5	5	5	5	5	5	5	35	73	visok
18. Brevina	1	5	3	5	3	5	1	22	3	3	3	3	1	5	15	5	5	5	5	5	5	5	35	75	visok
19. Gokčanica	0	5	3	5	3	5	5	26	1	1	3	3	1	1	9	5	5	5	1	5	5	5	31	67	umeren
20. Samokovska	0	5	3	5	3	5	5	26	1	1	3	1	1	3	9	1	3	5	1	3	3	3	19	55	nizak
21. Brzečka reka	0	5	3	5	3	5	5	26	1	1	3	1	1	5	11	3	3	5	1	5	3	3	23	61	umeren

Tabela 14. Nastavak.

	klaster UMAP modela	ES						Σ ES	GS	ILSFP					Σ ILSFP	HIPPO					Σ HIPPO	Σ	nivo održivosti populacije		
		h	d	rs	lc	bs	re			pd	ap	nAge	Lmean	pa		H	I	P	P	0					
		22. Štavska reka	3	5	3	5	3			5	5	26	3	3		5	3	1	1	13				5	5
23. S. Moravica	0	5	3	5	3	5	5	26	1	1	3	3	3	3	13	3	5	3	1	5	3	5	25	65	umeren
24. Toplodolska	3	5	3	5	3	5	3	24	5	1	5	3	1	1	11	5	5	5	5	5	5	3	33	73	visok
25. Visočica	0	5	3	5	3	5	3	24	1	3	3	3	3	5	17	3	3	3	1	5	3	3	21	63	umeren
26. Dojkinačka reka	1	5	3	5	3	5	3	24	3	1	3	1	1	5	11	5	5	5	5	5	5	3	33	71	visok
27. Dursunska reka	2	5	3	5	3	5	5	26	5	1	3	3	1	1	9	1	1	1	5	5	5	3	21	61	umeren
28. Bistrička reka	2	5	3	5	3	5	5	26	3	1	1	3	3	1	9	1	1	1	5	5	5	3	21	59	nizak
29. Vlasina	0	5	3	5	3	5	5	26	1	1	3	3	1	3	11	1	1	1	1	3	1	3	11	49	nizak
30. Polomska reka	1	5	3	5	3	5	5	26	3	1	1	3	1	5	11	5	5	5	5	5	5	5	35	75	visok
31. Vučja reka	0	5	3	5	3	5	5	26	1	1	3	3	1	3	11	5	5	5	1	5	5	5	31	69	umeren
32. Jerma	0	5	3	5	3	5	3	24	1	1	3	3	1	3	11	3	3	3	1	3	3	3	19	55	nizak
33. Jelašnička reka	2	5	3	5	3	5	3	24	3	1	5	1	1	1	9	1	1	1	5	3	5	3	19	55	nizak
34. Garvanica	2	5	3	5	3	5	5	26	5	1	3	3	1	1	9	1	1	1	5	5	5	3	21	61	umeren
35. Šaovice	0	5	3	5	3	5	5	26	1	1	1	1	1	5	9	5	5	5	1	5	5	5	31	67	umeren
36. Resava	3	5	3	5	3	5	3	24	3	1	5	3	1	3	13	5	5	5	5	5	3	3	31	71	visok
37. Mlava	0	5	3	5	3	5	3	24	1	3	5	5	3	3	19	3	5	5	1	5	3	3	25	69	umeren
38. Krupaja	0	5	3	5	3	5	3	24	1	1	3	3	1	3	11	3	5	5	1	5	5	3	27	63	umeren
39. Kožica	0	5	3	5	3	5	5	26	1	1	3	1	1	5	11	5	5	5	1	5	5	5	31	69	umeren
40. Vratna	0	5	3	5	3	5	3	24	1	3	3	3	1	3	13	5	5	5	1	5	5	5	31	69	umeren
41. Zlotska reka	1	5	3	5	3	5	5	26	3	1	3	1	1	3	9	3	5	5	5	5	5	3	31	69	umeren
42. Mirovštica	3	5	3	5	3	5	5	26	3	3	3	3	1	1	11	3	5	5	5	5	5	3	31	71	visok
43. Janjska reka	1	5	3	5	3	5	5	26	3	3	3	3	1	5	15	5	5	5	5	5	5	5	35	79	visok
44. Tripušnica	0	5	3	5	3	5	5	26	1	3	1	1	3	3	11	3	3	1	1	5	5	3	21	59	nizak
45. Lisinska reka	2	5	3	5	3	5	3	24	3	3	3	3	3	1	13	3	1	1	3	5	5	3	21	61	umeren
46. Dragovištica	3	5	3	5	3	5	3	24	3	1	5	3	3	1	13	5	5	5	5	5	5	5	35	75	visok



Slika 26. Rezultati procene održivosti istraživanih populacija potočne pastrmke procenjeni pomoću modela ESHIPPOsalmo. Redni broj i naziv lokaliteta iz Tabele 14, odgovara broju lokaliteta na karti. Kružne oznake koje se nalaze uz redne brojeve prikazuju rezultate procene održivosti populacija potočne pastrmke po lokalitetima. Kružnim grafikom, u gornjem desnom uglu, prikazana je procentualna zastupljenost rezultata ESHIPPOsalmo modela za celokupan uzorak.

Procenom parametara ESHIPPOsalmo modela, zabeleženo je da nijedna od analiziranih populacija ne poseduje veoma visok nivo održivosti (Tabela 14). Od analiziranih populacija sa 46 lokaliteta, 41% odlikuje visok stepen održivosti, 46% umeren, dok 13% odlikuje nizak stepen održivosti (Slika 26).

Na osnovu ukupnog broja bodova Ekološke specijalizacije, Genetičke strukture, Indeksa lokalne održivosti ribljih populacija i HIPPO faktora, 19 populacija su označene kao visoko održive (Tabela 14, Slika 26). Populacije visokog stepena održivosti detektovane su u svim analiziranim rečnim sistemima Crnomorskog sliva, kao i u slivu Strume (Slika 26). Najviša vrednost zbira analiziranih parametara u uzorku zabeležena za populaciju sa lokaliteta Janjska reka (79 poena), a praćena je populacijom sa lokaliteta Vapa (77 poena) (Tabela 14).

Umeren nivo održivosti procenjen je za populacije sa 21 lokaliteta koji pripadaju slivovima Drine, Kolubare, Zapadne Morave, Južne Morave i Timoka, uključujući i direktne pritoke Dunava (Slika 26).

Šest populacija sa lokaliteta: Samokovska reka, Bistrička reka, Vlasina, Jerma, Jelašnička reka i Tripušnica poseduje nizak nivo održivosti na osnovu zbira procenjenih parametara ESHIPPOsalmo modela. Pregledom njihove raspodele u Klasteru primenom ordinationog procesa UMAP modela jasno se uočava da je glavni ugrožavajući faktor populacija sa lokaliteta Bistrička reka i Jelašnička reka fragmentacija staništa, dok je održivost preostale četiri populacije upitna usled prisustva jedinki alohtonih filogenetskih linija potočne pastrmke (Klasteri 2, 0, respektivno, Slika 24, Tabela 14). U celokupnom uzorku, najniža dobijena vrednosti zbira analiziranih parametara je za populaciju sa lokaliteta Vlasina (49 poena; Tabela 14).

5. DISKUSIJA

Istraživanje populacija potočne pastrmke na teritoriji Srbije neraskidivo je povezano sa neophodnošću rasvetljavanja pojedinih filogenetskih nedoumica unutar kompleksa *S. trutta* iz celokupnog areala. Stoga je u ovoj disertaciji sprovedena filogenetska revizija kompleksa potočne pastrmke na obimnom uzorku, kako bi se uporedila literaturno poznata demografska dinamika sa trenutnom prostornom raspodelom genetičkog diverziteta. Takođe, u cilju očuvanja intraspecijskog diverziteta vrste, neophodno je poznavati njenu genetičku strukturu što je fundamentalno za razvijanje efikasnih konzervacionih strategija (Klobučar i sar., 2013; Schrimpf i sar., 2014; Đuretanić, 2020).

5.1. Vremenski kalibrisana filogenija *Salmo* spp.

U cilju procene vremena divergencije kompleksa potočne pastrmke, u ovoj disertaciji kalibracija molekuskog sata vršena je pomoću tri vremenske odrednice. Hronogram je kalibrisan korišćenjem dve fosilne tačke kalibracije, jedne (*S. immigratus*) za procenu starosti roda *Salmo* i druge (*S. derzhavini*) za procenu vremena divergencije kompleksa potočne pastrmke, zajedno sa tačkom geološke kalibracije (geološka starost Ohridskog jezera) za procenu najmlađeg zajedničkog pretka *S. ohridanus* (Tabela 10). Prilikom poređenja vremena divergencije roda *Salmo*, kao i kompleksa potočne pastrmke iz ove disertacije, sa literaturnim podacima, važno je imati na umu da je Međunarodna unija geoloških nauka (*eng.* International Union of Geological Sciences – IUGS) 2009. godine izmenila „službeni“ okvir datiranja pliocena (Gibbard i Head, 2009; Gibbard i sar., 2010). Konkretno, period gelasijen (*eng.* Gelasian) je premešten iz pliocena u pleistocen kako bi geološka vremenska skala postala konzistentnija sa značajnim promenama na planeti Zemlji koje su se odigrale pre oko 2,6 mgod. Zapravo, po novoj vremenskoj skali pleistocen je „službeno“ počeo pre 2,58 mgod u odnosu na prethodno datiranje po kome je pleistocen počeo pre 1,8 mgod. Ova promena u datiranju pleistocena i pliocena izazvala je konfuziju u naučnoj zajednici, npr. u radu Sanz (2018), navodi se sledeće „...najstariji zabeleženi fosil potočne pastrmke pronađen je na Kavkazu i datiran je za period ranog pliocena, odnosno pre 2 mgod“. Takođe, u radovima Osinov i Bernatchez (1996), Bernatchez (2001), Sušnik i sar. (2005) i Sanz (2018) procene vremena divergencije kompleksa potočne pastrmke su datirane za period gelasijena (ili nakon njega) i stoga se odnose na pleistocen. Dakle, u većini studija, kada autori govore o pliocenu, oni zapravo misle na gelasijen, odnosno period koji po novoj vremenskoj skali pripada pleistocenu.

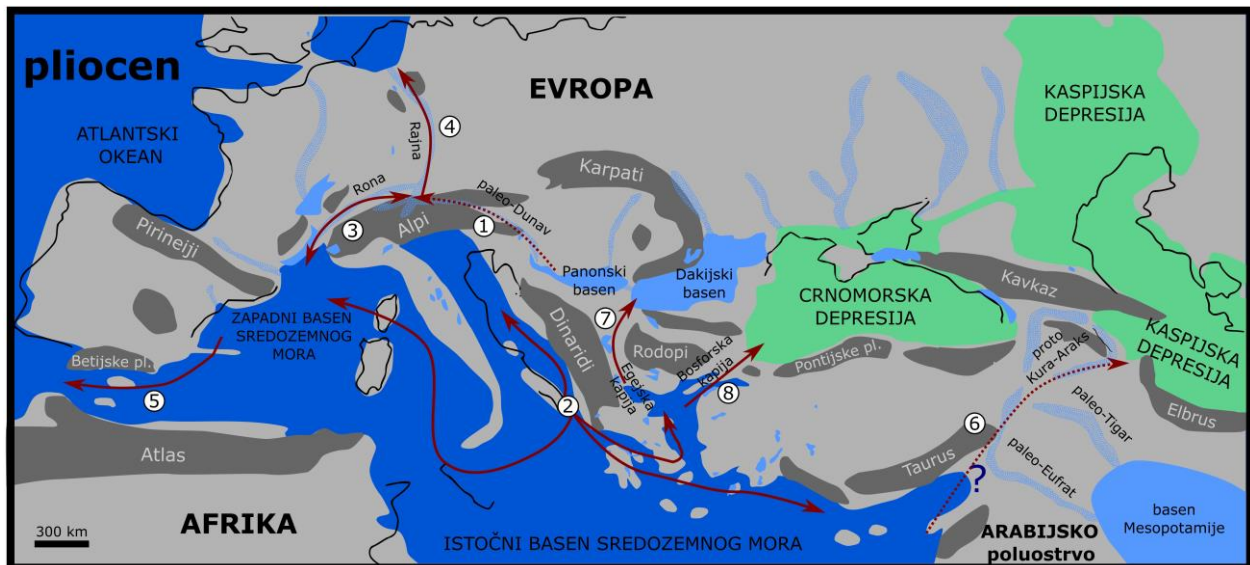
Na osnovu dobijenog hronograma, najmlađi zajednički predak roda *Salmo* datiran je za period kasnog miocena (pre 11,39 mgod; Slika 15), dok su se, suprotno uobičajenom mišljenju, glavne podele unutar kompleksa potočne pastrmke odigrale u kasnom pliocenu (pre 3,44-3,22 mgod), a ne u pleistocenu (*sensu* Gibbard i Head, 2009, Gibbard i sar., 2010). Datiranje najmlađeg zajedničkog predka roda *Salmo* za period kasnog miocena podržano je analizom koja je vršena i sa dve tačke kalibracije, odnosno isključivanjem *S. immigratus* (Tabela 10). Kalibracijom koja ne uključuje *S. immigratus*, poreklo roda *Salmo* datirano je za rani pliocen (pre 4,38 mgod). Evidentno, datiranje diverzifikacije unutar kompleksa potočne pastrmke je pod jakim uticajem vremenske kalibracije starosti roda *Salmo*. Slični rezultati za datiranje dobijeni su i u studijama Crête-Lafrenière i sar. (2012) i Lecaudey i sar. (2018), u kojima su fosilni nalazi rodova *Salvelinus* i *Oncorhynchus* korišćeni za kalibraciju filogenije porodice Salmonidae, a najmlađi zajednički predak roda *Salmo* datiran za srednji miocen (pre

~13 mgod). Kompleks potočne pastrmke u analizi Crête-Lafrenière i sar. (2012) predstavljen je taksonom *S. platycephalus* (AD filogenetska linija) i jedinkom nedefinisane filogenetske linije, dok su u istraživanje Lecaudey i sar. (2018) samo uključene jedinka MA linije i tri jedinke nedefinisane filogenetske linije. Obe studije su datirale najmlađeg zajedničkog pretka kompleksa potočne pastrmke u pliocen (pre ~3,4 i ~4,8 mgod, respektivno). Bitno je naglasiti da su hronogrami u radu Crête-Lafrenière i sar. (2012) i ovoj disertaciji zasnovani na analizi mtDNK, dok su procene u radu Lecaudey i sar. (2018) vršene na osnovu metode RAD-sekvenciranja jedarne DNK. Stoga, analizom dva različita i međusobno nezavisna tipa genetičkih markera dobijene su približne procene vremena divergencije roda *Salmo* i diversifikacije kompleksa potočne pastrmke. Nedavno, u radu Marić i sar. (2023b) mesinska kriza saliniteta i geološki događaj Lago Mare u Mediteranu primenjeni su kao geološka tačka kalibracije za molekularno datiranje razdvajanja između AD i DA linija. U navedenom radu sugerisano je da su se prve podele unutar kompleksa potočne pastrmke mogle odigrati već u kasnom miocenu, sa procenom grananja DA linije od pre ~2 mgod, odnosno, procenom koja je u saglasnosti sa rezultatom dobijenim u ovoj disertaciji (pre 2,1 mgod, 95% HPD intervali: 1,12- 3,15). Navedeno dodatno potkrepljuje rezultate ove studije i relevantnost korišćenja fosila *S. immigratus* kao kalibracione tačke za procenu vremena divergencije roda *Salmo*. Štaviše, neki od ključnih događaja tokom procesa specijacije evropskih ciprinida, takođe, su se odigrali u pliocenu (Zardoya i Doadrio, 1999), što je dokazano za rodove *Telestes* (Buj i sar., 2017) i *Phoxinus* (Reier i sar., 2022). Naime, očekivano je da brojne slatkovodne ribe dele zajedničku filogeografsku istoriju budući da je ona usko povezana sa biogeografskom evolucijom specifičnog regiona (Sanz, 2018; Veličković i sar., 2023).

Pliocensko poreklo sugerise da filogenetske linije kompleksa potočne pastrmke nisu formirane usled geo(hidro)morfoloških promena tokom glacijacija i interglacijacija, koje su se u mediteranskom regionu i Evropi odigrale u periodu pre 2,8- 2,5 mgod (Gibbard i sar., 2010), već su rezultat orogeneze i evolucije slivova. Naime, pravac toka i količina vode glavnih rečnih sistema koji odvode vode sa Alpa vremenom su se znatno promenili. Između kasnog miocena i ranog pliocena vode sa Alpa, uključujući Centralne Alpe (Švajcarske Alpe), pretežno su odvodile reku Rona-Are-Dunav, koje su tekle prema istoku u Panonsko jezero. U ovom periodu proto-Du je odvodila vodu severnih Jura i tekla ka Mediteranu, dok je proto-Rajna bila mali potok koji se uliva u Severno more. Tokom ranog pliocena tokovi paleo-Are i paleo-Rone su se odvojili od Dunava i spojili su se sa slivom reke proto-Du odvođeći vodu Centralnih Alpa u Mediteran. U tom periodu paleo-Dunav je odvodio vodu sa Istočnih Alpa, dok je Rajna proširila svoje slivno područje ka jugu u basen Molase. U ranom pleistocenu Are i gornja Rajna su postale deo sliva Rajne, koji se proširio do Centralnih Alpa (prema Khondkarian i sar., 2004a, 2004b; Berendsen, 2005; Popov i sar., 2006; Reiter i sar., 2015; Veličković i sar., 2023).

Pod pretpostavkom da su „glavne” filogenetske linije kompleksa potočne pastrmke poreklom iz pliocena, ancestralne populacije su mogle nastati u slivu Paratetisa/Panonskog jezera, uključujući paleo-Dunav, i preći u Mediteran tokom ranog pliocena, nakon što su se Are i Rona odvojile od paleo-Dunava i pridružile Du rečnom sistemu (Are-Du) (1 – Slika 27). Ovo je u skladu sa procenom koju su dali Osinov i Bernatchez (1996) da se nastanak kompleksa potočne pastrmke odigrao u slivovima Ponto-Kaspijskog regiona. Alternativno, ancestralne populacije kompleksa potočne pastrmke su mogle dopreti do Mediterana tokom Lago Mare faze, u periodu kada se slatka ili slabo brakična voda povremeno izlivala iz Paratetisa/Panonskog jezera u Mediteran (Bianco, 1990; Stoica i sar., 2016; van Baak i sar., 2017) ili tokom Zanklija, periode pliocenske epohe tokom koje je došlo do ponovnog punjenja Mediteranskog mora vodom iz Atlantika preko Gibraltara (Van Couvering i sar.,

2000). Manje verovatna opcija dospeća ancestralnih populacija u Mediteran je vodom iz Paratetisa/Panonskog basena preko Balkana, kako je sugerisano u radu Marić i sar. (2023b). Ovo bi postavilo vreme razdvajanja ME, AD i MA, kao i AT i DA linija u period miocena. Ovaj scenario nije osporen rezultatima molekularnog datiranja iz ove disertacije, na osnovu kojih je najmlađi zajednički predak kompleksa *S. trutta* datiran za pre 3,97 mgod sa 95% HPD intervalom pouzdanosti u opsegu od pre 2,34 do 5,88 mgod. Međutim, nalazi više autora (Snoj i sar., 2011, 2021; Berrebi i sar., 2013; Sanz, 2018), kao i rezultati ove disertacije, sugerišu da je kompleks potočne pastrmke nastao u slivu Istočnog Mediterana, potencijalno na Balkanu (2 – Slika 27). Na osnovu patrističkih distanci unutar filogenija, AD i pojedini MA haplotipovi najsirodniji su vrstama *S. obtusirostris* i *S. ohridanus*. Štaviše, ancestralnost AD filogenetske linije je dodatno iskazana njenom centralnom pozicijom na mreži haplotipova, kao i rezultatima metode dekompozicije stabla na kojoj su pojedini AD haplotipovi najbliži centru. Koristeći set jedarnih markera, Snaj i sar. (2021) su demonstrirali da je bazalna podela unutar kompleksa potočne pastrmke ona koja je odvojila atlantsku pastrmku od Mediterana, dok je DA pozicionirana između ME i AD linija. To bi moglo da znači da je kompleks potočne pastrmke kolonizovao Centralne Alpe tek nakon formiranja rečnog sistema Are-Du (3 – Slika 27). Iz ovog regiona populacije su mogle preći u sliv Atlantika kada je Rajna dosegla do Alpa u ranom pleistocenu i obuhvatila reke ove regije (4 – Slika 27). Alternativno, kolonizacija atlantskog sliva duž mediteranske obale i preko Gibraltara se takođe ne može odbaciti (5 – Slika 27). Na osnovu pretpostavke da je kompleks potočne pastrmke nastao u istočnom delu basena Mediterana i rezultata filogenetske analize Snaj i sar. (2021), DA linija se mogla pojaviti nakon kolonizacije sliva Kaspijskog mora iz istočnog Mediterana. Takav prelazak je mogao biti preko potencijalnog morskog koridora u dolini gornjeg toka Eufrata (6 – Slika 27; Chepalyga, 1995; Popov i sar., 2006) ili se prelazak odvijao u dva koraka. Kompleks potočne pastrmke je prvo kolonizovao paleo-Eufkrat, koji je do srednjeg pliocena verovatno bio povezan sa Mediteranom (Demir i sar., 2007, 2008), odakle su populacije prešle u rečni sistem Kura-Araks (sliv Kaspijskog mora), nakon preusmerenja rečnog toka. Reke Eufkrat, Kura i Araks potiču sa Jermenske visoravni, međutim, njihova istorija i poreklo još uvek nisu dovoljno istraženi (Ayvazyan i sar., 2019). Prelazak u sliv Kaspijskog mora podržan je i informacijama sa mreže haplotipova, na kojoj se uočava da su DA i AD filogenetske linije povezane haplotipovima Iran2, endemičnog i karakterističnog za Kaspijsko more (Vera i sar., 2011) i ADcsTi1 koji se javlja u slivu Vardara (Marić i sar., 2017a). Međutim, haplotip iz Vardara sugeriše još jednu potencijalnu kolonizacionu rutu preko mogućeg pliocenskog prolaza, koji je povezivao Egejsko more i Dakijski basen (7 – Slika 27) ili preko Bosforskog prolaza (8 – Slika 27; Clauzon i sar., 2008). Svaki od navedenih prolaza mogao bi poslužiti kao koridor za prelazak kompleksa potočne pastrmke iz istočnog Mediterana u Ponto-Kaspijski sistem, gde se vremenom formirala DA filogenetska linija (Veličković i sar., 2023).



Slika 27. Pojednostavljena palinspastička mapa epohe pliocena sa indikacijama hipotetičkih kolonizacionih ruta kompleksa potočne pastrmke (označene strelicama). Isprekidane linije označavaju migracione puteve za koje se smatra da su manje verovatni. Brački vode su označene zelenom bojom, slatkovodna jezera/močvare i reke svetloplavom bojom, mora tamnoplavom bojom, planinski lanci su prikazani tamnosivom bojom, dok su kopnene mase prikazane svetlosivom bojom. Sve geografske karakteristike su tenativno pozicionirane. Izrađeno i modifikovano prema Popov i sar. (2004, 2006), Neubauer i sar. (2015).

Analizom KR mtDNK uviđaju se razlike unutar „glavnih“ i „manjih“ linija kompleksa potočne pastrmke, međutim, nedovoljan broj informativnih karaktera (Tougaard, 2022) onemogućava razrešavanje nedoumica u vezi sa višim hijerarhijskim nivoima filogenije kompleksa, kao i pojave hibridizacije i retikularne evolucije (Sušnik i sar., 2007; Snoj i sar., 2021). U radu Sanz (2018) sugerisano je da uzorkovanje u nedovoljno istraženim regionima distribucije kompleksa potočne pastrmke, može rezultirati detekcijom intermedijarnih ili ancestralnih haplotipova, koji bi pomogli u razjašnjenju nedovoljno jasnih aspekata filogenetske istorije kompleksa. Rezultati ove disertacije ukazuju da analiza većeg broja uzoraka i bolja pokrivenost teritorije mogu doprineti razjašnjavanju filogeografskih obrazaca (distribucija DA-ES i DA-BS haplogrupa), čak i identifikaciji grupa intermedijarnih haplotipova unutar filogenetskih linija (identifikacija DA-INT haplogrupe), ipak ovaj pristup ne može doprineti razrešavanju politomija na nivou linija (Snoj i sar., 2011; Hashemzadeh Segherloo i sar., 2012; Sanz, 2018). Na nivou mtDNK navedene politomije bi se mogle rešiti uključivanjem dodatnih mtDNK markera (npr. *COI*, *Cytb*; Crête-Lafrenière i sar., 2012; Turan i sar., 2020, respektivno), analizom kompletnih mitogenoma (Guinand i sar., 2021; Tougaard, 2022) ili kombinacijom sa setovima jedarnih gena. Analize setova jedarnih gena (Pustovrh i sar., 2014; Snoj i sar., 2021) ili, idealno, primena RAD-sekvenciranja ili UCE markera, mogu se sprovesti i u cilju detekcije pretpostavljene hibridizacije između filogenetskih linija (Hashemzadeh Segherloo i sar., 2021; Veličković i sar., 2023).

5.2. Filogenija i filogeografija dunavske linije kompleksa potočne pastrmke

Složena hidrogeološka istorija Ponto-Kaspijskog sistema oblikovala je evoluciju DA filogenetske linije. Rezultati filogeografskih analiza ove disertacije nisu u suprotnosti sa tvrdnjom Sanz (2018) da je izolacija crnomorskog i kaspijskog basena favorizovala alopatričku divergenciju DA-BS i DA-ES haplogrupa. DA-BS i DA-ES haplogrupe širile su se ka zapadu i istoku, respektivno, a prisustvo DA-ES haplogrupe na Balkanu i u gornjem toku Dunava rezultat je sekundarnih kontakata koji su usledili nakon poslednjeg glacijalnog maksimuma na ovim prostorima (Veličković i sar., 2023).

Rezultati ove studije nisu u potpunosti saglasni sa tvrdnjom da DA-BS zauzima ancestralni položaj u odnosu na DA-ES haplogrupu (Kohout i sar., 2013; Sanz, 2018). Navedeno mišljenje Kohout i sar. (2013) i Sanz (2018) podržano je filogenetskim stablom, metodom dekompozicije stabla i hronogramom iz ove disteracije (Slika 13, 14, 15). Međutim, ancenstralnost DA-BS haplogrupe nije podržana MJ mrežom haplotipova, gde se uočava da je DA-BS divergentnija haplogrupa u odnosu na DA-ES, kao i da je povezanost DA linije sa ostalim haplogrupama ostvarena preko DA-ES haplogrupe (Slika 9). Ova odstupanja mogu biti rezultat nedovoljnog uzorkovanja na teritoriji Turske, gde je DA-BS haplogrupa najviše distribuirana. U odnosu na rezultate Kohout i sar. (2013) i Sanz (2018), u ovoj disertaciji je usled bolje geografske pokrivenosti regiona i ekstenzivne analize dostupnih podataka u vezi sa DA linijom, identifikovana dodatna grupa DA haplotipova, koji zauzimaju intermedijarnu poziciju između DA-ES i DA-BS (Veličković i sar., 2023).

Analize sprovedene u ovoj disertaciji jasno ukazuju da haplotipovi DaBS9 i DaBS10, zajedno sa haplotipovima Da25 i DATR19 (Baric i sar., 2010; Özen, 2013) formiraju blisko srodnu haplogrupu (DA-INT) koja je pozicionirana između DA-ES i DA-BS (Slika 9). Intermedijarna pozicija DA-INT haplogrupe je sugerisana i na ML i BI stablima (Slika 12). Uprkos niskim vrednostima PP verovatnoća i nesignifikantnim vrednostima BS ponavljanja, generalna topologija na osnovu koje je nova DA-INT haplogrupa intermedijarnog položaja u okviru DA linije, podržana je i rezultatima metode dekompozicije stabla (Slika 14) (Veličković i sar., 2023).

Nastanak tri DA haplogrupe može se objasniti rekonstrukcijom evolucije sekvenci (Slika 10), koja sugerise da je transverzija 542 G → C definisala razdvajanje DA-ES + DA-INT od DA-BS haplogrupe, što je praćeno tranzicijom 541 G → A koja je odvojila kladu DA-ES + DA-INT (isključujući DaBS9) od haplotipa DaBS9, i konačno tranzicijom 548 C → T koja je definisala DA-ES haplogrupu. Ovaj obrazac podržava klasifikaciju DA-INT kao tranzicione haplogrupe u odnosu na DA-ES i DA-BS, pri čemu je haplotip DaBS9 najrodniji DA-BS haplotipovima i najverovatnije predek drugih DA-INT haplotipova. Broj uočenih sinapomorfija u kontrolnom regionu mtDNK koje definišu DA-INT haplogrupu je mali, ali uporediv sa onim između DU i AT ili između ME i AD linija (Cortey i sar., 2004; Vera i sar., 2010, 2015). Postoji samo jedna sinapomorfija (bez uočenih povratnih mutacija) koja razdvaja DU i AT, a to je 713 C → T, dok 904 G → A i 907 A → G podržavaju istu topologiju, osim jedne povratne mutacije prisutne kod pojedinih haplotipova. Verovatnoća da su otkrivene molekularne sinapomorfije koje podržavaju podelu DA linije na tri haplogrupe zapravo artefakti je izuzetno niska, s obzirom da su ih otkrili nezavisni istraživači (Marić i sar., 2006b; Baric i sar., 2010; Özen, 2013; Veličković i sar., 2023).

Teško je doneti konačne zaključke o filogeografiji DA-INT, budući da su zabeležena samo četiri lokaliteta sa haplotipovima koji pripadaju ovoj haplogrupi. Haplotip Da25 je zabeležen u sistemu reke In u gornjem delu sliva Dunava (Baric i sar., 2010), DATR19 unutar sistema reke Koruh u basenu Crnog mora (Özen, 2013), a haplotipovi DaBS9 i DaBS10 na dva lokaliteta u sistemu Južne Morave u srednjem delu sliva Dunava (Kohout i sar., 2013; Marić i sar., 2022; ova studija). Ovakva disjunktna distribucija bi mogla biti rezultat nedovoljnog istraživanja ovog regiona jer su kompletne KR mtDNK sekvence slabo dostupne za lokalitete u donjem delu sliva Dunava i drugim evropskim rekama Crnomorskog basena. Trenutno dostupni podaci o distribuciji DA-INT haplogrupe ukazuju da je zastupljenija u slivu Dunava uzvodno od Gvozdene kapije (Slika 11), što implicira da je potočna pastrmka kolonizovala ovaj region u najmanje dva talasa, što je ranije sugerisano u radu Marić i sar. (2022). Procena vremena divergencije sugerise da je ova haplogrupa formirana u ranom pleistocenu (Tabela 10, Slika 15), što približno koincidira sa finalnim dospećem paleo-Dunava do Crnog mora (pre 1,9 – 1,8 mgod; Matoshko i sar., 2019; Krézsek i Olariu, 2021; Veličković i sar., 2023).

5.3. Filogeografska i populaciono-genetička struktura potočne pastrmke na teritoriji Srbije

Ova studija predstavlja najobuhvatniju filogeografsku i populaciono-genetičku analizu kompleksa potočne pastrmke na Balkanu. Upotrebom biparentalnih mikrosatelitskih markera zajedno sa mtDNK detektovana je složena genetička struktura potočne pastrmke na teritoriji Srbije. Međutim, zabeležen je viši nivo introgresije i introgresivne hibridizacije između autohtone DA linije potočne pastrmke i alohtonih filogenetskih linija u odnosu na prethodne studije, čime su potvrđene pretpostavke ranijih istraživanja rađenih uglavnom analizom mtDNK markera na manjem broju uzoraka (Marić i sar., 2006b, 2022; Tošić i sar., 2014, 2016; Simonović i sar., 2017; Škraba Jurlina i sar., 2020; Kanjuh i sar., 2021).

Rezultati ove disertacije pružili su nove uvide u filogeniju i filogeografiju kompleksa potočne pastrmke, kao i informacije o gotovo dvostruko većem broju detektovanih haplotipova za teritoriju Srbije u odnosu na sve prethodne studije (Marić i sar., 2006b, 2022; Tošić i sar., 2014, 2016; Simonović i sar., 2017; Škraba Jurlina i sar., 2020; Kanjuh i sar., 2021). Štaviše, haplotipska raznovrsnost DA filogenetske linije na teritoriji Srbije značajno nadmašuje mnoge druge regione u slivu Dunava (Duftner i sar., 2003; Baric i sar., 2010; Kohout i sar., 2013; Ösz i sar., 2018), što se ogleda u prisustvu haplotipova iz DA-ES i DA-BS, kao i novoopisane DA-INT haplogrupe. U okviru DA linije zapaža se izraziti diverzitet DA-ES haplotipova, od kojih je devet novoopisano od ukupno 19 detektovanih haplotipova u okviru ove haplogrupe (Tabela 8). Distribucija haplotipova iz određenih filogenetskih linija, generalno, korespondira sa odgovarajućim slivnim područjima, izuzev populacija koje su pod uticajem antropogenih translokacija. U slivu Dunava takve translokacije su identifikovane u 12 populacija koje, uz autohtone DA, takođe sadrže AT (7) ili AT i AD (5) haplotipove (Slika 8, Tabela 8). Na jednom lokalitetu nativno poreklo AD haplotipova se može odbaciti usled geografske udaljenosti od Egejskog sliva (19 – Gokčanica), dok je na šest lokaliteta (32 – Vučja reka, 33 – Jerma gornji tok, 34 – Jerma donji tok, 37 – Masurička reka, 38 – Vrla, 39 – Šaovice), koji se nalaze u blizini Egejskog sliva, prisustvo AD haplotipova verovatno posledica ljudskog uticaja, a manje verovatno posledica geo(hidro)morfoloških promena tokom glacijacija i interglacijacija koje bi mogle dovesti do kontakta Egejskog i Crnomorskog sliva u graničnim područjima (Veličković i sar., 2023). Marić i sar. (2022) su već ukazali na

intenzivne translokacije jedinki u ovom regionu tokom proteklih decenija. U preostalim populacijama Crnomorskog sliva koje su pod uticajem antropogenih translokacija zabeležena su dva alohtona haplotipa AT i AD linije, koji su prvi put opisani u ovoj disertaciji (ATcs54, ADcs22; sistem reke Mlave; Tabela 8).

Na analiziranom području, AD linija je znatno manje diferencirana u poređenju sa DA linijom. Od pet analiziranih populacija Egejskog sliva u četiri populacije iz sliva Strume prisutna su dva srodna autohtona AD haplotipa (AdAE1 i ADcs1), pri čemu je AdAE1 učestaliji. Sa druge strane, u reci Tripušnici (sliv Vardara) prisutan je samo jedan alohtoni haplotip (AdPrz) poreklom iz sistema Drim-Skadar (Marić i sar., 2006b, 2017a). Sem poslednje populacije, originalni filogeografski obrazac distribucije haplotipova u Egejskom slivu je dobro očuvan usled odsustva približavanja i translokacija.

U Srbiji haplogrupa DA-ES preovlađuje u kompletnom Crnomorskom slivu, odstupajući od ovog obrasca samo na nekoliko lokaliteta. Na dva lokaliteta u slivu Zapadne Morave DA-BS haplotip (DaBS1) je detektovan zajedno sa DA-ES haplotipovima (13 – Brvenica, 19 – Gokčanica), dok je u slivu Južne Morave u populaciji reke Vrle pronađen još jedan DA-BS haplotip (DaBS11) uz translocirane AD haplotipove (Marić i sar., 2022). U populaciji sa lokaliteta Garvanica isključivo su detektovani haplotipovi DaBS9 i DaBS10 iz DA-INT haplogrupe. Sve tri DA haplogrupe zabeležene su u slivu Južne Morave na području Vlasinske visoravni, što ukazuje na višestruke talase kolonizacije ovog područja. Ovakva genetička struktura nije iznenađujuća s obzirom na to da je Vlasinska visoravan veoma posebna po svom geomorfološkom poreklu (Dimitrijević, 1995; Knežević-Dorđević i Krstić, 1996; Marić i sar., 2022) i da poseduje visok nivo diverziteta sa interesantnim biogeografskim i filogeografskim obrascima (Stevanović i sar., 1995; Marić i sar., 2006b; Sotiropoulos i sar., 2007; Tot i sar., 2015; Veličković i sar., 2023).

Značajan doprinos ove studije u sagledavanju diverziteta DA-ES haplogrupe na teritoriji Srbije, ogleda se u opisu devet novih haplotipova. Posebnu konzervacionu važnost imaju haplotipovi koji se mogu označiti kao autohtoni za određeno područje. Na teritoriji Srbije, novoopisani haplotipovi koji su pronađeni na pojedinačnim lokacijama u visokim frekvencijama, a ne javljaju se sa haplotipovima ribnjačkog porekla su: Da29, Da35 i Da37 (Tabela 8, Slika 8).

Pregledom distribucije haplotipova Crnomorskog sliva Zapadnog Balkana, Da1a je najrasprostranjeniji haplotip koji se smatra predačkim za ovo područje (Bernatchez i sar., 1992; Marić i sar., 2006b, 2022; Tošić i sar., 2016; Simonović i sar., 2017; Škraba Jurlina i sar., 2020; Kanjuh, 2023). Takođe, na osnovu rezultata ove disertacije, Da1a je najučestaliji haplotip na teritoriji Srbije (Tabela 8, Slika 8), kao i u okviru čitave DA linije (Slika 11). Takođe, na mreži haplotipova, Da1a haplotip je centralno pozicioniran u okviru DA-ES haplogrupe (Slika 9).

U ovoj disertaciji za teritoriju Srbije po prvi put su analizirane prirodne populacije sa 34 lokaliteta, dok je određeni broj populacija obrađivan i u prethodnim studijama. Populacije za koje je, uprkos analizi većeg broja jedinki u ovoj studiji, zabeležen već detektovani diverzitet haplotipova potiču sa sledećih lokaliteta: Tripušnica, Lisinska reka (Marić i sar., 2006b; Tabela 8), Jelašnička reka (Marić i sar., 2006b; Simonović i sar., 2017; Tabela 8) i Dojkinačka reka (Marić i sar., 2006b; Kanjuh i sar., 2021; Tabela 8). U populaciji sa lokaliteta Gradac u prethodnim studijama zabeleženi su isti DA haplotipovi kao u ovoj disertaciji (Marić i sar., 2006b; Simonović i sar., 2017; Tabela 8), kao i domestifikovani AT haplotipovi

(konkretno ATcs4 u ovoj i ATcs1 u prethodnim studijama). Sa druge strane, u ovoj studiji, veći diverzitet DA haplotipova u odnosu na prethodne studije, zabeležen je za populacije sa lokaliteta Bresnička reka, Brevina i Resava (Marić i sar., 2006b).

Veći diverzitet haplotipova, detektovan u ovoj disertaciji, može se objasniti generalno većim brojem analiziranih jedinki po lokalitetu. Takođe, analiza dužeg segmenta KR mtDNK u odnosu na većinu prethodnih studija (Marić i sar., 2006b; Tošić i sar., 2014, 2016; Simonović i sar., 2017), omogućila je opis novih haplotipova, budući da je većina polimorfizama detektovana na pozicijama nakon poli T bloka.

Nalazi haplotipa Da23c detektovanog u studijama Tošić i sar. (2014, 2016) u populacijama sa lokaliteta Mirovštica, Kožica i Vratna nisu zabeleženi tokom ovog istraživanja. U ovoj studiji, na lokalitetima Kožica i Vratna najfrekventniji haplotip je Da34, dok je u populaciji sa lokaliteta Mirovštica, pored haplotipa Da2a detektivanog u studiji Tošić (2014), detektovan haplotip Da33. U delu sekvence do poli T bloka sva tri haplotipa (Da23c, Da33 i Da34) imaju isti redosled nukleotida, međutim, sekvenca haplotipa Da23c je verovatno lošeg kvaliteta nakon poli T bloka, te njegovo poređenje sa drugim DA haplotipovima ne pruža realne informacije (korišćenjem alata BLAST u okviru NCBI baze, haplotip Da23c poseduje 55 nukleotidnih razlika u odnosu na najsirodniji DA haplotip). Navedene razlike mogu biti proverene ponovnim sekvenciranjem uzoraka iz Tošić i sar. (2014, 2016).

Haplotipski i nukleotidni diverzitet su važni pokazatelji genetičkog diverziteta populacije, i tradicionalno se koriste u filogenetskim studijama zasnovanim na analizi mtDNK (Fan i sar., 2021). Očekivano, u analiziranim populacijama sa teritorije Srbije, najviše vrednosti pomenutih parametara dobijene su za populacije u kojima je zabeležena introdukcija alohtonih alela (Jerma gornji tok, Veliki Rzav; Tabela 9), uključujući i ribnjačke populacije (ribnjak Panjica, Tabela 9).

U studiji Simonović i sar. (2017) vrednosti haplotipskog diverziteta populacija Crnomorskog sliva Srbije (u okviru populacija u kojima je zabeleženo više od jednog haplotipa) bile su prosečno više u odnosu na vrednosti iz ove disertacije (Tabela 9). U pomenutom radu analiziran je manji broj jedinki po populaciji, u poređenju sa ovom disertacijom, što može znatno umanjiti preciznost rezultata i mogućnost otkrivanja retkih ili jedinstvenih haplotipova, odnosno, stvarno prisutnog broja haplotipova, što uz analizu kraćeg segmenta KR mtDNK dovodi do razlika između stvarnog i detektovanog genetičkog diverziteta (Marshall i Brown, 1975). Na primer, za lokalitet Gradac u radu Simonović i sar. (2017) analizom KR mtDNK do poli T bloka za tri jedinke, utvrđeno je da dve jedinke imaju Da1a haplotip, a jedna ATcs1 haplotip, odnosno da vrednost haplotipskog diverziteta iznosi 0,667. U ovoj disertaciji je sa istog lokaliteta analiziran KR mtDNK (dužine 985 bp) za 18 jedinki i detektovani su Da1a, Da2a i ATcs4 haplotipovi, te je vrednost haplotipskog diverziteta iznosila 0,216 (Tabela 9). Sa druge strane, u ovoj disertaciji zabeležene su više vrednosti haplotipskog i nukleotidnog diverziteta dunavskih populacija ($0 < H < 0,891$; $0 < \pi < 0,00711$; Tabela 9) u poređenju sa populacijama Dunavskog sliva Austrije ($0 < H < 0,684$; $0 < \pi < 0,0067$) (Baric i sar., 2010).

Zbog ograničene dostupnosti KR mtDNK sekvenci pastrmskih populacija iz donjeg dela sliva Dunava i drugih evropskih reka crnomorskog basena, nemoguće je reći da li su DA-BS i DA-INT haplotipovi Vlasinske visoravni povezani sa većom populacijom ili predstavljaju ostatak ograničenog talasa kolonizacije. Kako bi se odgovorilo na ovo pitanje,

neophodno je da se buduća istraživanja usmere na filogeografiju kompleksa potočne pastrmke istočnog Balkana, u idealnom slučaju, oslanjajući se na obuhvatnije analize genoma (*eng.* Genotyping-by-sequencing GBS) kako bi se detektovala razmena gena između populacija koje su pristigle tokom različitih talasa kolonizacije ovog područja.

Ova studija je potvrdila prethodne navode da su jedinke potočne pastrmke iz Egejskog sliva i sistema Drim-Skadar (tj. Jadranskog sliva *sensu lato*) korišćene za poribljavanje ribolovnih voda Srbije, verovatno i pre poribljavanja jedinkama atlantske domestifikovane linije. To je posebno evidentno u sistemu Južne Morave, u kome se javlja najveći broj jedinki koje imaju AD haplotipove poreklom iz Egejskog sliva. Introdokcija pastrmke iz Egejskog sliva u reku Jermu započeta je krajem 1980-ih godina izgradnjom pastrmskog ribnjaka u gornjem toku Jerme u Bugarskoj, pri čemu je matično jato ribnjaka formirano od jedinki iz obližnje Trekljanske reke (Egejski sliv) iz Bugarske. Ribnjak je prestao sa radom oko 1990. godine i većina matičnih jedinki je pobjegla u Jermu (Marić i sar., 2022). Matice egejskog porekla iz Jerme su veštački mreštene i njihovom mlađi vršena su poribljavanja Vlasine, Vrle i Masuričke reke (Marić i sar., 2022). Haplotipovi poreklom iz sistema Drim-Skadar pronađeni su u Egejskom slivu u reci Tripušnici u koju je AdPrz haplotip najverovatnije unet poribljavanjima sprovedenim tokom 1970-ih godina (Marić i sar., 2006b, 2017a), kao i u sistemu Mlave (direktna pritoka Dunava) u kojoj je detektovan haplotip ADcs22, koji je opisan u ovoj studiji i koji je veoma srodan haplotipu AdPrz, od koga se razlikuje za jednu mutaciju (Slika 9).

U prethodnim istraživanjima, AT haplotipovi su retko detektovani u pastrmskim populacijama vodenih ekosistema Srbije (Marić i sar., 2006b, 2022; Simonović i sar., 2017). Međutim, u ovoj studiji, usled uzorkovanja na gotovo čitavoj teritoriji Srbije (bez Kosova i Metohije) uz analizu većeg broja jedinki po lokalitetu, otkriven je znatno veći broj jedinki koje imaju AT haplotipove. Atlantski haplotipovi su pronađeni na četvrtini svih ispitivanih lokaliteta Crnomorskog sliva u Srbiji, odnosno gotovo 7% analiziranih jedinki imaju AT haplotipove. U poređenju sa visokom introgresijom atlantskih gena u lokalne populacije potočne pastrmke na drugim lokalitetima u Evropi, pa i u drugim delovima sliva Dunava (Kohout i sar., 2012), čini se da je udeo AT haplotipova od pomenutih 7%, u Srbiji, mali. Zabrinjava visoka zastupljenost AT haplotipova u sva tri ribnjaka u kojima se gaje jedinke namenjene za poribljavanje (Tabela 8). Poribljavanje je uobičajena praksa i brzo se razvija u Srbiji (Marić i sar., 2006b, 2022), stoga će introgresija atlantskim genima verovatno nastaviti da raste ukoliko se ne promeni trenutna strategija upravljanja populacijama potočne pastrmke. Budući da su DA haplotipovi, takođe, prisutni u ribnjačkim populacijama na teritoriji Srbije (Tabela 8; Kanjuh i sar., 2021), stvarni udeo lokalno prisutnih, autohtonih, haplotipova u prirodnim ekosistemima je teško proceniti. Na primer, autohtonost haplotipa Da2a, koji je široko rasprostranjen (i autohton) u pritokama gornjeg toka Dunava u Nemačkoj, Sloveniji (Bernatchez, 2001) i Austriji (Weiss i sar., 2001), je prethodno dovedena u pitanje za teritoriju Srbije (Simonović i sar., 2015, 2017). Simonović i sar. (2015, 2017) smatraju da se potencijalni alohtoni karakter haplotipa Da2a za teritoriju Srbije može zaključiti iz njegove distribucije koja je uvek praćena drugim DA haplotipovima, ali neretko i alohtonim AT haplotipovima. Drugim rečima, nikada nije zabeleženo da je haplotip Da2a fiksiran u populaciji. U ovoj disertaciji, utvrđeno je da se haplotip Da2a javlja zajedno sa preovlađujućim AT haplotipovima u matičnim jatima koja se koriste za poribljavanje ribolovnih voda (Tabela 8). Haplotip Da2a je drugi najučestaliji haplotip u Srbiji i pronađen je na nekoliko lokaliteta na kojima nisu zabeleženi AT haplotipovi (npr. na lokalitetima 2, 4, 16 i 45 na kojima je zabeležen uz druge DA haplotipove; Tabela 8), kao i na dva lokaliteta na kojima je jedini zabeležen haplotip (1 – Boranjska reka, 6 – Poblenska reka, Tabela 8). Ovi

nalazi ne podržavaju alohtono poreklo haplotipa Da2a u Srbiji, već sugerišu na njegovo prirodno prisustvo i ukazuju da se matična jata ribnjaka sastoje od jedinki potočne pastrmke atlantskog i potencijalno autohtonog dunavskog porekla. Drugi haplotipovi (Da30, Da33 i Da36), zabeleženi samo u Srbiji, kako u prirodnim, tako i ribnjačkim populacijama (Tabela 8), dodatno ukazuju na prisustvo jedinki DA linije u ribnjačkom uzgoju. Upitno je i poreklo haplotipa Da28 (Slika 8, Tabela 8), koji je autohton za jedan lokalitet u slivu Zapadne Morave (11 – Panjica). Budući da je detektovan i u drugim rečnim sistemima Srbije, posebno na lokalitetima gde su otkriveni i AT haplotipovi, verovatno je da se njegova distribucija proširila poribljavanjem jedinkama iz ribnjačkih populacija (Tabela 8), jer je haplotip Da28 upravo detektovan i u ribnjačkoj populaciji (53 – ribnjak Panjica). Na dva lokaliteta (25 – Visočica, 27 – Vodenička reka) zajedno sa haplotipom Da28 javlja se i haplotip Da22 čija je autohtonost za Crnomorski sliv Zapadnog Balkana, takođe, upitna. Haplotip je opisan i autohton za Crnomorski sliv Austrije (Duftner i sar., 2003). Međutim, nalazi haplotipa Da22 u kombinaciji sa drugim alohtonim haplotipovima na teritoriji Zapadnog Balkana (Simonović i sar., 2015; Kanjuh i sar., 2020) ukazuju na njegovo ribnjačko poreklo. U ovoj disertaciji, Da22 je zabeležen i u populaciji sa lokaliteta Jerma donji tok, koja je pod velikim uticajem poribljavanja, što je evidentno iz prisutva haplotipova iz tri filogenetske linije (DA, AD i AT). Imajući u vidu navedeno, najverovatnije da je haplotip Da22 alohtonog porekla za teritoriju Zapadnog Balkana, a njegovo poreklo i distribucija će svakako biti predmet budućih istraživanja, što se odnosi i na haplotip Da2a.

Osim alohtonog porekla pojedinih DA haplotipova i njihovog negativnog uticaja na autohtonu genetičku strukturu populacija potočne pastrmke, introdukcija jedinki AT linije širom Zapadnog Balkana smatra se glavnim uzrokom gubitka autohtonog genetičkog diverziteta populacija potočne pastrmke (Marić i sar., 2006b; Jadan i sar., 2007; Mrdak, 2011; Simonović i sar., 2017; Škraba Jurlina i sar., 2020; Kanjuh, 2023). Marić i sar. (2022), kao i rezultati iz ove studije dodatno ukazuju i na negativan uticaj translokacija riba na genetičku strukturu autohtonih populacija.

Sa ciljem istraživanja populacione strukture i detekcije signala nedavnog protoka gena između populacija potočne pastrmke u Srbiji, izvršena je analiza mikrosatelitskih lokusa. Analize mikrosatelitskih podataka su otkrile značajno visoke nivoe genetičkog diverziteta i divergencije među istraživanim populacijama i slivovima. Međutim, uočene su i evidentne posledice introdukcije alohtonih alela u prirodne populacije.

Najniže vrednosti statističkih parametara za mikrosatelitsku DNK zabeležene su u populaciji sa lokaliteta Izubra. Približno niske vrednosti zabeležene su i u drugim neintrogresiranim, malim populacijama (npr. 1 – Boranjska reka, 6 – Povlenska reka, 36 – Garvanica; Tabela 11). Zabeležena niska genetička varijabilnost mogla bi imati ozbiljan uticaj na buduću opstanak populacija usled smanjenja fitnesa jedinki (Laikre i sar., 1999), čineći ih podložnijim promenama u životnoj sredini. Očekivano, najviše vrednosti statističkih parametara zabeležene su u populacijama koje su introgresirane alohtonim alelima (npr. 10 – Veliki Rzav, 41 – Mlava, Tabela 11). Admiksija autohtonih populacija domestifikovanim sojevima potočne pastrmke rezultira progresivnom genetičkom homogenizacijom (npr. 32 – Vučja reka, 33 – Jerma gornji tok, 48 – Tripušnica), odnosno smanjenjem diferencijacije među populacijama (npr. Vučja reka i Jerma gornji tok), a povećanjem diverziteta na lokalnom nivou (npr. 10 – Veliki Rzav, 41 – Mlava, 42 – Krupaja) (Berrebi i sar., 2021).

Analizom statističkih parametara mikrosatelitske DNK u studiji Tošić (2016), u kojoj su analizirane jedinke DA filgenetske linije Đerdapa i Timočke Krajine, dobijeni su manji

opsezi vrednosti očekivane heterozigotnosti ($0,25 < H_E < 0,51$), utvrđene heterozigotnosti ($0,28 < H_o < 0,58$) i prosečnog broja alela po lokusu ($1,75 < A < 4,62$) u odnosu na rezultate ove disertacije ($0,229 < H_E < 0,804$; $0,252 < H_o < 0,854$; $2,36 < A < 10,55$). Za gore pomenute parametre, vrednosti zabeležene i za populacije potočne pastrmke Crnomorskog sliva Hrvatske ($0,537 < H_E < 0,780$; $0,458 < H_o < 0,812$; $3,875 < A < 8,875$; Kanjuh, 2023) su, takođe, manjeg opsega, ali ipak nešto približnijeg sa vrednostima iz ove disertacije. U radu Kohout i sar. (2013) za populacije potočne pastrmke Istočnog Balkana prosečna vrednost bogatstva alela iznosila je 4,31, dok su Škraba Jurlina i sar. (2020) za populacije Zapadnog Balkana zabeležili prosečnu vrednost od 3,48. U ovoj disertaciji, vrednost bogatstva alela iznosi 4,48 (Tabela 11).

Pregledom F_{ST} vrednosti i D_{AS} distanci ($0,002 > F_{ST} > 0,606$; $0,001 > D_{AS} > 0,874$; Slika 16), evidentan je visok nivo genetičke diferencijacije populacija potočne pastrmke na teritoriji Srbije. Najviše vrednosti F_{ST} indeksa zabeležene su za parove populacija koji su pripadali različitim rečnim slivovima, što je i očekivano usled geografske udaljenosti populacija. Sa druge strane, najniže vrednosti zabeležene su u populacijama koje su u neposrednoj geografskoj blizini, poput onih u okviru sliva Strume. Statistički neznačajne razlike F_{ST} indeksa zabeležene su za mali broj parova populacija. Gotovo u polovini parova populacija koje karakterišu statistički neznačajne razlike F_{ST} indeksa, jedna populacija iz para bila je sa lokaliteta Brzečka reka iz koje je analiziran manji broj jedinki u odnosu na druge lokalitete (Tabela 1) što može imati uticaj na značajnost ovog parametra (Ruzzante, 1998). Preostale parove činile su uglavnom ribnjačke populacije u paru sa drugim ribnjačkim populacijama ili populacijama u kojima je zabeležena introgresija alelima alohtonog porekla. U radu Tošić (2016) zabeležene su visoke vrednosti genetičke udaljenosti za parove populacija iz Đerdapa i Timočke Krajine, koje su sličnog opsega sa dobijenim vrednostima iz ove disertacije. Sa druge strane, u analizi populacija potočne pastrmke Istočnog Balkana (Kohout i sar., 2013) evidentirane su gotovo dvostruko niže vrednosti u odnosu na vrednosti iz ove disertacije. Niske vrednosti D_{AS} distanci ukazuju na visoku genetičku sličnost dve dunavske populacije usled njihove introgresije alelima AD porekla (Vučja reka i Jerma gornji tok). Niske vrednosti D_{AS} distanci zabeležene su i za populacije ribnjaka Panjica i ribnjaka Sokobanjska Moravica (Slika 16, Tabela 4 u Prilogu). S obzirom da se pomenuti ribnjaci koriste za poribljavanje ribolovnih voda na teritoriji Srbije, a sagrađeni su u blizini reka dva različita rečna sistema (sistem Zapadne Morave i sistem Južne Morave, respektivno), njihova genetička sličnost, usled prisustva alohtonih alela, stvara dodatne konzervacione probleme za potencijalne recipijentne populacije.

Rezultati hijerarhijskih STRUCTURE analiza pokazali su složenu i veoma diferenciranu populacionu strukturu potočne pastrmke u Srbiji. Analizirane populacije, na osnovu porekla detektovanih alela, generalno se mogu podeliti u (1) „dunavsku“ (2) „egejsku“ i (3) „atlantsku“ grupu populacija (Slika 17, 18, 19, 20).

„Dunavsku“ (DA) grupu čini između 36 i 39 populacija na osnovu prvog hijerarhijskog koraka sprovedenih STRUCTURE analiza (Slika 17, 19, 20). Naime, u prvom hijerarhijskom koraku „dunavsku grupu“ čini 39 populacija kompletnog uzorka (Slika 17) kao i u analizi dunavskih i populacija sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Egejskog sliva (Slika 19). Međutim, u analizi dunavskih i populacija sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Atlantskog sliva „dunavsku“ grupu čini 36 populacija (Slika 20). Zabeležena je izrazita genetička diferencijacija populacija, odnosno već u drugom hijerarhijskom koraku dunavske populacije su raspoređene u 24 klastera (Slika 17, 19). U populacijama, male efektivne veličine, beleži se brža fiksacija određenih alela mikrosatelitske DNK, što uz

izostanak protoka gena dovodi do njihove snažne diferencijacije (Sanz i sar., 2019). Brza fiksacija alela u malim populacijama zabeležena je i za druge slatkovodne vrste riba na području Balkana, npr. crnku (*Umbra krameri* Walbaum, 1792; Marić i sar., 2017b, 2019). Izrazitu diferenciranost DA populacija podržavaju i zabeležene vrednosti F_{ST} i D_{AS} distanci (Slika 16; Tabela 4 u Prilogu). Analize mikrosatelitske DNK pokazuju višu diferenciranost populacija u odnosu na mtDNK, jer sporija stopa mutacija mtDNK dovodi do očuvanja identičnih haplotipova tokom dužeg evolucionog vremena što dalje favorizuje grupisanje blisko povezanih, iako različitih, genetičkih fondova (Gratton i sar., 2014).

Većinu populacija u okviru „dunavske“ grupe karakteriše prisustvo autohtonih DA haplotipova, uz različite stepene introgresije alohtonih alela mikrosatelitske DNK. Na osnovu Sanz (2009) za niži stepen introgresije autohtonih populacija alohtonim alelima uzeta je granica od oko 10%. U analiziranim populacijama „dunavske“ grupe niži stepen introgresije AD alela detektovan je za lokalitet Rača (8,2%). Vrlo niske vrednosti udela alohtonih alela (~2%) detektovane kod 20 populacija mogu biti posledica ancestralnog polimorfizma, kao i statističke greške (Putman i Carbone, 2014). Štaviše, STRUCTURE algoritam gotovo nikada ne detektuje 100% pripadnost jedinki isključivo jednoj liniji (bez primesa alela druge linije), sem kada su u pitanju referentne jedinice (Snoj i sar., 2015). Sa druge strane, Sanz (2009), takođe, navodi da visoko introgresirane populacije poseduju $\geq 25\%$ alohtonih alela, što se zapaža u populaciji sa lokaliteta Katušnica (29,9% AD alela). Imajući u vidu da se mtDNK prenosi isključivo maternalno, može se pretpostaviti da je introgresija alohtonih alela poreklom od matičnih primeraka mužjaka iz ribnjačkog uzgoja (Gratton i sar., 2008; Querci i sar., 2013). Inače, reka Katušnica je pritoka Velikog Rzava u kome je detektovan jasan signal poribljavanja, te se javlja realna mogućnost primene istih upravljačkih mera za Katušnicu, što se zapaža i nižim nivoom introgresije AT alela (9,1%). U četiri populacije „dunavske“ grupe, uz autohtone DA mtDNK haplotipove, zabeleženi su i alohtoni AD haplotipovi. Ovo je potvrđeno analizom mikrosatelitske DNK za populacije sa lokaliteta Masurička reka i Vrla u kojima je zabeležen niži stepen introgresije AD alela (9,2% i 13,2, respektivno; Slika 18). Nalazi egejskih haplotipova (AdAE1 i ADcs1) u navedene dve populacije, kao i rezultati Marić i sar. (2022) dodatno potvrđuju ove navode.

Prisustvo AT genetičkog profila, detektovano je analizom mtDNK u populacijama „dunavske“ grupe sa lokaliteta Samokovska reka, Bržečka reka i Visočica, gde su registrovani AT haplotipovi, uz autohtone DA haplotipove (Tabela 8), što je dalje potvrđeno i analizom mikrosatelitskih lokusa koji su prikazali introgresiju alohtonim AT alelima (Slika 20). Za lokalitete Samokovska reka i Bržečka reka zabeleženi su gotovo najviši udeli AT alela u populacijama „dunavske“ grupe koji iznose 35,9 i 30%, respektivno, dok je udeo AT alela u populaciji Visočice 15,5%. U studiji Tošić (2016) u reci Vratni zabeležene su tri jedinice koje su imale AT mtDNK haplotip, ali nisu ispoljavale alohtone alele mikrosatelitske DNK. Najviši udeo alohtonih AT alela u „dunavskoj grupi“ populacija zabeležen je za Vapu (44%) u kojoj je dominantno prisustvo haplotipa Da28 (uz haplotip Da1a), koji je detektovan u ribnjačkim populacijama Srbije, što ukazuje na potencijalna poribljavanja u kojima su korišćeni matični primerci mužjaka iz ribnjačkog uzgoja. Vrednosti udela AT alela preko 10% zabeležene su u populacijama sa lokaliteta Rača i Jelašnica (približno 15%), koje imaju isključivo autohtoni Da1a haplotip. Evolucionarna istorija populacije pod uticajem recentnijih introgresija rezultira različitom filogenijom mtDNK u odnosu na jedarnu DNK (Renoult i sar., 2009; Marić i sar., 2017a). U populaciji sa lokaliteta Brvenica zabeleženo je 13,6% udela AT alela mikrosatelitske DNK i prisustvo nerealno velikog broja DA haplotipova za malu populaciju, što može ukazivati na posledice antropogenog delovanja.

Iako se pojedine populacije nalaze u okviru „dunavske“ grupe u STRUCTURE analizi, usled snažne introgresije alelima poreklom iz AD i AT linija, ne mogu se smatrati autohtonim na osnovu mikrosatelitske DNK. Ovo se odnosi na već pomenute populacije sa lokaliteta: Vrla, Katušnica, Vapa, Samokovska reka, Bržečka reka, Rača, Visočica, Brvenica i Jelašnica.

U „egejskoj“ (AD) grupi populacija, u poređenju sa „dunavskom“ zabeležen je niži nivo diferencijacije između četiri populacije sliva Strume. Navedene populacije su u dve STRUCTURE analize grupisane u okviru istog klastera (Slika 17, 19) i nije zabeležena introgresija alohtnih alela ni u jednoj populaciji. Niske vrednosti F_{ST} indeksa dodatno ukazuju na njihovu srodnost i postojanje visokog nivoa protoka gena između ovih populacija (Slika 16). Ovo je u saglasnosti sa rezultatima analize mtDNK gde su u svim populacijama sliva Strume zabeležena dva, blisko srodna, AD haplotipa (Tabela 8).

Populacije sa osam lokaliteta dunavskog sliva Srbije (Gradac, Mlava, Krupaja, Šaovice, Zlotska, Mirovštica, Sokobanjska Moravica i Veliki Rzav), koje su u STRUCTURE analizi grupisane zajedno sa referentnim AT populacijama mogu se svrstati u „atlantsku“ (AT) grupu (Slika 20). U ovu grupu, STRUCTURE algoritam je svrstao i tri ribnjačke populacije sa teritorije Srbije čija visoka intrapopulaciona strukturiranost ukazuje na različito poreklo jedinki. Udeo AT alela u prirodnim populacijama ove grupe je preko 80%, osim u populacijama sa lokaliteta Sokobanjska Moravica (61,5%) i Veliki Rzav (50,3%) (Slika 20). U okviru pomenutih introgresiranih dunavskih populacija, one sa lokaliteta Gradac i Sokobanjska Moravica poseduju ribnjačke AT haplotipove (Tabela 8). Analizom mtDNK jedinki sa lokaliteta Veliki Rzav, Šaovice, Mlava i Krupaja, uz autohtone DA, detektovani su i haplotipovi AT i AD linija (Tabela 8). Za sve navedene lokalitete, STRUCTURE analiza mikrosatelitskih lokusa je pokazala izrazitu introgresiju alelima AT linije (Slika 20), uz izrazit doprinos alela AD linije u populacijama sa lokaliteta Veliki Rzav i Šaovice (Slika 17; drugi hijerarhijski korak analize). U populacijama sa lokaliteta Zlotska reka i Mirovštica zabeleženi su isključivo DA mtDNK haplotipovi, međutim u prvom hijerarhijskom koraku ove populacije su raspoređene u „AT grupu“ zajedno sa referentnim AT populacijama (Slika 20). Dominantno prisustvo haplotipa Da2a na ova dva lokaliteta, čije je alohtono poreklo za teritoriju Srbije predloženo u studiji Simonović i sar. (2015), ukazuje na mogućnost da je skorija introgresija AT alelima mikrosatelitske DNK posledica poribljavanja jedinkama iz ribnjačkog uzgoja, koje su potomci mužjaka AT porekla. Takođe, brža stopa evolucije mikrosatelitske DNK omogućava detekciju recentnijih introgresija u poređenju sa analizom mtDNK (Hashemzadeh Segherloo i sar., 2012).

Neslaganja između rezultata analiza mtDNK i jedarnih markera dokumentovana su u brojnim genetičkim studijama potočne pastrmke i mogu biti posledica događaja poput istorijske introgresije i selekcije (Redenbach i Taylor, 2002; Sanz i sar., 2006; Canino i sar., 2010; Hedtke i Hillis, 2010; Waters i sar., 2010; Hashemzadeh Segherloo i sar., 2012). Takođe, neusaglašenost rezultata analiza mtDNK i mikrosatelitskih lokusa može biti posledica efekta uskog grla u populaciji (Gonçalves i sar., 2009) usled različitog uticaja genetičkog drifta i različitih modela transmisije (Avisé, 2000; Haavie i sar., 2000; Kohout i sar., 2013). Ove razlike su evidentirane i u brojnim pastrmskim populacijama Balkanskog poluostrva (Sušnik i sar., 2007; Pustovrh i sar., 2011b; Kohout i sar., 2013; Marić i sar., 2017a).

Na lokalitetima Jerma gornji tok i Vučja reka (koje pripadaju sistemu Jerme), iako su u okviru Crnomorskog sliva, detektovani su isključivo AD mtDNK haplotipovi (Tabela 8), što je potvrđeno i STRUCTURE analizom (Slika 19). U radu Marić i sar. (2022) je već

sugerisano da populacija iz gornjeg toka Jerme predstavlja redak slučaj biološke invazije AD linije u Crnomorski sliv, što je zabeleženo i na lokalitetu Vučja reka u ovoj disertaciji. Pojavu introgresivne hibridizacije zabeležili su Vera i sar. (2013) za reku Turija na Pirinejskom poluostrvu, gde je potočna pastrmka AT linije, ribnjačkog porekla, potpuno zamenila autohtonu populaciju potočne pastrmke. Usled nedostatka komparativnih analiza, teško je proceniti biološke i ekološke razlike između DA i AD potočne pastrmke. Međutim, pojedine studije ukazuju na postojanje razlika u fitnessu jedinki različitih filogenetskih linija potočne pastrmke što može dodatno oblikovati filogeografske obrasce (Meldgaard i sar., 2007; Seiler i Keeley, 2009; Marić i sar., 2022). Analiza mikrosatelitskih lokusa ukazala je na mešovito poreklo jedinki u populaciji sa lokaliteta Jerma donji tok, uz posebno visok nivo alohtonih AD alela (67,1%; Slika 18). Mešovito poreklo jedinki je potvrđeno i detekcijom DA, AD i AT haplotipova (Tabela 8). Ovo je evidentno i iz rada Marić i sar. (2022).

Specifična situacija zabeležena je za populaciju sa lokaliteta Tripušnica koja čini isti klaster sa referentnom populacijom iz reke Radike (Slika 18). Navedeno korespondira i sa mtDNK analizom, odnosno detekcijom AdPrz haplotipa poreklom iz sliva Drim-Skadar (Diskusija str. 95; Tabela 8).

Pregledom rezultata analiza oba genetička markera (mtDNK i mikrosatelitskih lokusa) hibridizacija između autohtonih i alohtonih jedinki potočne pastrmke zabeležena je u Crnomorskom slivu na teritoriji Srbije.

Analizom KR mtDNK na 18 lokaliteta Crnomorskog sliva zabeleženi su alohtoni AT i AD haplotipovi (Slika 8; Tabela 8), dok su alohtoni aleli mikrosatelitske DNK, AT i/ili AD porekla (udela oko ili više od 10%), zabeleženi na 22 lokaliteta: Gradac, Mlava, Krupaja, Šaovice, Zlotska reka, Mirovštica, Sokobanjska Moravica, Veliki Rzav, Vučja reka, Jerma gornji tok, Jerma donji tok, Vrla, Masurička reka, Katušnica, Vapa, Samokovska reka, Brzečka reka, Rača, Visočica, Brvenica, Jelašnica i Tripušnica (Slika 17, 18, 19, 20). Među navedenim populacijama, u populacijama sa lokaliteta Vučja reka i Jerma gornji tok došlo je do potpune zamene autohtone DA linije sa AD linijom. Sa druge strane, na lokalitetu Tripušnica nema podataka o postojanju originalne AD pastrmske populacije, već je postojeća populacija formirana krajem sedamdesetih godina prošloga veka translokacijom jedinki sa nepoznatog lokaliteta iz Jadranskog sliva (Marić i sar., 2017a). Navedeno ukazuje, da iako alohtona, populacija sa lokaliteta Tripušnica, zbog svoje izolovanosti, ne ugrožava autohtoni genofond potočne pastrmke na teritoriji Srbije.

Introgresija alohtonih AT mtDNK haplotipova i AT alela mikrosatelitske DNK zabeležena je svim rečnim sistemima Crnomorskog sliva Srbije, sem u sistemu Drine, kao i u Resavi koja je jedina analizirana direktna pritoka Velike Morave. Sa druge strane, u populacijama sa Vlasinske visoravni (sistem Južne Morave) zabeleženi su različiti nivoi introgresivne hibridizacije iz egejskih populacija u dunavske populacije, što je direktna posledica translokacija koje su rezultat antropogenog delovanja (Marić i sar., 2022).

5.4. Glavni ugrožavajući faktori populacija potočne pastrmke na teritoriji Srbije

U poslednjih 20-ak godina došlo je do redukcije salmonidnog regiona u Srbiji za gotovo 50% (Simić i sar., 2014, 2022a), odnosno do gubitka 50% staništa potočne pastrmke u kvantitativnom i/ili kvalitativnom smislu (Simić i sar., 2023). Nelegalni i nekontrolisani ribolov još uvek predstavljaju značajne činioce jakog ribolovnog pritiska u vodama Srbije,

koji se teško kontrolišu (Lenhardt i sar., 2020), te su dodatni ugrožavajući faktor već narušenoj strukturi većine analiziranih populacija u ovoj disertaciji (Tabela 14). Sa druge strane, na teritoriji Srbije samo mali broj planinskih potoka, uglavnom u nepristupačnim područjima (npr. Rača, Izubra, Toplodolska reka), izbegao je štetne uticaje poput fragmentacije i gubitka fizičkog integriteta staništa (Lenhardt i sar., 2020).

U cilju komparativne analize uticaja ugrožavajućih faktora, ali i procene održivosti populacija potočne pastrmke različitih rečnih sistema Srbije, u ovoj disertaciji izvršena je modifikacija modela ESHIPPO (Simić i sar., 2007). Pored značajnih mogućnosti za upravljanje populacijama, model ESHIPPO se ističe visokim potencijalom za nadogradnju i specijalizaciju radi ispitivanja različitih ekoloških problema vodenih organizama (Simić i sar., 2014, 2015, 2016; Kojadinović, 2021).

Element modela ESHIPPO koji se odnosi na Ekološku Specijalizaciju predstavlja evoluciono nasleđe vrste i definiše njene osnovne adaptivne vrednosti u uslovima staništa (Simić i sar., 2015). Ovaj element izražava i karakteristike životnog ciklusa vrste, koje su od velike važnosti za njeno očuvanje u različitim ekološkim uslovima. U radu Davidson i sar. (2012) predstavljen je sličan koncept, odnosno autori su za populacije morskih sisara nivo konzervacionog prioriteta procenjivali na osnovu analiza intrapopulacionih karakteristika. U ovoj disertaciji, nivo izolacije populacija bio je glavni diskriminišući faktor za procenu njihove Ekološke Specijalizacije (Tabela 14).

Za teritoriju Srbije vršena su filogenetska istraživanja populacija potočne pastrmke (Marić i sar., 2006b, 2022; Tošić i sar., 2014, 2016; Simonović i sar., 2017; Škraba Jurlina i sar., 2020; Kanjuh i sar., 2021), ali bez detaljnog evidentiranja potencijalnih ugrožavajućih faktora po njihov opstanak. Prvo unapređenje modela u ovoj disertaciji se odnosilo na dodavanje proširene filogenetske komponente populacija dobijene u okviru ove disertacije. Podaci o filogenetskoj strukturi udruženi sa stepenom ugroženosti populacija omogućavaju donošenje odluka o prioritetu konzervacione brige (Owen i sar., 2015). Sa druge strane, analiza ekoloških karakteristika staništa može pružiti informacije o potencijalnim sredinskim ograničenjima selekcije i prisustvu alela koji su povezani sa adaptacijom na određene uslove sredine (Marić i sar., 2017a). Unapređeni ESHIPPOsalmo model može se uporediti sa konceptom Indeksa Adaptibilnosti Populacija (*eng.* Population Adaptive Index – PAI; Bonin i sar., 2007) na osnovu koga se za formiranje konzervacionih strategija, uz genetički diverzitet populacija, uzimaju u obzir i ekologija i demografske karakteristike populacija.

Pregledom rezultata ESHIPPOsalmo modela, uočavaju se mahom niske i srednje ocene Indeksa lokalne održivosti populacija. Više od polovine analiziranih populacija ima gustinu manju od 0,1 ind/m² i prosečnu dužinu jedinki manju od 20 cm (Tabela 14). Usled smanjenja staništa i količine vode, sve je manji procenat pastrmki koje dostižu minimalnu standardnu dužinu tela koja iznosi 25 cm, a koja je *Naredbom o merama za očuvanje i zaštitu ribljeg fonda* („Sl. glasnik RS“, br. 56/15 14, 94/18-40) dozvoljena za ribolov (Simić i sar., 2023). Zabrinjava i nezadovoljavajuće stanje uzrasne strukture četvrtine analiziranih populacija (Tabela 14) koja direktno utiče na produkciju riba i obnavljanje populacija. Produkcija je izvanredan indikator kvantitativnih performansi populacija jer objedinjuje faktore poput biomase, rasta i stope mortaliteta (Le Cren, 1972; Almodóvar i sar., 2006). Na 38 istraživanih lokaliteta odnos realne i potencijalne produkcije je nepovoljan (Tabela 14, Slika 24, 25). U gornjim tokovima reka, produkcija salmonida je generalno pod jakim uticajem abiotičkih faktora, koji uključuju hemijski sastav vode i kvalitet staništa (Cooper i Scherer, 1967; Mann i Penczak, 1986; Scarnecchia i Bergersen, 1987; Kwak i Waters, 1997;

Almodóvar i sar., 2006). Literaturni navodi ukazuju da gubitak biomase i produkcije populacija potočne pastrmke iznosi i preko 85% na pojedinim rekama poput: Vlasine, Dursunske reke, Jelašničke reke i Tripušnice; prvenstveno usled fragmentacije staništa izazvane izgradnjom mini-hidroelektrana (Simonović, 2020; Simić i sar., 2022a, 2023). Rezultati ove disertacije su u korelaciji sa pomenutim navodima i dodatno ukazuju na to da negativni trendovi produkcije vrsta nastaju usled nepovoljnih promena u okruženju (Myers i sar., 2018). Produkcija riba je pod direktnim uticajem kvaliteta staništa i zavisi od njegovih fizičkih osobina i dostupnih izvora hrane (Čanak Atlagić, 2022).

Pre donošenja odluka o stepenu ugroženosti i održivosti potočne pastrmke na teritoriji Srbije, neophodno je sagledati obim i uticaj različitih ugrožavajućih faktora na njene populacije.

Jakovljević i sar. (2023) prvi put primenjuju UMAP model u kombinaciji sa klasifikacionim algoritmom Stablo odlučivanja u cilju povezivanja međusobnog uticaja ekoloških i populacionih parametara ribljih vrsta. Takođe, u studiji Milošević i sar. (2022) UMAP model je primenjen za analizu ekološkog skupa podataka, koji uključuje i analize ribljih populacija. Rezultatima obe studije potvrđeno je da su redukcije dimenzionalnosti dobijene UMAP modelom ekološki značajne.

U ovoj disertaciji, analizirane populacije potočne pastrmke, primenom UMAP modela, raspoređene su u četiri grupe u zavisnosti od dominantnog ugrožavajućeg faktora (Slika 24, Slika 25). Poznavanje i razumevanje faktora koji utiču na opstanak i uspešan razvoj populacija riba je od ključnog značaja za konzervaciju autohtonih genetičkih resursa (Frankham i sar., 2002; Kojadinović, 2021). Faktor koji se metodom mašinskog učenja izdvojio kao posebno limitirajući, u poređenju sa svih 19 analiziranih ugrožavajućih faktora populacije, je prisustvo alohtonih filogenetskih linija. Usled prisustva ovog faktora, na osnovu algoritma Stablo odlučivanja populacije sa 17 lokaliteta su grupisane u poseban klaster (Klaster 0; Slika 24, 25). Prisustvo alohtonih jedinki je posledica višedecenijskog poribljavanja ili translokacija jedinki sa ciljem umanjenja ribolovnog pritiska i revitalizacije populacija u opadanju, ali i povećanja ribolovne atraktivnosti ribarskih područja. Međutim, introdukcija alohtonih jedinki dovodi do smanjenja genetičke varijabilnosti što čini recipijentnu populaciju osetljivom na promene u njenom okruženju, a čime se i znatno povećava rizik od izumiranja (O'Brien i sar., 1985; Gouin i sar., 2011). Splendiani i sar. (2013) su pokazali da je uspeh bioloških invazija domestifikovanih linija potočne pastrmke snažno povezan sa ekološkim karakteristikama staništa. Naime, vodeni ekosistemi, koje karakterišu nepredvidivi hidrološki uslovi, prvobitno su naseljeni malim pastrmskim populacijama, a masovnom introdukcijom domestifikovanih jedinki brzo se smanjuje ograničen autohtoni genetički diverzitet (Splendiani i sar., 2016b), što se može pretpostaviti za populacije sa lokaliteta Jerma gornji tok i Vučja reka u kojima je došlo do potpune zamene autohtone genetičke strukture.

Posebno zabrinjava činjenica da se neadekvatno upravljanje populacijama javlja i u okviru zaštićenih područja na teritoriji Srbije (Tabela 14; Slika 25). U okviru Nacionalnog parka „Kopaonik“, Samokovska reka je posedovala održivu populaciju potočne pastrmke sve do izgradnje mini-hidroelektrane i pojave organskog zagađenja u gornjem toku, koji su udruženi sa neadekvatnim poribljavanjima. Druga analizirana populacija ovog Nacionalnog parka, Brzečka reka, je, takođe, izgubila veliki deo svoje autohtone genetičke varijabilnosti usled poribljavanja jedinkama alohtonih linija kompleksa potočne pastrmke (Tabela 14). Riblji fond potočne pastrmke u vodama Nacionalnog parka „Kopaonik“ u proteklih 20 godina

opao je za približno 60% (Janković i sar., 2005; Simić i sar., 2020f, 2022g), što se ogleda i u proceni održivosti analiziranih populacija u ovoj disertaciji. Slična situacija zabeležena je i u pastrmskim populacijama Parka prirode „Golija“ (Simić i sar., 2022a, 2022d).

U poslednjih deset godina fragmentacija salmonidnih reka usled izgradnje mini-hidroelektrana izazvala je narušavanje strukture populacija potočne pastrmke u velikom broju brdsko-planinskih reka Srbije (Simonović i sar., 2020, 2021; Simić i sar., 2023). Fragmentacija značajno ograničava protok gena između populacija i istovremeno negativno utiče na njihovu strukturu (Đuretanić, 2020) i izaziva smanjenje efektivne veličine populacija (Gilpin i Soulé, 1986). Glavni ugrožavajući faktor populacija sa lokaliteta Bistrička i Jelašnička reka je upravo fragmentacija staništa (Slika 24, 25; Tabela 14), te su rezultatima ovog modela, populacije sa ovih lokaliteta procenjene kao nisko održive. Ukoliko se uzme u obzir da fragmentacija staništa dovodi i do smanjenja reproduktivnog potencijala populacije (Milankov, 2007), može se zaključiti da se radi o ozbiljnoj pretnji po opstanak ovih populacija. Dodatni potencijalno ugrožavajući faktor za populaciju sa lokaliteta Bistrička reka je prisustvo haplotipa Da2a čija autohtonost nije sa sigurnošću potvrđena za teritoriju Srbije.

Uprkos visokom genetičkom diverzitetu zabeleženom u ovoj disertaciji, prethodna istraživanja jasno ukazuju na opadajući trend brojnosti populacija potočne pastrmke na gotovo 80% staništa na teritoriji Srbije (Simić i sar., 2014, 2020a, 2020b, 2020c, 2020d, 2020e, 2020f, 2022a, 2022b, 2022c, 2022d, 2022e, 2022f, 2022g, 2023). Rezultati ESHIPPOsalmo modela jasno potvrđuju ove navode s obzirom da njegovom primenom za teritoriju Srbije nisu zabeležene veoma visoko održive populacije (Tabela 7, 14).

Već nepovoljno stanje pastrmskih populacija na teritoriji Srbije može ugroziti činjenica da će se negativni uticaji antropogenih aktivnosti dodatno pojačati usled klimatskih promena (Stefanidis i sar., 2018). Tokom ovog veka, predviđa se porast globalne površinske temperature između 1 i 4,5 °C u odnosu na preindustrijski period, a u zavisnosti od intenziteta emisije gasova staklene bašte (IPCC, 2023), pri čemu se reke smatraju najosetljivijim ekosistemima na ove promene (Ormerod, 2009). Takođe, usled klimatskih promena, predviđa se da će vrste koje preferiraju topliju vodu širiti svoje areale, a hladnovodne vrste dodatno povlačiti u gornje delove tokova (Buisson i sar., 2008; Vera i sar., 2018). Klimatske promene će najverovatnije rezultirati i povećanom potražnjom za pijaćom i vodom za navodnjavanje, naročito tokom letnjih meseci, što će stvoriti dodatani pritisak na staništa različitih vodenih vrsta u planinskim rekama, a koje su već posebno osetljive na klimatske fluktuacije (Papadaki i sar., 2016; Schöffmann i Marić, 2023).

5.5. Preporuke za konzervaciju populacija potočne pastrmke u Srbiji

Na osnovu rezultata ove disertacije, zabeležen je zabrinjavajući nivo održivosti populacija potočne pastrmke i neophodna je hitna primena konzervacionih mera u vidu dodeljivanja konzervacionih statusa populacijama na teritoriji Srbije. Nezadovoljavajući konzervacioni status potočne pastrmke u gotovo svim evropskim zemljama nužno nameće potrebu za intenzivnijim posvećivanjem pažnje i hitnim preduzimanjem konkretnih mera zaštite (Marić, 2005).

Problem konzervacije fonda potočne pastrmke je slojevit i veoma složen. Iz tog razloga, ESHIPPOsalmo model je koncipiran sa ciljem uvođenja sistematičnog pristupa

očuvanju biodiverziteta, te predstavlja inovativni pristup zaštiti koji inkorporira različite aspekte istraživanja potočne pastrmke.

U cilju očuvanja autohtonosti populacija potočne pastrmke u određenom regionu, od ključne važnosti je poznavanje njihovog genetičkog diverziteta. Očuvanje genetičke varijabilnosti je od posebnog značaja za eksploatisane vrste, poput potočne pastrmke, jer se na taj način mogu dobiti važne informacije o postojanju ranjivih ili jedinstvenih subpopulacija. Navedene populacije mogu biti od velikog značaja prilikom planiranja aktivnosti upravljanja koje uključuju reintrodukciju ili programe unapređenja (Allendorf i sar., 2008; Đuretanović, 2020). S obzirom da je genetička struktura potočne pastrmke snažno pogođena, poribljavanja i translokacije jedinki, kao mere ribarstvenog upravljanja, moraju biti preispitane (Ryman i Laikre, 1991; Hansen i sar., 2000a; Ferguson, 2007; Škraba Jurlina, 2020). Takođe, neophodan je redovni genetički monitoring prirodnih populacija u cilju praćenja njihove efektivne veličine, kao i genetičke strukture. Rezultati ove disertacije pokazuju da nedostatak primene genetičkih istraživanja u ribarstvenoj praksi može imati veoma negativne posledice u ekološkom, finansijskom i socioekonomskom smislu (videti Poglavlje 5.5.1.). Jednako je važno prepoznati i osnovne ugrožavajuće faktore populacija i implementirati progresivna rešenja za njihovu konzervaciju.

Za očuvanje populacija potočne pastrmke na teritoriji Srbije, kao i vrsta uopšte, neophodno je unaprediti upravljanje populacijama (Cowx, 1994) što uključuje mere za očuvanje staništa, kao i za praćenje abundance, populacione strukture i diverziteta (Schöffmann i Marić, 2023).

Zaštita i restauracija staništa su glavne dugoročne mere upravljanja u cilju očuvanja vrste (Maitland, 1995). Stoga, za sve populacije potočne pastrmke na teritoriji Srbije konzervacioni naponi moraju biti usmereni ka povećanju veličine populacija putem unapređenja i obnove staništa (Araguas i sar., 2009). Posebno je važno sprovesti konzervacione mere koje će osigurati povoljan status staništa populacijama male veličine (Marić i sar., 2022). Od ključne važnosti je i zaštita i unapređenje staništa u delovima toka koji predstavljaju plodišta potočne pastrmke (Palm i sar., 2007; Pulg i sar., 2013). Za unapređenje staništa kao odgovarajuće životne sredine za populacije potočne pastrmke u Srbiji neophodno je i unapređenje hidrološkog režima (Kovach i sar., 2019). Budući da su nenarušena staništa preduslov za vitalne populacije, mere za restauraciju narušenih staništa u njihovo inicijalno stanje moraju se sprovesti pre nego što se razmotre bilo koje druge mere upravljanja (Unfer i Pinter, 2018). Očuvanje staništa ne štiti samo potočnu pastrmku, već i druge vrste riba, beskičmenjaka i drugih akvatičnih organizama (Schöffmann i Marić, 2023).

U cilju sprečavanja gubitka lokalnih adaptacija i omogućavanja dugoročne stabilnosti populacija programi upravljanja moraju propisivati omogućavanje razmene gena među populacijama. Nevedeno je moguće sprovesti strogom kontrolom funkcionisanja izgrađenih hidrotehničkih objekata, kao i uklanjanjem migracionih barijera (Hashemzadeh Segherloo i sar., 2012). Takođe, neophodna je zabrana izgradnje hidrotehničkih objekata koji negativno utiču na kvalitet staništa.

Još jedan važan faktor je očuvanje ribljih populacija putem kontrolisanog ribolova i suzbijanja krivolova (Schöffmann i Marić, 2023; Simić i sar., 2023). Prvo se odnosi na usklađivanje načina ribolova sa brojnošću i strukturom populacija, konkretno, uvođenjem zabrane ribolova, povećanjem minimalne lovne mere, smanjenjem propisanog dnevnog ulova i uvođenjem sistema "uhvati i pusti", a sve u skladu sa populacionim potrebama. Naročito se

preporučuje uspostavljanje sektora rezervata sa potpunom zabranom ribolova i/ili sektora sa načinom ribolova “uhvati i pusti” za ugrožene ili kritično ugrožene populacije na teritoriji Srbije (Schöffmann i Marić, 2023; Simić i sar., 2023).

Polazna osnova za definisanje adekvatne konzervacione strategije su podaci o genetičkoj strukturi i stepenu genetičke varijabilnosti populacija jedne vrste (Maksimović, 2015; Đuretanić, 2020). Iako trenutno u Evropi nije zauzet jasan stav oko definisanja evoluciono značajnih jedinica potočne pastrmke, veliki broj autora još uvek ističe značaj konzervacionih napora usmerenih ka nivou evolucionih linija unutar vrste (Ryder, 1986; Waples, 1995; Moritz, 1999; Marić, 2005; Funk i sar., 2012; Gratton i sar., 2014; Willi i sar., 2022). Na osnovu genetičkih markera korišćenih u disertaciji i urađenih analiza bilo je moguće definisati evoluciono značajne jedinice (ESUs), a po uzoru na rad Berrebi i sar. (2019) odrediti i jedinice upravljanja (MUs) definisane po Moritz (1994).

Na osnovu evolucionarne istorije populacija, za teritoriju Srbije se može predložiti pet ESUs koje korespondiraju geografskoj distribuciji detektovanih KR mtDNK haplogrupa potočne pastrmke:

- ESU 1 čine populacije DA-ES haplogrupe koja je prirodno distribuirana u većini reka Crnomorskog sliva Srbije,
- ESU 2 čini populacija sa lokaliteta Garvanica u kojoj su distribuirani haplotipovi DA-INT haplogrupe,
- ESU 3 čini populacija reke Vrle u kojoj se nalaze jedinice DA-BS haplogrupe,
- ESU 4 obuhvata populacije AD filogenetske linije na teritoriji Srbije, odnosno populacije sliva Strume,
- ESU 5 čini populacija primorske pastrmke sa lokaliteta Tripušnica, koja iako alohtona za teritoriju Srbije, genetički je originalna i izolovana, a kao takva može imati poseban biološki značaj za konzervaciju ovog taksona u okviru njegovog prirodnog areala. U budućim konzervacionim projektima neophodno je sprečiti mešanje genetičkog materijala iz ovih populacija, pogotovo ako nisu unutar iste ESUs.

Osnovne jedinice konzervacije su upravljačke jedinice (MU) zasnovane na molekularnim analizama populacija, koje čine grupe populacija koje su autohtone po analiziranim genetičkim markerima i zahtevaju posebne mere upravljanja (Berrebi i sar., 2019). Upravljačke jedinice su, takođe, identifikovane kao demografski nezavisni skupovi populacija (Palsbøll i sar., 2007) čije upravljanje je usmereno ka očuvanju, viših, evoluciono značajnih jedinica (Moritz, 1994; Funk i sar., 2012). Efikasna konzervacija potočne pastrmke može se realizovati jedino analizom genetičkih razlika između populacija (Sanz, 2018). Takođe, poseban menadžment populacija predlaže se za populacije koje se karakterišu niskim vrednostima genetičkog diverziteta i malom efektivnom veličinom (Whiteley i sar., 2015; Robinson i sar., 2017; Marić i sar., 2017b, 2022).

Na teritoriji Srbije, na osnovu analiza ove disertacije, a u okviru pomenutih evoluciono značajnih jedinica, moguće je definisati 19 upravljačkih jedinica (MU) koje zahtevaju prvi stepen prioriteta zaštite. Održavanje većeg broja MU je od velike važnosti za dugotrajnu održivost vrste (Funk et al., 2012). U ovoj disertaciji, kriterijumi za klasifikovanje

analiziranih populacija u posebne upravljačke jedinice uključuju prisustvo autohtonih KR mtDNK haplotipova, kao i manju zastupljenost od 2% alohtonih alela mikrosatelitske DNK.

Za populacije koje su klasifikovane u okviru ESU 1, predloženo je 15 upravljačkih jedinica koje su raspoređene u tri grupe, u zavisnosti od procenjene autohtonosti mtDNK haplotipova, jer je na pojedinim lokalitetima zabeleženo prisustvo haplotipova Da2a i Da22, kao i DA haplotipova koji se javljaju u ribnjačkim populacijama, a čija je autohtonost za teritoriju Srbije još uvek upitna. Inače, kao što je prethodno navedeno, sve tri grupe karakterišu manja zastupljenost od 2% alohtonih alela mikrosatelitske DNK. Opravdanost ovog pristupa ogleđa se u činjenici da se izolacija populacije znatno brže odražava na promene u učestalostima haplotipova/alela nego na filogenetske razlike. Iz navedenog razloga su MU najčešće definisane na osnovu značajne divergencije u učestalostima haplotipova/alela, nezavisno od njihovih filogenetskih odnosa (Marić i sar., 2023a). Prvu grupu predloženih upravljačkih jedinica čine potvrđeno autohtone populacije sa sledećih lokaliteta: Panjica (MU1), Izubra (MU2), Toplodolska reka (MU3) i Polomska reka (MU4). Drugu grupu upravljačkih jedinica čine visoko autohtone populacije sa lokaliteta Tolišnica (MU5) i Janjska reka (MU6), koje karakterišu prisustvo veoma malog broja „sumnjivih“ haplotipova koji su prisutni u ribnjačkim populacijama (usled prisustva haplotipova Da36 i Da28 za po jednu analiziranu jedinku, respektivno). Populacije u okviru treće grupe su sa lokaliteta: Studenica (MU7), Boranjska reka (MU8), Povolnska reka (MU9), Brevina (MU10), Bresnička reka (MU11), Štavska reka (MU12), Resava (MU13), dok se populacije Dojkinačke i Vodeničke reke (MU14) kao i Dursunske i Bistričke reke (MU15) mogu svrstati u dve nezavisne upravljačke jedinice (na osnovu mikrosatelitskih podataka, geografske blizine i dominantnog prisustva haplotipa Da22 odnosno Da2a, respektivno). Ovu grupu upravljačkih jedinica karakterišu prisustvo DA haplotipova koji su potencijalno prošireni translokacijama jedinki, odnosno antropogenim uticajem.

U okviru DA-INT evoluciono značajne jedinice nalazi se reka Garvanica (MU16), a u okviru DA-BS reka Vrla (MU17). Iako je u populaciji sa lokaliteta Vrla zabeležen viši nivo introgresije alohtonih AD alela, usled njenog evolucionog značaja, neophodno je svrstati u okviru posebne MU.

Za realizaciju plana zaštite i revitalizaciju staništa i populacija potočne pastrmke iz Crnomorskog sliva, neophodno je nastaviti i unaprediti istraživanja koja su vršena u ovoj disertaciji, a tiču se utvrđivanja i praćenja osnovnih bioloških parametara. Ovi parametri uključuju: veličinu, odlike životne istorije, ekologiju, trend populacija, genetičku strukturu i faktore ugrožavanja populacija. Za sve tri grupe upravljačkih jedinica u okviru ESU 1 neophodno je sprovođenje genetičkog monitoringa, dok je za populacije druge i treće grupe neophodno utvrditi i poreklo pojedinih DA haplotipova za koje postoji indicija da su alothoni za teritoriju Srbije. Većina analiziranih populacija iz Crnomorskog sliva je prilično malobrojna i stoga veoma podložna genetičkoj kontaminaciji (koja može biti uzrokovana translokacijama jedinki i hibridizacijom alohtonih i autohtonih jedinki), pa čak i lokalnom istrebljenju.

Populacije Egejskog sliva iz sistema Strume (ESU 4), manje su diferencirane od populacija Crnomorskog sliva, karakterišu ih visoke stope protoka gena između različitih lokaliteta što ne opravdava poseban upravljački tretman populacija unutar ovog rečnog sistema, te su one raspoređene unutar jedne upravljačke jedinice (MU18). Za njihovo očuvanje

neophodno je dalje praćenje veličine i trenda populacija, kao i obavezne dodatne zaštite staništa kao osnovnog preduslova za njihovo očuvanje.

Upravljačka jedinica u okviru ESU 5 predlaže se za populaciju sa lokaliteta Tripušnica (MU19). Prisustvo primorske pastrmke u Tripušnici posledica je translokacije vrste izvan originalnog areala. Međutim, treba uzeti u obzir da je period introdukcije primorske pastrmke prethodio trenutnoj zakonskoj regulativi, te iako je u pitanju *de facto* alohtona vrsta, ne može se sa biološkog aspekta izjednačiti sa alohtonim jedinkama AT linije potočne pastrmke koje potiču iz ribnjačkog uzgoja ili kalifornijskom pastrmkom, posebno jer ne postoji autohtona populacija, u sistemu Pčinje u Srbiji, koja bi mogla biti ugrožena prisustvom ove populacije. Populaciju sa lokaliteta Tripušnica je genetički originalna, usled izostanka nativne populacije potočne pastrmke na lokalitetu, i kao takva može predstavljati rezervnu (*eng.* back up) populaciju koja se može upotrebiti u konzervacionim aktivnostima u okviru originalnog areala primorske pastrmke, a pre svega u sistemu Drima (Marić i sar., 2017a). Navedeno je od izuzetne važnosti kada se uzme u obzir da populacije primorske pastrmke imaju trend pada brojnosti (Schöffmann i sar., 2019).

U ovoj disertaciji na osnovu dosad najobimnije filogenetske i populaciono-genetičke analize potočne pastrmke u Srbiji, predloženo je pet ESUs i 19 MU jedinica. Međutim, kako je procenjena populaciono-genetička strukturiranost populacija u ovoj disertaciji vršena analizom neutralnih markera (mtDNK i mikrosateliti), ostaje pitanje koliko izabrane MU oslikavaju i adaptivne razlike između populacija. Takođe, evidentno je i da usled velikog broja predloženih upravljačkih jedinica, sprovođenje mera za njihovu konzervaciju može biti veoma kompleksno u praksi. Iz tog razloga, postoji mogućnost uvođenja konzervacionih jedinica (*eng.* Conservation unit – CU) koje čine populacije koje su ocenjene kao jedinstvene ili divergentne sa konzervacionog aspekta, a mogu se izjednačiti sa ESU, MU ili grupom MU jedinica (Funk i sar., 2012). Za definisanje CU potočne pastrmke na teritoriji Srbije, u budućnosti, pored adaptivno neutralnih markera (korišćenih u ovoj disertaciji), nužno je uključiti i adaptivne markere putem RADseq analize. Upotreba oba tipa markera nije u koliziji, već naprotiv, njihova zajednička upotreba pruža uvid u dva tipa evolucionih informacija koje je neophodno kombinovati radi sprovođenja optimalnih konzervacionih mera (Marić i sar., 2023a). Takođe, razumevanje adaptivnih razlika je od suštinskog značaja prilikom odabira populacija koje bi se koristile za suplementarno poribljavanje ili translokaciju jedinki (Moritz, 1999; Frankham i sar., 2011; Funk i sar., 2012).

Upravljačke jedinice čine populacije za koje se propisuje prvi stepen prioriteta zaštite usled njihove autohtonosti i specifične genetičke strukture (Palsbøll i sar., 2007; Moritz, 1994; Funk i sar., 2012; Berrebi i sar., 2019). Međutim, informacije koje su dobijene ESHIPPOsalmo modelom, ukazuju na visok stepen ugroženosti pojedinih populacija koje time zahtevaju dodatnu zaštitu. Dodatna mogućnost dodeljivanja konzervacionog statusa navedenim populacijama ukazuje na neophodnost uzimanja u obzir karakteristika populacije i faktora životne sredine u konačnoj proceni konzervacionih prioriteta (Faith i sar., 2004). ESHIPPOsalmo model ima elemente sistematičnog pristupa očuvanju biološke raznovrsnosti i predlaže pristup koji je primenjen i u radovima Strecker i sar. (2011) i Simić i sar. (2015).

Primenom ESHIPPOsalmo modela utvrđen je visok rizik od izumiranja, odnosno nizak stepen održivosti za populacije sa lokaliteta Vlasina, Samokovska reka, Bistrička reka, Jerma, Jelašnička reka i Tripušnica, stoga se za njih mora propisati prvi stepen prioriteta zaštite na teritoriji Srbije.

Za očuvanje svih navedenih populacija neophodno je prvenstveno slediti opšte preporuke koje su date na početku ovog Poglavlja, dok je za populaciju sa lokaliteta Bistrička reka neophodno pratiti i date smernice za očuvanje populacija označenih kao posebne MU. Dodatno, za populaciju sa lokaliteta Jerma buduće konzervacione mere se moraju fokusirati na sprečavanje širenja pastrmke AD linije iz gornjeg toka Jerme u donji tok i dalje u sistem Južne Morave. Takođe, neophodna je reintrodukcija jedinki DA filogenetske linije u gornji tok Jerme, kako je naznačeno u radu Marić i sar. (2022). Iskustva u upravljanju vrste *S. marmoratus* reke Soče (Povž i sar., 1996; Marić i sar., 2022) sugerišu da bi genetički kompatibilne jedinke iz donje Jerme mogle biti pogodne za stvaranje matičnih jata, dok bi se njihovo potomstvo moglo koristiti za ribnjački uzgoj u cilju reintrodukcije autohtonih jedinki (za dodatne preporuke videti Poglavlje 5.5.1). Istovremeno neophodno je obustaviti poribljavanje alohtonim jedinkama potočne pastrmke i strogo regulisati ribolov. Populacije Vlasine i Samokovske reke zahtevaju, uz sve predložene konzervacione mere u ovom Poglavlju, prestanak poribljavanja jedinkama alohtonih filogenetskih linija.

Umeren rizik od izumiranja kao i umeren stepen održivosti zapaža se za gotovo polovinu populacija analiziranih ESHIPPOsalmo modelom (Tabela 14). Među njima, populacije koje se nalaze u okviru posebnih upravljačkih jedinica, zahtevaju prvi stepen prioriteta zaštite. Preostale populacije (sa lokaliteta Gradac, Veliki Rzav, Brvenica, Gokčanica, Brzečka, Sokobanjska Moravica, Visočica, Vučja reka, Šaovice, Mlava, Krupaja, Kožica, Vratna i Zlotska reka) zahtevaju propisivanje drugog stepena prioriteta zaštite. Kako je na navedenim lokalitetima, glavni uzrok potencijalnog iščezavanja populacija introdukcija alohtonih linija kompleksa potočne pastrmke, glavne konzervacione mere uključuju prestanak neadekvatnog poribljavanja i potencijalnu restauraciju autohtonog genetičkog diverziteta (videti Poglavlje 5.5.1). Naravno, za budući opstanak i revitalizaciju ovih populacija neophodno je praćenje svih predloženih konzervacionih mera iz uvoda ovog Poglavlja. Za pojedine visoko introgresirane populacije (npr. reka Šaovice) primenom strogih mera kontrole i upravljanja, obezbedilo bi se održivo korišćenje, posebno ukoliko bi se adekvatnim poribljavanjem kroz određeni vremenski period restaurirala približna autohtona genetička struktura populacije.

Očuvanje autohtonosti populacija potočne pastrmke, koje se suočavaju sa rastućim antropogenim pritiscima, zahteva holistički pristup koji objedinjuje naučna istraživanja, aktivnu zaštitu staništa, zakonske regulative i angažovanje lokalnih zajednica (Dauwalter i sar., 2020). Trenutno, ugroženost potočne pastrmke se u Srbiji zakonski reguliše određenim zaštitnim merama u ribarstvu, kao što su minimalna dozvoljena dužina ulova, period lovostaja u vreme mresta, strogo propisan režim ribolova u pogledu mogućnosti i količine ulovljenih jedinki, broja ribolovnih dana tokom sezone i slično. Sve pobrojane mere su veoma dobre, ali one do sada nisu dale pozitivne rezultate u zaštiti, pre svega zbog njihovog nepotpunog sprovođenja. Za efikasno sprovođenje predloženih mera u okviru ovog Poglavlja, od suštinske važnosti su kontinuirani naporu u cilju razmene znanja i iskustava između akademske zajednice i korisnika ribolovnih voda, jasna regulativa koja se odnosi na očuvanje genetičkog diverziteta, transparentnost rezultata genetičkih istraživanja, kao i integracija istraživanja u smernice za primenu propisanih mera na različitim nivoima (Klüttsch i Laikre, 2021).

Sve primenljive mere zaštite jedne vrste teoretski možemo svrstati u *in situ* i *ex situ*, kao i u kombinaciju ova dva vida konzervacije (Mijović-Magdić, 2007). Po mišljenju Maitland (2004) od izuzetne važnosti je da se odredi stepen genetske varijabilnosti vrste, kao i da se dobro upoznaju njena biologija i ekologija, što je preduzeto u ovoj studiji. Kao potencijalna rešenja, autor nudi menadžment staništa, gajenje u veštačkim uslovima i

krioprezervaciju (Mijović-Magdić, 2007). Krioprezervacija je metoda koja ima široku primenu u reproduktivnom menadžmentu, a naročito je značajna u konzervaciji genetičkih resursa (Lahnsteiner i sar., 2000; Cabrita i sar., 2010; Martínez-Páramo i sar., 2017; Kojadinović, 2021), te se njena primena dodatno preporučuje za očuvanje genofonda najugroženijih populacija potočne pastrmke na teritoriji Srbije. Zajedno sa adekvatnom selekcijom i optimalnim ribnjačkim uzgojem (videti Poglavlje 5.5.1) formiranje kriobanki gameta, u cilju sprečavanja iznenadnih akcidentnih situacija i genetičkog drifta, je od suštinskog značaja za očuvanje sojeva i populacija koji su u opasnosti od istrebljenja, dok se ekološki uslovi u njihovim prirodnim staništima ne poprave (Felip i sar., 2009; Veličković, 2015).

Rezultati ESHIPPOsalmo modela ukazuju da među populacijama analiziranim u ovoj disertaciji nema veoma visoko održivih populacija (Tabela 14), te je održivo korišćenje populacija neophodno planski i selektivno sprovoditi, odnosno prilagoditi ga pojedinačnom slučaju. Kada analizirane populacije postanu stabilne i poprave se uslovi staništa, odnosno kada se smanji uticaj ugrožavajućih faktora po diverzitet populacija, održivo korišćenje, u obimu u kome se sada sprovodi, biće razmotreno i prilagođeno specifičnostima populacije. Ukoliko se problemi navedeni u ovom Poglavlju zanemare, a populacije i dalje koriste u postojećem obimu, dodatno će se ubrzati smanjenje populacionih trendova i genetičkog diverziteta što, u krajnjem slučaju, može dovesti do potpunog iščezavanja pojedinih populacija.

Populacije analizirane u ovoj disertaciji pretežno potiču iz gornjih tokova reka koje karakteriše ograničeni kapacitet staništa, što rezultira nedostatkom krupnih jedinki koje bi bile ribolovno atraktivne, što je potvrđeno upotrebom ESHIPPOsalmo modela, kojim je istaknuta mala dužinu analiziranih jedinki (Tabela 14). Usled izostanka ribolovne atraktivnosti, izostaje i potreba za održivim korišćenjem navedenih populacija. Za razliku od populacija iz gornjih tokova koje su uglavnom autohtone, za populacije iz donjih tokova koje imaju narušenu autohtonu strukturu, a ribolovno su atraktivne i imaju komercijalnu vrednosti, a na osnovu populacionih karakteristika poseduju potencijal za održivo korišćenje, može se sprovoditi režim ribolova „uhvati i pusti“ ili režim ribolova po zakonski propisanim merama, ukoliko populacione karakteristike daju takvu mogućnost. Primeri populacija koje se najviše ističu takvim potencijalom su sa lokaliteta: Gradac, Veliki Rzav, Sokobanjska Moravica, Visočica i Mlava.

Potencijal za održivo korišćenje prepoznaje se u Egejskom slivu na teritoriji Srbije, konkretno u slivu reke Strume. Navedene populacije su autohtone, sliv se ističe po svojoj visokoj produktivnosti, uz registrovane nalaze krupnih jedinki koje su ribolovno atraktivne (Simić i sar., 2020a; Marić i sar., 2022). Takođe, nakon sprovođenja konzervacionih mera predloženih u ovoj disertaciji, potencijal za održivo korišćenje poseduju reke koje su u okviru ESU 1 svrstane u treću grupu upravljačkih jedinica, a na osnovu ESHIPPOsalmo modela poseduju visok stepen održivosti.

U svrhu održivog korišćenja analiziranih populacija sa teritorije Srbije, može se slediti primer reke Soče iz Slovenije (Berrebi i sar., 2022b) u kojoj je, sa ciljem održivog korišćenja autohtonog genofonda, prvo sprovedena revitalizacija autohtonih populacija. Međutim, ovo je izuzetno ekonomski zahtevan i dugotrajan proces koji se za reku Soču sprovodi već 20-ak godina.

Pored populacija koje su uključene u ovo istraživanje, na teritoriji Srbije postoji veliki broj populacija koje potencijalno poseduju znatan kapacitet za održivo korišćenje, usled zadovoljavajuće populacione strukture i prisustva krupnih, ribolovno atraktivnih, primeraka potočne pastrmke. Kao primer, može se navesti populacija sa lokaliteta Sokobanjska Moravica ispod Bovanskog jezera (usmeno saopštenje Vladica Simić).

5.6. Predlog mera za umanjene štetnih efekata poribljavanja na primeru genotipizacije matičnog jata potočne pastrmke ribnjaka „Panjica“

Rezultati ove disertacije ukazuju da translokacije jedinki i neadekvatno poribljavanje imaju negativan uticaj na genetičku strukturu populacija potočne pastrmke u Srbiji. Generalno, u regionu, uključujući i Srbiju, genetička istraživanja ribnjačkih populacija se veoma retko sprovode (Kanjuh, 2023) i nisu regulisana zakonskim aktima, što predstavlja značajan problem u očuvanju autohtonih populacija potočne pastrmke. Stoga, u cilju unapređenja održivog upravljanja populacijama potočne pastrmke u Srbiji, analizirano je matično jato ribnjaka koji je uključen u proizvodnju salmonidne riblje mlađi za potrebe poribljavanja. Takođe, sa ciljem unapređenja prakse ribnjačkog uzgoja i ublažavanja štetnih efekata na prirodne populacije, prvi put je ribnjačka populacija potočne pastrmke iz Srbije analizirana pomoću tri tipa molekularnih markera (KR mtDNK, LDH gen i mikrosateliti), kako bi se ustanovilo da li su jedinke matičnog jata ribnjaka „Panjica“ adekvatni donori za suplementarno poribljavanje ribolovnih voda Crnomorskog sliva Srbije.

U slučajevima kada je poribljavanje jedina moguća mera za očuvanje populacije, naponi moraju biti usmereni ka dostizanju uspeha bez ugrožavanja genetičke strukture recipijentne populacije (Saura i Faria, 2011). Iz tog razloga, rezultati ove studije su direktno inkorporirani u upravljačku praksu ribnjaka „Panjica“.

Analizom tri tipa molekularnih markera utvrđena je introdukcija alohtonih AT alela u matično jato ribnjaka (Tabela 12, Slika 22, 23, Tabela 10 u Prilogu). Kod 49,6% jedinki nije zabeležena hibridizacija sa alohtonim jedinkama (ni po jednom tipu markera), 46,8% jedinki su hibridi DA i AT linije, dok je preostalih 3,6% jedinki AT porekla. U prethodnim istraživanjima pastrmskih populacija evropskih ribnjaka detektovane su znatno veće proporcije alohtonih AT gena, uz kompletnu admiksiju unutar pojedinih matičnih jata (Marić i sar., 2010; Bohling i sar., 2016; Schmidt i sar., 2017; Berrebi i sar., 2021). Nasuprot tome, veliki broj neintrogresiranih jedinki matičnog jata ribnjaka „Panjica“ omogućio je selekciju jedinki za dalji uzgoj i reprodukciju, što je retko ostvarivo u ribnjačkim populacijama u Evropi. Uzimajući u obzir rezultate koji su dobijeni analizom svih markera, matično jato dostiže nivo od oko 75% autohtonosti što implicira da nivo introgresije nije visok, kao i da se genetički testovi mogu koristiti u cilju sprečavanja novih introgresija.

Zabeležene visoke vrednosti parametara genetičkog diverziteta u matičnom jatu ribnjaka „Panjica“ (Tabela 12) posledica su introgresije alohtonim AT alelima (Tabela 13), što je čest slučaj u domestifikovanim pastrmskim populacijama (Bohling i sar., 2016). U istraživanju Berrebi i sar. (2021) evidentirane su visoke vrednosti genetičkog diverziteta populacija iz 26 evropskih ribnjaka. Vrednosti parametara genetičkog diverziteta DA autohtone grupe matičnog jata (Grupa 1) su nešto više u poređenju sa procenjenim vrednostima za populaciju iz reke Panjice iz koje su jedinke uključivane u matično jato (Tabela 13). Međutim, procenjene vrednosti Grupe 1 matičnog jata su generalno u saglasnosti

sa vrednostima procenjenim za divlje populacije Crnomorskog sliva u Srbiji (Škraba Jurlina i sar., 2020; Marić i sar., 2022; ova studija).

Neočekivano, rezultati ove studije su ukazali na znatna neslaganja u utvrđivanju AT porekla jedinki dobijenih RFLP analizom *LDH* gena i genotipizacijom mikrosatelitskih lokusa. Od 104 jedinke koje su posedovale DA mtDNK haplotip i > 0,99% DA alela mikrosatelitske DNK, 34 jedinke su imale 90/90 ili 90/100 *LDH* genotip (Slika 23, Tabela 10 u Prilogu). Prema saznanjima autora ove disertacije, u ribnjačkim populacijama do sada nisu zabeležena ovako izražena neslaganja između analize *LDH* gena i genotipizacije mikrosatelitskih lokusa. Međutim, Berrebi i sar. (2017) su uočili slična odstupanja u divljim populacijama hibridnih jedinki glavatice u sistemu Soče (Slovenija), gde je analiza *LDH* gena otkrila znatno veći procenat DA alela u poređenju sa mikrosatelitskim podacima, što je objašnjeno zasićenjem mikrosatelitskog filogenetskog signala.

Geni (npr. *LDH*), za razliku od hipervarijabilnih neutralnih markera (npr. mikrosatelitski lokusi), imaju sporiju evoluciju i podvrgnuti su selektivnim pritiscima. To znači da nakon formiranja ribnjačkog matičnog jata nisu u tolikoj meri podložni efektu uskog grla i nasumičnom genetičkom driftu (Ward, 2000; Berrebi i sar., 2017). U zaštićenom okruženju (obilje hrane, odsustvo predatora i slaba vodena strujanja) *LDH-C1*90* genotip može imati bolje performanse, a jedinke koje su njegovi nosioci rastu brže u poređenju sa ostalim jedinkama (Morán i sar., 1991; Horreo i sar., 2015).

Uočena su i neslaganja između rezultata dobijenih analizom mtDNK i jedarnih markera. Naime, 37 jedinki koje su posedovale autohtone mtDNK haplotipove pripadalo je hibridnoj ili alohtonj AT liniji na osnovu analize *LDH* gena ili mikrosatelitske DNK (Tabela 12, 13, Slika 23, Tabela 10 u Prilogu). Takođe, 10 jedinki sa alohtonim mtDNK haplotipovima su na osnovu analiza *LDH* gena posedovale autohtoni 100/100 *LDH* genotip ili su označene kao hibridne na osnovu mikrosatelitske DNK (Tabela 12, 13, Tabela 10 u Prilogu). Takva odstupanja su uobičajena jer se mtDNK, usled materinskog nasleđivanja, mnogo brže fiksira u populaciji koja je podložna nasumičnom genetičkom driftu (Birky, 1991), o čemu je diskutovano za sicilijansku pastrmku u radu Sanz i sar. (2023).

Rezultati ove disertacije ističu važnost korišćenja različitih tipova genetičkih markera prilikom istraživanja porekla ranije neanaliziranih populacija. Svaki marker ima svoje specifične karakteristike i koristi se u različite svrhe, što ukazuje na važnost njihove kombinovane primene. *LDH* gen kao genetički marker je veoma koristan za razlikovanje domestifikovanih i prirodnih stokova, dok mikrosateliti pružaju dublji uvid u stepen admiksije jedinki.

Kako na svakom genetičkom markeru (KR mtDNK, *LDH* gen i mikrosatelitski lokusi), populacija matičnog jata ribnjaka „Panjica“ ima približno 75% autohtonog genetičkog udela može se pretpostaviti da se radi o potpuno hibridnoj populaciji koja je u admiksiji, što dalje implicira da i čiste jedinke, prema odabranim markerima, mogu imati određeni procenat introgresije sa AT alelima. U ovom slučaju, selekcija pojedinačnih matičnih jedinki bi značila samo selekciju na osnovu odabranih markera. Nažalost, u ovoj situaciji i sa ograničenim brojem markera, potpun stepen admiksije je teško otkriti. Međutim, mali procenat pretežno F1 i F2 hibridnih jedinki u populaciji matičnog jata, ukazuje da se ipak radi o populaciji u koju je nedavno (pre nekoliko generacija) uključen mali broj domestifikovanih jedinki AT porekla. Stoga, većina jedinki su zapravo neintrogresirane autohtone jedinke. U idealnom slučaju, ova ograničenja mogu biti prevaziđena korišćenjem GBS tehnologija kada

se u budućnosti ispune uslovi za njihovu primenu. Ovo bi omogućilo temeljnije i informativnije skeniranje genomskih lokusa i identifikaciju jedinki koje poseduju kompletno autohtoni genom.

Rezultati analiza ove studije su direktno inkorporirani u upravljačku praksu ribnjaka „Panjica“ zadržavanjem u matičnom jatu isključivo jedinki koje pokazuju autohtono DA poreklo na svim analiziranim markerima (Grupa 1; jedinke označene u Tabeli 10 u Prilogu). Istovremeno, da bi se izbegli štetni efekti inbridinga (Hansen i Jensen, 2005; McLean i sar., 2008; Vera i sar., 2010), sprovedena je analiza srodničkih odnosa jedinki Grupe 1 sa ciljem daljeg isključivanja jedinki koje su u punorodnom srodstvu (Tabela 11 u Prilogu). Nakon svih sprovedenih analiza, 63 jedinke su ispunile sve kriterijume za formiranje novog autohtonog matičnog jata (Tabela 10 u Prilogu).

S obzirom da preporučena efektivna veličina populacije treba da broji između 25 i 94 jedinke (Pante i sar., 2001; Aho i sar., 2006), zarad održavanja autohtonog genetičkog diverziteta neophodno je izvršiti dopunu matičnog jata prethodno genotipiziranim jedinkama iz prirode koje nemaju ribnjačko poreklo (Grant i sar., 2017). Na taj način redovno obnavljanje matičnog jata jedinkama iz prirode (u svakoj generaciji) rezultiraće umanjnjem efekta ribnjačke selekcije (Möbrand i sar., 2005; Ford i sar., 2006; Grant i sar., 2017). Sprovedenjem navedenih mera jedinke matičnog jata ribnjaka „Panjica“ se mogu koristiti za poribljavanje genetički kompatibilnih populacija u rekama Crnomorskog sliva Srbije.

Što su ribnjačke populacije sličnije jedne drugima, a različitije od lokalnih prirodnih populacija, to su rizici povezani sa poribljavanjem veći, jer mogu dovesti do ukupnog smanjenja genetičkog diverziteta i genetičke kontaminacije recipijentnih populacija (Valiquette i sar., 2014; Bohling i sar., 2016; Berrebi i sar., 2021). Za Srbiju je ovo od ogromnog značaja za buduće upravljanje ribolovnim vodama. Konkretno, u Srbiji je približno 8% reka Crnomorskog sliva poribljeno jedinkama AT linije, što je u pojedinim populacijama dovelo do visokog nivoa introgresije alohtonim jedinkama (videti Poglavlje 5.3). Takođe, zabeleženi su i slučajevi introgresivne hibridizacije egejskih populacija (AD filogenetske linije) u dunavske populacije (Marić i sar., 2022).

Usled prirodnog prisustva više filogenetskih linija/haplogrupa na teritoriji Srbije (Tabela 8), neophodno je da jedinke koje se uzgajaju za potrebe poribljavanja ribolovnih voda budu genetički kompatibilne recipijentnim populacijama. Stoga, novoformirano autohtono matično jato ribnjaka koje poseduje isključivo haplotipove DA-ES haplogrupe može se koristiti samo za potencijalno poribljavanje reka u kojima je ova haplogrupa prirodno distribuirana, ali samo ako postoji kompatibilnost u pogledu i drugih molekularnih markera.

Evoluciona istorija potodne pastrmke na području Srbije je kompleksna i populacije iz različitih rečnih sistema su genetički različite (Marić i sar., 2006b, 2022; Tošić i sar., 2016; Kanjuh i sar., 2021; ova studija). Stoga je nužno da svaka buduća strategija programa uzgoja potodne pastrmke ima za cilj stvaranje regionalnih matičnih jata. Time bi se smanjio rizik od gubitka lokalnih adaptacija i sprečile pojave genetičke homogenizacije i introgresivne hibridizacije u recipijentnim populacijama (Weeks i sar., 2011).

Genetička struktura recipijentne populacije se takođe može narušiti i poribljavanjem jedinkama koji potiču iz istog rečnog sliva. To dodatno zahteva da poreklo matičnog jata mora biti u skladu sa genetičkom strukturom recipijentnih populacija (Hayes i sar., 2005; Bohling i sar., 2016; Grant i sar., 2017).

Budući da poribljavanje može imati nepovoljne efekte na evolucionu potencijal populacija (Araki i sar., 2008; Fraser, 2008), u cilju održivosti populacija, neophodno je prvo primeniti sve druge konzervacione mere, prvenstveno konzervaciju i unapređenje staništa (Cowx, 1994; Laikre i sar., 1999; videti Poglavlje 5.5). Izuzetno u slučajevima kada je ribolovni pritisak jak, produkcija niska usled neuspešnog mresta ili niske stope rasta, ili je abundanca izrazito smanjena usled akcidentnih situacija ili zagađenja, poribljavanje se može primeniti kao mera konzervacije (Cresswell i sar., 1984). Kada je poribljavanje jedina opcija za opstanak populacije, neophodno je usmeriti konzervacione napore na maksimiziranje uspeha bez ugrožavanja genetičke strukture recipijentne populacije (Saura i Faria, 2011).

Najzad, ribnjački uzgoj jedinki i poribljavanje, kao mere unapređenja populacija potočne pastrmke, treba sprovoditi samo u slučajevima kada ostale metode revitalizacije nisu dale očekivane rezultate.

Primer dobre prakse je projekat obnavljanja populacija glavatice *S. marmoratus* započet u Sloveniji u rečnim sistemima Soče i Idrice. U periodu od 1993. do 1996. godine, molekularno-genetičkim analizama utvrđeno je postojanje ekstenzivne hibridizacije između glavatice i potočne pastrmke AT filogenetske linije. Shodno tome, od 1996. godine razvijane su različite upravljačke strategije za obnavljanje populacija glavatice. Konzervacione mere su uključivale zabranu poribljavanja jedinkama potočne pastrmke, reviziju propisa o rekreativnom ribolovu i genetičku karakterizaciju jedinki planiranih za poribljavanje Soče. Vršena je genetička karakterizacija matičnih jedinki iz hibridnih zona i genetički čistih populacija iz očuvanih gornjih tokova pomenutih rečnih sistema, te je fenotipski i genetički adekvatna mlađ korišćena za poribljavanje Soče. Kao pozitivan rezultat dugogodišnje primene konzervacionih mera, tokom proteklih 15-ak godina udeo domestifikovane atlantske linije u populaciji reke Soče svake godine opada za približno 2% u odnosu na prethodnu godinu (Berrebi i sar., 2022b).

Za teritoriju Srbije, neophodno je unaprediti nacionalno zakonodavstvo u smeru efikasnog očuvanja potočne pastrmke koje uzima u obzir genetičke razlike među populacijama. Nameće se i hitna potreba za genetičkom karakterizacijom matičnih jata ribnjačkih populacija potočne pastrmke u Srbiji kako bi se ublažio uticaj poribljavanja. Odvojeno upravljanje populacijama potočne pastrmke zasnovano na redovnom genetičkom monitoringu poribljavanja mora postati redovna praksa u cilju bolje zaštite biodiverziteta.

Istovremeno, za programe poribljavanja ključno je utvrditi sledeće: mere suzbijanja rizika, sve značajne posledice poribljavanja, ekološke rizike i potencijalne ekološke interakcije (Pearsons i Hopley, 1999). Poribljavanja se moraju sprovoditi pod rigoroznim uslovima uz adekvatno upravljanje i monitoring. Posebno je važno naglasiti da reke koje nisu ribolovno atraktivne, a poseduju visoki konzervacioni i evolucionu značaj, ne smeju biti poribljavane.

6. ZAKLJUČCI

Rezultati ove disertacije pružili su novi uvid u filogeniju i filogeografiju kompleksa potočne pastrmke sa teritorije Srbije, ali i sa znatno šireg areala taksona. Samo za teritoriju Srbije, detektovano je gotovo dvostruko više haplotipova nego u svim prethodnim studijama. U ovoj disertaciji ukupno su registrovana 32 haplotipa za teritoriju Srbije, od kojih je 11 novoopisano. Haplotipska raznovrsnost dunavske filogenetske linije u Srbiji je veoma visoka u poređenju sa drugim regionima u slivu Dunava, što se ogleda u prisustvu haplotipova iz DA-ES, DA-BS, kao i DA-INT haplogrupe. Na analiziranom području, jadranska filogenetska linija iz sliva Strume je znatno manje diferencirana u poređenju sa dunavskom linijom, što je u skladu sa veličinom slivnog područja.

U ovoj studiji, u odnosu na prethodne studije, otkriven je znatno veći broj jedinki koje imaju atlantske haplotipove. Atlantski haplotipovi su pronađeni na četvrtini svih ispitivanih lokaliteta Crnomorskog sliva u Srbiji. Ova studija potvrđuje i prethodne navode da su jedinke potočne pastrmke iz Egejskog sliva i sistema Drim-Skadar korišćene za poribljavanje ribolovnih voda Srbije, verovatno i pre poribljavanja jedinkama atlantske domestifikovane linije.

Filogenetske i filogeografske analize, na osnovu podataka iz ove disertacije i literature, produkovale su rezultate bitne za razumevanje diverziteta dunavske linije potočne pastrmke. U okviru pomenute filogenetske linije, pored već opisane dve haplogrupe, u ovoj disertaciji je detektovana još jedna, tentativno nazvana DA-INT haplogrupa. DA-INT haplogrupa zauzima intermedijarni položaj u filogenetskim rekonstrukcijama i može se klasifikovati kao tranziciona haplogrupa u odnosu na DA-ES i DA-BS. Filogeografska distribucija haplogrupa se u izvesnoj meri preklapa, što je najuočljivije u Srbiji, gde je zabeleženo prisustvo sve tri haplogrupe.

U ovoj studiji najmlađi zajednički predak roda *Salmo* datiran je za period kasnog miocena. Suprotno uobičajenom uverenju, rezultati ove disertacije jasno pokazuju da su se glavne podele unutar kompleksa potočne pastrmke odigrale u kasnom pliocenu, a ne u pleistocenu. Pliocensko poreklo sugerise da filogenetske linije kompleksa potočne pastrmke nisu formirane usled geo(hidro)morfoloških promena tokom glacijacija i interglacijacija, već su rezultat orogeneze i evolucije slivova.

Analizom mikrosatelitskih markera detektovana je složena populaciona struktura potočne pastrmke u Srbiji. Međutim, u odnosu na prethodne studije, zabeležen je i viši nivo introgresije i introgresivne hibridizacije između autohtone dunavske linije potočne pastrmke i alohtonih filogenetskih linija. Alohtoni aleli mikrosatelitske DNK, AT i/ili AD porekla (udela $\geq 10\%$), zabeleženi su na 22 lokaliteta. U populaciji iz sliva Vardara u Srbiji prisutni su alohtoni aleli poreklom iz Jadranskog sliva, dok sa druge strane, kod četiri populacije iz sliva Strume nije detektovana introgresija alelima alohtonog porekla. Tri ribnjačke populacije iz Srbije dominantno su introgresirane alelima atlantskog porekla.

Na osnovu rezultata novokoncipiranog ESHIPPOsalmo modela, prisustvo alohtonih filogenetskih linija kompleksa potočne pastrmke izdvaja se kao glavni ugrožavajući faktor populacija. Drugi izrazito ugrožavajući faktori populacija su: narušavanje i fragmentacija staništa, kao i neadekvatno upravljanje. Navedeno je razlog da među analiziranim populacijama, na osnovu ESHIPPOsalmo modela, nema veoma visoko održivih. U analiziranom uzorku, 41% populacija odlikuje visok stepen održivosti, 46% umeren, dok

populacije sa lokaliteta Samokovska reka, Bistrička reka, Vlasina, Jerma, Jelašnička reka i Tripušnica odlikuje nizak stepen održivosti.

Trenutno stranje analiziranih populacija ukazuje da je održivo korišćenje populacija neophodno planski i selektivno sprovoditi. Kada analizirane populacije postanu stabilne i poprave se uslovi staništa, odnosno kada se smanji uticaj ugrožavajućih faktora po diverzitet populacija, održivo korišćenje, u meri u kojoj se trenutno sprovodi, treba da bude razmotreno i prilagođeno specifičnostima populacije. Korišćenje populacija koje nisu ribolovno atraktivne, a predstavljaju važne autohtone genofondove, nema validaciju.

Za teritoriju Srbije, na osnovu filogenetske istorije populacija, može se predložiti pet evoluciono značajnih jedinica koje uključuju populacije: (1) DA-ES, (2) DA-BS, (3) DA-INT, (4) AD filogenetska linija iz Egejskog sliva i (5) populaciju primorske pastrmke sa lokaliteta Tripušnica. Na osnovu analiza ove disertacije, a u okviru pomenutih evoluciono značajnih jedinica, moguće je definisati 19 upravljačkih jedinica. Predložene upravljačke jedinice čine populacije sa lokaliteta: Panjica (MU1), Izubra (MU2), Toplodolska reka (MU3), Polomska reka (MU4), Tolišnica (MU5), Janjska reka (MU6), Studenica (MU7), Boranjska reka (MU8), Poblenska reka (MU9), Brevina (MU10), Bresnička reka (MU11), Štavska reka (MU12), Resava (MU13), Dojkinačka i Vodenička reka (MU14), Dursunska i Bistrička reka (MU15), Garvanica (MU16), Vrla (MU17), Lisinska reka, Ljubatska reka, Dragovištica i Brankovačka reka (MU18) i Tripušnica (MU19). U cilju sprovođenja optimalnih konzervacionih mera, odnosno razumevanja adaptivnih razlika među populacijama, u budućim studijama, preporučuje se definisanje konzervacionih jedinica. Za uspostavljanje konzervacionih jedinica potočne pastrmke na teritoriji Srbije, pored adaptivno neutralnih markera (korišćenih u ovoj disertaciji), nužno je uključiti i adaptivne markere putem npr. RADseq analize.

Na teritoriji Srbije na osnovu rezultata genetičkih istraživanja i ESHIPPOsalmo modela, prvi stepen prioriteta zaštite propisan je za 31 populaciju, dok 14 populacija zahteva drugi stepen prioriteta zaštite.

U slučajevima kada je poribljavanje jedina moguća mera za očuvanje populacije, naponi moraju biti usmereni ka dostizanju uspeha bez ugrožavanja genetičke strukture recipijentne populacije. Iz tog razloga, rezultati ove studije su direktno inkorporirani u upravljačku praksu ribnjaka „Panjica“. Analize mitohondrijske DNK, mikrosatelitskih lokusa i *LDH* gena omogućile su selekciju jedinki ribnjaka „Panjica“ koje su autohtone na svim ispitivanim markerima. Autohtone matične jedinice se mogu koristiti za produkciju mlađi koja je pogodna za poribljavanje odgovarajućih ribolovnih voda Crnomorskog sliva.

Za očuvanje populacija potočne pastrmke istraživanog područja neophodno je unaprediti i pravilno sprovoditi upravljanje populacijama. Konzervacioni naponi moraju biti usmereni ka sprovođenju mera neophodnih za očuvanje njihovog staništa, abundance, populacione strukture i genetičkog diverziteta. Navedene aktivnosti zahtevaju brze i korenite promene u zakonskom smislu, ali i dosledno sprovođenje u budućoj konzervacionoj i upravljačkoj praksi.

7. LITERATURA

- Aganović, M. (1979). Salmonidne vrste riba i njihov uzgoj. IGKRO „Svetlost“, Zavod za udžbenike, Sarajevo.
- Aho, T., Rönn, J., Piironen, J., Björklund, M. (2006). Impacts of effective population size on genetic diversity in hatchery reared brown trout (*Salmo trutta* L.) populations. *Aquaculture*, 253: 244–248.
- Alexandrou, M.A., Swartz, B.A., Matzke, N.J., Oakley, T.H. (2013). Genome duplication and multiple evolutionary origins of complex migratory behavior in Salmonidae. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 69: 514–523.
- Allendorf, F.W. (1988). Conservation biology of fishes. *Conservation Biology*, 2: 145–148.
- Allendorf, F.W., Thorgaard, G.H. (1984). Tetraploidy and the evolution of salmonid fishes. In: Turner, B.J. (Ed), *Evolutionary Genetics of Fishes*, Monographs in Evolutionary Biology. Boston: Springer, 1–53.
- Allendorf, F.W., Leary, R.F., Spruell, P., Wenburg, J.K. (2001). The problems with hybrids: setting conservation guidelines. *Trends in Ecology & Evolution*, 16: 613–622.
- Allendorf, F.W., England, P.R., Luikart, G., Ritchie, P.A., Ryman, N. (2008). Genetic effects of harvest on wild animal populations. *Trends in Ecology & Evolution*, 23: 327–337.
- Almodóvar, A., Graciela, G.N., Benigno, E. (2006). Spatial variation in brown trout production: the role of environmental factors. *Transactions of the American Fisheries Society*, 135: 1348–1360.
- Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W, Myers, E.W., Lipman, D.J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215: 403–410.
- Anđelković, S.J. (1989). Tercijarne ribe Jugoslavije leokološka studija. *Palaeontologia Jugoslavica*, 38: 1–121.
- Antunes, A., Alexandrino, P., Ferrand, N. (1999). Genetic characterization of Portuguese brown trout (*Salmo trutta* L.) and comparison with other European populations. *Ecology of Freshwater Fish*, 8: 194–200.
- Antunes, A., Faria, R., Weiss, S., Alexandrino, P. (2001). Complex evolutionary history in the brown trout: insights on the recognition of conservation units. *Conservation Genetics*, 2: 337–347.
- Antunes, A., Templeton, A.R., Guyomard, R., Alexandrino, P. (2002). The role of nuclear genes in intraspecific evolutionary inference: genealogy of the transferrin gene in brown trout. *Molecular Biology and Evolution*, 19: 1272–1287.
- Apostolidis, A., Karakousis, Y., Triantaphyllidis, C. (1996). Genetic divergence and phylogenetic relationships among *Salmo trutta* L. (brown trout) populations from Greece and other European countries. *Heredity*, 76: 551–560.

- Apostolidis, A.P., Triantaphyllidis, C., Kouvatsi, A., Economidis, P.S. (1997). Mitochondrial DNA sequence variation and phylogeography among *Salmo trutta* L. (Greek brown trout) populations. *Molecular Ecology*, 6: 531–542.
- Apostolidis, A.P., Apostolou, P.K., Georgiadis, A., Sandaltzopoulos, R. (2007). Rapid identification of *Salmo trutta* lineages by multiplex PCR utilizing primers tailored to discriminate single nucleotide polymorphisms (SNPs) of the mitochondrial control region. *Conservation Genetics*, 8: 1025–1028.
- Apostolidis, A.P., Madeira, M.J., Hansen, M.M., Machordom, A. (2008). Genetic structure and demographic history of brown trout (*Salmo trutta*) populations from the southern Balkans. *Freshwater Biology*, 53: 1555–1566.
- Apostolidis, A.P., Stoumboudi, M.T., Kalogianni, E., Cote, G., Bernatchez, L. (2011). Genetic divergence among native trout *Salmo trutta* populations from southern Balkans based on mitochondrial DNA and microsatellite variation. *Journal of Fish Biology*, 79: 1950–1960.
- Araguas, R.M., Sanz, N., Fernandez, R., Utter, F.M., Pla, C., García-Marín, J.L. (2008). Genetic refuges for a self-sustained fishery: experience in wild brown trout populations in the eastern Pyrenees. *Ecology of Freshwater Fish*, 17: 610–616.
- Araguas, R.M., Sanz, N., Fernández, R., Utter, F.M., Pla, C., García-Marín, J.L. (2009). Role of genetic refuges in the restoration of native gene pools of brown trout. *Conservation Biology*, 23: 871–878.
- Araki, H., Berejikian, B.A., Ford, M.J., Blouin, M.S. (2008). Fitness of hatchery-reared salmonids in the wild. *Evolutionary Applications*, 1: 342–355.
- Araki, H., Schmid, C. (2010). Is hatchery stocking a help or harm? Evidence, limitations and future directions in ecological and genetic surveys. *Aquaculture*, 308: S2–S11.
- Aranishi, F. (2005). Rapid PCR-RFLP method for discrimination of imported and domestic mackerel. *Marine Biotechnology*, 7: 571–575.
- Arrighi, C., Castelli, F. (2023). Prediction of ecological status of surface water bodies with supervised machine learning classifiers. *Science of the Total Environment*, 857: 159655.
- Aurelle, D., Berrebi, P. (2001). Genetic structure of brown trout (*Salmo trutta* L.) populations from south-western France: data from mitochondrial control region variability. *Molecular Ecology*, 10: 1551–1561.
- Avise, J.C. (2000). *Phylogeography: the history and formation of species*. Harvard University Press, Cambridge.
- Avise, J.C. (1994). *Molecular tools. V: Molecular markers, natural history and evolution*. Chapman & Hall, New York.
- Avise, J.C., Arnold, J., Ball, R.M., Bermingham, E., Lamb, T., Neigel, J.E., Reeb, C.A., Saunders, R.C. (1987). Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA and bridge between population genetics and systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 18: 489–522.

- Ayres, D.L., Darling, A., Zwickl, D.J., Beerli, P., Holder, M.T., Lewis, P.O., Huelsenbeck, J.P., Ronquist, F., Swofford, D.L., Cummings, M.P., Rambaut, A., Suchard, M.A. (2012). BEAGLE: an application programming interface and high-performance computing library for statistical phylogenetics. *Systematic Biology*, 61: 170–173.
- Ayvazyan, A., Vasilyan, D., Böhme, M. (2019). Possible species-flock scenario for the evolution of the cyprinid genus *Capoeta* (Cypriniformes: Cyprinidae) within late Neogene lake systems of the Armenian Highland. *PLoS One*, 14: e0215543.
- Baglinière, J.L., Maisse, G. (1991). *La truite: biologie et ecologie*. INRA Editions. F-78026 Versailles, Paris.
- Baglinière, J-L, Guyomard, R, Héland, M, Ombredane, D, Prévost, E. (2001). *Ecologie des populations de Poissons des cours d'eau à Salmonidés*. In: Neveu, A. (Ed), *L'eau dans l'espace rural. Vie et milieux aquatiques*, Paris, France: INRA, pp. 31–49.
- Bandelt, H.J., Dress, A.W.M. (1992). Split decomposition: a new and useful approach to phylogenetic analysis of distance data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 1: 242–252.
- Bandelt, H.J., Forster, P., Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16: 37–48.
- Bardakci, F., Degerli, N., Ozdemir, O., Basibuyuk, H.H. (2006). Phylogeography of the Turkish brown trout *Salmo trutta* L.: mitochondrial DNA PCR RFLP variation. *Journal of Fish Biology*, 68: 36–55.
- Bardakci, F., Acar, N., Arslan, T., Badraoui, R. (2022). First record of a novel mitochondrial DNA haplotype of *marmoratus* lineage of *Salmo trutta* in Turkey. *Genetics of Aquatic Organisms*, 6: GA452.
- Baric, S., Riedl, A., Meraner, A., Medgyesy, N., Lackner, R., Pelster, B., Via, J.D. (2010). Alpine headwater streams as reservoirs of remnant populations of the Danubian clade of brown trout. *Freshwater Biology*, 55: 866–880.
- Başkaya, Ş., Başkaya, E., Sari, A. (2011). The principal negative environmental impacts of small hydropower plants in Turkey. *African Journal of Agricultural Research*, 6: 3284–3290.
- Beebe, T.J.C., Rowe, G. (2004). *An introduction to molecular ecology*. Oxford, Oxford University Press.
- Behnke, R.J. (1972). The systematics of salmonid fishes of recently glaciated lakes. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, 29: 639–671.
- Behnke, R.J. (1986). Brown trout. *Trout*, 27: 42–47.
- Behnke, R.J. (2002). *Trout and salmon of North America*. Free Press, New York.
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., Bonhomme, F. (1996–2004). GENETIX 4.05. logiciel sous Windows TM pour la genétique des populations. Laboratoire Genome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000. Université de Montpellier II. Montpellier (France).

- Bentzen, P., Leggett, W.C., Brown, G.G. (1988). Length and restriction site heteroplasmy in the mitochondrial DNA of american shad (*Alosa sapidissima*). *Genetics*, 118: 509–518.
- Berendsen, H.J.A. (2005). The Rhine-Meuse delta at a glance. Faculty of Geosciences Department of Physical Geography Utrecht University, Utrecht.
- Berg, L.S. (1948). Freshwater fishes of the U.S.S.R. and adjacent countries. *Zoologii Institut Akademiia Nauk SSSR*, 1: 1–466.
- Berg, W.J., Ferris, S.D. (1984). Restriction endonuclease analysis of salmonid mitochondrial DNA. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 41: 1041–1047.
- Bernatchez, L. (2001). The evolutionary history of brown trout (*Salmo trutta* L.) inferred from phylogeographic, nested clade, and mismatch analyses of mitochondrial DNA variation. *Evolution*, 55: 351–379.
- Bernatchez, L., Colombani, F., Dodson, J.J. (1991). Phylogenetic relationships among the subfamily Coregoninae as revealed by mitochondrial DNA restriction analysis. *Journal of Fish Biology*, 39: 283–290.
- Bernatchez, L., Guyomard, R., Bonhomme, F. (1992). DNA sequence variation of the mitochondrial control region among geographically and morphologically remote European brown trout *Salmo trutta* populations. *Molecular Ecology*, 1: 161–173.
- Bernatchez, L., Osinov, A. (1995). Genetic diversity of trout (genus *Salmo*) from its most eastern native range based on mitochondrial DNA and nuclear gene variation. *Molecular Ecology*, 4: 285–298.
- Berra, T. (2001). Freshwater fish distribution, 1st Edition. Academic Press.
- Berrebi, P., Povž, M., Jesensek, D., Cattaneo-Berrebi, G., Crivelli, A.J. (2000). The genetic diversity of native, stocked and hybrid populations of marble trout in the Soča river, Slovenia. *Heredity*, 85: 277–287.
- Berrebi, P., Tougard, C., Dubois, S., Shao, Z., Kousteri, I., Petkovski, S., Crivelli, A.J. (2013). Genetic diversity and conservation of the Prespa Trout in the Balkans. *International Journal of Molecular Science*, 14: 23454–23470.
- Berrebi, P. (2015). Three brown trout *Salmo trutta* lineages in Corsica described through allozyme variation. *Journal of Fish Biology*, 86: 60–73.
- Berrebi, P., Jesenšek, D., Crivelli, A.J. (2017). Natural and domestic introgressions in the marble trout population of Soča River (Slovenia). *Hydrobiologia*, 785: 277–291.
- Berrebi, P., Caputo Barucchi, V., Splendiani, A., Muracciole, S., Sabatini, A., Palmas, F., Tougard, C., Arculeo, M., Marić, S. (2019). Brown trout (*Salmo trutta* L.) high genetic diversity around the Tyrrhenian Sea as revealed by nuclear and mitochondrial markers. *Hydrobiologia*, 826: 209–231.
- Berrebi, P., Marić, S., Snoj, A., Hasegawa, K. (2020). Brown trout in Japan– introduction history, distribution and genetic structure. *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems*, 421: 18.

-
- Berrebi, P., Horvath, Á., Splendiani, A., Palm, S., Bernas, R. (2021). Genetic diversity of domestic brown trout stocks in Europe. *Aquaculture*, 544: 737043.
- Berrebi, P., Campton, P., Denys, G.P. (2022a). Molecular characterization of rare anadromous Rhône River brown trout. *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems*, 423: 24.
- Berrebi, P., Jesenšek, D., Laporte, M., Crivelli, A.J. (2022b). Restoring marble trout genes in the Soča River (Slovenia). *Conservation Genetics*, 23: 481–494.
- Berthelot, C., Brunet, F., Chalopin, D., Juanchich, A., Bernard, M., Noel, B., Bento, P., Da Silva, C., Labadie, K., Alberti, A., Aury, J-M., Louis, A., Dehais, P., Bardou, P., Montfort, J., Klopp, C., Cabau, C., Gaspin, C., Thorgaard, G.H., Boussaha, M., Quillet, E., Guyomard, R., Galiana, D., Bobe, J., Volff, J-N., Genet, C., Wincker, P., Jaillon, O., Roest Crollius, H., Guiguen, Y. (2014). The rainbow trout genome provides novel insights into evolution after whole-genome duplication in vertebrates. *Nature Communications*, 5: 3657.
- Betancur-R.R., Broughton, R.E., Wiley, E.O., Carpenter, K., López, J.A., Li, C., Holcroft, N.I., Arcila, D., Sanciangco, M., Ii, J.C.C., Zhang, F., Buser, T., Campbell, M.A., Ballesteros, J.A., Roa-Varon, A., Willis, S., Borden, W.C., Rowley, T., Reneau, P.C., Hough, D.J., Lu, G., Grande, T., Arratia, G., Ortí, G. (2013). The tree of life and a new classification of bony fishes. *PLoS Currents*, 5: ecurrents.tol.53ba26640df0ccaee75bb165c8c26288.
- Bianco, P.G. (1990). Potential role of the paleohistory of the Mediterranean and Paratethys basin on the early dispersal of Euro-Mediterranean freshwater fishes. *Ichthyological Exploration of Freshwaters*, 1: 167–184.
- Billington, B., Herbert, P.D.N. (1991). Mitochondrial DNA diversity in fishes and its implications for introductions. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 48: 80–94.
- Birky, C.W. (1983). Relaxed cellular controls and organelle heredity. *Science*, 222: 468–475.
- Birky, C.W. (1991). Evolution and population genetics of organelle genes: mechanisms and models. In: Selander, R.K., Clark, A.G., Whittam, T.S. (Eds), *Evolution at the molecular level*. Sinauer Associates, Sunderland, MA, pp. 112–134.
- Bodaly, R.A., Vuorinen, J., Ward, R.D., Luczynski, M., Reist, J.D. (1991). Genetic comparisons of New and Old World coregonid fishes. *Journal of Fish Biology*, 38: 37–51.
- Bohling, J., Haffray, P., Berrebi, P. (2016). Genetic diversity and population structure of domestic brown trout (*Salmo trutta*) in France. *Aquaculture*, 462: 1–9.
- Bonin, A., Nicole, F., Pompanon, F., Miaud, C., Taberlet, P. (2007). Population adaptive index: a new method to help measure intraspecific genetic diversity and prioritize populations for conservation. *Conservation Biology*, 21: 697–708.
- Booton, G.C., Kaufman, L., Chandler, M., Oguto-Ohwayo, R., Duan, W., Fuerst, P.A. (1999). Evolution of the ribosomal RNA internal transcribed spacer one (ITS-1) in cichlid

-
- fishes of the Lake Victoria region. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 11: 273–282.
- Borst, P., Grivell, L.A. (1981). Small is beautiful—portrait of a mitochondrial genome. *Nature*, 290: 443–444.
- Bouckaert, R., Heled, J., Kühnert, D., Vaughan, T., Wu, C.H., Xie, D., Suchard, M.A., Rambaut, A., Drummond, A.J. (2014). BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLoS Computational Biology*, 10: e1003537.
- Bouza, C., Castro, J., Sánchez, L., Martínez, P. (2001). Allozymic evidence of parapatric differentiation of brown trout (*Salmo trutta* L.) within an Atlantic river basin of the Iberian Peninsula. *Molecular Ecology*, 10: 1455–1469.
- Bowcock, A.M., Ruiz-Linares, A., Tomfohrde, J., Minch, E., Kidd, J.R., Cavalli-Sforza, L.L. (1994). High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. *Nature*, 368: 455–457.
- Brennan, S., Withgott, J. (2005). Biodiversity and conservation biology. In: *Environment; The Science behind the Stories*. Pearson, Benjamin-Cummings. San Francisco.
- Bridcut, E.E., Giller, P.S. (1995). Diet variability and foraging strategies in brown trout (*Salmo trutta*): an analysis from subpopulations to individuals. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 52: 2543–2552.
- Brown, K.M., Baltazar, G.A., Hamilton, M.B. (2005). Reconciling nuclear microsatellite and mitochondrial marker estimates of population structure: breeding population structure of Chesapeake Bay striped bass (*Morone saxatilis*). *Heredity*, 94: 606–615.
- Brown, W.M., George, M., Wilson, A.C. (1979). Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 76: 1967–1971.
- Brown, W.M., Prager, E.M., Wang, A., Wilson, A.C. (1982). Mitochondrial DNA sequences of primates: tempo and mode of evolution. *Journal of Molecular Evolution*, 18: 225–239.
- Bruford, M.W., Ciofi, C., Funk, S.M. (1998). Characteristics of microsatellites. In: Karp, A., Isaac, P.G., Ingram, D.S. (Eds), *Molecular tools for screening biodiversity*, London, Chapman & Hall, pp. 202–205.
- Bryant, D., Moulton, V. (2004). Neighbor-net: an agglomerative method for the construction of phylogenetic networks. *Molecular Biology and Evolution*, 21: 255–265.
- Buckland, F.T. (1863). *Fish hatching*. Tinsley Brothers, London.
- Buckland-Nicks, J.A., Gillis, M., Reimchen, T.E. (2012). Neural network detected in a presumed vestigial trait: ultrastructure of the salmonid adipose fin. *Proceedings of the Royal Society of London, Series B: Biological Sciences*, 279: 553–563.
- Buisson, L., Thuiller, W., Lek, S., Lim, P., Grenouillet, G. (2008). Climate change hastens the turnover of stream fish assemblages. *Global Change Biology*, 14: 2232–2248.

- Buj, I., Marčić, Z., Čaleta, M., Šanda, R., Geiger, M.F., Freyhof, J., Machordom, A., Vukić, J. (2017). Ancient connections among the European rivers and watersheds revealed from the evolutionary history of the genus *Telestes* (Actinopterygii; Cypriniformes). *PLoS One*, 12: e0187366.
- Burridge, C.P., McDowall, R.M., Craw, D., Wilson, M.V., Waters, J.M. (2012). Marine dispersal as a pre-requisite for Gondwanan vicariance among elements of the galaxiid fish fauna. *Journal of Biogeography*, 39: 306–321.
- Cabrita, E., Sarasquete, C., Martínez-Páramo, S., Robles, V., Beirão, J., Pérez-Cerezales, S., Herráez, M.P. (2010). Cryopreservation of fish sperm: applications and perspectives. *Journal of Applied Ichthyology*, 26: 623–635.
- Cagigas, M.E., Vázquez, E., Blanco, G., Sánchez, J.A. (2002). Phylogeographical lineages in brown trout (*Salmo trutta*): investigating microgeographical differentiation between native populations from Northern Spain. *Freshwater Biology*, 47: 1879–1892.
- Cairney, M., Taggart, J.B., Høyheim, B. (2000). Characterization of microsatellite and minisatellite loci in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) and cross-species amplification in other salmonids. *Molecular Ecology*, 9: 2175–2178.
- Campbell, J.S. (1977). Spawning characteristics of brown trout and sea trout *Salmo trutta* L. in Kirk Burn, River Tweed, Scotland. *Journal of Fish Biology*, 11: 217–229.
- Campbell, M.A., López, J.A., Sado, T., Miya, M. (2013). Pike and salmon as sister taxa: detailed intraclade resolution and divergence time estimation of Esociformes + Salmoniformes based on whole mitochondrial genome sequences. *Gene*, 530: 57–65.
- Campbell, M.A., Buser, T.J., Alfaro, M.E., López, J.A. (2020). Addressing incomplete lineage sorting and paralogy in the inference of uncertain salmonid phylogenetic relationships. *PeerJ*, 8: e9389.
- Čanak Atlagić, J. (2022). Selektivnost ishrane potočne pastrmke *Salmo cf. trutta* (L.) kao činilac ribolovnog uspeha. Doktorska disertacija, Biološki fakultet, Univerzitet u Beogradu.
- Čanak Atlagić, J., Marić, A., Tubić, B., Andjus, S., Đuknić, J., Marković, V., Paunović, M., Simonović, P. (2021). What's on the menu for the resident brown trout in a rich limestone stream?. *Water*, 13: 2492.
- Canino, M.F., Spies, I.B. Lowe, S.A. (2010). Highly discordant nuclear and mitochondrial DNA diversities in Atka mackerel. *Marine and Coastal Fisheries: Dynamics, Management, and Ecosystem Science*, 2: 375–387.
- Casanova, A., Heras, S., Abras, A., Roldán, M.I., Bouza, C., Vera, M., García-Marín, J.L., Martínez, P. (2022). Genomic hatchery introgression in brown trout (*Salmo trutta* L.): development of a diagnostic SNP panel for monitoring the impacted Mediterranean rivers. *Genes*, 13: 255.
- Caudron, A., Champigneulle, A., Guyomard, R., Largiader, C.R. (2011). Assessment of three strategies practiced by fishery managers for restoring native brown trout (*Salmo*

- trutta*) populations in Northern French Alpine Streams. *Ecology of Freshwater Fish*, 20: 478–491.
- Cecconi, F., Giorgi, M., Mariottini, P. (1995). Unique features in the mitochondrial D-loop region of the European seabass *Dicentrarchus labrax*. *Gene*, 160: 149–155.
- Chapman, D.W. (1971). Production. In: Ricker, W.E. (Ed), *Methods for assessment of fish production in fresh waters*. Blackwell Scientific Publications, Oxford & Edinburgh, pp. 199–214.
- Chepalyga, A.L. (1995). Black Sea Plio-Pleistocene basins and their interactions with the Mediterranean. In: Meriç, E. (Ed), *İzmit Körfezi Kuvaterner İstifi*. Kocaeli Valiliği Çevre Koruma Vakfı, pp. 303–311.
- Chiereghini, A.S. (1818). *Descrizoine de'testacei e de'pesci she abitano le lagune e golfo Vento*.
- Chistiakov, D.A., Hellemans, B., Volckaert, F.A. (2005). Microsatellites and their genomic distribution, evolution, function and applications: a review with special reference to fish genetics. *Aquaculture*, 255: 129.
- Clauzon, G., Suc, J.P., Popescu, S.M., Melinte-Dobrinescu, M.C., Quillévéré, F., Warny, S.A., Fauquette, S., Armijo, R., Meyer, B., Rubino, J.L., Lericolais, G., Gillet, H., Çağatay, M.N., Uçarkus, G., Escarguel, G., Jouannic, G., Dalesme, F. (2008). Chronology of the Messinian events and paleogeography of the Mediterranean region. *CIESM Workshop Monographs*, 33: 31–37.
- Cloutier, A., Sackton, T.B., Grayson, P., Clamp, M., Baker, A.J., Edwards, S.V. (2019). Whole-genome analyses resolve the phylogeny of flightless birds (Palaeognathae) in the presence of an empirical anomaly zone. *Systematic Biology*, 68: 937–955.
- Coltman, D.W., Slate, J. (2003). Microsatellite measures of inbreeding: a metaanalysis. *Evolution*, 57: 971–983.
- Constable, J.J., Packer, C., Collins, D.A., Pusey, A.E. (1995). Nuclear DNA from primate dung. *Nature*, 373: 393.
- Cooper, E.L., Scherer, R.C. (1967). Annual production of brook trout (*Salvelinus fontinalis*) in fertile and infertile streams of Pennsylvania. *Proceedings of the Pennsylvania Academy of Science*, 41: 65–70.
- Cortey, M., Pla, C., García-Marín, J.L. (2004). Historical biogeography of Mediterranean trout. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 33: 831–844.
- Cortey, M., Vera, M., Pla, C., García-Marín, J.-L. (2009). Northern and Southern expansions of Atlantic brown trout (*Salmo trutta*) populations during the Pleistocene. *Biological Journal of the Linnean Society*, 97: 904–917.
- Cowx, I.G. (1994). Stocking strategies. *Fisheries Management and Ecology*, 1: 15–30.
- Crespi, B.J., Fulton, M.J. (2004). Molecular systematics of Salmonidae: combined nuclear data yields a robust phylogeny. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 31: 658–679.

- Cresswell, R.C., Harris, G.S., Williams, R. (1984). Factors influencing the movements, recapture and survival of hatchery-reared trout released into flowing waters and their management implications. EIFAC Technical Paper (FAO).
- Crête-Lafrenière, A., Weir, L.K., Bernatchez, L. (2012). Framing the Salmonidae family phylogenetic portrait: a more complete picture from increased taxon sampling. PLoS ONE, 7: e46662.
- Crisp, T. (2000). Trout & salmon: ecology, conservation and rehabilitation. Wiley-Blackwell, Chichester.
- Cronquist, A. (1978). Once again, what is a species?. Beltsville Symposia in Agricultural Researches, 3: 3–20.
- D'Agaro, E., Gibertoni, P., Marroni, F., Messina, M., Tibaldi, E., Esposito, S. (2022). Genetic and phenotypic characteristics of the *Salmo trutta* complex in Italy. Applied Sciences, 12: 3219.
- Darriba, D., Taboada, G.L., Doallo, R., Posada, D. (2012). jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. Nature Methods, 9: 772.
- Dauwalter, D.C., Duchi, A., Epifanio, J., Gandolfi, A., Gresswell, R., Juanes, F., Kershner, J., Lobón-Cerviá, J., McGinnity, P., Meraner, A., Mikheev, P., Morita, K., Muhlfeld, C.C., Pinter, K., Post, J.R., Unfer, G., Vøllestad, L.A., Williams, J.E. (2020). A call for global action to conserve native trout in the 21st century and beyond. Ecology of Freshwater Fish, 29: 429–432.
- Davidson, A.D., Boyer, A.G., Kim, H., Pompa-Mansilla, S., Hamilton, M.J., Costa, D.P., Ceballos, G., Brown, J.H. (2012). Drivers and hotspots of extinction risk in marine mammals. Proceedings of the National Academy of Sciences, 109: 3395–3400.
- Davidson, W.S., Koop, B.F., Jones, S.J., Iturra, P., Vidal, R., Maass, A., Jonassen, I., Lien, S., Omholt, S.W. (2010). Sequencing the genome of the Atlantic salmon (*Salmo salar*). Genome biology, 11: 1–7.
- Delling, B. (2002). Morphological distinction of the marble trout, *Salmo marmoratus*, in comparison to marbled *Salmo trutta* from River Otra, Norway. Cybium, 26: 283–300.
- Delling, B. (2010). Diversity of western and southern Balkan trouts, with the description of a new species from the Louros River, Greece (Teleostei: Salmonidae). Ichthyological Exploration of Freshwaters, 21: 331–344.
- Demir, T., Westaway, R., Bridgland, D.R., Seyrek, A. (2007). Terrace staircases of the River Euphrates in southeast Turkey, northern Syria and western Iraq: evidence for regional surface uplift. Quaternary Science Reviews, 26: 2844–2863.
- Demir, T., Seyrek, A., Westaway, R., Bridgland, D., Beck, A. (2008). Late Cenozoic surface uplift revealed by incision by the River Euphrates at Birecik, southeast Turkey. Quaternary International, 186: 132–163.
- Dimitrijević, M. (1995). Geologija Jugoslavije. Geoinstitut, Beograd.

- Dorofeeva, E.A. (1989). The basic principles of classification and phylogeny of the salmonid fishes (Salmoniformes, Salmonoidei, Salmonidae). In: Korovina, V.M. (Ed), Biology and phylogeny of fishes. Proceedings of Zoological Institute, USSR Academy of Sciences, pp. 5–16.
- Dress, A.W., Huson, D.H. (2004). Constructing splits graphs. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 1: 109–115.
- Drummond, A.J., Ho, S.Y.W., Phillips, M.J., Rambaut, A. (2006). Relaxed phylogenetics and dating with confidence. *PLoS Biology*, 4: e88.
- Dudgeon, D., Arthington, A., Gessner, M., Kawabata, Z., Knowler, D., Levequ, C., Naiman, R., Prieur-Richard, A., Soto, D., Stiassny, M., Sullivan, C. (2006). Freshwater biodiversity: importance, threats, status and conservation challenges. *Biological Reviews*, 81: 163–182.
- Dudu, A., Popa, O., Georgescu, S.E., Dinischiotu, A., Costache, M. (2010). Molecular analysis of Romanian salmonid species based on *16S rRNA* and *12S rRNA* sequences. *Archiva Zootechnica*, 13: 30–40.
- Dudu, A., Georgescu, S.E., Popa, O., Dinischiotu, A., Costache, M. (2011). Mitochondrial *16S* and *12S rRNA* sequence analysis in four salmonid species from Romania. *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae*, 57: 233–246.
- Duftner, N., Weiss, S., Medgyesy, N., Sturmbauer, C. (2003). Enhanced phylogeographic information about Austrian brown trout populations derived from complete mitochondrial control region sequences. *Journal of Fish Biology*, 62: 427–435.
- Đuretanić, S. (2020). Filogenija, filogeografija i konzervacija vrste *Astacus astacus* (Decapoda, Astacidae) na području Balkanskog poluostrva. Doktorska disertacija, Prirodno-matematički fakultet, Univerzitet u Kragujevcu.
- Ellegren, H. (2000). Microsatellite mutations in the germline: implications for evolutionary inference. *Trends in Genetics*, 16: 551–558.
- Ellegren, H. (2004). Microsatellites: simple sequences with complex evolution. *Nature Reviews Genetics*, 5: 435–445.
- Elliott, J.M. (1994a). Quantitative ecology and the brown trout. Oxford Series in Ecology and Evolution. Oxford University Press, Oxford.
- Elliott, J.M. (1994b). Wild brown trout *Salmo trutta*: an important national and international resource. *Freshwater Biology*, 21: 1–5.
- Elliott, J.M. (1996). Quantitative ecology and the brown trout. Oxford University Press, Oxford, UK.
- 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. *Heredity*, 71: 488–496.

-
- Estoup, A., Jarne, P., Cornuet, J.M. (2002). Homoplasy and mutation model at microsatellite loci and their consequences for population genetics analysis. *Molecular Ecology*, 11: 1591–1604.
- Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14: 2611–2620.
- Faith, D.P., Reid, C.A.M., Hunter, J. (2004). Integrating phylogenetic diversity, complementarity, and endemism for conservation assessment. *Conservation Biology*, 18: 255–261.
- Fan, P., Fjeldså, J., Liu, X., Dong, Y., Chang, Y., Qu, Y., Song, G., Lei, F. (2021). An approach for estimating haplotype diversity from sequences with unequal lengths. *Methods in Ecology and Evolution*, 12: 1658–1667.
- Felip, A., Carrillo, M., Herráez, M.P., Zanuy, S., Basurco, B. (2009). Advances in fish reproduction and their application to broodstock management: a practical manual for sea bass. Zaragoza : CIHEAM / CSIC-IATS, pp. 29–33.
- Felsenstein, J. (1985). Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39: 783–791.
- Ferguson, A. (2007). Genetic impacts of stocking on indigenous brown trout populations. Environment Agency Science Report SC040071/SR. pp. 93.
- Ferguson, A., Mason, F.M. (1981). Allozyme evidence for reproductively isolated sympatric populations of brown trout *Salmo trutta* L. in Lough Melvin. Ireland. *Journal of Fish Biology*, 18: 629–642.
- Ferris, S.D., Berg, W.J. (1988). The utility of mitochondrial DNA in fish genetics and fishery management. In: Ryman, N. Utter, F. (Eds), *Population genetics and fishery management*. Washington press, Seattle, pp. 277–299.
- Fisher, O.D., Owens, P.F.I. (2004). The comparative method in conservation biology. *Trends in Ecology & Evolution*, 9: 391–338.
- Fleming, C.C. (1983). Population biology of anadromous brown trout (*Salmo trutta* L.) in Ireland and Britain. Queen’s University, Belfast, Doctoral Dissertation.
- Fletcher, C. (1958). *Brown trout around the world. The fisherman*. US.
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3: 294–299.
- Ford, M.J., Fuss, H., Boelts, B., LaHood, E., Hard, J., Miller, J. (2006). Changes in run timing and natural smolt production in a naturally spawning coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) population after 60 years of intensive hatchery supplementation. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 63: 2343–2355.
- Ford-Lloyd, G. (1996). *Measuring genetic variation using molecular markers*. University of Birmingham, Kevin Painting, IPGRI, Rome.

- Frank, B.M., Baret, P.V. (2013). Simulating brown trout demogenetics in a river/nursery brook system: The individual-based model DemGenTrout. *Ecological Modelling*, 248: 184–202.
- Frankel, O.H. (1974). Genetic conservation: our evolutionary responsibility. *Genetics*, 78: 53–65.
- Frankham, R., Briscoe, D.A., Ballou, J.D. (2002). *Introduction to conservation genetics*. Cambridge University Press.
- Frankham, R., Ballou, J.D., Eldridge, M.D., Lacy, R.C., Ralls, K., Dudash, M.R., Fenster, C. B. (2011). Predicting the probability of outbreeding depression. *Conservation Biology*, 25: 465–475.
- Fraser, DJ. (2008). How well can captive breeding programs conserve biodiversity? A review of salmonids. *Evolutionary Applications*, 1: 535–586.
- Freyhof, J. (2011). *Salmo trutta*. The IUCN Red List of Threatened Species 2011: e.T19861A9050312.
- Fricke, R., Eschmeyer, W., Fong, J.D. (2019). Catalog of fishes. <http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/SpeciesByFamily.as>.
- Froese, R., Pauly, D. (2021). FishBase, The Global Database of Fishes. World Wide Web electronic publication. www.fishbase.org.
- Frost, W.E., Brown, M.E. (1967). *The trout*. Collins, London.
- Fumagalli, L., Snoj, A., Jesenšek, D., Ballox, F., Jug, T., Duron, O., Brossier, F., Crivelli, A.J., Berrebi, P. (2002). Extreme genetic differentiation among the remnant populations of marble trout (*Salmo marmoratus*) in Slovenia. *Molecular Ecology*, 11: 2711–2716.
- Funk, W.C., McKay, J.K., Hohenlohe, P.A., Allendorf, F.W. (2012). Harnessing genomics for delineating conservation units. *Trends in Ecology & Evolution*, 27: 489–496.
- Gabrielyan, I., Gasparyan, B., Nahapetyan, S., Marjanyan, M., Pipoyan, S., Roiron, P., Chataigner, S., Ollivier, V., Bruch, A. (2004). The palaeoenvironment in the Vorotan river basin (Republic of Armenia) in Pliocene-Pleistocene (on Shamb subgroup localities of flora and fauna). *International Science Conference of Archaeology, Ethnology and Folklore of Caucasus*, Tbilisi, pp. 44–46.
- García-Marín, J.L., Utter, F., Pla, C. (1999). Postglacial colonization of brown trout in Europa based on distribution of allozyme variants. *Heredity*, 82: 46–56.
- Gavrilović, Lj, Dukić, D. (2002). *Reke Srbije, Zavod za udžbenike i nastavna sredstva*, Beograd.
- Georgijev, S.B. (2003). On the origin of the Balkan Peninsula salmonids. *Croatian Journal of Fisheries: Ribarstvo*, 61: 147–174.
- Gernhard, T. (2008). The conditioned reconstructed process. *Journal of Theoretical Biology*, 253: 769–778.

- Gibbard, P., Head, M. (2009). IUGS ratification of the Quaternary System/Period and the Pleistocene Series/Epoch with a base at 2.58 Ma. *Quaternaire*, 20: 411–412.
- Gibbard, P., Head, M., Walker, M. (2010). Formal ratification of the Quaternary System/Period and the Pleistocene Series/Epoch with a base at 2.58 Ma. *Journal of Quaternary Science*, 25: 96–102.
- Gillham, W.N. (1994). Organelle genome organization and gene content. V: Organelle genes and genomes. New York, Oxford University Press.
- Gilpin, M.E., Soulé, M.E. (1986). Minimum viable populations: processes of species extinction. In: Soulé, M.E. (Eds), *Conservation biology: the science of scarcity and diversity*. Sunderland, Mass: Sinauer. pp. 19–34.
- Giuffra, E., Bernatchez, L., Guyomard, R. (1994). Mitochondrial control region and protein coding genes sequence variation among phenotypic forms of brown trout *Salmo trutta* from northern Italy. *Molecular Ecology*, 3: 161–171.
- Goldstein, D.B., Schlötterer, C. (1999). *Microsatellites: evolution and applications*. New York, Oxford University Press.
- Gonçalves, H., Martínez-Solano, I., Pereira, R.J., Carvalho, B., García-París, M., Ferrand, N. (2009). High levels of population subdivision in a morphologically conserved Mediterranean toad (*Alytes cisternasii*) result from recent, multiple refugia: evidence from mtDNA, microsatellite and nuclear genealogies. *Molecular Ecology*, 18: 5143–5160.
- Gorjanović-Kramberger, D. (1891). Paleoihtiološki pilozii II. Rad Jugoslovenske Akademije Znanosti i Umjetnosti, Zagreb, 106, 59–129.
- Goudet, J. (2002). FSTAT version 2.9.3.2. A program to estimate and test gene diversities and fixation indices. Institute of Ecology, Lausanne, Switzerland.
- Gouin, N., Souty-Grosset, C., Bórquez, J., Bertin, A., Grandjean, F. (2011). Disentangling the impact of demographic factors on population differentiation of an endangered freshwater crayfish (*Austropotamobius pallipes*) using population density and microsatellite data. *Freshwater Biology*, 56: 2105–2118.
- Grant, W.S., Jasper, J., Bekkevold, D., Adkison, M. (2017). Responsible genetic approach to stock restoration, sea ranching and stock enhancement of marine fishes and invertebrates. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 27: 615–649.
- Gratton, P., Allegrucci, G., Sbordoni, V. (2008). Analisi genetica delle popolazioni di salmonidi del lago di Posta Fibreno. Atti della prima giornata di studio: Tutela e conservazione dell'ecosistema acquatico Lago di Posta Fibreno area SIC/ZPS IT6050015. Roma, pp. 82–95.
- Gratton, P., Allegrucci, G., Gandolfi, A., Sbordoni, V. (2013). Genetic differentiation and hybridization in two naturally occurring sympatric trout *Salmo* spp. forms from a small karstic lake. *Journal of Fish Biology*, 82: 637–657.

-
- Gratton, P., Allegrucci, G., Sbordoni, V., Gandolfi, A. (2014). The evolutionary jigsaw puzzle of the surviving trout (*Salmo trutta* L. complex) diversity in the Italian region. A multilocus Bayesian approach. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 79: 292–304.
- Gray, M.W., Burger, G., Lang, B.F. (1999). Mitochondrial evolution. *Science*, 283: 1476–1481.
- Griffiths, A.M., Bright, D., Stevens, J.R. (2009). Complete mitochondrial control region sequences indicate a distinct variety of brown trout *Salmo trutta* in the Aral Sea. *Journal of Fish Biology*, 74: 1136–1142.
- Guinand, B., Oral, M., Tougard, C. (2021). Brown trout phylogenetics: a persistent mirage towards (too) many species. *Journal of Fish Biology*, 99: 298–307.
- Guyomard, R., Krieg, F. (1986). Mise en évidence d'un flux génétique entre populations naturelles de truite fario et souche de repeuplement dans deux rivières de Corse. *Bulletin Français De La Pêche Et De La Pisciculture*, 303: 134–140.
- Haavie, J., Sætre, G.P., Moum, T. (2000). Discrepancies in population differentiation at microsatellites, mitochondrial DNA and plumage colour in the pied flycatcher—inferring evolutionary processes. *Molecular Ecology*, 1137–1148.
- Hagen, I.J., Jensen, A.J., Bolstad, G.H., Diserud, O.H., Hindar, K., Lo, H., Karlsson, S. (2019). Supplementary stocking selects for domesticated genotypes. *Nature Communications*, 10: 1–8.
- Halford, F.M. (1902). *Making a fishery*. Vintage & Co., London.
- Hall, M.A. (1998). Correaltion-based feature subset selection for machine learning. University of Waikato, Doctoral Dissertation.
- Hamilton, K.E., Ferguson, A., Taggart, J.B., Tomasson, T., Walker, A., Fahy, E. (1989). Post-glacial colonization of brown trout, *Salmo trutta* L.: *Ldh-5* as a phylogeographic marker locus. *Journal of Fish Biology*, 35: 651–664.
- Hansen, M.M., Loeschcke, V. (1996). Genetic differentiation among Danish brown trout populations, as detected RFLP analysis of PCR amplified mitochondrial DNA segments. *Journal of Fish Biology*, 48: 422–436.
- Hansen, M.M., Nielsen, E.E., Ruzzante, D.E., Bouza, C., Mensberg, K.L.D. (2000a). Genetic monitoring of supportive breeding in brown trout (*Salmo trutta* L.), using microsatellite DNA markers. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 57: 2130–2139.
- Hansen, M.M., Ruzzante, D.E., Nielsen, E.E., Mensberg, K.D. (2000b). Microsatellite and mitochondrial DNA polymorphism reveals life-history dependent interbreeding between hatchery trout and wild brown trout (*Salmo trutta* L.). *Molecular Ecology*, 9: 583–594.
- Hansen, M.M., Kenchington, E., Nielsen, E.E. (2001). Assigning individual fish to populations using microsatellite DNA markers. *Fish and Fisheries*, 2: 93–112.

- Hansen, M.M. (2002). Estimating the long-term effects of stocking domesticated trout into wild brown trout (*Salmo trutta*) populations: an approach using microsatellite DNA analysis of historical and contemporary samples. *Molecular Ecology*, 11: 1003–1015.
- Hansen, M.M., Jensen, L.F. (2005). Sibship within samples of brown trout (*Salmo trutta*) and implications for supportive breeding. *Conservation Genetics*, 6: 297–305.
- Hansen, T., Fjellidal, P.G., Lien, S., Smith, M., Corton, C., Oliver, K., Skelton, J., Betteridge, E., Doulcan, J., Fedrigo, O., Mountcastle, J., Jarvis, E., McCarthy, S.A., Chow, W., Howe, K., Torrance, J., Wood, J., Sims, Y., Haggerty, L., Challis, R., Threlfall, J., Mead, D., Durbin, R., Blaxter, M. (2021). The genome sequence of the brown trout, *Salmo trutta* Linnaeus 1758. *Wellcome Open Research*, 6: 108.
- Hari, R.E., Livingstone, D.M., Siber, R., Burkhardt-Holm, P., Guttinger, H. (2006). Consequences of climatic change for water temperature and brown trout populations in Alpine rivers and streams. *Global Change Biology*, 12: 10–26.
- Harris, G., Milner, N. (2007). *Sea trout: biology, conservation and management*. Wiley-Blackwell, Chichester.
- Harrison, R.G. (1989). Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. *Trends in Ecology and Evolution*, 4: 6–11.
- Hasegawa, M., Kishino, H., Yano, T.-a. (1985). Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*, 22: 160–174.
- Hashemzadeh Segherloo, I., Farahmand, H., Abdoli, A., Bernatchez, L., Primmer, C.R., Swatdipong, A., Karami, M., Khalili, B. (2012). Phylogenetic status of brown trout *Salmo trutta* populations in five rivers from the southern Caspian Sea and two inland lake basins, Iran: a morphogenetic approach. *Journal of Fish Biology*, 81: 1479–1500.
- Hashemzadeh Segherloo, I., Freyhof, J., Berrebi, P., Ferchaud, A.-L., Geiger, M., Laroche, J., Levin, B.A., Normandeau, E., Bernatchez, L. (2021). A genomic perspective on an old question: *Salmo* trouts or *Salmo trutta* (Teleostei: Salmonidae)?. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 162: 107204.
- Hayes, B., Sonesson, A.K., Gjerde, B. (2005). Evaluation of three strategies using DNA markers for traceability in aquaculture species. *Aquaculture*, 250: 70–81.
- Heacox, C.E. (1974). *The compleat brown trout*. Winchester Press, New York.
- Hedtke, S.M., Hillis, D.M. (2010). The potential role of androgenesis in cytoplasmic-nuclear phylogenetic discordance. *Systematic Biology*, 60: 87–96.
- Hendry, A.P., Stearns, S.C. (2003). *Evolution Illuminated: salmon and their relatives*. Oxford University Press, Oxford.
- Hermida, M., San Miguel, E., Bouza, C., Castro, J., Martínez, P. (2009). Morphological variation in a secondary contact between divergent lineages of brown trout (*Salmo trutta*) from the Iberian Peninsula. *Genetics and Molecular Biology*, 32: 42–50.
- Hewitt, G.M. (2004) The structure of biodiversity – insights from molecular phylogeography. *Frontiers in Zoology*, 1: 1–16.

- Hillis, D.M., Dixon, M.T. (1991). Ribosomal DNA: molecular evolution and phylogenetic inference. *The Quarterly Review of Biology*, 66: 411–453.
- Hoelzel, A.R., Hancock, J.M., Dover, G.A. (1991). Evolution of the cetacean mitochondrial D-loop region. *Molecular Biology and Evolution*, 8: 475–493.
- Horreo, J.L., Abad, D., Dopico, E., Oberlin, M., Garcia-Vazquez, E. (2015). Expansion of non-native brown trout in South Europe may be inadvertently driven by stocking: molecular and social survey in the North Iberian Narcea River. *International Journal of Molecular Sciences*, 16: 15546–15559.
- Horreo, J.L. (2017). Revisiting the mitogenomic phylogeny of Salmoninae: new insights thanks to recent sequencing advances. *PeerJ*, 5: e3828.
- Höss, M. (2000). Neanderthal population genetics. *Nature*, 404: 453–454.
- Hughes, L.C., Órti, G., Huang, Y., Sun, Y., Baldwin, C.C., Thompson, A.W., Arcila, D., Betancur-R, R., Li, C., Becker, L., Bellora, N., Zhao, X., Li, X., Wang, M., Fang, C., Xie, B., Zhou, Z., Huang, H., Chen, S., Venkatesh, B., Shi, Q. (2018). Comprehensive phylogeny of ray-finned fishes (Actinopterygii) based on transcriptomic and genomic data. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 115: 6249–6254.
- Hunt, P. C., Jones, J.W. (1972). The food of brown trout in Llyn Alaw, Anglesey, North Wales. *Journal of Fish Biology*, 4: 333–352.
- Hurst, C.D., Bartlett, S.E., Davison, W.S., Bruce, I.J. (1999). The complete mitochondrial DNA sequence of the Atlantic salmon, *Salmo salar*. *Gene*, 239: 237–242.
- Huson, D.H., Bryant, D. (2006). Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Molecular Biology and Evolution*, 23: 254–267.
- Hynes, R.A., Duke, E. J., Joyce, P. (1989). Mitochondrial DNA as a genetic marker for brown trout, *Salmo trutta* L., populations. *Journal of Fish Biology*, 35: 687–701.
- IPCC. (2023). Sections. In: Lee, H., Romero, J. (Eds), *Climate Change 2023: Synthesis Report. Contribution of working groups I, II and III to the sixth assessment report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*. IPCC, Geneva, Switzerland, pp. 35–115.
- IUCN (2022). The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2021–3. www.iucnredlist.org.
- Jadan, M., Čož-Rakovac, R., Tupić-Popović, N., Strunjak-Perović, I. (2007). Presence of unexpected phylogenetic lineages of brown trout *Salmo trutta* L. in Gacka River, Croatia. *Aquaculture Research*, 38: 1682–1685.
- Jadan, M., Strunjak-Perović, I., Topić Popović, N., Čož-Rakovac, R. (2015). Three major phylogenetic lineages of brown trout (*Salmo trutta* Linnaeus, 1758) in the Krka River system (Croatia) revealed by complete mitochondrial DNA control region sequencing. *Journal of Applied Ichthyology*, 1: 192–196.

- Jakovljević, M., Nikolić, M., Kojadinović, N., Đuretanović, S., Radenković, M., Veličković, T., Simić, V. (2023). Population characteristics of spiralin *Alburnoides bipunctatus* (Bloch, 1782) in Serbia (Central Balkans): implications for conservation. *Diversity*, 15: 616.
- Janes, J.K., Miller, J.M., Dupuis, J.R., Malenfant, R.M., Gorrell, J.C., Cullingham, C.I., Andrew, R.L. (2017). The K= 2 conundrum. *Molecular Ecology*, 26: 3594–3602.
- Janković, D. (1963). Blatnjača iz Plavskog jezera. *Archives of Biological Sciences*, 15: 1–2.
- Janković, D., Simić, V., Anđelković, D. (2005). Srednjoročni plan za unapređenje ribarstva Nacionalnog parka Kopaonik. JP „Nacionalni park Kopaonik“.
- Jarne, P., Lagoda, P.J.L. (1996). Microsatellites, from molecules to populations and back. *Trends in Ecology and Evolution*, 11: 424–429.
- Jevtić, J. (1989). Ribarstvo. Praktikum. Naučna knjiga, Beograd.
- Jones, A.G., Small, C.M., Paczolt, K.A., Ratterman, N.L. (2009). A practical guide to methods of parentage analysis. *Molecular Ecology Resources*, 10: 6–30.
- Jones, O.R., Wang, J. (2010). COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources*, 10: 551–555.
- Jonsson, B., Jonsson, N. (2011). Ecology of Atlantic salmon and brown trout: habitat as a template for life histories. Springer, New York.
- Jug, T. (2002). Genetska raznolikost soške postrvi (*Salmo marmoratus*) v Sloveniji. Medicinska fakulteta, Univerza v Ljubljani, Magistrski rad.
- Jug T., Berrebi P., Snoj A. (2005). Distribution of nonnative trout in Slovenia and their introgression with native trout populations as observed through microsatellite DNA analysis. *Biological Conservation*, 123: 381–388.
- Kahilainen, K., Lehtonen, H. (2002). Brown trout (*Salmo trutta* L.) and Arctic charr (*Salvelinus alpinus* (L.)) as predators on three sympatric whitefish (*Coregonus lavaretus* (L.)) forms in the subarctic Lake Muddusjärvi. *Ecology of Freshwater Fish*, 11: 158–167.
- Kanjuh T. (2023). Genetic diversity of brown trout (*Salmo trutta* L., 1758) of the Danube basin on the territory of Croatia. International dual doctorate (Cotutelle). [srp. Genetička struktura populacija potočne pastrmke (*Salmo trutta* L., 1758) u dunavskom sliivu Hrvatske. Internacionalni dualni doktorat (Kotutel)]. Univerzitet u Beogradu, Biološki fakultet i Sveučilište u Zagrebu, Agronomski fakultet.
- Kanjuh, T., Marić, A., Piria, M., Špelić, I., Maguire, I., Simonović, P. (2020). Diversity of brown trout, *Salmo trutta* (Actinopterygii: Salmoniformes: Salmonidae), in the Danube River basin of Croatia revealed by mitochondrial DNA. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*, 50: 291–300.
- Kanjuh, T., Tomić, S., Marić, A., Škraba Jurlina, D., Nikolić, V., Simonović, P. (2021). Trout *Salmo* spp. (Salmoniformes: Salmonidae) molecular diversity in streams on the

- southern slopes of the Stara Planina Mts. in Serbia. *Acta Zoologica Bulgarica*, 7: 425–429.
- Keeley, E. (2019). Origins, species diversity, and ecological diversification in trout and char. *Trout and char of the world*, pp. 15–39.
- Keller, I., Taverna, A., Seehausen, O. (2010). A pyrosequencing assay for the rapid discrimination of mitochondrial lineages in the *Salmo trutta* species complex. *Molecular Ecology Resources*, 11: 196–199.
- Kendall, A.W., Behnke, R.J. (1984). Salmonidae: Development and relationships. In: Moser, W.J.R.H.G., Cohen, D.M., Fahay, M.P., Kendall, A.W. Jr., Richardson, S.L. (Eds), *Ontogeny and systematics of fishes*. American Society of Ichthyologists and Herpetologists, Special Publication 1. Lawrence, Kansas: Allen Press. pp. 142–149.
- Khondkarian, S.O., Shcherba, I.G., Popov, S.V. (2004a). Map 9: Latest Miocene (Late Messinian, Early Pontian - Late Pannonian). In: Popov, S.V., Rögl, F., Rozanov, A.Y., Steininger, F.F., Shcherba, I.G., Kovac, M. (Eds), *Lithological-Paleogeographic maps of Paratethys 10 maps Late Eocene to Pliocene*. Courier Forschungsinstitut Senckenberg, 250: 35–37.
- Khondkarian, S.O., Paramonova, N.P., Shcherba, I.G. (2004b). Map 10: Middle Late Pliocene (Piacentian - Gelasian, Late Romanian, Akchagilian). In: Popov, S.V., Rögl, F., Rozanov, A.Y., Steininger, F.F., Shcherba, I.G., Kovac, M. (Eds), *Lithological-Paleogeographic maps of Paratethys 10 maps Late Eocene to Pliocene*. Courier Forschungsinstitut Senckenberg, 250: 3–4.
- King, T.L., Eackles, M.S., Letcher, B.H. (2005). Microsatellite DNA markers for the study of Atlantic salmon (*Salmo salar*) kinship, population structure, and mixed-fishery analysis. *Molecular Ecology Notes*, 5: 130–132.
- Klemetsen, A., Amundsen, P.A., Dempson, J.B., Jonsson, B., Jonsson, N., O'Connell, M.F., Mortensen, E. (2003). Atlantic salmon *Salmo salar* L., brown trout *Salmo trutta* L. and Arctic charr *Salvelinus alpinus* (L.): a review of aspects of their life histories. *Ecology of Freshwater Fish*, 12: 1–59.
- Klobučar, G.I., Podnar, M., Jelić, M., Franjević, D., Faller, M., Štambuk, A., Gottstein, S., Simić V., Maguire, I. (2013). Role of the Dinaric Karst (western Balkans) in shaping the phylogeographic structure of the threatened crayfish *Austropotamobius torrentium*. *Freshwater Biology*, 58: 1089–1105.
- Klütsch, C.F., Laikre, L. (2021). Closing the conservation genetics gap: integrating genetic knowledge in conservation management to ensure evolutionary potential. In: Ferreira, C.C., Klütsch, C.F. (Eds), *Closing the knowledge-implementation gap in conservation science*, Springer, Cham, pp. 51–82.
- Knežević-Đorđević, V., Krstić, B. (1996). *Terane Srbije*. Univerzitet u Beogradu, Srpska akademija nauka i umetnosti, Beograd.
- Koehl, M.A.R. (1996). When does morphology matter?. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 27: 501–542.

- Kohout, J. (2013). Population genetic structure of brown trout as groundwork for efficient management of fisheries in central European salmonid waters. University of South Bohemia in České Budějovice. Faculty of Fisheries and Protection of Waters, Doctoral Dissertation.
- Kohout, J., Jašková, I., Papoušek, I., Šedivá, A., Šlechta, V. (2012). Effects of stocking on the genetic structure of brown trout, *Salmo trutta*, in Central Europe inferred from mitochondrial and nuclear DNA markers. *Fisheries Management and Ecology*, 19: 252–263.
- Kohout, J., Šedivá, A., Apostolou, A., Stefanov, T., Marić, S., Gaffaroğlu, M., Šlechta, V. (2013). Genetic diversity and phylogenetic origin of brown trout *Salmo trutta* populations in eastern Balkans. *Biologia*, 68: 1229–1237.
- Kojadinović, N. (2021). Mogućnost konzervacije fragmentisanih populacija riba na primeru potočne mreže (*Barbus balcanicus* Kotlík, Tsigenopoulos, Ráb and Berrebi, 2002). Doktorska disertacija, Prirodno-matematički fakultet, Univerzitet u Kragujevcu.
- Kolesnikov, A.A., Gerasimov, E.S. (2012). Diversity of mitochondrial genome organization. *Biochemistry*, 77: 1424–1435.
- Koop, B.F., Von Schalburg, K.R., Leong, J., Walker, N., Lieph, R., Cooper, G.A., Robb, A., Beetz-Sargent, M., Holt, R.A., Moore, R., Brahmabhatt, S., Rosner, J., Rexroad C.E., McGowan, C.R., Davidson, W.S. (2008). A salmonid EST genomic study: genes, duplications, phylogeny and microarrays. *BMC Genomics*, 9: 545.
- Kottelat, M., Freyhof, J. (2007). Handbook of European freshwater fishes. Publications Kottelat.
- Kovach, R.P., Muhlfeld, C.C., Al-Chokhachy, R., Dunham, J.B., Letcher, B.H., Kershner, J.L. (2016). Impacts of climatic variation on trout: a global synthesis and path forward. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 26: 135–151.
- Kovach, R., Jonsson, B., Jonsson, N., Arismendi, I., Williams, J., Kershner, J., Al-Chokhachy, R., Letcher, B., Muhlfeld, C. (2019). Climate change and the future of trout and char. *Trout and char of the world*, pp. 685–716.
- Krézsek, C., Olariu, C. (2021). Filling of sedimentary basins and the birth of large rivers: the lower Danube network in the Dacian Basin, Romania. *Global and Planetary Change*, 197: 103391.
- Krishnamurthy, P.K., Francis, R.A. (2012). A critical review on the utility of DNA barcoding in biodiversity conservation. *Biodiversity and Conservation*, 21: 1901–1919.
- Kryštufek, B., Reed, J.M. (2004). Pattern and process in Balkan biodiversity – an overview. In: Griffiths, H.I., Kryštufek, B., Reed, J.M. (Eds), *Balkan biodiversity pattern and process in the European hotspot*. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, pp. 203–217.
- Kwak, T.J., Waters, T.F. (1997). Trout production dynamics and water quality in Minnesota streams. *Transactions of the American Fisheries Society*, 126: 35–48.

- Lagercrantz, U., Ellegren, H., Andersson, L. (1993). The abundance of various polymorphic microsatellite motifs differs between plants and vertebrates. *Nucleic Acids Research*, 21: 1111–1115.
- Lahnsteiner F., Berger B., Horvath A., Urbanyi B., Weismann T. (2000). Cryopreservation of spermatozoa in cyprinid fishes. *Theriogenology*, 54: 1477–1496.
- Lahnsteiner, F., Jagsch, A. (2005). Changes in phenotype and genotype of Austrian *Salmo trutta* populations during the last century. *Environmental Biology of Fishes*, 74: 51–65.
- Laikre, L., Ryman, N. (1996). Effects on intraspecific biodiversity from harvesting and enhancing natural populations. *Ambio*, 25: 504–509.
- Laikre, L., Antunes, A., Apostolidis, A., Berrebi, P., Dugid, A., Ferguson, A., García-Marín, J.L., Guyomard, R., Hansen, M.M., Hindar, K., Koljonen, M.L., Largiader, C., Martínez, P., Nielsen, E.E., Palm, S., Ruzzante, D.E., Ryman, N., Triantaphyllidis, C. (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. Silkeborg, Danmarks fiskeri undersrgelser.
- Langella, O. (2015). Populations 1.2.32. Population Genetic Software. Gif-sur-Yvette, France: Laboratoire Evolution, Génomes et Spéciation.
- Larsson, A. (2014). AliView: a fast and lightweight alignment viewer and editor for large datasets. *Bioinformatics*, 30: 3276–3278.
- Le Cren, E.D. (1972). Fish production in freshwaters. *Symposia of the Zoological Society of London*, 29: 115–133.
- Lecaudey, L., Schlieven, U., Osinov, A., Taylor, E., Bernatchez, L., Weiss, S. (2018). Inferring phylogenetic structure, hybridization and divergence times within Salmoninae (Teleostei: Salmonidae) using RAD-sequencing. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 124: 82–99.
- Lee, D.S., Gilbert, C.R., Hocutt, C.H., Jenkins, R.E., McAllister, D.E., Stauffer, Jr. J.R. (1980). Atlas of North American freshwater fishes. North Carolina Museum of Natural History, Raleigh.
- Legendre, P., Gallagher, E.D. (2010). Ecologically meaningful transformations for ordination of species data. *Oecologia*, 129: 271–280.
- Legendre, V. (1980). Les Ager Géologiques et Quelques Uns de Leurs Vivants d'après les Fossils; M.L.C.P., Service de l'Aménagement et de l'Exploitation de la Faune: Montreal, QC, Canada.
- Leigh, J.W., Bryant, D. (2015). PopART: full-feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution*, 6: 1110–1116.
- Leitwein, M., Gagnaire, P.-A., Desmarais, E., Guendouz, S., Rohmer, M., Berrebi, P., Guinand, B. (2016). Genome-wide nucleotide diversity of hatchery-reared Atlantic

- and Mediterranean strains of brown trout *Salmo trutta* compared to wild Mediterranean populations. *Journal of Fish Biology*, 89: 2717–2734.
- Leitwein, M., Guinand, B., Pouzadoux, J., Desmarais, E., Berrebi, P., Gagnaire, P.-A. (2018). A dense brown trout (*Salmo trutta*) linkage map reveals recent chromosomal rearrangements in the *Salmo* genus and the impact of selection on linked neutral diversity. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 7: 1365–1376.
- Lelek, A. (1987). The freshwater fishes of Europe, Threatened fishes of Europe. Aula-Verlag, Wiesbaden, 9: 1–343.
- Lenhardt, M., Marković, G., Hegediš, A., Maletin, S., Ćirković, M., Marković, Z. (2011). Non-native and translocated fish species in Serbia and their impact on the native ichthyofauna. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 21: 407–421.
- Lenhardt, M., Smederevac-Lalić, M., Hegediš, A., Skorić, S., Cvijanović, G., Višnjić-Jeftić, Ž., Đikanović, V, Jovičić, K., Jaćimović, M., Jarić, I. (2020). Human impacts on fish fauna in the Danube River in Serbia: current status and ecological implications. In: Bănăduc, D., Curtean-Bănăduc, A., Pedrotti, F., Cianfaglione, K., Akeroyd J.R. (Eds), *Human impact on Danube watershed biodiversity in the XXI century*. Springer, Cham. pp. 257–279.
- Lerceteau-Köhler, E., Weiss, S. (2006). Development of multiplex PCR microsatellite assay in brown trout *Salmo trutta*, and its potential application for the genus. *Aquaculture*, 258: 641–645.
- Levin, B., Simonov, E., Rastorguev, S., Boulygina, E., Sharko, F., Tsygankova, S., Gabrielyan, B., Roubeyan, H., Mayden, R., Nedoluzhko, A. (2018). High-throughput sequencing of the mitochondrial genomes from archived fish scales: an example of the endangered putative species flock of Sevan trout *Salmo ischchan*. *Hydrobiologia*, 822: 217–228.
- Levin, B., Simonov, E., Gabrielyan, B.K., Mayden, R.L., Rastorguev, S.M., Roubenyan, H.R., Sharko, F.S., Nedoluzhko, A.V. (2022). Caucasian treasure: genomics sheds light on the evolution of half-extinct Sevan trout, *Salmo ischchan*, species flock. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 167: 107346.
- Lewin, B. (2000). *Gene VII*. New York, Oxford University Press.
- Lewis, P.O., Zaykin, D. (2001). Genetic Data Analysis: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d16c). <http://www.softsea.com/download/GDA-Genetic-Data-Analysis.html>
- Li, F., Sun, Y., Chen, J., Jiang, X., Zou, S. (2016). The complete mitochondrial genome of *Salmo trutta fario* Linnaeus (Salmoniformes, Salmoninae). *Mitochondrial DNA Part B*, 1: 491–492.
- Li, J., Xia, R., McDowall, R.M., López, J.A., Lei, G., Fu, C. (2010). Phylogenetic position of the enigmatic *Lepidogalaxias salamandroides* with comment on the orders of lower euteleostean fishes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 57: 932–936.
- Li, W.H. (1997). *Molecular evolution*. Sunderland, Sinauer Associates.

- Lien, S., Koop, B.F., Sandve, S.R., Miller, J.R., Kent, M.P., Nome, T., Hvidsten, T.R., Leong, J.S., Minkley, D.R., Zimin, A., Grammes, F., Grove, H., Gjuvslund, A., Walenz, B., Hermansen, R.A., von Schalburg, K., Rondeau, E.B., Di Genova, A., Samy, J.K.A., Olav Vik, J., Vigeland, M.D., Caler, L., Grimholt, U., Jentoft, S., Inge Våge, D., De Jong, P., Moen, T., Baranski, M., Palti, Y., Smith, D.R., Yorke, J.A., Nederbragt, A.J., Tooming-Klunderud, A., Jakobsen, K.S., Jiang, X., Fan, D., Hu, Y., Liberles, D.A., Vidal, R., Iturra, P., Jones, S.J.M., Jonassen, I., Maass, A., Omholt, S.W., Davidson, W.S. (2016). The Atlantic salmon genome provides insights into rediploidization. *Nature*, 533: 200–205.
- Linnaeus, C. (1758). *Systema natura*. Salvius, Holmiae.
- Liu, Z.J., Cordes, J.F. (2004). DNA marker technologies and their applications in aquaculture mackerel. *Marine Biotechnology*, 7: 571–575.
- Lo Brutto, S., Hristovski, N., Arculeo, M. (2010). Genetic divergence between morphological forms of brown trout *Salmo trutta* L. in the Balkan region of Macedonia. *Journal of Fish Biology*, 76: 1220–1227.
- Lobón-Cerviá, J. (2018). Introduction: princess of the streams: the brown trout *Salmo trutta* L. as aquatic royalty. In: Lobón-Cerviá, J., Sanz, N. (Eds), *Brown trout: biology, ecology and management*. Wiley, New York, pp. 17–63.
- Ludwig, A. (2006). A sturgeon view on conservation genetics. *European Journal of Wildlife Research*, 52: 3–8.
- Lukoscsek, V., Keogh, J.S., Avise, J.C. (2012). Evaluating fossil calibrations for dating phylogenies in light of rates of molecular evolution: a comparison of three approaches. *Systematic Biology*, 61: 22–43.
- MacCrimmon, H.R., Marshall, T.L. (1968). World distribution of brown trout, *Salmo trutta*. *Journal of the Fisheries Board of Canada*, 25: 2527–2548.
- MacCrimmon, H.R., Marshall, T.L., Gots, B.L. (1970). World distribution of brown trout, *Salmo trutta*: further observations. *Journal of the Fisheries Board of Canada*, 27: 811–818.
- Machordom, A., Suarez, J., Almodovar, A., Bautista, J.M. (2000). Mitochondrial haplotype variation and phylogeography of Iberian brown trout populations. *Molecular Ecology*, 9: 1324–1338.
- Macqueen, D.J., Johnston, I.A. (2014). A well-constrained estimate for the timing of the salmonid whole genome duplication reveals major decoupling from species diversification. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 281: 20132881.
- Maitland, P.S. (1995). The conservation of freshwater fish: past and present experience. *Biological Conservation*, 72: 259–270.
- Maitland, P.S. (2004). Ireland's most threatened and rare freshwater fish: an international perspective on fish conservation. In *Biology and Environment: Proceedings of the Royal Irish Academy*, 104: 5–16.

- Maksimović, Z. (2015). Konzervacija i usmereno korišćenje genofonda crne topole (*Populus nigra* L.) na području Velikog ratnog ostrva. Doktorska disertacija, Šumarski fakultet, Univerzitet u Beogradu.
- Mann, R.H.K., Penczak, T. (1986). Fish production in rivers: a review. *Polskie Archiwum Hydrobiologii*, 33: 233–247.
- Marić, A., Srećković Batočanin, D., Škraba Jurlina, D., Brkušanić, M., Karanović, J., Kanjuh, T., Nikolić, V., Mrdak, D., Simonović, P. (2023b). A treatise about reliability in dating events of evolutionary history of brown trout *Salmo* cf. *trutta* (Actinopterygii) at Western Balkans: Impassable barriers, isolation of populations and assistance of geological timeframe. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*, 53: 1–18.
- Marić, S. (2005). Evolucijska istorija kompleksa potočne pastrmke *Salmo trutta* L. 1758 na području Republike Srbije i značaj za ribarstvo. Doktorska disertacija, Biološki fakultet, Univerzitet u Beogradu.
- Marić, S., Hegediš, A., Nikolić, V., Simonović, P. (2004). Conservation status of two eastern Balkan endemic fish species in Serbia and a proposal for their protection. *Acta Zoologica Bulgarica*, 56: 213–222.
- Marić, S., Snoj, A., Nikolić, V., Simonović, P. (2006a). Genetic differentiation of trout (*Salmo* spp.) populations in Serbia ascertained using RFLP technique on PCR amplified control region of mitochondrial DNA. *Acta Veterinaria*, 56: 423–430.
- Marić, S., Sušnik, S., Simonović, P., Snoj, A. (2006b). Phylogeographic study of brown trout from Serbia, based on mitochondrial DNA control region analysis. *Genetics Selection Evolution*, 38: 1–20.
- Marić, S., Simonović, P., Razpet, A. (2010). Genetic characterization of broodstock brown trout from Bled fish-farm, Slovenia. *Periodicum Biologorum*, 112: 145–148.
- Marić, S., Nikolić, V., Tošić, A., Simonović, P. (2012). Record of the brown trout *Salmo trutta* L., 1758 in the main riverbed of the Serbian part of the Danube River. *Journal of Applied Ichthyology*, 28: 135–137.
- Marić, S., Askeyev, O., Askeyev, A., Monakhov, S., Yanybaev, N., Askeyev, I., Galimova, D., Snoj, A. (2016). Lack of mtDNA variation among remote middle Volga and upper Ural brown trout suggests recent and rapid recolonization. *Journal of Applied Ichthyology*, 32: 948–953.
- Marić, S., Sušnik Bajec, S., Schöffmann, J., Kostov, V., Snoj, A. (2017a). Phylogeography of stream-dwelling trout in the Republic of Macedonia and a molecular genetic basis for revision of the taxonomy proposed by S. Karaman. *Hydrobiologia*, 785: 249–260.
- Marić, S., Stanković, D., Wanzenböck, J., Šanda, R., Erős, T., Takács, P., Specziár, A., Sekulić, N., Bănăduc, D., Čaleta, M., Trombitsky, I., Galambos, L., Sipos, S., Snoj, A. (2017b). Phylogeography and population genetics of the European mudminnow (*Umbra krameri*) with a time-calibrated phylogeny for the family Umbridae. *Hydrobiologia*, 792: 151–168.

- Marić, S., Stanković, D., Šanda, R., Čaleta, M., Čolić, S., Šukalo, G., Snoj, A. (2019). Genetic characterisation of European mudminnow (*Umbra krameri*) populations from the Sava River system. *Knowledge & Management of Aquatic Ecosystems*, 420: 46.
- Marić, S., Stanković, D., Sušnik Bajec, S., Vukić, J., Šanda, R., Stefanov, T., Nikolić, D., Snoj, A. (2022). Perils of brown trout (*Salmo* spp.) mitigation-driven translocations: a case study from the Vlasina Plateau, Southeast Serbia. *Biological Invasions*, 24: 999–1016.
- Marić, S., Jović, J., Sušnik Bajec, S., Toševski, I., Stanković, D. (2023a). Molekularna sistematika – odabrane oblasti. Univerzitet u Beogradu, Biološki fakultet.
- Marković, Z. (2022). Aquaculture in Serbia. *Veterinarski Glasnik*, 76: 168–175.
- Marshall, D.R., Brown, A.D.H. (1975). Optimum sampling strategies in genetic observation. In: Frankel, O.H., Hawkes, J.G. (Eds), *Group genetic resources for today and tomorrow*. Cambridge: Cambridge University Press, pp. 53–80.
- Martínez, P., Bouza, C., Castro, J., Hermida, M., Pardo, B.G., Sánchez, L. (2007). Analysis of a secondary contact between divergent lineages of brown trout *Salmo trutta* L. from Duero basin using microsatellites and mtDNA RFLPs. *Journal of Fish Biology*, 71: 195–213.
- Martínez-Páramo, S., Horváth, Á., Labbé, C., Zhang, T., Robles, V., Herráez, P., Suquet, M., Adams, S., Viveiros, A., Tiersch, T.R., Cabrita, E. (2017). Cryobanking of aquatic species. *Aquaculture*, 472: 156–177.
- Marzano, F.N., Corradi, N., Papa, R., Tagliavini, J., Gandolfi, G. (2003). Molecular evidence for introgression and loss of genetic variability in *Salmo (trutta) macrostigma* as a result of massive restocking of Apennine populations (Northern and Central Italy). *Environmental Biology of Fishes*, 68: 349–356.
- Matoshko, A., Matoshko, A., de Leeuw, A. (2019). The Plio–Pleistocene demise of the East Carpathian foreland fluvial system and arrival of the paleo-Danube to the Black Sea. *Geologica Carpathica*, 70: 91–112.
- Matveev, V., Nishihara, H., Okada, N. (2007). Novel SINE families from salmonids validate *Parahucho* (Salmonidae) as a distinct genus and give evidence that SINEs can incorporate LINE-related 3'-tails of other SINEs. *Molecular Biology and Evolution*, 24: 1656–1666.
- Mau, B., Newton, M.A. (1997). Phylogenetic inference for binary data on dendrograms using Markov Chain Monte Carlo. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 6: 122–131.
- McDowall, R.M., Paxton, J.R., Eschmeyer, W.N. (1998). Salmonids and their allies. In: Paxton JR, Eschmeyer WN (Eds), *Encyclopedia of fishes*. Academic Press, San Diego, California, pp. 113–117.
- McKeown, N.J., Hynes, R.A., Duguid, R.A., Ferguson, A., Prodöhl, P.A. (2010). Phylogeographic structure of brown trout *Salmo trutta* in Britain and Ireland: glacial

- refugia, postglacial colonization and origins of sympatric populations. *Journal of Fish Biology*, 76: 319–347.
- McLean, J.E., Seamons, T.R., Dauer, M.B., Bentzen, P., Quinn, T.P. (2008). Variation in reproductive success and effective number of breeders in a hatchery population of steelhead trout (*Oncorhynchus mykiss*): examination by microsatellite-based parentage analysis. *Conservation Genetics*, 9: 295–304.
- McMeel, O.M., Hoey, E.M., Ferguson, A. (2001). Partial nucleotide sequences, and routine typing by polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism, of the brown trout (*Salmo trutta*) lactate dehydrogenase, *LDHC1*90* and **100* alleles. *Molecular Ecology*, 10: 29–34.
- Meffe, G.K. (1986). Conservation genetics and the management of endangered fishes. *Fisheries*, 11: 14–23.
- Meier, K., Hansen, M.M., Bekkevold, D., Skaala, Ø., Mensberg, K.D. (2011). An assessment of the spatial scale of local adaptation in brown trout (*Salmo trutta* L.): footprints of selection at microsatellite DNA loci. *Heredity*, 106: 488–499.
- Meldgaard, T., Crivelli, A.J., Jesensek, D., Poizat, G., Rubin, J.F., Berrebi, P. (2007). Hybridization mechanisms between the endangered marble trout (*Salmo marmoratus*) and the brown trout (*Salmo trutta*) as revealed by in-stream experiments. *Biological Conservation*, 136: 602–611.
- Meraner, A., Baric, S., Pelster, B., Via, J.D. (2007). Trout (*Salmo trutta*) mitochondrial DNA polymorphism in the centre of the marble trout distribution area. *Hydrobiologia*, 579: 337–349.
- Meraner, A., Gratton, P., Baraldi, F., Gandolfi, A. (2013). Nothing but a trace left? Autochthony and conservation status of Northern Adriatic *Salmo trutta* inferred from PCR multiplexing, mtDNA control region sequencing and microsatellite analysis. *Hydrobiologia*, 702: 201–213.
- Meyer, A. (1993). Evolution of mitochondrial DNA in fishes. In: Hochachka, P.W., Mommsen, T.P. (Eds), *Biochemistry and Molecular Biology of Fishes*, Elsevier, Amsterdam, 2: 1–38.
- Mijović-Magdić, J. (2007). Savremeni status mladice, *Hucho hucho* (Linnaeus, 1758), u vodama Srbije i mogućnost kontrolisanog mresta i gajenja mladji. Doktorska disertacija, Poljoprivredni fakultet, Univerzitet u Novom Sadu.
- Milankov, V. (2007). Osnove konzervacione biologije I. Prirodno-matematički fakultet, Novi Sad.
- Miller, M.A., Pfeiffer, W., Schwartz, T. (2010). Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees. *Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop (GCE)*, 1–8.
- Mills, D. (1971). *Salmon and Trout: A Resource, its Ecology, Conservation and Management*. Edinburgh: Oliver and Boyd.

- Milošević, Dj., Medeiros, A., Stojković-Piperac, M., Cvijanović, D., Soininen, J., Milosavljević, A., Predić, B. (2022). The application of Uniform Manifold Approximation and Projection (UMAP) for unconstrained ordination and classification of biological indicators in aquatic ecology. *Science of the Total Environment*, 815: 152365.
- Mobrand, L.E., Barr, J., Blankenship, L., Campton, D.E., Evelyn, T.T., Flagg, T.A., Mahnken, C.V., Seeb, L.W., Seidel, P.R., Smoker, W.W. (2005). Hatchery reform in Washington State: principles and emerging issues. *Fisheries*, 30: 11–23.
- Montori, A., Tierno De Figueroa, J.M., Santos, X. (2006). The diet of the brown trout *Salmo trutta* (L.) during the reproductive period: size-related and sexual effects. *International review of Hydrobiology*, 91: 438–450.
- Morán, P. (2002). Current conservation genetics: building an ecological approach to the synthesis of molecular and quantitative genetic methods. *Ecology of Freshwater Fish*, 11: 30–55.
- Morán, P., Pendás, A.M., García Vázquez, E., Izquierdo, J. (1991). Failure of a stocking policy, of hatchery reared brown trout, *Salmo trutta* L., in Asturias, Spain, detected using *LDH-5** as a genetic marker. *Journal of Fish Biology*, 39: 117–121.
- Moritz, C. (1994). Defining evolutionarily significant units for conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 9: 373–375.
- Moritz, C. (1999). Conservation units and translocations: strategies for conserving evolutionary processes. *Hereditas*, 130: 217–228.
- Mrdak, D. (2011). Pastrmke (*Salmo* L., 1758) rijeka Crne Gore – diverzitet, taksonomski status i filogenetski odnosi. Doktorska disertacija, Biološki fakultet, Univerzitet u Beogradu.
- Muhlfeld, C.C., Dauwalter, D.C., Kovach, R.P., Kershner, J.L., Williams, J.E., Epifanio, J. (2018). Trout in hot water: a call for global action. *Science*, 360: 866–867.
- Muhlfeld, C.C., Dauwalter, D.C., D'Angelo, V.S., Ferguson, A., Giersch, J.J., Impson, D., Koizumi, I., Kovach, R., McGinnity, P., Schöffmann, J., Vøllestad, L.A., Epifanio, J. (2019). Global status of trout and char: conservation challenges in the twenty-first century. *Trout and char of the world*, pp. 717–760.
- Müller, K. (2005). SeqState - primer design and sequence statistics for phylogenetic DNA data sets. *Applied Bioinformatics*, 4: 65–69.
- Myers, B.J., Dolloff, C.A., Webster, J.R., Nislow, K.H., Fair, B., Rypel, A.L. (2018). Fish assemblage production estimates in Appalachian streams across a latitudinal and temperature gradient. *Ecology of Freshwater Fish*, 27: 363–377.
- Near, T.J., Eytan, R.I., Dornburg, A., Kuhn, K.L., Moore, J.A., Davis, M.P., Wainwright, P.C., Friedman, M., Smith, W.L. (2012). Resolution of ray-finned fish phylogeny and timing of diversification. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109: 13698–13703.

- Nedoluzhko, A.V., Rastorguev, S.M., Simonov, E., Boulygina, E.S., Sharko, F.S., Tsygankova, S.V., Gabrielyan, B.K., Roubenyan H.R., Levin, B.A. (2018). Two complete mitochondrial genomes of extinct form of the Sevan trout *Salmo ischchan danilewskii*. *Mitochondrial DNA B*, 3: 40–41.
- Nei, M. (1987). *Molecular evolutionary genetics*. Columbia University Press, New York.
- Nei, M., Tajima, F. (1981). DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases. *Genetics*, 105: 207–217.
- Nelson, J.S. (2006). *Fishes of the world*. 4th edition. Wiley, Hoboken, New Jersey.
- Nelson, J.S., Grande, T.C., Wilson, M.V.H. (2016). *Fishes of the world*. 5th edition. John Wiley and Sons, Hoboken.
- Neubauer, T.A., Harzhauser, M., Kroh, A., Georgopoulou, E., Mandic, O. (2015). A gastropod-based biogeographic scheme for the European Neogene freshwater systems. *Earth-Science Reviews*, 143: 98–116.
- Nevoux, M., Finstad, B., Davidsen, J.G., Finlay, R., Josset, Q., Poole, R., Höjesjö, J., Aarestrup, K., Persson, L., Tolvanen, O., Jonsson, B. (2019). Environmental influences on life history strategies in partially anadromous brown trout (*Salmo trutta*, Salmonidae). *Fish and Fisheries*, 20: 1051–1082.
- Ngoc-Thuy, H., Freytag, S., Bickeboeller, H. (2014). Coverage and efficiency in current SNP chips. *European Journal of Human Genetics*, 22: 1124–1130.
- Ninua, L., Tarkhnishvili, D., Gvazava, E. (2018). Phylogeography and taxonomic status of trout and salmon from the Ponto-Caspian drainages, with inferences on European Brown Trout evolution and taxonomy. *Ecology and Evolution*, 8: 2645–2658.
- Norden, C.R. (1961). Comparative osteology of representative salmonid fishes, with particular reference to the grayling (*Thymallus arcticus*) and its phylogeny. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, 18: 679–791.
- 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 dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 53: 2292–2298.
- Oakley, T.H., Phillips, R.B. (1999). Phylogeny of salmonine fishes based on growth hormone introns: Atlantic (*Salmo*) and Pacific (*Oncorhynchus*) salmon are not sister taxa. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 11: 381–393.
- O'Brien, S.J., Roelke, M.E., Marker, L., Newman, A., Winkler, C.A., Meltzer, D., Colly, L., Evermann, J.F., Bush, M., Wildt, D.E. (1985). Genetic basis for species vulnerability in the cheetah. *Science*, 227: 1428–1434.
- Ohno, S. (1970). *Evolution by gene duplication*. New York: Springer.
- Ormerod, S.J. (2009). Climate change, river conservation and the adaptation challenge. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 19: 609–613.

- Osinov, A.G. (2009). Iranian samples of brown trout *Salmo trutta* or rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*: comparison of evidence from allozyme and mitochondrial DNA control region sequence analysis. *Journal of Ichthyology*, 49: 825–828.
- Osinov, A.G., Bernatchez, L. (1996). Atlantic and Danubian phylogenetic groupings of brown trout *Salmo trutta* complex: genetic divergence, evolution, and conservation. *Journal of Ichthyology*, 36: 723–746.
- Ősz, Á., Horváth, Á., Hoitsy, G., Sipos, D.K., Keszte, S., Sáfrány, A.J., Marić, S., Palkó, C., Tóth, B., Urbányi, B., Kovács, B. (2018). The genetic status of the Hungarian brown trout populations: exploration of a blind spot on the European map of *Salmo trutta* studies. *PeerJ*, 6: e5152.
- Owen, C.L., Bracken-Grissom, H., Stern, D. Crandall, K.A. (2015). A synthetic phylogeny of freshwater crayfish: insights for conservation. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 370: 20140009.
- Özen, N. (2013). Türkiye'deki alabalıkların (*Salmo trutta* L.) moleküler filogenisi. Adnan Menderes University, Doctoral Dissertation.
- Palm, D., Brännäs, E., Lepori, F., Nilsson, K., Stridsman, S. (2007). The influence of spawning habitat restoration on juvenile brown trout (*Salmo trutta*) density. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 64: 509–515.
- Palsbøll, P.J., Berube, M., Allendorf, F.W. (2007). Identification of management units using population genetic data. *Trends in Ecology & Evolution*, 22: 11–16.
- Pante, M., Gjerde, B., McMillan, I. (2001). Inbreeding levels in selected populations of rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss*. *Aquaculture*, 192: 213–224.
- Pantić, V. (1997). *Biologija ćelije*. Beograd, Univerzitet u Beogradu.
- Papadaki, C., Soulis, K., Muñoz-Mas, R., Martinez-Capel, F., Zogaris, S., Ntoanidis L., Dimitriou, E. (2016). Potential impacts of climate change on flow regime and fish habitat in mountain rivers of the south-western Balkans. *Science of The Total Environment*, 540: 418–428.
- Patarnello, T., Bargelloni, L., Caldara, F., Colombo, L. (1994). *Cytochrome b* and *16S rRNA* sequence variation in the *Salmo trutta* (Salmonidae, Teleostei) species complex. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 3: 69–74.
- 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*, 4: 160–162.
- Patwardhan, A., Ray, S., Roy, A. (2014). Molecular markers in phylogenetic studies - A review. *Phylogenetics and Evolutionary Biology*, 2: 131.
- Pearsons, T.N., Hopley, C.W. (1999). A practical approach for assessing ecological risks associated with fish stocking programs. *Fisheries*, 24: 16–23.

- Phillips, R.B., Oakley, T.H. (1997). Phylogenetic relationships among the Salmoninae based on nuclear and mitochondrial DNA sequences. In: Kocher, T.D., Stepien, C.A. (Eds), *Molecular Systematics of Fishes*. San Diego: Academic Press. pp. 145–162.
- Phillips, R.B., Matsuoka, M.P., Konon, I., Reed, K.M. (2000). Phylogenetic analysis of mitochondrial and nuclear sequences supports inclusion of *Acantholingua ohridana* in the genus *Salmo*. *Copeia*, 2000: 546–550.
- Pipoyan, S., Vasilyan, D., Gabrielyan, I. (2011). Ископаемые рыбы Армении. Биологический журнал Армении, 63: 56–61.
- Popov, S.V., Rögl, F., Rozanov, A.Y., Steininger, F.F., Shcherba, I.G., Kovac, M. (2004). Lithological-paleogeographic maps of Paratethys-10 maps late Eocene to Pliocene. Schweizerbart Science Publishers, Band 250, Stuttgart, Germany, pp. 3–41.
- Popov, S.V., Shcherba, I.G., Ilyina, L.B., Neveeskaya, L.A., Paramonova, N.P., Khondkarian, S.O., Magyar, I. (2006). Late Miocene to Pliocene palaeogeography of the Paratethys and its relation to the Mediterranean. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 238: 91–106.
- Povž, M., Sket, B. (1990). *Naše sladkovodne ribe*. Mladinska knjiga, Ljubljana.
- Povž, M., Jesenšek, D., Berrebi, P., Crivelli, A.J. (1996). The marble trout, *Salmo trutta marmoratus*, Cuvier 1817, in the Soča River basin. Tour du Valat Publication, Arles, Slovenia, p. 65.
- Presa, P., Pardo, B.G., Martínez, P., Bernatchez, L. (2002). Phylogeographic congruence between mtDNA and rDNA ITS markers in brown trout. *Molecular Biology and Evolution*, 19: 2161–2175.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945–959.
- Pulg, U., Barlaup, B.T., Sternecker, K., Trepl, L., Unfer, G. (2013). Restoration of spawning habitats of brown trout (*Salmo trutta*) in a regulated chalk stream. *River Research and Applications*, 29: 172–182.
- Pustovrh, G., Snoj, A., Sušnik Bajec, S. (2011a). A set of SNPs enabling identification of trouts and their hybrids in *Salmo* genus. *Conservation Genetics Resources*, 3: 147–150.
- Pustovrh, G., Sušnik Bajec, S., Snoj, A. (2011b). Evolutionary relationship between marble trout of the northern and the southern Adriatic basin. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 59: 761–766.
- Pustovrh, G., Snoj, A., Sušnik Bajec, S. (2014). Molecular phylogeny of *Salmo* of the western Balkans, based upon multiple nuclear loci. *Genetics Selection Evolution*, 46: 1–12.
- Putman, A.I., Carbone, I. (2014). Challenges in analysis and interpretation of microsatellite data for population genetic studies. *Ecology and Evolution*, 4: 4399–4428.

- Querci, G., Pecchioli, E., Leonzio, C., Frati, F., Nardi, F. (2013). Molecular characterization and hybridization in *Salmo (trutta) macrostigma* morphotypes from Central Italy. *Hydrobiologia*, 702: 191–200.
- Rambaut, A. (2017). FigTree-version 1.4.3, a graphical viewer of phylogenetic trees. Computer program distributed by the author, website: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>
- Rambaut, A., Drummond, A.J., Xie, D., Baele, G., Suchard, M.A. (2018). Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Systematic Biology*, 67: 901–904.
- Rannala, B., Yang, Z. (1996). Probability distribution of molecular evolutionary trees: a new method of phylogenetic inference. *Journal of Molecular Evolution*, 43: 304–311.
- Rasmussen, R.S., Morrissey, M.T. (2008). DNA-based methods for the identification of commercial fish and seafood species. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 7: 280–295.
- Razpet, A., Sušnik, S., Jug, T., Snoj, A. (2007). Genetic variation among trout in the River Neretva basin, Bosnia and Herzegovina. *Journal of Fish Biology*, 70: 94–110.
- Redenbach, Z., Taylor, E.B. (2002). Evidence for historical introgression along a contact zone between two species of char (Pisces: Salmonidae) in northwestern North America. *Evolution*, 56: 1021–1035.
- Reier, S., Kruckenhauser, L., Snoj, A., Trontelj, P., Palandačić, A. (2022). The minnow *Phoxinus lumaireul* (Leuciscidae) shifts the Adriatic–Black Sea basin divide in the north-western Dinaric Karst region. *Ecohydrology*, 15: e2449.
- Reiter, W., Elfert, S., Glotzbach, C., Spiegel, C. (2015). Plio-Pleistocene evolution of the north Alpine drainage system: new constraints from detrital thermochronology of foreland deposits. *International Journal of Earth Sciences*, 104: 891–907.
- Renoult, J.P., Geniez, P., Bacquet, P., Benoit, L., Crochet, P.A. (2009). Morphology and nuclear markers reveal extensive mitochondrial introgressions in the Iberian Wall Lizard species complex. *Molecular Ecology*, 18: 4298–4315.
- Rexroad, C.E., Coleman, R.L., Hershberger, W.K., Killefer, J. (2002). Rapid communication: Thirty-eight polymorphic microsatellite markers for mapping in rainbow trout. *Journal of Animal Science*, 80: 541–542.
- Rezaei, A. (2015). Studies on cytochrome c oxidase subunit II gene in *Salmo trutta caspius*. *Banat's Journal of Biotechnology*, 6: 5–12.
- Rezaei, A., Akhshabi, S. (2017). Studies of mitochondrial genomics in *Salmo trutta fario*. *Mitochondrial DNA B*, 2: 307–3018.
- Rezaei, A., Akhshabi, S., Jamalzadeh, H.R. (2017). Studies on the mitochondrial genomics in *Salmo trutta caspius* population in three Rivers of South Caspian Sea. *Research Journal of Biotechnology*, 12: 49–61.

-
- Riffel, M., Storch, V., Schreiber, A. (1995). Allozyme variability of brown trout (*Salmo trutta* L.) populations across the Rhenanian-Danubian watershed in southwest Germany. *Heredity*, 74: 241–249.
- Robertson, F.M., Gundappa, M.K., Grammes, F., Hvidsten, T.R., Redmond, A.K., Lien, S., Martin, S.A.M., Holland, P.W.H., Sandve, S.R., Macqueen, D.J. (2017). Lineage-specific rediploidization is a mechanism to explain time-lags between genome duplication and evolutionary diversification. *Genome Biology*, 18: 111.
- Robinson, Z.L., Coombs, J.A., Hudy, M., Nislow, K.H., Letcher, B.H., Whiteley, A.R. (2017). Experimental test of genetic rescue in isolated populations of brook trout. *Molecular Ecology*, 26: 4418–4433.
- Robison, H.W., Buchanan, T.M. (1988). *Fishes of Arkansas*. University of Arkansas Press.
- Roni, P., Hanson, K., Beechie, T. (2008). Global review of the physical and biological effectiveness of stream habitat rehabilitation techniques. *North American Journal of Fisheries Management*, 28: 856–890.
- Ronquist, F., Teslenko, M., van Der Mark, P., Ayres, D.L., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M., Huelsenbeck, J.P. (2012). MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61: 539–542.
- Rossi, A.R., Petrosino, G., Milana, V., Martinoli, M., Rakaj, A., Tancioni, L. (2019). Genetic identification of native populations of Mediterranean brown trout *Salmo trutta* L. complex (Osteichthyes: Salmonidae) in central Italy. *The European Zoological Journal*, 86: 424–431.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J.C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S.E., Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution*, 34: 3299–3302.
- Rukhkyan, R.G. (1989). *Karyology and the origin of trout of Transcaucasia*. Yerevan: Akademiya Nauk Armyanskoy SSR.
- Ruzzante, D.E. (1998). A comparison of several measures of genetic distance and population structure with microsatellite data: bias and sampling variance. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 55: 1–14.
- Ryder, O.A. (1986). Species conservation and systematics: the dilemma of subspecies. *Trends in Ecology and Evolution*, 1: 9–10.
- Ryman, N. (1991). Conservation genetics considerations in fishery management. *Journal of Fish Biology*, 39: 211–224.
- Ryman, N., Ståhl, G. (1980). Genetic changes in hatchery stocks of brown trout (*Salmo trutta*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 37: 82–87.
- Ryman, N., Utter, F. (1987). *Population genetics and fishery management*. Washington Sea Grant Publications/University of Washington Press, Seattle and London.

- Ryman, N., Laikre, L. (1991). Effects of supportive breeding on the genetically effective population size. *Conservation Biology*, 5: 325–329.
- Sahoo, P.K., Singh, L., Sharma, L., Kumar, R., Singh, V.K., Ali, S., Singh, A.K., Barat, A. (2016). The complete mitogenome of brown trout (*Salmo trutta fario*) and its phylogeny. *Mitochondrial DNA A*, 27: 4563–4565.
- Saint-Pé, K., Leitwein, M., Tissot, L., Poulet, N., Guinand, B., Berrebi, P., Marselli, G., Lascaux, J.-M., Gagnaire, P.-A., Blanchet, S. (2019). Development of a large SNPs resource and a low-density SNP array for brown trout (*Salmo trutta*) population genetics. *BMC Genomics*, 20: 582.
- Sajdak, S.L., Phillips, R.B. (1997). Phylogenetic relationships among *Coregonus* species inferred from the DNA sequence of the first internal transcribed spacer (ITS1) of ribosomal DNA. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 54: 1494–1503.
- Sanford, C.J. (1990). The phylogenetic relationships of salmonoid fishes. *Bulletin of the British Museum*, 56: 145–153.
- Sanz, N. (2018). Phylogeographic history of brown trout: A review. In: Lobón-Cerviá, J., Sanz, N. (Eds), *Brown trout: biology, ecology and management*. Wiley, New York, pp. 17–63.
- Sanz, N., Cortey, M., Pla, C., García-Marín, J.L. (2006). Hatchery introgression blurs ancient hybridization between brown trout (*Salmo trutta*) lineages as indicated by complementary allozymes and mtDNA markers. *Biological Conservation*, 130: 278–289.
- 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*, 10: 225–236.
- Sanz, N., Araguas, R.M., Fernández-Cebrián, R., Lobón-Cerviá, J. (2019). Factors modelling population structure in brown trout *Salmo trutta* L.: genetic monitoring of populations in Esva River (northwestern Spain). *Hydrobiologia*, 837: 117–131.
- Sanz, N., Araguas, R.M., Giampiccolo, M., Duchi, A. (2023). Native population structure beyond hatchery introgression in the endemic Sicilian trout. *Diversity*, 15: 274.
- Sass, C., Iles, W.J., Barrett, C.F., Smith, S.Y., Specht, C.D. (2016). Revisiting the Zingiberales: using multiplexed exon capture to resolve ancient and recent phylogenetic splits in a charismatic plant lineage. *PeerJ*, 4: e1584.
- Sato, M., Sato, K. (2013). Maternal inheritance of mitochondrial DNA by diverse mechanisms to eliminate paternal mitochondrial DNA. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1833: 1979–1984.
- Saundres, R.L., Schom, C.B. (1985). Importance of the Variation in Life History Parameters of Atlantic Salmon (*Salmo salar*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 42: 618–625.
- Saura, M., Faria, R. (2011). Genetic tools for restoration of fish populations. *Journal of Applied Ichthyology*, 27: 5–15.

- Savić-Pavićević, D., Matić, G. (2011). Molekularna biologija 1. Beograd, NNK Internacional.
- Sayers, E.W., Cavanaugh, M., Clark, K., Pruitt, K.D., Schoch, C.L., Sherry, S.T., Karsch-Mizrachi, I. (2022). GenBank. Nucleic Acids Research, 50: D161–D164.
- Scarnecchia, D.L., Bergersen, E.P. (1987). Trout production and standing crop in Colorado's small streams, as related to environmental features. North American Journal of Fisheries Management, 7: 315–330.
- Schenekar, T., Lerceteau-Köhler, E., Weiss, S. (2014). Fine-scale phylogeographic contact zone in Austrian brown trout *Salmo trutta* reveals multiple waves of post-glacial colonization and a pre-dominance of natural versus anthropogenic admixture. Conservation Genetics, 15: 561–572.
- Schlötterer, C. (1998). Genome evolution: are microsatellites really simple sequences?. Current Biology, 8: 132–134.
- Schmidt, T., Zagars, M., Roze, A., Schulz, R. (2017). Genetic diversity of a Daugava basin brown trout (*Salmo trutta*) brood stock. Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems, 418: 55.
- Schöffmann, J. (2021). Trout and salmon of the genus *Salmo*. American Fisheries Society, Bethesda, Maryland.
- Schöffmann, J., Marić, S., Snoj, A. (2019). Trout of Southeast Europe, Western and Central Asia. In: Kershner, L.J., Williams, E.J., Gresswell, E.R., Lobón-Cerviá, J. (Eds.), Trout and Char of the World. American Fisheries Society, Bethesda, pp. 411–456.
- Schöffmann, J., Marić, S. (2023). Salmonid fish species – opportunities for sustainable use under multiple pressures and current climatic change. In: Simić, V., Simić, S., Pešić, V. (Eds), Ecological sustainability of fish resources of inland waters of the Western Balkans. Freshwater fish stocks, sustainable use and conservation. Springer.
- Schrimpf, A., Theissing, K., Dahlem, J., Maguire, I., Pârvaescu, L., Schultz, H., Schulz, R. (2014). Phylogeography of noble crayfish (*Astacus astacus*) reveals multiple refugia. Freshwater Biology, 59: 761–776.
- Seiler, S.M., Keeley, E.R. (2009). Competition between native and introduced salmonid fishes: cutthroat trout have lower growth rate in the presence of cutthroat–rainbow trout hybrids. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 66: 133–141.
- Sekulić, N. (2013). Ekološke karakteristike i morfološko-genetička diferencijacija populacija crnke (*Umbra krameri* Walbaum, 1792) sa područja Bačke, Mačve i Semberije. Doktorska disertacija, Biološki fakultet, Univerzitet u Beogradu.
- Sell, J., Spirkovski, Z. (2004). Mitochondrial DNA differentiation between two forms of trout *Salmo letnica*, endemic to the Balkan Lake Ohrid, reflects their reproductive isolation. Molecular Ecology, 13: 3633–3644.
- Shedko, S.V., Miroshnichenko, I.L., Nemkova, G.A. (2012). Phylogeny of salmonids (Salmoniformes: Salmonidae) and its molecular dating: analysis of nuclear *RAG1* gene. Russian Journal of Genetics, 48: 575–579.

- Shedko, S.V., Miroshnichenko, I.L., Nemkova, G.A. (2013). Phylogeny of salmonids (Salmoniformes: Salmonidae) and its molecular dating: analysis of mtDNA data. *Russian Journal of Genetics*, 49: 623–637.
- Shedlock, A.M., Parker, J.D., Crispin, D.A., Pietsch, T.W., Burmer, G.C. (1992). Evolution of the salmonid mitochondrial control region. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 1: 179–192.
- Simić, V., Simić, S., Petrović, A., Šorić, V., Paunović, M., Dimitrijević, V. (2006). Database: biodiversity in aquatic ecosystems in Serbia (*ex situ* conservation) BAES *ex situ*. <http://baes.pmf.kg.ac.rs>.
- Simić, V., Simić, S., Paunović, M., Cakić, P. (2007). Model of the assessment of the critical risk of extinction and the priorities of protection of endangered aquatic species at the national level. *Biodiversity and Conservation*, 16: 2471–2493.
- Simić, S., Simić, V. (2012). *Ekologija kopnenih voda (hidrobiologija I)*. Biološki fakultet, Univerzitet u Beogradu. Prirodno-matematički fakultet, Univerzitet Kragujevcu.
- Simić, V., Simić, S., Stojković-Piperac, M., Petrović, A., Milošević, Dj. (2014). Commercial fish species of inland waters: A model for sustainability assessment and management. *Science of the Total Environment*, 497: 642–650.
- Simić, V., Maguire, I., Rajković, M., Petrović, A. (2015). Conservation strategy for the endangered crayfish species of the family Astacidae: the ESHIPPO crayfish model. *Hydrobiologia*, 760: 1–13.
- Simić, V., Simić, S., Paunović, M., Radojković, N., Petrović, A., Talevski, T., Milošević, Dj. (2016). The *Alburnus* benthopelagic fish species of the Western Balkan Peninsula: An assessment of their sustainable use. *Science of the Total Environment*, 540: 410–417.
- Simić, V., Simić, S., Petrović, A. (2020a). Izmene i dopune programa upravljanja ribarskim područjem „Južna Morava 1“ za period 2017-2026. Asocijacija „Veternica-Vlasina“ d.o.o. Leskovac.
- Simić, V., Simić, S., Petrović, A. (2020b). Izmene i dopune programa upravljanja ribarskim područjem „Kolubara“ za period 2017-2026. „Cassini Fishing“ d.o.o. Arilje.
- Simić, V., Simić, S., Petrović, A. (2020c). Izmene i dopune programa upravljanja ribarskim područjem „Timok“ za period 2017-2026. Zajednica ribolovaca „Timočka krajina“ d.o.o. Zaječar.
- Simić, V., Simić, S., Petrović, A. (2020d). Izmene i dopune programa upravljanja ribarskim područjem „Ibar“ za period 2017-2026. „Plus sport“ d.o.o. Adrani, Kraljevo.
- Simić, V., Simić, S., Petrović, A. (2020e). Izmene i dopune programa upravljanja ribarskim područjem „Zlatibor“ za period 2017-2026. JP. „Srbijašume“ Beograd.
- Simić, V., Simić, S., Petrović, A. (2020f). Izmene i dopune programa upravljanja ribarskim područjem „Kopaonik“ za period 2017-2026. JP. „Nacionalni park Kopaonik“ Kopaonik.

- Simić, V., Bănăduc, D., Curtean-Bănăduc, A., Petrović, A., Veličković, T., Stojković-Piperac, M., Simić, S. (2022a). Assessment of the ecological sustainability of river basins based on the modified the ESHIPPOfish model on the example of the Velika Morava basin (Serbia, Central Balkans). *Frontiers in Environmental Science*, 10: 952692.
- Simić, V., Simić, S., Petrović, A. (2022b). Izmene i dopune programa upravljanja ribarskim područjem „Zapadna Morava“ za period 2017-2026. Balkan eko tim d.o.o. Prijepolje.
- Simić, V., Simić, S., Petrović, A. (2022c). Izmene i dopune programa upravljanja ribarskim područjem „Stara planina“ za period 2017-2026. JP „Srbijašume“ Beograd.
- Simić, V., Simić, S., Petrović, A. (2022d). Izmene i dopune programa upravljanja ribarskim područjem „Golija“ za period 2017-2026. JP „Srbijašume“ Beograd.
- Simić, V., Simić, S., Petrović, A. (2022e). Izmene i dopune programa upravljanja ribarskim područjem „PIO Vlasina“ za period 2017-2026. TOOS Surdulica.
- Simić, V., Simić, S., Petrović, A. (2022f). Izmene i dopune programa upravljanja ribarskim područjem „Dolina Pčinje“ za period 2017-2026. Pravoslavna Eparhija Vranjska, Vranje.
- Simić, V., Simić, S., Petrović, A. (2022g). Izmene i dopune programa upravljanja ribarskim područjem „Kopaonik“ za period 2017-2026. JP „Nacionalni Park Kopaonik“.
- Simić, V., Miljanović, B., Petrović, A., Radenković, M., Stojković Piperac, M., Veličković, T., Jakovljević, M., Simić, S. (2023). Inland fisheries in Serbia: historical aspect, fish resources, management and conservation. In: Simić, V., Simić, S., Pešić, V. (Eds), *Ecological sustainability of fish resources of inland waters of the Western Balkans. Freshwater fish stocks, sustainable use and conservation*. Springer.
- Simmons, M.P., Ochoterena, H. (2000). Gaps as characters in sequence-based phylogenetic analyses. *Systematic Biology*, 49: 369–381.
- Simonović, P. (2001). *Ribe Srbije*. NNK Internacional, Zavod za zaštitu prirode Srbije, Biološki fakultet, Beograd.
- Simonović, P. (2010). *Uvod u ihtiologiju*. Biološki fakultet, Univerzitet u Beogradu. Beograd.
- Simonović, P., Marić, S., Nikolić, V. (2007). Trout *Salmo* spp. complex in Serbia and adjacent regions of the western Balkans: reconstruction of evolutionary history from external morphology. *Journal of Fish Biology*, 70: 359–380.
- Simonović, P., Vidović, Z., Tošić, A., Škraba, D., Čanak- Atlagić, J., Nikolić, V. (2015). Risks to stocks of native trout of the genus *Salmo* (Actinopterygii: Salmoniformes: Salmonidae) of Serbia and management for their recovery. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*, 45: 161–173.
- Simonović, P., Tošić, A., Škraba Jurlina, D., Nikolić, V., Piria, M., Tomljanović, T., Šprem, N., Mrdak, D., Milošević, D., Bećiraj, A., Dekić, R., Povž, M. (2017). Diversity of brown trout *Salmo* cf. *trutta* in the River Danube basin of western Balkans as assessed from the structure of their mitochondrial control region haplotypes. *Journal of Ichthyology*, 57: 603–616.

- Simonović, P. (2020). The impact of small derivate hydropower plants on fish species and other aquatic organisms in the mountain river ecosystems of the Republic of Serbia. In: Anđelković, M. (Ed), Environmental impact of small hydropower plants. Serbian Academy of Sciences and Arts, p. 37.
- Simonović, P., Ristić, R., Milčanović, V., Polovina, S., Malušević, I., Radić, B., Kanjuh, T., Marić, A., Nikolić, V. (2021). Effects of run-of-river hydropower plants on fish communities in montane stream ecosystems in Serbia. *River Research and Applications*, 37: 722–731.
- Skaala, Ø., Nævdal, G. (1989). Genetic differentiation between freshwater resident and anadromous brown trout, *Salmo trutta*, within watercourses. *Journal of Fish Biology*, 34: 597–605.
- Škraba Jurlina, D., Marić, A., Mrdak, D., Kanjuh, T., Špelić, I., Nikolić, V., Piria, M., Simonović, P. (2020). Alternative life-history in native trout (*Salmo* spp.) suppresses the invasive effect of alien trout strains introduced into streams in the western part of the Balkans. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 8: 188.
- Slettan, A. (1995). GenBank Acc. no. Z49134.
- Slettan, A., Olsaker, I., Lie, Ø. (1995). Atlantic salmon, *Salmo salar*, microsatellites at the *SSOSL25*, *SSOSL85*, *SSOSL311*, *SSOSL417* loci. *Animal Genetics*, 26: 281–282.
- Službeni glasnik Republike Srbije (2014). Zakon o zaštiti i održivom korišćenju ribljeg fonda. 128/14 i 95/2018 - dr. zakon.
- Službeni glasnik Republike Srbije (2018). Naredba o merama za očuvanje i zaštitu ribljeg fonda. 56/15-14, 94/18-40.
- Snoj, A., Jug, T., Melkič, E., Sušnik, S., Pohar, J., Dovč, P., Jesenšek, D., Budihna, N. (2000). Mitochondrial and microsatellite DNA analysis of marble trout in Slovenia. *Journal of Freshwater Biology*, 29: 5–11.
- Snoj, A., Melkič, E., Sušnik, S., Muhamedagić, S., Dovč, P. (2002). DNA phylogeny supports revised classification of *Salmothymus obtusirostris*. *Biological Journal of the Linnean Society*, 77: 399–411.
- Snoj A., Bogut, I. Sušnik, S. (2008). Evidence of a genetically distinct population of Vrljika softmouth trout *Salmo obtusirostris* Heckel evolved by vicariance. *Journal of Fish Biology*, 72: 1945–1959.
- Snoj, A., Marić, S., Berrebi, P., Crivelli, A.J., Shumka, S., Sušnik, S. (2009). Genetic architecture of trout from Albania as revealed by mtDNA control region variation. *Genetics Selection Evolution*, 41: 1–11.
- Snoj, A., Glamuzina, B., Razpet, A., Zablocki, J., Bogut, I., Lercetau-Köhler, E., Pojkić, N., Sušnik, S. (2010). Resolving taxonomic uncertainties using molecular systematics: *Salmo dentex* and the Balkan trout community. *Hydrobiologia*, 651: 199–212.
- Snoj, A., Marić, S., Sušnik Bajec, S., Berrebi, P., Janjani, S., Schöffmann, J. (2011). Phylogeographic structure and demographic patterns of brown trout in North-West Africa. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 61: 203–211.

- Snoj, A., Bogataj, K., Bravničar, J., Sušnik Bajec, S. (2015). Kje v Sloveniji še živijo genetsko čiste potočne pstrvi? Glasilo Slovenskega ribištva, letnik LXXIV, pp. 5–10.
- Snoj, A., Bravničar, J., Marić, S., Sušnik Bajec, S., Benaissa, H., Schöffmann, J. (2021). Nuclear DNA reveals multiple waves of colonisation, reticulate evolution and a large impact of stocking on trout in north-west Africa. *Hydrobiologia*, 848: 3389–3405.
- Sømme, I.D. (1941). *Ørretboka*. Jakob Dybwads Forlag. Oslo.
- Šorić, V. (1990). Salmonids in the Ohrid-Drim-Skadar system. *Acta Societatis Zoologicae Bohemicae*, 54: 305–319.
- Sotiropoulos, K., Eleftherakos, K., Džukić, G., Kalezić, M.L., Legakis, A., Polymeni, R.M. (2007). Phylogeny and biogeography of the alpine newt *Mesotriton alpestris* (Salamandridae, Caudata), inferred from mtDNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 45: 211–226.
- Splendiani, A., Giovannotti, M., Cerioni, P.N., Caniglia, M.L., Caputo, V. (2006). Phylogeographic inferences on the native brown trout mtDNA variation in central Italy. *Italian Journal of Zoology*, 73: 179–189.
- Splendiani, A., Ruggeri, P., Giovannotti, M., Caputo Barucchi, V. (2013). Role of environmental factors in the spread of domestic trout in Mediterranean streams. *Freshwater Biology*, 58: 2089–2101.
- Splendiani, A., Fioravanti, T., Giovannotti, M., Negri, A., Ruggeri, P., Olivieri, L., Nisi Cerioni, P., Lorenzoni, M., Caputo Barucchi, V. (2016a). The effects of paleoclimatic events on Mediterranean trout: preliminary evidences from ancient DNA. *PloS One*, 11: e0157975.
- Splendiani, A., Ruggeri, P., Giovannotti, M., Pesaresi, S., Occhipinti, G., Fioravanti, T., Lorenzoni, M., Nisi Cerioni, P., Caputo Barucchi, V. (2016b). Alien brown trout invasion of the Italian peninsula: the role of geological, climate and anthropogenic factors. *Biological Invasions*, 18: 2029–2044.
- Splendiani, A., Fioravanti, T., Giovannotti, M., Olivieri, L., Ruggeri, P., Nisi Cerioni, P., Vanni, S., Enrichetti, F., Caputo Barucchi, V. (2017). Museum samples could help to reconstruct the original distribution of *Salmo trutta* complex in Italy. *Journal of Fish Biology*, 90: 2443–2451.
- Splendiani, A., Palmas, F., Sabatini, A., Caputo Barucchi, V. (2019). The name of the trout: considerations on the taxonomic status of the *Salmo trutta* L., 1758 complex (Osteichthyes: Salmonidae) in Italy. *The European Zoological Journal*, 86: 432–442.
- SRPS EN 14011. (2008) – Kvalitet vode – Uzimanje uzoraka ribe pomoću električne struje.
- Stallings, R.L., Ford, A.F., Nelson, D., Torney, D.C., Hildebrand, C.E., Moyzis, R.K. (1991). Evolution and distribution of (GT)_n repetitive sequences in mammalian genomes. *Genomics*, 10: 807–815.
- Stamatakis, A. (2006). Phylogenetic models of rate heterogeneity: a high performance computing perspective. *Proceedings of 20th IEEE International Parallel & Distributed Processing Symposium*, IEEE Computer Society Press, Washington, pp. 278–286.

- Stamatakis, A. (2014). RaxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*, 30: 1312–1313.
- Stanković, D., Crivelli, A.J., Snoj, A. (2015). Rainbow trout in Europe: introduction, naturalization, and impacts. *Reviews in Fisheries Science & Aquaculture*, 23: 39–71.
- Stearley, R.F., Smith, G.R. (1993). Phylogeny of the Pacific trouts and salmon (*Oncorhynchus*) and genera of the family Salmonidae. *Transactions of the American Fisheries Society*, 122: 1–33.
- Steel, M., Huson, D., Lockhart, P.J. (2000). Invariable sites models and their use in phylogeny reconstruction. *Systematic Biology*, 49: 225–232.
- Stefanidis, K., Panagopoulos, Y., Mimikou, M. (2018). Response of a multi-stressed Mediterranean river to future climate and socio-economic scenarios. *Science of the Total Environment*, 627: 756–769.
- Stevanović, M.P. (1982). *Istorijska geologija*. Rudarsko–Geološki fakultet, Univerzitet u Beogradu, Beograd.
- Stevanović, V., Jovanović, S., Lakušić, D., Niketić, M. (1995). Diverzitet vaskularne flore Jugoslavije sa pregledom vrsta od međunarodnog značaja. In: Stevanović, V., Vasić, V. (Eds), *Biodiverzitet Jugoslavije – sa pregledom vrsta od međunarodnog značaja*, Beograd, Biološki fakultet.
- Stoica, M., Krijgsman, W., Fortuin, A., Gliozzi, E. (2016). Paratethyan ostracods in the Spanish Lago-Mare: More evidence for interbasinal exchange at high Mediterranean sea level. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 441: 854–870.
- Strecker, A.L., Olden, J.D., Whittier, J.B., Paukert, C.P. (2011). Defining conservation priorities for freshwater fishes according to taxonomic, functional, and phylogenetic diversity. *Ecological Applications*, 21: 3002–3013.
- Suárez, J., Bautista, J.M., Almodóvar, A., Machordom, A. (2001). Evolution of the mitochondrial control region in Palaearctic brown trout (*Salmo trutta*) populations: the biogeographical role of the Iberian Peninsula. *Heredity*, 87: 198–206.
- Sušnik, S. (2001). Polimorfizem kromosomske in mitohondrijske DNA lipana (*Thymallus thymallus*) in filogenetski odnosi med njegovimi geografsko ločenimi populacijami. Doktorska disertacija, Medicinska fakulteta, Univerza v Ljubljani.
- Sušnik, S., Schöffmann, J., Snoj, A. (2004). Phylogenetic position of *Salmo* (*Platysalmo*) *platycephalus* Behnke 1968 from south-central Turkey, evidenced by genetic data. *Journal of Fish Biology*, 64: 947–960.
- Sušnik, S., Schöffmann, J., Weiss, S. (2005). Genetic verification of native brown trout from the Persian Gulf (Catak Cay River, Tigris basin). *Journal of Fish Biology*, 67: 879–884.
- Sušnik, S., Knizhin, I., Snoj, A., Weiss, S. (2006). Genetic and morphological characterization of a Lake Ohrid endemic, *Salmo* (*Acantholingua*) *ohridanus* with a comparison to sympatric *Salmo trutta*. *Journal of Fish Biology*, 68: 2–23.

- Sušnik, S., Weiss, S., Odak, T., Delling, B., Treer, T., Snoj, A. (2007). Reticulate evolution: ancient introgression of the Adriatic brown trout mtDNA in softmouth trout *Salmo obtusirostris* (Teleostei: Salmonidae). *Biological Journal of the Linnean Society*, 90: 139–152.
- Szpiech, Z.A., Jakobsson, M., Rosenberg, N.A. (2008). ADZE: a rarefaction approach for counting alleles private to combinations of populations. *Bioinformatics*, 24: 2498–2504.
- Tait, J.S. (1960). The first filling of the swim bladder in salmonoids. *Canadian Journal of Zoology*, 38: 179–187.
- Tamura, K., Stecher, G., Kumar, S. (2021). MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38: 3022–3027.
- Tautz, D. (1989). Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acid Research*, 17: 6463–6471.
- Tchernavin, V. (1939). The origin of salmon. *Salmon Trout Magazine*, 95: 120–140.
- Toro, M.A., Fernández, J., Caballero, A. (2009). Molecular characterization of breeds and its use in conservation. *Livestock Science*, 120: 174–195.
- Tošić, A. (2016). Filogeografski status i genetička struktura populacija potočne pastrmke (*Salmo cf. trutta*) Đerdapa i Timočke krajine. Doktorska disertacija, Biološki fakultet, Univerzitet u Beogradu.
- Tošić, A., Škraba, D., Nikolić, V., Mrdak, D., Simonović, P. (2014). New mitochondrial DNA haplotype of brown trout *Salmo trutta* L. from Crni Timok drainage area in Serbia. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 14: 37–42.
- Tošić, A., Škraba, D., Nikolić, V., Čanak Atlagić, J., Mrdak, D., Simonović, P. (2016). Haplotype diversity of brown trout *Salmo trutta* (L.) in the broader Iron Gate area. *Turkish Journal of Zoology*, 40: 655–662.
- Tot, I., Slacki, A., Đurić, M., Popović, M. (2015). Butterflies of the Vlasina region in southeast Serbia (Lepidoptera: Papilionoidea). *Acta Entomologica Serbica*, 20: 117–135.
- Tougaard, C. (2022). Will the genomics revolution finally solve the *Salmo* systematics?. *Hydrobiologia*, 849: 2209–2224.
- Tougaard, C., Justy, F., Guinand, B., Douzery, E.J., Berrebi, P. (2018). *Salmo macrostigma* (Teleostei, Salmonidae): nothing more than a brown trout (*S. trutta*) lineage?. *Journal of Fish Biology*, 93: 302–310.
- Turan, D., Kottelat, M., Engin, S. (2009). Two new species of trouts, resident and migratory, sympatric in streams of northern Anatolia (Salmoniformes: Salmonidae). *Ichthyological Exploration of Freshwaters*, 20: 333–364.
- Turan, D., Kalayci, G., Bektaş, Y., Kaya, C., Bayçelebi, E. (2020). A new species of trout from the northern drainages of Euphrates River, Turkey (Salmoniformes: Salmonidae). *Journal of Fish Biology*, 96: 1454–1462.

- Uiblein, F., Jagsch, A., Honsig-Erlenburg, W., Weiss, S. (2001). Status, habitat use, and vulnerability of the European grayling in Austrian waters. *Journal of Fish Biology*, 59: 223–247.
- Unfer, G., Pinter, K. (2018). Fisheries management of stream-resident brown trout populations – possibilities and restrictions. In: Lobón-Cerviá, J., Sanz, N. (Eds), *Brown trout: biology, ecology and management*. Wiley, New York, pp. 649–665.
- Urošev, M., Milanović Pešić, A., Kovačević–Majkić, J., Štrbac, D. (2022). Hydrological characteristics of Serbia. In: Manić, E., Đurović, P., Nikitović, V. (Eds), *The Geography of Serbia: Nature, People, Economy*. Springer Nature Switzerland, pp. 69–84.
- Valiquette, E., Perrier, C., Thibault, I., Bernatchez, L. (2014). Loss of genetic integrity in wild lake trout populations following stocking: insights from an exhaustive study of 72 lakes from Québec, Canada. *Evolutionary Applications*, 7: 625–644.
- van Baak, C.G.C., Krijgsman, W., Magyar, I., Sztanó, O., Golovina, L.A., Grothe, A., Hoyle, T.M., Mandić, O., Patina, I.S., Popov, S.V., Radionova, E.P., Stoica, M. Vasiliev, I. (2017). Paratethys response to the Messinian salinity crisis. *Earth-Science Reviews*, 172: 193–223.
- Van Couvering, J.A., Castradori, D., Cita, M.B., Hilgen, F.J., Rio, D. (2000). The base of the Zanclean Stage and of the Pliocene Series. *Episodes Journal of International Geoscience*, 23: 179–187.
- Van Oosterhout, C., Hutchinson, W.F., Wills, D.P., Shipley, P. (2004). MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*, 4: 535–538.
- Veličković, T. (2015). Primena krioprezervacije kao metode u konzervaciji ugroženih vrsta riba na primeru mladice (*Hucho hucho*). Univerzitet u Kragujevcu, Prirodno-matematički fakultet u Kragujevcu. Završni rad.
- Veličković, T., Snoj, A., Simić, V., Šanda, R., Vukić, J., Barcytė, D., Stanković, D., Marić, S. (2023). A new perspective on the molecular dating of the brown trout complex with an extended phylogeographic information on the species in Serbia. *Contributions to Zoology*, 92: 362–389.
- Vera, M., Cortey, M., Sanz, N., García-Marín, J.L. (2010). Maintenance of an endemic lineage of brown trout (*Salmo trutta*) within the Duero river basin. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 48: 181–187.
- Vera, M., Sourinejad, I., Bouza, C., Vilas, R., Pino-Querido, A., Kalbassi, M.R., Martínez, P. (2011). Phylogeography, genetic structure, and conservation of the endangered Caspian brown trout, *Salmo trutta caspius* (Kessler, 1877), from Iran. *Hydrobiologia*, 664: 51–67.
- Vera, M., García-Marín, J.L., Martínez, P., Araguas, R.M., Bouza, C. (2013). Identification and conservation of remnant genetic resources of brown trout in relict populations from Western Mediterranean streams. *Hydrobiologia*, 707: 29–45.

- Vera, M., García-Marín, J.L., Martínez, P., Bouza, C. (2015). Phylogenetic diversity within the endemic brown trout Duero lineage: implications for conservation and management. *Marine and Freshwater Research*, 66: 1066–1071.
- Vera, M., Martínez, P., Bouza, C. (2018). Stocking impact, population structure and conservation of wild brown trout populations in inner Galicia (NW Spain), an unstable hydrologic region. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 28: 435–443.
- Vera, M., Bouza, C., Casanova, A., Heras, S., Martínez, P., García-Marín, J.L. (2019). Identification of an endemic Mediterranean brown trout mtDNA group within a highly perturbed aquatic system, the Llobregat River (NE Spain). *Hydrobiologia*, 827: 277–291.
- Vladimirov, B.I. (1946). The trout from the diatomite deposits of the Pliocene. *Doklady Akademiyi Nauk Armyanskoi SSR*, 4: 123–128.
- Vuković, T., Ivanović, B. (1971). *Slatkovodne ribe Jugoslavije*. Zemaljski muzej BiH, Sarajevo.
- Vuorinen, J., Piironen, J. (1984). Electrophoretic identification of Atlantic salmon (*Salmo salar*), brown trout (*S. trutta*), and their hybrids. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 41: 1834–1837.
- Vuorinen, J., Bodaly, R., Reist, J., Luczynski, M. (1998). Phylogeny of five *Prosopium* species with comparisons with other Coregonine fishes based on isozyme electrophoresis. *Journal of Fish Biology*, 53: 917–927.
- Wagner, B., Vogel, H., Francke, A., Friedrich, T., Donders, T., Lacey, J.H., Leng, M.J., Regattieri, E., Sadori, L., Wilke, T., Zanchetta, G. i sar. (2019). Mediterranean winter rainfall in phase with African monsoons during the past 1.36 million years. *Nature*, 573: 256–260.
- Wan, Q.H., Wu, H., Fujihara, T., Fang, S.G. (2004). Which genetic marker for which conservation genetics issue?. *Electrophoresis*, 25: 2165–2176.
- Wandeler, P., Smith, S., Morin, P.A., Pettifor, R.A., Funk, S.M. (2003). Patterns of nuclear DNA degeneration over time - a case study in historic teeth samples. *Molecular Ecology*, 12: 1087–1093.
- Wang, C., Schroeder, K.B., Rosenberg, N.A. (2012). A maximum-likelihood method to correct for allelic dropout in microsatellite data with no replicate genotypes. *Genetics*, 192: 651–669.
- Wang, Y., Xiong, F., Song, Z. (2022). Molecular phylogeny and adaptive mitochondrial DNA evolution of salmonids (Pisces: Salmonidae). *Frontiers in Genetics*, 13: 903240.
- Waples, R.S. (1995). Evolutionary significant units and the conservation of biological diversity under the endangered species act. *American Fisheries Society Symposium*, 17: 8–27.
- Ward, R.D. (2000). Genetics in fisheries management. *Hydrobiologia*, 420: 191–201.

-
- Waters, J.M., Rowe D.L., Burrige, C.P., Wallis, G.P. (2010). Gene trees versus species trees: reassessing life-history Evolution in a freshwater fish radiation. *Systematic Biology*, 59: 504–517.
- Weeks, A.R., Sgro, C.M., Young, A.G., Frankham, R., Mitchell, N.J., Miller, K.A., Byrne, M., Coates, D.J., Eldridge, M.D., Sunnucks, P., Breed, M.F., James, E.A., Hoffmann, A.A. (2011). Assessing the benefits and risks of translocations in changing environments: a genetic perspective. *Evolutionary Applications*, 4: 709–725.
- Weising, K., Nybom, H., Wolff, K., Kahl, G. (2005). *DNA fingerprinting in plants: principles, methods, and applications* (second edition). Boca Raton, Florida, Taylor & Francis Group.
- Weiss, S., Antunes, A., Schlötterer, C., Alexandrino, P. (2000). Mitochondrial haplotype diversity among Portuguese brown trout *Salmo trutta* L. populations: relevance to the post-Pleistocene recolonization of northern Europe. *Molecular Ecology*, 9: 691–698.
- Weiss, S., Schlötterer, C., Waidbacher, H., Jungwirth, M. (2001). Haplotype (mtDNA) diversity of brown trout *Salmo trutta* in tributaries of the Austrian Danube: massive introgression of Atlantic basin fish—by man or nature?. *Molecular Ecology*, 10: 1241–1246.
- Welcomme, R.L. (1988). *International Introductions of Inland Aquatic Species*. FAO Fisheries Technical Paper, T294.
- Whitehead, P.J.P., Bauchot, M-L., Hureau, J-C., Nielsen, J.G., Tortonese, E. (1984). *Fishes of the North-eastern Atlantic and the Mediterranean*. UNESCO, Paris, pp. 1–510.
- Whiteley, A.R., Fitzpatrick, S.W., Funk, W.C., Tallmon, D.A. (2015). Genetic rescue to the rescue. *Trends in Ecology & Evolution*, 30: 42–49.
- Will, K.W., Mishler, B.D., Wheeler, Q.D. (2005). The perils of DNA barcoding and the need for integrative taxonomy. *Systematic Biology*, 54: 844–851.
- Willi, Y., Kristensen, T.N., Sgrò, C.M., Weeks, A.R., Ørsted, M., Hoffmann, A.A. (2022). Conservation genetics as a management tool: The five best-supported paradigms to assist the management of threatened species. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 119: e2105076119.
- Wilson, M.V., Li, G. (1999). Osteology and systematic position of the Eocene salmonid †*Eosalmo driftwoodensis* Wilson from western North America. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 125: 279–311.
- Wilson, M.V.H., Williams, R.R.G. (2010). Salmoniform fishes: key fossils, supertree, and possible morphological synapomorphies. In: Nelson, J.S., Schultze, H.P., Wilson, M.V.H. (Eds), *Origin and phylogenetic interrelationships of Teleosts*. München: Dr. Friedrich Pfeil, pp. 379–409.
- Yang, Z. (1994). Estimating the pattern of nucleotide substitution. *Journal of Molecular Evolution*, 39: 105–111.
- Yasuike, M., Jantzen, S., Cooper, G.A., Leder, E., Davidson, W.S., Koop, B.F. (2010). Grayling (Thymallinae) phylogeny within salmonids: complete mitochondrial DNA

- sequences of *Thymallus arcticus* and *Thymallus thymallus*. *Journal of Fish Biology*, 76: 395–400.
- Young, K.A., Gaskell, P., Jacklin, T., Williams, J.E. (2018). Brown trout management for the 21st century. In: Lobón-Cerviá, J., Sanz, N. (Eds), *Brown trout: biology, ecology and management*. Wiley, New York, pp. 735–769.
- Zapletal, T., Šlapanský, L., Grmela, J. (2021). Potential factors limiting brown trout catches by anglers-a case study. *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis*, 69: 337–343.
- Zardoya, R., Doadrio, I. (1999). Molecular evidence on the evolutionary and biogeographical patterns of European cyprinids. *Journal of Molecular Evolution*, 49: 227–237.
- Zhang, D.X., Hewitt, G.M. (2003). Nuclear DNA analyses in genetic studies of populations: practice, problems and prospects. *Molecular Ecology*, 12: 563–584.
- Zhang, Z.W., Cheng, J., Xu, F., Chen, Y.E., Du, J.B., Yuan, M., Zhu, F. i sar. (2011). Red blood cell extrudes nucleus and mitochondria against oxidative stress. *International Union of Biochemistry and Molecular Biology Life*, 63: 560–565.

8. PRILOG

Tabela 1. Spisak haplotipova i pratećih mitohondrijskih linija, pristupni brojevi sekvenci iz Banke Gena i odgovarajuće reference. Haplotipovi identifikovani u ovoj studiji su podebljani, prethodno neopisani haplotipovi su dodatno označeni i zvezdicom, dok su preostali haplotipovi preuzeti iz Banke Gena.

Haplotip	Filogenetska linija	Pristupni broj	Referenca
ADcs1	AD	AY836330	Cortey i sar., 2004
ADcs2	AD	AY836331	Cortey i sar., 2004
ADcs3	AD	AY836332	Cortey i sar., 2004
ADcs4	AD	AY836333	Cortey i sar., 2004
ADcs5	AD	AY836334	Cortey i sar., 2004
ADcs6	AD	AY836335	Cortey i sar., 2004
ADcs7	AD	AY836336	Cortey i sar., 2004
ADcs8	AD	AY836337	Cortey i sar., 2004
ADcs9	AD	AY836338	Cortey i sar., 2004
ADcs10	AD	AY836339	Cortey i sar., 2004
ADcs11	AD	AY836340	Cortey i sar., 2004
ADcs12	AD	AY836341	Cortey i sar., 2004
ADcs13	AD	AY836342	Cortey i sar., 2004
ADcs15	AD	AY836344	Cortey i sar., 2004
ADcs16	AD	AY836345	Cortey i sar., 2004
ADcs17	AD	AY836346	Cortey i sar., 2004
ADcs18	AD	AY836347	Cortey i sar., 2004
ADcs19	AD	AY836348	Cortey i sar., 2004
ADcs20	AD	AY836349	Cortey i sar., 2004
ADcs21	AD	JQ030884	Lucarda i sar., 2012a
ADcs22*	AD	OP690630	ova studija
AD-Tyrrh1	AD	KX450257	Berrebi i sar., 2019
AD-Tyrrh2	AD	KX450258	Berrebi i sar., 2019
AD-Tyrrh3	AD	KX450259	Berrebi i sar., 2019
AD-Tyrrh5	AD	KX450261	Berrebi i sar., 2019
AD-Tyrrh6	AD	KX450262	Berrebi i sar., 2019
ADTR1	AD	JN543965	Özen, 2013
ADTR2	AD	JN543966	Özen, 2013
ADTR3	AD	JN543967	Özen, 2013
ADTR4	AD	JN543968	Özen, 2013
ADTR5	AD	JN543969	Özen, 2013
ADTR6	AD	JN543970	Özen, 2013
ADTR7	AD	JN543971	Özen, 2013
ADTR8	AD	JN543972	Özen, 2013
AdAE1	AD	GQ357908	Kohout i sar., 2013

Tabela 1. Nastavak.

Haplotip	Filogenetska linija	Pristupni broj	Referenca
AdAE2	AD	GQ357909	Kohout i sar., 2013
AdAE3	AD	GQ357910	Kohout i sar., 2013
AdZA1	AD	GQ357911	Kohout i sar., 2013
KOS6	AD	MT505420	Grapci-Kotori i sar., 2020
KOS19	AD	MT505421	Grapci-Kotori i sar., 2020
KOS34	AD	MT505422	Grapci-Kotori i sar., 2020
KOS73	AD	MT505423	Grapci-Kotori i sar., 2020
KOS85	AD	MT505424	Grapci-Kotori i sar., 2020
KOS87	AD	MT505425	Grapci-Kotori i sar., 2020
KOS90	AD	MT505426	Grapci-Kotori i sar., 2020
KOS102	AD	MT505428	Grapci-Kotori i sar., 2020
AdcsTi1	AD	KU667314	Marić i sar., 2017
R3C	AD	KU667313	Marić i sar., 2017
AdPrz	AD	KU667310	Marić i sar., 2017
AD-C1	AD	DQ381567	Sušnik i sar., 2007
AD-M1	AD	DQ381566	Sušnik i sar., 2007
ADcr2	AD	MK184916	Delling i sar., 2020
ADcr3	AD	MK184930	Delling i sar., 2020
ADcr4	AD	MK184926	Delling i sar., 2020
ADcr5	AD	MK184935	Delling i sar., 2020
ADcr6	AD	MK184943	Delling i sar., 2020
AUA5	AD	AF253551	Suárez i sar., 2001
macros1	AD	JN807337	Querci i sar., 2013
<i>S. letnica</i> Haplo 12	AD	AY926570	Sušnik i sar., 2006
<i>S. letnica</i> Haplo 13	AD	AY926573	Sušnik i sar., 2006
<i>S. letnica</i> Haplo 14	AD	AY926571	Sušnik i sar., 2006
<i>S. letnica</i> Haplo 15	AD	AY926572	Sušnik i sar., 2006
<i>S. letnica</i> Haplo 16	AD	DQ381568	Sušnik i sar., 2007
<i>S. letnica</i> Haplo 17	AD	DQ381569	Sušnik i sar., 2007
<i>S. letnica</i> Haplo 18	AD	DQ381570	Sušnik i sar., 2007
MEcs1	ME	AY836350	Cortey i sar., 2004
MEcs2	ME	AY836351	Cortey i sar., 2004
MEcs3	ME	AY836352	Cortey i sar., 2004
MEcs4	ME	AY836353	Cortey i sar., 2004
MEcs5	ME	AY836354	Cortey i sar., 2004
MEcs6	ME	AY836355	Cortey i sar., 2004
MEcs7	ME	AY836356	Cortey i sar., 2004
MEcs8	ME	AY836357	Cortey i sar., 2004
MEcs9	ME	AY836358	Cortey i sar., 2004
MEcs10	ME	AY836359	Cortey i sar., 2004
MEcs11	ME	AY836360	Cortey i sar., 2004
MEcs13	ME	AY836362	Cortey i sar., 2004
MEcs14	ME	AY836363	Cortey i sar., 2004
MEcs15	ME	AY836364	Cortey i sar., 2004

Tabela 1. Nastavak.

Haplotip	Filogenetska linija	Pristupni broj	Referenca
MEcs23	ME	MG970273	Vera i sar., 2019
MEcs25	ME	MG970274	Vera i sar., 2019
MEcs26	ME	MG970275	Vera i sar., 2019
MEcs27	ME	MG970276	Vera i sar., 2019
MEcr1	ME	MK184945	Delling i sar., 2020
MAcs1	MA	AY836365	Cortey i sar., 2004
Ma1a	MA	DQ841191	Meraner i sar., 2007
Ma2a	MA	DQ841189	Meraner i sar., 2007
Ma2b	MA	DQ841190	Meraner i sar., 2007
Ma2c	MA	JQ582461	Meraner i sar., 2013
MAcs4	MA	JN208022	Pujolar i sar., 2011
MAcs5	MA	JQ041696	Lucarda i sar., 2012b
MaK1	MA	JX846931	Jadan i sar., 2015
MAcr1	MA	MK184938	Delling i sar., 2020
MAcr2	MA	MK184936	Delling i sar., 2020
MATR1	MA	JN543996	Özen, 2013
AD-Z1	MA	DQ381565	Sušnik i sar., 2007
ATcs1	AT	AF273086	Cortey i García-Marín, 2002
ATcs2	AT	AF273087	Cortey i García-Marín, 2002
ATcs3	AT	AF274574	Cortey i García-Marín, 2002
ATcs4	AT	AF274575	Cortey i García-Marín, 2002
ATcs5	AT	AF274576	Cortey i García-Marín, 2002
ATcs6	AT	AF274577	Cortey i García-Marín, 2002
ATcs11	AT	AY836327	Cortey i sar., 2004
ATcs12	AT	AY836328	Cortey i sar., 2004
ATcs13	AT	AY836329	Cortey i sar., 2004
ATcs14	AT	EF530476	Cortey i sar., 2009
ATcs15	AT	EF530477	Cortey i sar., 2009
ATcs16	AT	EF530478	Cortey i sar., 2009
ATcs17	AT	EF530479	Cortey i sar., 2009
ATcs18	AT	EF530480	Cortey i sar., 2009
ATcs19	AT	EF530481	Cortey i sar., 2009
ATcs20	AT	EF530482	Cortey i sar., 2009
ATcs21	AT	EF530483	Cortey i sar., 2009
ATcs22	AT	EF530484	Cortey i sar., 2009
ATcs23	AT	EF530485	Cortey i sar., 2009
ATcs24	AT	EF530486	Cortey i sar., 2009
ATcs25	AT	EF530487	Cortey i sar., 2009
ATcs26	AT	EF530488	Cortey i sar., 2009
ATcs27	AT	EF530489	Cortey i sar., 2009
ATcs28	AT	EF530490	Cortey i sar., 2009
ATcs29	AT	EF530491	Cortey i sar., 2009
ATcs30	AT	EF530492	Cortey i sar., 2009
ATcs31	AT	EF530493	Cortey i sar., 2009

Tabela 1. Nastavak.

Haplotip	Filogenetska linija	Pristupni broj	Referenca
ATcs32	AT	EF530494	Cortey i sar., 2009
ATcs33	AT	EF530495	Cortey i sar., 2009
ATcs34	AT	EF530496	Cortey i sar., 2009
ATcs35	AT	EF530497	Cortey i sar., 2009
ATcs36	AT	EF530498	Cortey i sar., 2009
ATcs37	AT	EF530499	Cortey i sar., 2009
ATcs38	AT	EF530500	Cortey i sar., 2009
ATcs39	AT	EF530501	Cortey i sar., 2009
ATcs41	AT	EF530502	Cortey i sar., 2009
ATcs42	AT	EF530503	Cortey i sar., 2009
ATcs43	AT	EF530504	Cortey i sar., 2009
ATcs45	AT	EF530505	Cortey i sar., 2009
ATcs46	AT	EF530506	Cortey i sar., 2009
ATcs47	AT	EF530507	Cortey i sar., 2009
ATcs48	AT	EF530508	Cortey i sar., 2009
ATcs49	AT	EF530509	Cortey i sar., 2009
ATcs50	AT	EF530510	Cortey i sar., 2009
ATcs51	AT	EF530511	Cortey i sar., 2009
ATcs52	AT	EF530512	Cortey i sar., 2009
ATcs53	AT	MK330940	Berrebi i sar., 2020
ATcs54*	AT	OP690631	ova studija
A5	AT	HQ848357	Kohout i sar., 2012
A7	AT	HQ848358	Kohout i sar., 2012
A8	AT	HQ848359	Kohout i sar., 2012
A9	AT	HQ848360	Kohout i sar., 2012
A10	AT	HQ848361	Kohout i sar., 2012
A11	AT	HQ848362	Kohout i sar., 2012
A12	AT	HQ848363	Kohout i sar., 2012
A13	AT	HQ848364	Kohout i sar., 2012
A14	AT	HQ848365	Kohout i sar., 2012
A15	AT	HQ848366	Kohout i sar., 2012
A16	AT	HQ848367	Kohout i sar., 2012
A17	AT	HQ848368	Kohout i sar., 2012
A18	AT	HQ848369	Kohout i sar., 2012
A19	AT	HQ848370	Kohout i sar., 2012
At1e	AT	DQ841192	Meraner i sar., 2007
At11a	AT	AY185578	Duftner i sar., 2003
At11b	AT	AY185579	Duftner i sar., 2003
ATSic	AT	JF297974	Snoj i sar., 2011
AT-Tyrrh1	AT	KX450263	Berrebi i sar., 2019
ATM2	AT	JF297979	Snoj i sar., 2011
ATM3	AT	JF297980	Snoj i sar., 2011

Tabela 1. Nastavak.

Haplotip	Filogenetska linija	Pristupni broj	Referenca
ATM4	AT	JF297975	Snoj i sar., 2011
ATM5	AT	JF297977	Snoj i sar., 2011
ATM7	AT	JF297982	Snoj i sar., 2011
ATM12	AT	KT279147	Doadrio i sar., 2015
ATM13	AT	KT279141	Doadrio i sar., 2015
ATM16	AT	KT279144	Doadrio i sar., 2015
NAcr1	NA	LT617612	Tougaard i sar., 2018
NAcr2	NA	LT617613	Tougaard i sar., 2018
NAcr5	NA	LT617632	Tougaard i sar., 2018
NA1	AT	AF253541	Suárez i sar., 2001
NA2	AT	AF253542	Suárez i sar., 2001
NA3	AT	AF253543	Suárez i sar., 2001
NA4	AT	AF253556	Suárez i sar., 2001
NA6	AT	AF253559	Suárez i sar., 2001
JE1	AT	AF253557	Suárez i sar., 2001
SA1	AT	AF253553	Suárez i sar., 2001
SA2	AT	AF253554	Suárez i sar., 2001
SA3	AT	AF253555	Suárez i sar., 2001
ATA1	NA	LT617630	Tougaard i sar., 2018
ATA2	NA	LT617631	Tougaard i sar., 2018
ATM1	AT-M	JF297978	Snoj i sar., 2011
ATM6	AT-M	JF297976	Snoj i sar., 2011
ATM9	AT-M	KT279157	Doadrio i sar., 2015
ATM10	AT-M	KT279143	Doadrio i sar., 2015
ATM11	AT-M	KT279146	Doadrio i sar., 2015
ATM14	AT-M	KT279142	Doadrio i sar., 2015
ATM15	AT-M	KT279152	Doadrio i sar., 2015
DUcs1	DU	EF530513	Cortey i sar., 2009
DUcs2	DU	EF530514	Cortey i sar., 2009
DUcs3	DU	EF530515	Cortey i sar., 2009
DUcs4	DU	EF530516	Cortey i sar., 2009
DUcs5	DU	EF530517	Cortey i sar., 2009
DUcs6	DU	EF530518	Cortey i sar., 2009
DUcs7	DU	EF530519	Cortey i sar., 2009
DUcs8	DU	EF530520	Cortey i sar., 2009
DUcs9	DU	EF530521	Cortey i sar., 2009
DUcs10	DU	EF530522	Cortey i sar., 2009
DUcs11	DU	EF530523	Cortey i sar., 2009
DUcs12	DU	EF530524	Cortey i sar., 2009
DUcs13	DU	EF530525	Cortey i sar., 2009
DUcs14	DU	EF530526	Cortey i sar., 2009
DUcs15	DU	EF530527	Cortey i sar., 2009
DUcs16	DU	EF530528	Cortey i sar., 2009
DUcs17	DU	EF530529	Cortey i sar., 2009

Tabela 1. Nastavak.

Haplotip	Filogenetska linija	Pristupni broj	Referenca
DUcs18	DU	EF530530	Cortey i sar., 2009
DUcs19	DU	EF530531	Cortey i sar., 2009
DUcs20	DU	EF530532	Cortey i sar., 2009
DUcs21	DU	EF530533	Cortey i sar., 2009
DUcs22	DU	EF530534	Cortey i sar., 2009
DUcs23	DU	EF530535	Cortey i sar., 2009
DUcs24	DU	KM210671	Vera i sar., 2015
DUcs25	DU	KM210672	Vera i sar., 2015
DUcs26	DU	KM210673	Vera i sar., 2015
DUcs27	DU	KM210674	Vera i sar., 2015
DUcs28	DU	KM210675	Vera i sar., 2015
DUcs29	DU	KM210676	Vera i sar., 2015
DUcs30	DU	KM210677	Vera i sar., 2015
DUcs31	DU	KM210678	Vera i sar., 2015
DUcs32	DU	KM210679	Vera i sar., 2015
DUcs33	DU	KM210680	Vera i sar., 2015
DUcs34	DU	KM210681	Vera i sar., 2015
DU1	DU	AF253544	Suárez i sar., 2001
DU2	DU	AF253545	Suárez i sar., 2001
DUhaplotype 7	DU	AF274578	Cortey i García-Marín, 2002
Dades	Dades	JF297981	Snoj i sar., 2011
Da1a	DA-ES	AY185568	Duftner i sar., 2003
Da1b	DA-ES	AY185569	Duftner i sar., 2003
Da1c	DA-ES	GQ284832	Baric i sar., 2010
Da1d	DA-ES	GQ284833	Baric i sar., 2010
Da1f	DA-ES	MK675073	Kanjuh i sar., 2020
Da1g	DA-ES	MK675074	Kanjuh i sar., 2020
Da2a	DA-ES	GQ284834	Baric i sar., 2010
Da2b	DA-ES	GQ284835	Baric i sar., 2010
Da2c	DA-ES	GQ284836	Baric i sar., 2010
Da3	DA-ES	AY185571	Duftner i sar., 2003
Da9	DA-ES	AY185572	Duftner i sar., 2003
Da9a	DA-ES	GQ222380	Jadan i sar., 2009
Da22	DA-ES	AY185573	Duftner i sar., 2003
Da23a	DA-ES	AY185574	Duftner i sar., 2003
Da23b	DA-ES	AY185575	Duftner i sar., 2003
Da26	DA-ES	DQ841194	Meraner i sar., 2007
Da27	DA-ES	MW618102	Marić i sar., 2022
Da28	DA-ES	MW618103	Marić i sar., 2022
Da29*	DA-ES	OP690621	ova studija
Da30*	DA-ES	OP690622	ova studija
Da31*	DA-ES	OP690623	ova studija
Da32*	DA-ES	OP690624	ova studija
Da33*	DA-ES	OP690625	ova studija

Tabela 1. Nastavak.

Haplotip	Filogenetska linija	Pristupni broj	Referenca
Da34*	DA-ES	OP690626	ova studija
Da35*	DA-ES	OP690627	ova studija
Da36*	DA-ES	OP690628	ova studija
Da37*	DA-ES	OP690629	ova studija
D3	DA-ES	HQ848371	Kohout i sar., 2012
D4	DA-ES	HQ848372	Kohout i sar., 2012
D5	DA-ES	HQ848373	Kohout i sar., 2012
D7	DA-ES	HQ848374	Kohout i sar., 2012
D8	DA-ES	HQ848375	Kohout i sar., 2012
DaDA1	DA-ES	GQ357906	Kohout i sar., 2013
DaDA2	DA-ES	GQ357907	Kohout i sar., 2013
Iran1	DA-ES	HM237337	Vera i sar., 2011
Iran2	DA-ES	HM237338	Vera i sar., 2011
Iran4	DA-ES	HM237340	Vera i sar., 2011
Iran5	DA-ES	HM237341	Vera i sar., 2011
Iran7	DA-ES	JF276031	Hashemzadeh Segherloo i sar., 2012
Iran8	DA-ES	JF276032	Hashemzadeh Segherloo i sar., 2012
SiLi_s4	DA-ES	MG551589	Levin i sar., 2018
Si_30	DA-ES	MG551591	Levin i sar., 2018
IsDa21	DA-ES	JF795537	Osinov, 2009
OxAFA2	DA-ES	EU329720	Griffiths i sar., 2009
OxAFE2	DA-ES	EU329721	Griffiths i sar., 2009
KK1002	DA-ES	KF985435	Schenekar i sar., 2014
KK2022	DA-ES	KF985474	Schenekar i sar., 2014
Orumieh2	DA-ES	JF276033	Hashemzadeh Segherloo i sar., 2012
DATR20	DA-ES	JN543992	Özen, 2013
DATR21	DA-ES	JN543993	Özen, 2013
DATR22	DA-ES	JN543994	Özen, 2013
DATR23	DA-ES	JN543995	Özen, 2013
Da24	DA-BS	AY185576	Duftner i sar., 2003
DaBS1	DA-BS	GQ357897	Kohout i sar., 2013
DaBS2	DA-BS	GQ357898	Kohout i sar., 2013
DaBS3	DA-BS	GQ357899	Kohout i sar., 2013
DaBS4	DA-BS	GQ357900	Kohout i sar., 2013
DaBS5	DA-BS	GQ357901	Kohout i sar., 2013
DaBS6	DA-BS	GQ357902	Kohout i sar., 2013
DaBS7	DA-BS	GQ357903	Kohout i sar., 2013
DaBS8	DA-BS	GQ357904	Kohout i sar., 2013
DaBS11	DA-BS	MW618105	Marić i sar., 2022
DATR2	DA-BS	JN543974	Özen, 2013
DATR3	DA-BS	JN543975	Özen, 2013
DATR4	DA-BS	JN543976	Özen, 2013
DATR6	DA-BS	JN543978	Özen, 2013
DATR7	DA-BS	JN543979	Özen, 2013
DATR8	DA-BS	JN543980	Özen, 2013
DATR10	DA-BS	JN543982	Özen, 2013

Tabela 1. Nastavak.

Haplotip	Filogenetska linija	Pristupni broj	Referenca
DATR11	DA-BS	JN543983	Özen, 2013
DATR12	DA-BS	JN543984	Özen, 2013
DATR13	DA-BS	JN543985	Özen, 2013
DATR14	DA-BS	JN543986	Özen, 2013
DATR16	DA-BS	JN543988	Özen, 2013
DATR17	DA-BS	JN543989	Özen, 2013
DATR18	DA-BS	JN543990	Özen, 2013
Kintrishi14	DA-BS	MG214772	Ninua i sar., 2018
Da25	DA-INT	GQ284837	Baric i sar., 2010
DaBS9	DA-INT	GQ357905	Kohout i sar., 2013
DaBS10	DA-INT	MW618104	Marić i sar., 2022
DATR19	DA-INT	JN543991	Özen, 2013
Tigris (TITR1)	TI	JN543997	Özen, 2013
<i>S. obtusirostris</i> 1		AF488535	Snoj i sar., 2002
<i>S. obtusirostris</i> 2		LT617633	Tougard i sar., 2018
<i>S. obtusirostris</i> 3		EF469832	Snoj i sar., 2008
<i>S. obtusirostris</i> 4		EF469833	Snoj i sar., 2008
<i>S. obtusirostris</i> 5		NC_037939	Tougard i sar., 2018
<i>S. ohridanus</i> 1		AY926564	Sušnik i sar., 2006
<i>S. ohridanus</i> 2		AY926560	Sušnik i sar., 2006
<i>S. ohridanus</i> 3		AY926568	Sušnik i sar., 2006
<i>S. ohridanus</i> 4		AY926561	Sušnik i sar., 2006
<i>S. ohridanus</i> 5		AY926569	Sušnik i sar., 2006
<i>S. ohridanus</i> 6		AY926559	Sušnik i sar., 2006
<i>S. ohridanus</i> 7		AY926563	Sušnik i sar., 2006
<i>S. ohridanus</i> 8		AY926567	Sušnik i sar., 2006
<i>S. ohridanus</i> 9		AY926565	Sušnik i sar., 2006
<i>S. ohridanus</i> 10		AY926562	Sušnik i sar., 2006
<i>S. ohridanus</i> 11		AY926566	Sušnik i sar., 2006
<i>S. salar</i>		AF133701	Arnason i sar., 2016

Arnason, U., Johnsson, E., Rasmussen, A. (2016). *Salmo salar* mitochondrion, complete genome [<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>]. Accession number AF133701.

Baric, S., Riedl, A., Meraner, A., Medgyesy, N., Lackner, R., Pelster, B., Via, J.D. (2010). Alpine headwater streams as reservoirs of remnant populations of the Danubian clade of brown trout. *Freshwater Biology*, 55: 866–880.

Berrebi, P., Caputo Barucchi, V., Splendiani, A., Muracciole, S., Sabatini, A., Palmas, F., Tougard, C., Arculeo, M., Marić, S. (2019). Brown trout (*Salmo trutta* L.) high genetic diversity around the Tyrrhenian Sea as revealed by nuclear and mitochondrial markers. *Hydrobiologia*, 826: 209–231.

Berrebi, P., Marić, S., Snoj, A., Hasegawa, K. (2020). Brown trout in Japan– introduction history, distribution and genetic structure. *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems*, 421: 18.

- 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*, 60: 1058–1063.
- Cortey, M., Pla, C., García-Marín, J.L. (2004). Historical biogeography of Mediterranean trout. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 33: 831–844.
- Cortey, M., Vera, M., Pla, C., García-Marín, J.L. (2009). Northern and Southern expansions of Atlantic brown trout (*Salmo trutta*) populations during the Pleistocene. *Biological Journal of the Linnean Society*, 97: 904–917.
- Delling, B., Sabatini, A., Muracciole, S., Tougard, C., Berrebi, P. (2020). Morphologic and genetic characterisation of Corsican and Sardinian trout with comments on *Salmo* taxonomy. *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems*, 421: 21.
- Doadrio, I., Perea, S., Yahyaoui, A. (2015). Two new species of Atlantic trout (Actinopterygii, Salmonidae) from Morocco. *Graellsia*, 71: e031.
- Duftner, N., Weiss, S., Medgyesy, N., Sturmbauer, C. (2003). Enhanced phylogeographic information about Austrian brown trout populations derived from complete mitochondrial control region sequences. *Journal of Fish Biology*, 62: 427–435.
- Grapci-Kotori, L., Vavalidis, T., Zogaris, D., Šanda, R., Vukić, J., Geci, D., Ibrahim, H., Bilalli, A., Zogaris, S. (2020). Fish distribution patterns in the White Drin (Drini i Bardhë) river, Kosovo. *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems*, 421: 29.
- Griffiths, A.M., Bright, D., Stevens, J.R. (2009). Complete mitochondrial control region sequences indicate a distinct variety of brown trout *Salmo trutta* in the Aral Sea. *Journal of Fish Biology*, 74: 1136–1142.
- Hashemzadeh Segherloo, I., Farahmand, H., Abdoli, A., Bernatchez, L., Primmer, C.R., Swatdipong, A., Karami, M., Khalili, B. (2012). Phylogenetic status of brown trout *Salmo trutta* populations in five rivers from the southern Caspian Sea and two inland lake basins, Iran: a morphogenetic approach. *Journal of Fish Biology*, 81: 1479–1500.
- Jadan, M., Čož-Rakovac, R., Strunjak-Perović, I., Topić Popović, N. (2009). *Salmo trutta* haplotype Da9a control region, complete sequence; mitochondrial [<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>]. Accession number GQ222380.
- Jadan, M., Strunjak-Perović, I., Popović, N.T., Čož-Rakovac, R. (2015). Three major phylogenetic lineages of brown trout (*Salmo trutta* Linnaeus, 1758) in the Krka River system (Croatia) revealed by complete mitochondrial DNA control region sequencing. *Journal of Applied Ichthyology*, 1: 192–196.
- Kanjuh, T., Marić, A., Piria, M., Špelić, I., Maguire, I., Simonović, P. (2020). Diversity of brown trout, *Salmo trutta* (Actinopterygii: Salmoniformes: Salmonidae), in the Danube River basin of Croatia revealed by mitochondrial DNA. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*, 50: 291–300.
- Kohout, J., Jašková, I., Papoušek, I., Šedivá, A., Šlechta, V. (2012). Effects of stocking on the genetic structure of brown trout, *Salmo trutta*, in Central Europe inferred from mitochondrial and nuclear DNA markers. *Fisheries Management and Ecology*, 19: 252–263.

- Kohout, J., Šedivá, A., Apostolou, A., Stefanov, T., Marić, S., Gaffaroğlu, M., Šlechta, V. (2013). Genetic diversity and phylogenetic origin of brown trout *Salmo trutta* populations in eastern Balkans. *Biologia*, 68: 1229–1237.
- Levin, B., Simonov, E., Rastorguev, S., Boulygina, E., Sharko, F., Tsygankova, S., Gabrielyan, B., Roubenyan, H., Mayden, R., Nedoluzhko, A. (2018). High-throughput sequencing of the mitochondrial genomes from archived fish scales: an example of the endangered putative species flock of Sevan trout *Salmo ischchan*. *Hydrobiologia*, 822: 217–228.
- Lucarda, N., Zoccola, R., Borroni, I., Puzzi, C.M., Grimaldi, E., Forneris, G. (2012a). *Salmo trutta* haplotype ADcs21 tRNA-Pro gene and control region, partial sequence; mitochondrial [<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>]. Accession number JQ030884.
- Lucarda, N., Zoccola, R., Capobianco, D., Forneris, G. (2012b). *Salmo marmoratus* haplotype MAcs5 control region, partial sequence; mitochondrial [<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>]. Accession number JQ041696.
- Marić, S., Sušnik Bajec, S., Schöffmann, J., Kostov, V., Snoj, A. (2017). Phylogeography of stream-dwelling trout in the Republic of Macedonia and a molecular genetic basis for revision of the taxonomy proposed by S. Karaman. *Hydrobiologia*, 785: 249–260.
- Marić, S., Stanković, D., Sušnik Bajec, S., Vukić, J., Šanda, R., Stefanov, T., Nikolić, D., Snoj, A. (2022). Perils of brown trout (*Salmo* spp.) mitigation-driven translocations: a case study from the Vlasina Plateau, Southeast Serbia. *Biological Invasions*, 24: 999–1016.
- Meraner, A., Baric, S., Pelster, B., Via, J.D. (2007). Trout (*Salmo trutta*) mitochondrial DNA polymorphism in the centre of the marble trout distribution area. *Hydrobiologia*, 579: 337–349.
- Meraner, A., Gratton, P., Baraldi, F., Gandolfi, A. (2013). Nothing but a trace left? Autochthony and conservation status of Northern Adriatic *Salmo trutta* inferred from PCR multiplexing, mtDNA control region sequencing and microsatellite analysis. *Hydrobiologia*, 702: 201–213.
- Ninua, L., Tarkhnishvili, D., Gvazava, E. (2018). Phylogeography and taxonomic status of trout and salmon from the Ponto-Caspian drainages, with inferences on European Brown Trout evolution and taxonomy. *Ecology and Evolution*, 8: 2645–2658.
- Osinov, A.G. (2009). Iranian samples of brown trout *Salmo trutta* or rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*: comparison of evidence from allozyme and mitochondrial DNA control region sequence analysis. *Journal of Ichthyology*, 49: 825–828.
- Özen, N. (2013). Türkiye'deki alabalıkların (*Salmo trutta* L.) moleküler filogenisi. Adnan Menderes University, Doctoral Dissertation.
- Pujolar, J.M., Lucarda, A.N., Simonato, M., Patarnello, T. (2011). Restricted gene flow at the micro- and macro-geographical scale in marble trout based on mtDNA and microsatellite polymorphism. *Frontiers in Zoology*, 8: 1–10.

- Querci, G., Pecchioli, E., Leonzio, C., Frati, F., Nardi, F. (2013). Molecular characterization and hybridization in *Salmo (trutta) macrostigma* morphotypes from Central Italy. *Hydrobiologia*, 702: 191–200.
- Schenekar, T., Lerceteau-Köhler, E., Weiss, S. (2014). Fine-scale phylogeographic contact zone in Austrian brown trout *Salmo trutta* reveals multiple waves of post-glacial colonization and a pre-dominance of natural versus anthropogenic admixture. *Conservation Genetics*, 15: 561–572.
- Snoj, A., Melkič, E., Sušnik, S., Muhamedagić, S., Dovč, P. (2002). DNA phylogeny supports revised classification of *Salmothymus obtusirostris*. *Biological Journal of the Linnean Society*, 77: 399–411.
- Snoj, A., Bogut, I., Sušnik, S. (2008). Evidence of a genetically distinct population of Vrljika softmouth trout *Salmo obtusirostris* Heckel evolved by vicariance. *Journal of Fish Biology*, 72: 1945–1959.
- Snoj, A., Marić, S., Sušnik Bajec, S., Berrebi, P., Janjani, S., Schöffmann, J. (2011). Phylogeographic structure and demographic patterns of brown trout in North-West Africa. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 61: 203–211.
- Suárez, J., Bautista, J.M., Almodóvar, A., Machordom, A. (2001). Evolution of the mitochondrial control region in Palaearctic brown trout (*Salmo trutta*) populations: the biogeographical role of the Iberian Peninsula. *Heredity*, 87: 198–206.
- Sušnik, S., Knizhin, I., Snoj, A., Weiss, S. (2006). Genetic and morphological characterization of a Lake Ohrid endemic, *Salmo (Acantholingua) ohridanus* with a comparison to sympatric *Salmo trutta*. *Journal of Fish Biology*, 68: 2–23.
- Sušnik, S., Snoj, A., Wilson, I.F., Mrdak, D., Weiss, S. (2007). Historical demography of brown trout (*Salmo trutta*) in the Adriatic drainage including the putative *S. letnica* endemic to Lake Ohrid. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 44: 63–76.
- Tougaard, C., Justy, F., Guinand, B., Douzery, E.J., Berrebi, P. (2018). *Salmo macrostigma* (Teleostei, Salmonidae): nothing more than a brown trout (*S. trutta*) lineage? *Journal of Fish Biology*, 93: 302–310.
- Vera, M., Sourinejad, I., Bouza, C., Vilas, R., Pino-Querido, A., Kalbassi, M.R., Martínez, P. (2011). Phylogeography, genetic structure, and conservation of the endangered Caspian brown trout, *Salmo trutta caspius* (Kessler, 1877), from Iran. *Hydrobiologia*, 664: 51–67.
- Vera, M., García-Marín, J.L. Martínez, P., Bouza, C. (2015). Phylogenetic diversity within the endemic brown trout Duero lineage: implications for conservation and management. *Marine and Freshwater Research*, 66: 1066–1071.
- Vera, M., Bouza, C., Casanova, A., Heras, S., Martínez, P., García-Marín, J.L. (2019). Identification of an endemic Mediterranean brown trout mtDNA group within a highly perturbed aquatic system, the Llobregat River (NE Spain). *Hydrobiologia*, 827: 277–291.

Tabela 2. Spisak lokaliteta na kojima su zabeleženi haplotipovi DA-ES, DA-BS i DA-INT haplogrupa. Redni broj lokaliteta odgovara broju i položaju lokaliteta na karti distribucije DA haplogrupa (Slika 11).

Lokalitet (sliv) zemlja	Zabeleženi haplotipovi (broj jedinki)	Referenca
<i>DA-ES haplogrupa</i>		
1. Vermuntbach (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (21)	Duftner i sar., 2003
2. Hornbach (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da2a (7)	Weiss i sar., 2001
3. Fagge (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (20)	Duftner i sar., 2003
4. Rossbach (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da2c (7)	Baric i sar., 2010
5. Rappenbach (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da2a (14), Da2c (5)	Baric i sar., 2010
6. Jezero Gossenköllesee (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da1b (20)	Duftner i sar., 2003
7. Eulenbach (Dunav → Crno more) Nemačka	Da2a (2)	Bernatchez i sar., 1992
8. Sendersbach (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (3), Da2b (27), Da2c (1)	Baric i sar., 2010
9. Trins-Padast (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da2b (20)	Baric i sar., 2010
10. Zeisbach (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (1), Da2a (13), Da22 (1)	Baric i sar., 2010
11. Schlandraunbach (Adiđe → Jadransko more) Italija	Da1a (2)	Meraner i sar., 2007
12. Adiđe (Jadransko more) Italija	Da1a (1), Da26 (1)	Meraner i sar., 2007
13. Talfer (Eisack → Adiđe → Jadransko more) Italija	Da2a (1)	Meraner i sar., 2007
14. Eisack (Adiđe → Jadransko more) Italija	Da1a (2), Da26 (3)	Meraner i sar., 2007
15. Grünbach (Eisack → Adiđe → Jadransko more) Italija	Da1a (20)	Meraner i sar., 2007
16. Kampillbach (Eisack → Adiđe → Jadransko more) Italija	Da1a (10), Da2a (2), Da22 (1)	Meraner i sar., 2007
17. Gader (Eisack → Adiđe → Jadransko more) Italija	Da1a (1)	Meraner i sar., 2007
18. Reinbach (Eisack → Adiđe → Jadransko more) Italija	Da1a (4)	Meraner i sar., 2007
19. Ahr (Eisack → Adiđe → Jadransko more) Italija	Da1a (3)	Meraner i sar., 2007
20. Antholzer Bach (Eisack → Adiđe → Jadransko more) Italija	Da1a (19), Da26 (3)	Meraner i sar., 2007
21. Kreuzbach (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da1d (16)	Baric i sar., 2010

Tabela 2. Nastavak.

Lokalitet (sliv) zemlja	Zabeleženi haplotipovi (broj jedinki)	Referenca
<i>DA-ES haplogrupa</i>		
22. Weisenbach (Lech → Dunav → Crno more) Austrija	Da22 (10)	Weiss i sar., 2001
23. Blühnbach (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da2a (15), Da22 (4)	Weiss i sar., 2001
24. Haslingbach (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da22 (11)	Weiss i sar., 2001
25. Windbach (Salzach → Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (15)	Baric i sar., 2010
26. Krimmler Ache (Salzach → Dunav → Crno more) Austrija	Da2c (17)	Baric i sar., 2010
27. Grubingbach (Salzach → Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (8)	Baric i sar., 2010
28. Rettenbach (Salzach → Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (10)	Baric i sar., 2010
29. Kollerschlägerbach (Dunav → Crno more) Austrija	Da2a (1)	Weiss i sar., 2001
30. Sandtalgraben (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (15)	Baric i sar., 2010
31. Katzbach (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (17)	Baric i sar., 2010
32. Sauedterbach (Dunav → Crno more) Austrija	Da2a (2)	Weiss i sar., 2001
33. Kapellenbach (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (2), Da22 (1)	Baric i sar., 2010
34. Kamp (Rosenburg) (Krems → Dunav → Crno more) Austrija	Da3 (3)	Weiss i sar., 2001
35. Kamp (Schönbach) (Krems → Dunav → Crno more) Austrija	Da3 (3), Da9 (2)	Weiss i sar., 2001
36. Jezero Anrasersee (Drava → Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (20)	Duftner i sar., 2003
37. Faisternitzbach (Drava → Dunav → Crno more) Austrija	Da2a (15), Da9 (1)	Weiss i sar., 2001
38. Drava (Dunav → Crno more) Austrija	Da22 (1)	Weiss i sar., 2001
39. Kristeinbach (Drava → Dunav → Crno more) Austrija	Da9 (8)	Weiss i sar., 2001
40. Schwarzenberg (Dunav → Crno more) Austrija	Da2a (5)	Weiss i sar., 2001
41. Piesting (Zellenbach) (Dunav → Crno more) Austrija	Da2a (2)	Weiss i sar., 2001
42. Lunzerseebach (Dunav → Crno more) Austrija	Da2a (2)	Weiss i sar., 2001
43. Woisgenbach (Drava → Dunav → Crno more) Austrija	Da1c (17)	Baric i sar., 2010

Tabela 2. Nastavak.

Lokalitet (sliv) zemlja	Zabeleženi haplotipovi (broj jedinki)	Referenca
<i>DA-ES haplogrupa</i>		
44. Anlaufbach (Salzach → Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (52)	Baric i sar., 2010
45. Dösenbach (Drava → Dunav → Crno more) Austrija	Da1c (23)	Baric i sar., 2010
46. Maisbach (Drava → Dunav → Crno more) Austrija	Da2a (26)	Baric i sar., 2010
47. Daglesbach River = Viehbach (Weiss, 2011) (Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (1), Da22 (2)	Weiss i sar., 2001 Duftner i sar., 2003
48. Lohnbach (Dunav → Crno more) Austrija	Da1a (5), Da23b (1), Da22 (2), Da3 (1)	Weiss i sar., 2001 Duftner i sar., 2003
49. Kleiner Kamp (Krems → Dunav → Crno more) Austrija	Da3 (1), Da9 (1), Da23a (1), KK1002 (35), KK2022 (4)	Duftner i sar., 2003 Schenekar i sar., 2014
50. Freßnitzbach (Drava → Dunav → Crno more) Austrija	Da2a (1)	Duftner i sar., 2003
51. Celní potok (Nab → Dunav → Crno more) Češka Republika	Da1a (7)	Kohout i sar., 2012
52. Medvědí potok (Regen → Dunav → Crno more) Češka Republika	Da1a (2), Da3 (1)	Kohout i sar., 2012
53. Liščí potok (Regen → Dunav → Crno more) Češka Republika	Da1a (1), Da3 (1)	Kohout i sar., 2012
54. Mlýnský potok (Große Mühl → Dunav → Crno more) Češka Republika	Da1a (14), D3 (4)	Kohout i sar., 2012
55. Dyje (Morava → Dunav → Crno more) Češka Republika	Da1a (1), D5 (2)	Kohout i sar., 2012
56. Desna (Morava → Dunav → Crno more) Češka Republika	Da1a (1), D8 (1)	Kohout i sar., 2012
57. Vah (Dunav → Crno more) Slovačka	Da1a (1), Da22 (3), D4 (1)	Kohout i sar., 2012
58. Muranj (Tisa → Dunav → Crno more) Slovačka	Da1a (1), Da22 (1), D7 (1)	Kohout i sar., 2012
59. Topľa (Tisa → Dunav → Crno more) Slovačka	Da1a (1), Da22 (1), D5 (1)	Kohout i sar., 2012
60. Poprad (Visla → Baltičko more) Slovačka	Da1a (5), Da22 (1), D4 (1)	Kohout i sar., 2012
61. Kežmarská Biela voda (Visla → Baltičko more) Slovačka	Da1a (3), Da22 (2), D5 (1)	Kohout i sar., 2012
62. Bohinjsko jezero (Sava → Dunav → Crno more) Slovenija	Da2a (1)	Bernatchez i sar., 1992
63. Sava Dolinka (Sava → Dunav → Crno more) Slovenija	Da1a (7)	Simonović i sar., 2017
64. Ribnica (Sava → Dunav → Crno more) Slovenija	Da1a (17)	Simonović i sar., 2017
65. Iška (Sava → Dunav → Crno more) Slovenija	Da1a (3), Da2a (1), Da3 (2)	Simonović i sar., 2017

Tabela 2. Nastavak.

Lokalitet (sliv) zemlja	Zabeleženi haplotipovi (broj jedinki)	Referenca
<i>DA-ES haplogrupa</i>		
66. Mahnečica (Sava → Dunav → Crno more) Slovenija	Da1a (11)	Simonović i sar., 2017
67. Obrh (Ljubljana → Sava → Dunav → Crno more) Slovenija	Da1a (1), Da2a (4)	Simonović i sar., 2017
68. Krka (Sava → Dunav → Crno more) Slovenija	Da1a (12), Da2a (5), Da22 (24)	Simonović i sar., 2017
69. Velka (Drava → Dunav → Crno more) Slovenija	Da1a (3), Da2a (1)	Simonović i sar., 2017
70. Mislinja (Drava → Dunav → Crno more) Slovenija	Da1a (12), Da2a (10)	Simonović i sar., 2017
71. Kremžarjev potok (Drava → Dunav → Crno more) Slovenija	Da1a (2)	Simonović i sar., 2017
72. Kozji jarek (Kupa → Sava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da1a (6)	Simonović i sar., 2017
73. Čabranka (Kupa → Sava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da1a (9), Da2a (2)	Kanjuh i sar., 2020
74. Bresni potok (Kupa → Sava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da2a (2)	Kanjuh i sar., 2020
75. Mala Lešnica (Kupa → Sava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da1a (9)	Kanjuh i sar., 2020
76. Curak (Kupa → Sava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da1a (14)	Simonović i sar., 2017 Kanjuh i sar., 2020
77. Jasenak (Kupa → Sava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da1a (4)	Kanjuh i sar., 2020
78. Lička Jesenica (Kupa → Sava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da1a (1), Da2a (8)	Kanjuh i sar., 2020
79. Lička (Kupa → Sava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da1a (9)	Simonović i sar., 2017
80. Gacka (Jadransko more) Hrvatska	Da2a (14)	Simonović i sar., 2017
81. Slapnica (Kupa → Sava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da1a (8), Da2a (2)	Kanjuh i sar., 2020
82. Kupčina (Kupa → Sava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da1a (13)	Kanjuh i sar., 2020
83. Plitvica (Drava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da9a (1)	Jadan i sar., 2009
84. Orłjava (Sava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da22 (5)	Kanjuh i sar., 2020
85. Toplica (Drava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da1a (5), Da1g (5), Da22 (2)	Kanjuh i sar., 2020
86. Brzaja (Sava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da2a (1), Da22 (7)	Kanjuh i sar., 2020
87. Jankovački potok (Drava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da1a (2), Da1f (3)	Kanjuh i sar., 2020

Tabela 2. Nastavak.

	Lokalitet (sliv) zemlja	Zabeleženi haplotipovi (broj jedinki)	Referenca
<i>DA-ES haplogrupa</i>			
88.	Jankovačko jezero (Drava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da1a (1), Da2a (7)	Kanjuh i sar., 2020
89.	Veličanka (Sava → Dunav → Crno more) Hrvatska	Da1a (3), Da22 (1)	Kanjuh i sar., 2020
90.	Svetinja (Una → Sava → Dunav → Crno more) Bosna i Hercegovina	Da2a (1), Da22 (1)	Simonović i sar., 2017
91.	Kručica (Bosna → Dunav → Crno more) Bosna i Hercegovina	Da22 (2)	Simonović i sar., 2017
92.	Una (Sava → Dunav → Crno more) Bosna i Hercegovina	Da22 (4)	Simonović i sar., 2017
93.	Vrijeka (Neretva → Egejsko more) Bosna i Hercegovina	Da2a (3)	Simonović i sar., 2017
94.	Drina (Sava → Dunav → Crno more) Bosna i Hercegovina	Da1a (14)	Simonović i sar., 2017
95.	Komarnica (Drina → Dunav → Crno more) Crna Gora	Da1a (7), Da2a (5)	Simonović i sar., 2017
96.	Tara (Drina → Dunav → Crno more) Crna Gora	Da1a (5), Da2a (3)	Simonović i sar., 2017
97.	Gornja Zeta (Morača → Skadarsko jezero) Crna Gora	Da1a (14)	Simonović i sar., 2017
98.	Gračanica (Zeta → Morača → Skadarsko jezero) Crna Gora	Da1a (4)	Simonović i sar., 2017
99.	Nožica (Morača → Skadarsko jezero) Crna Gora	Da1a (11)	Simonović i sar., 2017
100.	Boranjska reka (Drina → Dunav → Crno more) Srbija	Da2a (15)	ova studija
101.	Zmajevac (Drina → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (1), Da2a (2)	Marić i sar., 2006
102.	Ljuboviđa (Drina → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (12), Da2a (8)	ova studija
103.	Rača (Drina → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (20)	ova studija
104.	Crni potok (Drina → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (2)	Marić i sar., 2006
105.	Gračanica (Drina → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (3), Da2a (16), Da22 (1)	ova studija
106.	Vapa (Drina → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (6), Da28 (13)	ova studija
107.	Povlenska reka (Kolubara → Dunav → Crno more) Srbija	Da2a (20)	ova studija
108.	Gradac (Kolubara → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (17), Da2a (2)	Marić i sar., 2006 ova studija
109.	Đetinja (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (20)	ova studija

Tabela 2. Nastavak.

Lokalitet (sliv) zemlja	Zabeleženi haplotipovi (broj jedinki)	Referenca
<i>DA-ES haplogrupa</i>		
110. Godljevača (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (2)	Marić i sar., 2006
111. Katušnica (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (1), Da31(19)	ova studija
112. Veliki Rzav (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (2), Da1c (1), Da2a (2), Da31(8)	ova studija
113. Trudovačka reka (Lim → Drina → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (3)	Marić i sar., 2006
114. Panjica (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (10), Da28 (10)	ova studija
115. Tolišnica (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (5), Da35 (12), Da36 (3)	ova studija
116. Brvenica (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (2), Da2a (2), Da28 (1), Da31 (3)	ova studija
117. Maglička reka (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (1), Da22 (4)	ova studija
118. Bresnička reka (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (10), Da22 (10), Da30 (2)	Marić i sar., 2006 ova studija
119. Jošanica (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (3)	Marić i sar., 2006
120. Studenica (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (16), Da2a (4)	ova studija
121. Izubra (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (20)	ova studija
122. Brevina (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (12), Da2a (9), Da28 (1), Da30 (1)	Marić i sar., 2006 ova studija
123. Gokčanica (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da2a (20)	ova studija
124. Samokovska reka (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (16), Da28 (2)	ova studija
125. Brzečka reka (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da2a (9), Da28 (2)	ova studija
126. Jastrebačka reka (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (2)	Simonović i sar., 2017
127. Štavska reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (6), Da2a (11), Da33 (2)	ova studija
128. Prolovska reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (3)	Marić i sar., 2006
129. Sokobanjska Moravica (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (6), Da2a (6), Da30 (5), Da33 (2)	ova studija
130. Toplodolska reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (9), Da37 (9)	ova studija
131. Studenačka reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (5), IsDa21 (3)	Marić i sar., 2006 Kanjuh i sar., 2021
132. Visočica (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da2a (1), Da22 (19), Da28 (1)	Kanjuh i sar., 2021 ova studija

Tabela 2. Nastavak.

Lokalitet (sliv) zemlja	Zabeleženi haplotipovi (broj jedinki) <i>DA-ES haplogrupa</i>	Referenca
133. Temštica (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (1)	Kanjuh i sar., 2021
134. Javorska reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (12)	Kanjuh i sar., 2021
135. Dojkinačka reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (16), Da22 (16)	Marić i sar., 2006 Kanjuh i sar., 2021; ova studija
136. Vodenička reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (2), Da22 (31), Da28 (6)	Kanjuh i sar., 2021 ova studija
137. Rosomačka reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (6), Da22 (4)	Marić i sar., 2006 Kanjuh i sar., 2021
138. Dursunska reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	DaDA1 (2), Da2a (9), Da9 (6), Da29 (3)	ova studija
139. Bistrička reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	DaDA1 (4), Da2a (16)	ova studija
140. Vlasina (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	DaDA1 (21)	Marić i sar., 2006 ova studija
141. Polomska reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	DaDA1 (5)	ova studija
142. Jerma (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (6), Da22 (3), Da26 (2)	Simonović i sar., 2017 Kanjuh i sar., 2021; ova studija
143. Jelašnička reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (20)	Marić i sar., 2006 ova studija
144. Džepska reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da2a (2), Da1a (2), DaDA1 (12)	Kohout i sar., 2013
145. Masurička reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (12), Da27 (1)	ova studija
146. Šaovice (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da2a (1)	ova studija
147. Resava (Velika Morava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (1), Da1d (12), Da2a (8), Da30 (1)	Marić i sar., 2006 ova studija
148. Buk (Mlava → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (2)	Marić i sar., 2006
149. Mlava (Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (9), Da32 (4)	ova studija
150. Krupaja (Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (10), Da32 (4)	ova studija
151. Kožica (Dunav → Crno more) Srbija	Da2a (1), Da34 (33)	Tošić i sar., 2016 ova studija
152. Mala Boljetinska (Dunav → Crno more) Srbija	Da34 (6)	Tošić i sar., 2016
153. Zlatica (Dunav → Crno more) Srbija	Da34 (12)	Tošić i sar., 2016
154. Rečka (Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (13), Da23b (1)	Marić i sar., 2006 Tošić i sar., 2016
155. Vratna (Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (2), Da23b (2), Da34 (24)	Marić i sar., 2006 Tošić i sar., 2016; ova studija

Tabela 2. Nastavak.

Lokalitet (sliv) zemlja	Zabeleženi haplotipovi (broj jedinki)	Referenca
<i>DA-ES haplogroup</i>		
156. Zamna (Dunav → Crno more) Srbija	Da34 (6)	Tošić i sar., 2016
157. Bledarija (Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (11)	Simonović i sar., 2017
158. Zlotska reka (Timok → Dunav → Crno more) Srbija	Da2a (19), Da33 (1)	ova studija
159. Lukovo (Timok → Dunav → Crno more) Srbija	Da34 (1)	Tošić i sar., 2014
160. Radovanjska reka (Timok → Dunav → Crno more) Srbija	Da2a (10), Da23b (2), Da34 (8)	Marić i sar., 2006 Tošić i sar., 2014
161. Mirovštica (Timok → Dunav → Crno more) Srbija	Da2a (11), Da33 (6), Da34 (5)	Tošić i sar., 2014 ova studija
162. Golema reka (Timok → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (3)	Marić i sar., 2006
163. Janjska reka (Timok → Dunav → Crno more) Srbija	Da1a (12), Da1c (4), Da28 (1)	ova studija
164. Cerny Iskar (Iskar → Dunav → Crno more) Bugarska	Da1a (6), Da26 (5), Da2a (1)	Kohout i sar., 2013
165. Vidima (Jantra → Dunav → Crno more) Bugarska	Da26 (2)	Kohout i sar., 2013
166. Rizekent (Eufrat → Persijski zaliv) Turska	DATR22 (2)	Özen, 2013
167. Toro (Kura → Kaspijsko jezero) Turska	DATR21 (2)	Özen, 2013
168. Karaçingil (Kura → Kaspijsko jezero) Turska	DATR20 (8)	Özen, 2013
169. Koyunlu (Kura → Kaspijsko jezero) Turska	DATR20 (9)	Özen, 2013
170. Ortaköy (Aras → Kaspijsko jezero) Turska	DATR22 (2), DATR23 (1)	Özen, 2013
171. Jezero Sevan (Kaspijsko jezero) Jermenija	IsDa21 (1), Si_30 (1), SiLi_s4 (1)	Osinov, 2009 Levin i sar., 2018
172. Jezero Urmija Iran	Orumieh2 (1)	Hashemzadeh Segherloo i sar., 2012
173. Karganrud (Kaspijsko jezero) Iran	Iran1 (1), Iran2 (7)	Vera i sar., 2011
174. Navrud (Kaspijsko jezero) Iran	Iran2 (8)	Vera i sar., 2011
175. Tonekabon (Kaspijsko jezero) Iran	Iran1 (10), Iran2 (38), Iran4 (2), Iran5 (2)	Vera i sar., 2011
176. Sardabrud (Kaspijsko jezero) Iran	Iran1 (14), Iran2 (6)	Vera i sar., 2011
177. Haraz (Kaspijsko jezero) Iran	Iran7 (1), Iran8 (1)	Hashemzadeh Segherloo i sar., 2012
178. Amu Darja (sliv Aralskog mora) Avganistan	OxAFA2 (4), OxAFE2 (1)	Griffiths i sar., 2009

Tabela 2. Nastavak.

Lokalitet (sliv) zemlja	Zabeleženi haplotipovi (broj jedinki)	Referenca
<i>DA-ES haplogrupa</i>		
179. Baromytka (Usa → Volga → Kaspijsko jezero) Rusija	Iran1 (2)	Marić i sar., 2016
180. Kyslinka (Kama → Volga → Kaspijsko jezero) Rusija	Iran1 (8)	Marić i sar., 2016
181. Stepnuha (Kama → Volga → Kaspijsko jezero) Rusija	Iran1 (5)	Marić i sar., 2016
182. Shaytanka (Kama → Volga → Kaspijsko jezero) Rusija	Iran1 (9)	Marić i sar., 2016
183. Ajudy (Kama → Volga → Kaspijsko jezero) Rusija	Iran1 (7)	Marić i sar., 2016
184. Apsak (Kama → Volga → Kaspijsko jezero) Rusija	Iran1 (9)	Marić i sar., 2016
185. Barangulovka (Sakmara → Ural → Kaspijsko jezero) Rusija	Iran1 (7)	Marić i sar., 2016
186. Taymanishty (Bolshoy Kyzyl → Ural → Kaspijsko jezero) Rusija	Iran1 (9)	Marić i sar., 2016
<i>DA-INT haplogrupa</i>		
1. Rappenbach (In → Dunav → Crno more) Austrija	Da25 (1)	Baric i sar., 2010
2. Džepska reka (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	DaBS9 (2)	Marić i sar., 2006 Kohout i sar., 2013
3. Garvanica (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	DaBS9 (18), DaBS10 (1)	ova studija
4. Ovit (Koruh → Crno more) Turska	DATR19 (1)	Özen, 2013
<i>DA-BS haplogrupa</i>		
1. Waldaist (Aist → Dunav → Crno more) Austrija	Da24 (7)	Weiss i sar., 2001 Duftner i sar., 2003
2. Brvenica (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	DaBS1 (10)	ova studija
3. Gokčanica (Zapadna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	DaBS1 (1)	ova studija
4. Vrla (Južna Morava → Dunav → Crno more) Srbija	DaBS11 (15)	Marić i sar., 2006 ova studija
5. Tamiš (Olt → Dunav → Crno more) Rumunija	DaBS2 (11), DaBS3 (2), DaBS4 (5), DaBS5 (3)	Kohout i sar., 2013
6. Beli Vit (Vit → Dunav → Crno more) Bugarska	DaBS1 (2), DaBS3 (3)	Kohout i sar., 2013
7. Rezve (Crno more) Turska	DaBS1 (14)	Kohout i sar., 2013 Özen, 2013
8. Ayideresi (Egejsko more) Turska	DaBS6 (3)	Özen, 2013
9. Çatalaliç (Mramorno more) Turska	DaBS1 (8)	Özen, 2013

Tabela 2. Nastavak.

Lokalitet (sliv) zemlja	Zabeleženi haplotipovi (broj jedinki)	Referenca
<i>DA-BS haplogroup</i>		
10. Akçay (Mramorno more) Turska	DaBS1 (10)	Özen, 2013
11. Abant jezero (Crno more) Turska	DaBS6 (7), DATR4 (1), DaBS7 (10), DATR2 (1)	Özen, 2013 Kohout i sar., 2013
12. Karabey (Crno more) Turska	DaBS6 (7), DATR18 (1)	Özen, 2013
13. Yedigöl (Crno more) Turska	DATR16 (4)	Özen, 2013
14. Körkün (Seyhan → Sredozemno more) Turska	DaBS1 (1)	Özen, 2013
15. Tamdere (Crno more) Turska	DaBS6 (1), DATR6 (6)	Özen, 2013
16. Gemin (Kelkit → Crno more) Turska	DaBS6 (7), DATR6 (1)	Özen, 2013
17. Yağmurdere (Crno more) Turska	DaBS6 (10)	Özen, 2013
18. Uzungöl (Crno more) Turska	DaBS1 (1)	Özen, 2013
19. Ovit (Çoruh → Crno more) Turska	DaBS6 (8), DATR7 (1)	Özen, 2013
20. Merékum (Çoruh → Crno more) Turska	DaBS7 (11), DATR17 (8)	Özen, 2013
21. Kırık (Eufrat → Persijski zaliv) Turska	DATR10 (5), DATR13 (1), DATR11(1)	Özen, 2013
22. İkizdere (Crno more) Turska	DaBS1 (2), DATR7 (7), DATR8 (1), DATR14 (1)	Özen, 2013
23. Kengel (Crno more) Turska	DaBS1 (6)	Özen, 2013
24. Dörtkilise (Çoruh → Crno more) Turska	DaBS8 (2), DATR3 (5)	Özen, 2013
25. Çoruh River (Crno more) Turska	DaBS8 (2)	Kohout i sar., 2013

Baric, S., Riedl, A., Meraner, A., Medgyesy, N., Lackner, R., Pelster, B., Via, J.D. (2010). Alpine headwater streams as reservoirs of remnant populations of the Danubian clade of brown trout. *Freshwater Biology*, 55: 866–880.

Bernatchez, L., Guyomard, R., Bonhomme, F. (1992). DNA sequence variation of the mitochondrial control region among geographically and morphologically remote European brown trout *Salmo trutta* populations. *Molecular Ecology*, 1: 161–173.

Duftner, N., Weiss, S., Medgyesy, N., Sturmbauer, C. (2003). Enhanced phylogeographic information about Austrian brown trout populations derived from complete mitochondrial control region sequences. *Journal of Fish Biology*, 62: 427–435.

Griffiths, A.M., Bright, D., Stevens, J.R. (2009). Complete mitochondrial control region sequences indicate a distinct variety of brown trout *Salmo trutta* in the Aral Sea. *Journal of Fish Biology*, 74: 1136–1142.

- Hashemzadeh Segherloo, I., Farahmand, H., Abdoli, A., Bernatchez, L., Primmer, C.R., Swatdipong, A., Karami, M., Khalili, B. (2012). Phylogenetic status of brown trout *Salmo trutta* populations in five rivers from the southern Caspian Sea and two inland lake basins, Iran: a morphogenetic approach. *Journal of Fish Biology*, 81: 1479–1500.
- Jadan, M., Čož-Rakovac, R., Strunjak-Perović, I., Topić Popović, N. (2009). *Salmo trutta* haplotype Da9a control region, complete sequence; mitochondrial [<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>]. Accession number GQ222380.
- Kanjuh, T., Marić, A., Piria, M., Špelić, I., Maguire, I., Simonović, P. (2020). Diversity of brown trout, *Salmo trutta* (Actinopterygii: Salmoniformes: Salmonidae), in the Danube River basin of Croatia revealed by mitochondrial DNA. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*, 50: 291–300.
- Kanjuh, T., Tomić, S., Marić, A., Škraba Jurlina, D., Nikolić, V., Simonović, P. (2021). Trout *Salmo* spp. (Salmoniformes: Salmonidae) molecular diversity in streams on the southern slopes of the Stara Planina Mts. in Serbia. *Acta Zoologica Bulgarica*, 7: 425–429.
- Kohout, J., Jašková, I., Papoušek, I., Šedivá, A., Šlechta, V. (2012). Effects of stocking on the genetic structure of brown trout, *Salmo trutta*, in Central Europe inferred from mitochondrial and nuclear DNA markers. *Fisheries Management and Ecology*, 19: 252–263.
- Kohout, J., Šedivá, A., Apostolou, A., Stefanov, T., Marić, S., Gaffaroğlu, M., Šlechta, V. (2013). Genetic diversity and phylogenetic origin of brown trout *Salmo trutta* populations in eastern Balkans. *Biologia*, 68: 1229–1237.
- Levin, B., Simonov, E., Rastorguev, S., Boulygina, E., Sharko, F., Tsygankova, S., Gabrielyan, B., Roubenyan, H., Mayden, R., Nedoluzhko, A. (2018). High-throughput sequencing of the mitochondrial genomes from archived fish scales: an example of the endangered putative species flock of Sevan trout *Salmo ischchan*. *Hydrobiologia*, 822: 217–228.
- Marić, S., Sušnik, S., Simonović, P., Snoj, A. (2006). Phylogeographic study of brown trout from Serbia, based on mitochondrial DNA control region analysis. *Genetics Selection Evolution*, 38: 1–20.
- Marić, S., Askeyev, O., Askeyev, A., Monakhov, S., Yanybaev, N., Askeyev, I., Galimova, D., Snoj, A. (2016). Lack of mtDNA variation among remote middle Volga and upper Ural brown trout suggests recent and rapid recolonization. *Journal of Applied Ichthyology*, 32: 948–953.
- Meraner, A., Baric, S., Pelster, B., Via, J.D. (2007). Trout (*Salmo trutta*) mitochondrial DNA polymorphism in the centre of the marble trout distribution area. *Hydrobiologia*, 579: 337–349.
- Osinov, A.G. (2009). Iranian samples of brown trout *Salmo trutta* or rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*: comparison of evidence from allozyme and mitochondrial DNA control region sequence analysis. *Journal of Ichthyology*, 49: 825–828.

-
- Özen, N. (2013). Türkiye'deki alabalıkların (*Salmo trutta* L.) moleküler filogenisi. Adnan Menderes University, Doctoral Dissertation.
- Scheneekar, T., Lerceteau-Köhler, E., Weiss, S. (2014). Fine-scale phylogeographic contact zone in Austrian brown trout *Salmo trutta* reveals multiple waves of post-glacial colonization and a pre-dominance of natural versus anthropogenic admixture. *Conservation Genetics*, 15: 561–572.
- Simonović, P., Tošić, A., Škraba Jurlina, D., Nikolić, V., Piria, M., Tomljanović, T., Šprem, N., Mrdak, D., Milošević, D., Bećiraj, A., Dekić, R., Povž, M. (2017). Diversity of brown trout *Salmo* cf. *trutta* in the River Danube basin of western Balkans as assessed from the structure of their mitochondrial control region haplotypes. *Journal of Ichthyology*, 57: 603–616.
- Tošić, A., Škraba, D., Nikolić, V., Mrdak, D., Simonović, P. (2014). New mitochondrial DNA haplotype of brown trout *Salmo trutta* L. from Crni Timok drainage area in Serbia. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 14: 37–42.
- Tošić, A., Škraba, D., Nikolić, V., Čanak Atlagić, J., Mrdak, D., Simonović, P. (2016). Haplotype diversity of brown trout *Salmo trutta* (L.) in the broader Iron Gate area. *Turkish Journal of Zoology*, 40: 655–662.
- Vera, M., Sourinejad, I., Bouza, C., Vilas, R., Pino-Querido, A., Kalbassi, M.R., Martínez, P. (2011). Phylogeography, genetic structure, and conservation of the endangered Caspian brown trout, *Salmo trutta caspius* (Kessler, 1877), from Iran. *Hydrobiologia*, 664: 51–67.
- Weiss, S., Schlötterer, C., Waidbacher, H., Jungwirth, M. (2001). Haplotype (mtDNA) diversity of brown trout *Salmo trutta* in tributaries of the Austrian Danube: massive introgression of Atlantic basin fish—by man or nature? *Molecular Ecology*, 10: 1241–1246.

Tabela 3. Ukupan broj jedinki i broj lokaliteta (prikazan u zagradi) na kojima su detektovani haplotipovi DA-ES, DA-INT i DA-BS haplogrupa (učestalosti haplotipova i geografski raspored lokaliteta prikazani su na Slici 11).

Haplotip	Broj jedinki (broj lokaliteta)
<i>DA-ES haplogrupa</i>	
Da1a	856 (107)
Da1b	20 (1)
Da1c	45 (4)
Da1d	28 (2)
Da1f	3 (1)
Da1g	5 (1)
Da2a	384 (58)
Da2b	47 (2)
Da2c	30 (4)
Da3	12 (7)
Da9	18 (5)
Da9a	1 (1)
Da22	175 (30)
Da23a	1 (1)
Da23b	6 (4)
Da26	16 (6)
Da27	1 (1)
Da28	37 (9)
Da29	3 (1)
Da30	9 (4)
Da31	30 (3)
Da32	8 (2)
Da33	11 (4)
Da34	95 (8)
Da35	12 (1)
Da36	3 (1)
Da37	9 (1)
D3	4 (1)
D4	2 (2)
D5	4 (3)
D7	1 (1)
D8	1 (1)
DaDA1	44 (5)
Iran1	81 (11)
Iran2	59 (4)
Iran4	2 (1)
Iran5	2 (1)

Tabela 3. Nastavak.

Haplotip	Broj jedinki (broj lokaliteta)
<i>DA-ES haplogrupa</i>	
Iran7	1 (1)
Iran8	1 (1)
SiLi_s4	1 (1)
Si_30	1 (1)
IsDa21	4 (2)
OxAFA2	4 (1)
OxAFE2	1 (1)
KK1002	35 (1)
KK2022	4 (1)
Orumieh2	1 (1)
DATR20	17 (2)
DATR21	2 (1)
DATR22	4 (2)
DATR23	1 (1)
<i>DA-INT haplogrupa</i>	
Da25	1 (1)
DaBS9	20 (2)
DaBS10	1 (1)
DATR19	1 (1)
<i>DA-BS haplogrupa</i>	
Da24	7 (1)
DaBS1	55 (10)
DaBS2	11 (1)
DaBS3	5 (2)
DaBS4	5 (1)
DaBS5	3 (1)
DaBS6	43 (7)
DaBS7	21 (2)
DaBS8	4 (2)
DaBS11	15 (1)
DATR2	1 (1)
DATR3	5 (1)
DATR4	1 (1)
DATR6	7 (2)
DATR7	8 (2)
DATR8	1 (1)
DATR10	5 (1)
DATR11	1 (1)
DATR13	1 (1)
DATR14	1 (1)
DATR16	4 (1)
DATR17	8 (1)
DATR18	1 (1)

Tabela 4. F_{ST} vrednosti i D_{AS} distance izračunate za parove populacija na osnovu mikrosatelitskih podataka (** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$; NS – statistički neznačajne vrednosti).

Populacija 1	Populacija 2	F_{ST}	D_{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F_{ST}	D_{AS}
Boranjaska r.	Ljuboviđa	0,303***	0,413	Đetinja	Katušnica	0,165***	0,322
Boranjaska r.	Rača	0,356***	0,548	Boranjaska r.	Veliki Rzav	0,220***	0,536
Ljuboviđa	Rača	0,219***	0,373	Ljuboviđa	Veliki Rzav	0,164***	0,428
Boranjaska r.	Gračanica	0,274***	0,413	Rača	Veliki Rzav	0,139***	0,362
Ljuboviđa	Gračanica	0,252***	0,414	Gračanica	Veliki Rzav	0,144***	0,383
Rača	Gračanica	0,266***	0,448	Vapa	Veliki Rzav	0,055***	0,220
Boranjaska r.	Vapa	0,250***	0,490	Povlenska r.	Veliki Rzav	0,215***	0,468
Ljuboviđa	Vapa	0,169***	0,352	Gradac	Veliki Rzav	0,073***	0,311
Rača	Vapa	0,194***	0,429	Đetinja	Veliki Rzav	0,128***	0,333
Gračanica	Vapa	0,144***	0,310	Katušnica	Veliki Rzav	0,054***	0,148
Boranjaska r.	Povlenska r.	0,431**	0,511	Boranjaska r.	Panjica	0,394***	0,520
Ljuboviđa	Povlenska r.	0,178***	0,192	Ljuboviđa	Panjica	0,367***	0,543
Rača	Povlenska r.	0,306***	0,407	Rača	Panjica	0,361***	0,545
Gračanica	Povlenska r.	0,314***	0,439	Gračanica	Panjica	0,287***	0,415
Vapa	Povlenska r.	0,231***	0,389	Vapa	Panjica	0,246***	0,463
Boranjaska r.	Gradac	0,216***	0,468	Povlenska r.	Panjica	0,426***	0,539
Ljuboviđa	Gradac	0,203***	0,478	Gradac	Panjica	0,252***	0,533
Rača	Gradac	0,208***	0,514	Đetinja	Panjica	0,305***	0,438
Gračanica	Gradac	0,175***	0,421	Katušnica	Panjica	0,240***	0,406
Vapa	Gradac	0,097***	0,320	Veliki Rzav	Panjica	0,208***	0,481
Povlenska r.	Gradac	0,279***	0,554	Boranjaska r.	Tolišnica	0,451***	0,562
Boranjaska r.	Đetinja	0,289**	0,400	Ljuboviđa	Tolišnica	0,285***	0,360
Ljuboviđa	Đetinja	0,208***	0,326	Rača	Tolišnica	0,345***	0,490
Rača	Đetinja	0,261***	0,442	Gračanica	Tolišnica	0,344***	0,485
Gračanica	Đetinja	0,174***	0,279	Vapa	Tolišnica	0,261***	0,448
Vapa	Đetinja	0,106***	0,212	Povlenska r.	Tolišnica	0,376***	0,400
Povlenska r.	Đetinja	0,197***	0,244	Gradac	Tolišnica	0,281***	0,544
Gradac	Đetinja	0,201***	0,477	Đetinja	Tolišnica	0,305***	0,410
Boranjaska r.	Katušnica	0,278***	0,485	Katušnica	Tolišnica	0,308***	0,511
Ljuboviđa	Katušnica	0,211***	0,396	Veliki Rzav	Tolišnica	0,240***	0,514
Rača	Katušnica	0,224***	0,432	Panjica	Tolišnica	0,464**	0,630
Gračanica	Katušnica	0,166***	0,330	Boranjaska r.	Brvenica	0,237***	0,373
Vapa	Katušnica	0,110***	0,289	Ljuboviđa	Brvenica	0,165***	0,293
Povlenska r.	Katušnica	0,274***	0,437	Rača	Brvenica	0,216***	0,415
Gradac	Katušnica	0,148***	0,427	Gračanica	Brvenica	0,128***	0,228

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Vapa	Brvenica	0,091***	0,240	Povlenska r.	Izubra	0,477***	0,443
Povlenska r.	Brvenica	0,253***	0,381	Gradac	Izubra	0,328***	0,554
Gradac	Brvenica	0,147***	0,395	Đetinja	Izubra	0,319***	0,340
Đetinja	Brvenica	0,132***	0,241	Katušnica	Izubra	0,331***	0,442
Katušnica	Brvenica	0,134***	0,294	Veliki Rzav	Izubra	0,274***	0,489
Veliki Rzav	Brvenica	0,102***	0,316	Panjica	Izubra	0,421***	0,403
Panjica	Brvenica	0,244***	0,377	Tolišnica	Izubra	0,503***	0,506
Tolišnica	Brvenica	0,225***	0,324	Brvenica	Izubra	0,287***	0,338
Boranjaska r.	Bresnička r.	0,367***	0,502	Bresnička r.	Izubra	0,369***	0,365
Ljuboviđa	Bresnička r.	0,277***	0,414	Studenica	Izubra	0,244***	0,248
Rača	Bresnička r.	0,268***	0,409	Boranjaska r.	Brevina	0,245***	0,398
Gračanica	Bresnička r.	0,196***	0,283	Ljuboviđa	Brevina	0,175***	0,330
Vapa	Bresnička r.	0,143***	0,275	Rača	Brevina	0,185***	0,345
Povlenska r.	Bresnička r.	0,345***	0,439	Gračanica	Brevina	0,163***	0,292
Gradac	Bresnička r.	0,219***	0,481	Vapa	Brevina	0,107***	0,260
Đetinja	Bresnička r.	0,195***	0,283	Povlenska r.	Brevina	0,269***	0,401
Katušnica	Bresnička r.	0,142***	0,254	Gradac	Brevina	0,150***	0,405
Veliki Rzav	Bresnička r.	0,141***	0,329	Đetinja	Brevina	0,152***	0,267
Panjica	Bresnička r.	0,279***	0,380	Katušnica	Brevina	0,139***	0,299
Tolišnica	Bresnička r.	0,365***	0,465	Veliki Rzav	Brevina	0,102***	0,323
Brvenica	Bresnička r.	0,135***	0,229	Panjica	Brevina	0,227***	0,343
Boranjaska r.	Studenica	0,301***	0,451	Tolišnica	Brevina	0,260***	0,400
Ljuboviđa	Studenica	0,227***	0,373	Brvenica	Brevina	0,100***	0,206
Rača	Studenica	0,215***	0,356	Bresnička r.	Brevina	0,141***	0,233
Gračanica	Studenica	0,136***	0,214	Studenica	Brevina	0,079***	0,149
Vapa	Studenica	0,103***	0,222	Izubra	Brevina	0,288***	0,348
Povlenska r.	Studenica	0,290***	0,402	Boranjaska r.	Gokčanica	0,293***	0,497
Gradac	Studenica	0,188***	0,467	Ljuboviđa	Gokčanica	0,155***	0,306
Đetinja	Studenica	0,143***	0,219	Rača	Gokčanica	0,168***	0,332
Katušnica	Studenica	0,138***	0,277	Gračanica	Gokčanica	0,138***	0,246
Veliki Rzav	Studenica	0,112***	0,300	Vapa	Gokčanica	0,121***	0,323
Panjica	Studenica	0,198***	0,268	Povlenska r.	Gokčanica	0,267***	0,421
Tolišnica	Studenica	0,314***	0,438	Gradac	Gokčanica	0,147***	0,407
Brvenica	Studenica	0,106***	0,193	Đetinja	Gokčanica	0,178***	0,340
Bresnička r.	Studenica	0,092***	0,138	Katušnica	Gokčanica	0,127***	0,287
Boranjaska r.	Izubra	0,474**	0,443	Veliki Rzav	Gokčanica	0,100***	0,331
Ljuboviđa	Izubra	0,385***	0,424	Panjica	Gokčanica	0,266***	0,434
Rača	Izubra	0,393***	0,461	Tolišnica	Gokčanica	0,259***	0,404
Gračanica	Izubra	0,299***	0,311	Brvenica	Gokčanica	0,094***	0,198
Vapa	Izubra	0,293***	0,417	Bresnička r.	Gokčanica	0,150***	0,245

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Studenica	Gokčanica	0,107***	0,199	Boranjska r.	Štavska r.	0,404***	0,557
Izuba	Gokčanica	0,306***	0,381	Ljuboviđa	Štavska r.	0,253***	0,375
Brevina	Gokčanica	0,089***	0,188	Rača	Štavska r.	0,246***	0,356
Boranjska r.	Samokovska	0,189***	0,391	Gračanica	Štavska r.	0,247***	0,366
Ljuboviđa	Samokovska	0,159***	0,347	Vapa	Štavska r.	0,164***	0,298
Rača	Samokovska	0,184***	0,433	Povlenska r.	Štavska r.	0,345***	0,411
Gračanica	Samokovska	0,124***	0,283	Gradac	Štavska r.	0,250***	0,533
Vapa	Samokovska	0,063***	0,225	Đetinja	Štavska r.	0,244***	0,344
Povlenska r.	Samokovska	0,241***	0,443	Katušnica	Štavska r.	0,204***	0,338
Gradac	Samokovska	0,068***	0,243	Veliki Rzav	Štavska r.	0,169***	0,386
Đetinja	Samokovska	0,149***	0,348	Panjica	Štavska r.	0,338***	0,444
Katušnica	Samokovska	0,096***	0,255	Tolišnica	Štavska r.	0,366***	0,462
Veliki Rzav	Samokovska	0,050**	0,212	Brvenica	Štavska r.	0,184***	0,286
Panjica	Samokovska	0,204***	0,389	Bresnička r.	Štavska r.	0,194***	0,244
Tolišnica	Samokovska	0,260***	0,474	Studenica	Štavska r.	0,147***	0,200
Brvenica	Samokovska	0,081***	0,209	Izuba	Štavska r.	0,392***	0,394
Bresnička r.	Samokovska	0,144***	0,298	Brevina	Štavska r.	0,141***	0,211
Studenica	Samokovska	0,123***	0,285	Gokčanica	Štavska r.	0,146***	0,229
Izuba	Samokovska	0,289***	0,423	Samokovska	Štavska r.	0,197***	0,394
Brevina	Samokovska	0,100***	0,249	Brzečka r.	Štavska r.	0,111**	0,185
Gokčanica	Samokovska	0,095***	0,248	Boranjska r.	S. Moravica	0,246***	0,502
Boranjska r.	Brzečka r.	0,267**	0,471	Ljuboviđa	S. Moravica	0,182***	0,403
Ljuboviđa	Brzečka r.	0,154***	0,308	Rača	S. Moravica	0,184***	0,406
Rača	Brzečka r.	0,149**	0,326	Gračanica	S. Moravica	0,186***	0,420
Gračanica	Brzečka r.	0,164***	0,314	Vapa	S. Moravica	0,093***	0,279
Vapa	Brzečka r.	0,082*	0,234	Povlenska r.	S. Moravica	0,265***	0,475
Povlenska r.	Brzečka r.	0,264***	0,420	Gradac	S. Moravica	0,099***	0,323
Gradac	Brzečka r.	0,129**	0,402	Đetinja	S. Moravica	0,187***	0,411
Đetinja	Brzečka r.	0,167***	0,328	Katušnica	S. Moravica	0,149***	0,382
Katušnica	Brzečka r.	0,150**	0,368	Veliki Rzav	S. Moravica	0,074***	0,282
Veliki Rzav	Brzečka r.	0,074NS	0,287	Panjica	S. Moravica	0,251***	0,487
Panjica	Brzečka r.	0,257***	0,424	Tolišnica	S. Moravica	0,276***	0,503
Tolišnica	Brzečka r.	0,280***	0,444	Brvenica	S. Moravica	0,123***	0,298
Brvenica	Brzečka r.	0,109***	0,239	Bresnička r.	S. Moravica	0,196***	0,388
Bresnička r.	Brzečka r.	0,177***	0,293	Studenica	S. Moravica	0,157***	0,341
Studenica	Brzečka r.	0,111***	0,209	Izuba	S. Moravica	0,326***	0,512
Izuba	Brzečka r.	0,267**	0,300	Brevina	S. Moravica	0,115***	0,269
Brevina	Brzečka r.	0,059***	0,146	Gokčanica	S. Moravica	0,141***	0,359
Gokčanica	Brzečka r.	0,077***	0,187	Samokovska	S. Moravica	0,089***	0,280
Samokovska	Brzečka r.	0,088NS	0,269	Brzečka r.	S. Moravica	0,073NS	0,205

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Štavska r.	S. Moravica	0,185***	0,341	Gokčanica	Visočica	0,164***	0,365
Boranjaska r.	Toplodolska	0,361***	0,511	Samokovska	Visočica	0,095***	0,240
Ljuboviđa	Toplodolska	0,321***	0,508	Brzečka r.	Visočica	0,171***	0,419
Rača	Toplodolska	0,322***	0,530	Štavska r.	Visočica	0,230***	0,394
Gračanica	Toplodolska	0,195***	0,305	S. Moravica	Visočica	0,152***	0,390
Vapa	Toplodolska	0,182***	0,384	Toplodolska	Visočica	0,152***	0,269
Povlenska r.	Toplodolska	0,372***	0,495	Boranjaska r.	Dojkinačka	0,266***	0,424
Gradac	Toplodolska	0,232***	0,542	Ljuboviđa	Dojkinačka	0,258***	0,449
Đetinja	Toplodolska	0,234***	0,373	Rača	Dojkinačka	0,277***	0,529
Katušnica	Toplodolska	0,190***	0,360	Gračanica	Dojkinačka	0,180***	0,320
Veliki Rzav	Toplodolska	0,167***	0,420	Vapa	Dojkinačka	0,157***	0,379
Panjica	Toplodolska	0,284***	0,392	Povlenska r.	Dojkinačka	0,312***	0,463
Tolišnica	Toplodolska	0,396***	0,535	Gradac	Dojkinačka	0,174***	0,470
Brvenica	Toplodolska	0,190***	0,345	Đetinja	Dojkinačka	0,201***	0,353
Bresnička r.	Toplodolska	0,163***	0,235	Katušnica	Dojkinačka	0,141***	0,280
Studenica	Toplodolska	0,133***	0,217	Veliki Rzav	Dojkinačka	0,125***	0,362
Izubra	Toplodolska	0,430***	0,482	Panjica	Dojkinačka	0,179***	0,260
Brevina	Toplodolska	0,179***	0,313	Tolišnica	Dojkinačka	0,354***	0,556
Gokčanica	Toplodolska	0,197***	0,360	Brvenica	Dojkinačka	0,155***	0,292
Samokovska	Toplodolska	0,182***	0,392	Bresnička r.	Dojkinačka	0,187***	0,319
Brzečka r.	Toplodolska	0,214***	0,388	Studenica	Dojkinačka	0,129***	0,232
Štavska r.	Toplodolska	0,267***	0,379	Izubra	Dojkinačka	0,361***	0,451
S. Moravica	Toplodolska	0,218***	0,473	Brevina	Dojkinačka	0,155***	0,303
Boranjaska r.	Visočica	0,245***	0,414	Gokčanica	Dojkinačka	0,162***	0,331
Ljuboviđa	Visočica	0,244***	0,438	Samokovska	Dojkinačka	0,125***	0,301
Rača	Visočica	0,262***	0,517	Brzečka r.	Dojkinačka	0,182***	0,405
Gračanica	Visočica	0,167***	0,322	Štavska r.	Dojkinačka	0,251***	0,405
Vapa	Visočica	0,123***	0,310	S. Moravica	Dojkinačka	0,165***	0,406
Povlenska r.	Visočica	0,305***	0,481	Toplodolska	Dojkinačka	0,182***	0,314
Gradac	Visočica	0,147***	0,404	Visočica	Dojkinačka	0,071***	0,130
Đetinja	Visočica	0,186***	0,340	Boranjaska r.	Vodenička r.	0,353**	0,407
Katušnica	Visočica	0,111***	0,242	Ljuboviđa	Vodenička r.	0,391***	0,561
Veliki Rzav	Visočica	0,099***	0,287	Rača	Vodenička r.	0,392***	0,580
Panjica	Visočica	0,192***	0,313	Gračanica	Vodenička r.	0,281***	0,388
Tolišnica	Visočica	0,342***	0,553	Vapa	Vodenička r.	0,268***	0,490
Brvenica	Visočica	0,136***	0,283	Povlenska r.	Vodenička r.	0,453***	0,545
Bresnička r.	Visočica	0,158***	0,286	Gradac	Vodenička r.	0,264***	0,541
Studenica	Visočica	0,115***	0,221	Đetinja	Vodenička r.	0,336***	0,468
Izubra	Visočica	0,349***	0,467	Katušnica	Vodenička r.	0,228***	0,359
Brevina	Visočica	0,145***	0,315	Veliki Rzav	Vodenička r.	0,214***	0,456

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Panjica	Vodenička r.	0,287***	0,329	Vodenička r.	Dursunska r.	0,384***	0,473
Tolišnica	Vodenička r.	0,505***	0,674	Boranjaska r.	Bistrička r.	0,286***	0,398
Brvenica	Vodenička r.	0,269***	0,400	Ljuboviđa	Bistrička r.	0,221***	0,354
Bresnička r.	Vodenička r.	0,280***	0,337	Rača	Bistrička r.	0,274***	0,458
Studenica	Vodenička r.	0,242***	0,319	Gračanica	Bistrička r.	0,236***	0,379
Izuba	Vodenička r.	0,518***	0,530	Vapa	Bistrička r.	0,192***	0,412
Brevina	Vodenička r.	0,281***	0,452	Povlenska r.	Bistrička r.	0,342***	0,462
Gokčanica	Vodenička r.	0,304***	0,498	Gradac	Bistrička r.	0,202***	0,472
Samokovska	Vodenička r.	0,217***	0,415	Đetinja	Bistrička r.	0,263***	0,441
Bržečka r.	Vodenička r.	0,326***	0,565	Katušnica	Bistrička r.	0,221***	0,396
Štavska r.	Vodenička r.	0,373***	0,478	Veliki Rzav	Bistrička r.	0,159***	0,401
S. Moravica	Vodenička r.	0,277***	0,531	Panjica	Bistrička r.	0,363***	0,530
Toplodolska	Vodenička r.	0,261***	0,313	Tolišnica	Bistrička r.	0,330***	0,449
Visočica	Vodenička r.	0,120***	0,173	Brvenica	Bistrička r.	0,185***	0,327
Dojkinačka	Vodenička r.	0,148***	0,199	Bresnička r.	Bistrička r.	0,295***	0,446
Boranjaska r.	Dursunska r.	0,319***	0,395	Studenica	Bistrička r.	0,213***	0,342
Ljuboviđa	Dursunska r.	0,259***	0,382	Izuba	Bistrička r.	0,382***	0,419
Rača	Dursunska r.	0,295***	0,457	Brevina	Bistrička r.	0,197***	0,346
Gračanica	Dursunska r.	0,268***	0,374	Gokčanica	Bistrička r.	0,175***	0,325
Vapa	Dursunska r.	0,274***	0,540	Samokovska	Bistrička r.	0,172***	0,372
Povlenska r.	Dursunska r.	0,402***	0,525	Bržečka r.	Bistrička r.	0,198***	0,393
Gradac	Dursunska r.	0,245***	0,525	Štavska r.	Bistrička r.	0,273***	0,387
Đetinja	Dursunska r.	0,342***	0,529	S. Moravica	Bistrička r.	0,184***	0,409
Katušnica	Dursunska r.	0,300***	0,527	Toplodolska	Bistrička r.	0,293***	0,430
Veliki Rzav	Dursunska r.	0,222***	0,513	Visočica	Bistrička r.	0,231***	0,410
Panjica	Dursunska r.	0,418***	0,597	Dojkinačka	Bistrička r.	0,253***	0,428
Tolišnica	Dursunska r.	0,406***	0,528	Vodenička r.	Bistrička r.	0,336***	0,433
Brvenica	Dursunska r.	0,257***	0,406	Dursunska r.	Bistrička r.	0,147***	0,180
Bresnička r.	Dursunska r.	0,378***	0,544	Boranjaska r.	Vlasina	0,357***	0,462
Studenica	Dursunska r.	0,281***	0,414	Ljuboviđa	Vlasina	0,242***	0,349
Izuba	Dursunska r.	0,465***	0,502	Rača	Vlasina	0,300***	0,471
Brevina	Dursunska r.	0,236***	0,397	Gračanica	Vlasina	0,240***	0,356
Gokčanica	Dursunska r.	0,190***	0,304	Vapa	Vlasina	0,182***	0,353
Samokovska	Dursunska r.	0,223***	0,446	Povlenska r.	Vlasina	0,329***	0,398
Bržečka r.	Dursunska r.	0,218***	0,381	Gradac	Vlasina	0,229***	0,486
Štavska r.	Dursunska r.	0,323***	0,437	Đetinja	Vlasina	0,223***	0,327
S. Moravica	Dursunska r.	0,243***	0,505	Katušnica	Vlasina	0,183***	0,298
Toplodolska	Dursunska r.	0,353***	0,495	Veliki Rzav	Vlasina	0,168***	0,376
Visočica	Dursunska r.	0,290***	0,504	Panjica	Vlasina	0,356***	0,479
Dojkinačka	Dursunska r.	0,282***	0,452	Tolišnica	Vlasina	0,335***	0,406

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Brvenica	Vlasina	0,170***	0,278	Dojkinačka	Vučja r.	0,304***	0,718
Bresnička r.	Vlasina	0,239***	0,311	Vodenička r.	Vučja r.	0,395***	0,755
Studenica	Vlasina	0,211***	0,309	Dursunska r.	Vučja r.	0,377***	0,765
Izuba	Vlasina	0,370***	0,356	Bistrička r.	Vučja r.	0,333***	0,685
Brevina	Vlasina	0,224***	0,381	Vlasina	Vučja r.	0,354***	0,674
Gokčanica	Vlasina	0,195***	0,328	Boranjaska r.	Jerma g. tok	0,390***	0,762
Samokovska	Vlasina	0,173***	0,351	Ljuboviđa	Jerma g. tok	0,359***	0,776
Brzečka r.	Vlasina	0,229***	0,404	Rača	Jerma g. tok	0,312***	0,693
Štavska r.	Vlasina	0,299***	0,404	Gračanica	Jerma g. tok	0,352***	0,788
S. Moravica	Vlasina	0,229***	0,457	Vapa	Jerma g. tok	0,271***	0,769
Toplodolska	Vlasina	0,296***	0,425	Povlenska r.	Jerma g. tok	0,434***	0,859
Visočica	Vlasina	0,239***	0,393	Gradac	Jerma g. tok	0,236***	0,700
Dojkinačka	Vlasina	0,260***	0,412	Đetinja	Jerma g. tok	0,361***	0,822
Vodenička r.	Vlasina	0,367***	0,449	Katušnica	Jerma g. tok	0,248***	0,556
Dursunska r.	Vlasina	0,348***	0,460	Veliki Rzav	Jerma g. tok	0,176***	0,545
Bistrička r.	Vlasina	0,173***	0,254	Panjica	Jerma g. tok	0,401***	0,792
Boranjaska r.	Vučja r.	0,371***	0,738	Tolišnica	Jerma g. tok	0,416***	0,792
Ljuboviđa	Vučja r.	0,346***	0,754	Brvenica	Jerma g. tok	0,315***	0,769
Rača	Vučja r.	0,316***	0,729	Bresnička r.	Jerma g. tok	0,369***	0,769
Gračanica	Vučja r.	0,340***	0,778	Studenica	Jerma g. tok	0,322***	0,713
Vapa	Vučja r.	0,254***	0,732	Izuba	Jerma g. tok	0,465***	0,773
Povlenska r.	Vučja r.	0,425***	0,844	Brevina	Jerma g. tok	0,303***	0,722
Gradac	Vučja r.	0,209***	0,622	Gokčanica	Jerma g. tok	0,288***	0,714
Đetinja	Vučja r.	0,349***	0,800	Samokovska	Jerma g. tok	0,251***	0,717
Katušnica	Vučja r.	0,245***	0,566	Brzečka r.	Jerma g. tok	0,262***	0,713
Veliki Rzav	Vučja r.	0,159***	0,507	Štavska r.	Jerma g. tok	0,391***	0,821
Panjica	Vučja r.	0,396***	0,798	S. Moravica	Jerma g. tok	0,254***	0,731
Tolišnica	Vučja r.	0,388***	0,723	Toplodolska	Jerma g. tok	0,366***	0,756
Brvenica	Vučja r.	0,302***	0,751	Visočica	Jerma g. tok	0,315***	0,774
Bresnička r.	Vučja r.	0,361***	0,764	Dojkinačka	Jerma g. tok	0,319***	0,746
Studenica	Vučja r.	0,319***	0,723	Vodenička r.	Jerma g. tok	0,416***	0,792
Izuba	Vučja r.	0,468***	0,789	Dursunska r.	Jerma g. tok	0,393***	0,788
Brevina	Vučja r.	0,295***	0,720	Bistrička r.	Jerma g. tok	0,349***	0,704
Gokčanica	Vučja r.	0,284***	0,728	Vlasina	Jerma g. tok	0,364***	0,685
Samokovska	Vučja r.	0,229***	0,660	Vučja r.	Jerma g. tok	0,014NS	0,031
Brzečka r.	Vučja r.	0,253***	0,715	Boranjaska r.	Jerma d. tok	0,307**	0,648
Štavska r.	Vučja r.	0,388***	0,834	Ljuboviđa	Jerma d. tok	0,249***	0,569
S. Moravica	Vučja r.	0,241***	0,710	Rača	Jerma d. tok	0,233**	0,591
Toplodolska	Vučja r.	0,358***	0,743	Gračanica	Jerma d. tok	0,245***	0,598
Visočica	Vučja r.	0,292***	0,715	Vapa	Jerma d. tok	0,145**	0,485

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Povlenska r.	Jerma d. tok	0,345***	0,696	Studonica	Jelašnička r.	0,221***	0,308
Gradac	Jerma d. tok	0,135***	0,487	Izuba	Jelašnička r.	0,314**	0,242
Đetinja	Jerma d. tok	0,253***	0,622	Brevina	Jelašnička r.	0,215***	0,341
Katušnica	Jerma d. tok	0,153***	0,389	Gokčanica	Jelašnička r.	0,203***	0,325
Veliki Rzav	Jerma d. tok	0,076***	0,320	Samokovska	Jelašnička r.	0,189***	0,368
Panjica	Jerma d. tok	0,314***	0,650	Brzečka r.	Jelašnička r.	0,161**	0,229
Tolišnica	Jerma d. tok	0,313***	0,590	Štavska r.	Jelašnička r.	0,236***	0,288
Brvenica	Jerma d. tok	0,190**	0,515	S. Moravica	Jelašnička r.	0,208***	0,388
Bresnička r.	Jerma d. tok	0,263***	0,580	Toplodolska	Jelašnička r.	0,329***	0,443
Studonica	Jerma d. tok	0,213***	0,519	Visočica	Jelašnička r.	0,276***	0,458
Izuba	Jerma d. tok	0,405***	0,668	Dojkinačka	Jelašnička r.	0,288***	0,448
Brevina	Jerma d. tok	0,201***	0,552	Vodenička r.	Jelašnička r.	0,434***	0,535
Gokčanica	Jerma d. tok	0,177***	0,521	Dursunska r.	Jelašnička r.	0,389***	0,507
Samokovska	Jerma d. tok	0,135***	0,466	Bistrička r.	Jelašnička r.	0,289***	0,399
Brzečka r.	Jerma d. tok	0,150**	0,516	Vlasina	Jelašnička r.	0,261***	0,319
Štavska r.	Jerma d. tok	0,285***	0,620	Vučja r.	Jelašnička r.	0,400***	0,799
S. Moravica	Jerma d. tok	0,143***	0,487	Jerma g. tok	Jelašnička r.	0,398***	0,766
Toplodolska	Jerma d. tok	0,271***	0,603	Jerma d. tok	Jelašnička r.	0,313***	0,642
Visočica	Jerma d. tok	0,189***	0,505	Boranjaska r.	Garvanica	0,399***	0,445
Dojkinačka	Jerma d. tok	0,205***	0,519	Ljuboviđa	Garvanica	0,280***	0,347
Vodenička r.	Jerma d. tok	0,318***	0,620	Rača	Garvanica	0,359***	0,494
Dursunska r.	Jerma d. tok	0,303***	0,641	Gračanica	Garvanica	0,294***	0,381
Bistrička r.	Jerma d. tok	0,235***	0,479	Vapa	Garvanica	0,235***	0,377
Vlasina	Jerma d. tok	0,276***	0,567	Povlenska r.	Garvanica	0,395***	0,423
Vučja r.	Jerma d. tok	0,046***	0,116	Gradac	Garvanica	0,273***	0,507
Jerma g. tok	Jerma d. tok	0,062**	0,144	Đetinja	Garvanica	0,280***	0,352
Boranjaska r.	Jelašnička r.	0,392***	0,471	Katušnica	Garvanica	0,208***	0,302
Ljuboviđa	Jelašnička r.	0,276***	0,373	Veliki Rzav	Garvanica	0,212***	0,423
Rača	Jelašnička r.	0,296**	0,416	Panjica	Garvanica	0,402***	0,489
Gračanica	Jelašnička r.	0,235***	0,318	Tolišnica	Garvanica	0,420***	0,482
Vapa	Jelašnička r.	0,176***	0,322	Brvenica	Garvanica	0,225***	0,314
Povlenska r.	Jelašnička r.	0,359***	0,403	Bresnička r.	Garvanica	0,312***	0,369
Gradac	Jelašnička r.	0,226***	0,454	Studonica	Garvanica	0,263***	0,334
Đetinja	Jelašnička r.	0,248***	0,348	Izuba	Garvanica	0,391***	0,312
Katušnica	Jelašnička r.	0,237***	0,398	Brevina	Garvanica	0,271***	0,395
Veliki Rzav	Jelašnička r.	0,193***	0,432	Gokčanica	Garvanica	0,257***	0,378
Panjica	Jelašnička r.	0,363***	0,438	Samokovska	Garvanica	0,211***	0,348
Tolišnica	Jelašnička r.	0,371***	0,422	Brzečka r.	Garvanica	0,288***	0,425
Brvenica	Jelašnička r.	0,176***	0,268	Štavska r.	Garvanica	0,372***	0,452
Bresnička r.	Jelašnička r.	0,259***	0,317	S. Moravica	Garvanica	0,279***	0,481

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Toplodolska	Garvanica	0,367***	0,479	Vučja r.	Masurička r.	0,321***	0,670
Visočica	Garvanica	0,292***	0,430	Jerma g. tok	Masurička r.	0,325***	0,662
Dojkinačka	Garvanica	0,318***	0,463	Jerma d. tok	Masurička r.	0,238***	0,539
Vodenička r.	Garvanica	0,429***	0,496	Jelašnička r.	Masurička r.	0,086***	0,105
Dursunska r.	Garvanica	0,391***	0,472	Garvanica	Masurička r.	0,259***	0,317
Bistrička r.	Garvanica	0,234***	0,294	Boranjaska r.	Vrla	0,328***	0,490
Vlasina	Garvanica	0,143***	0,150	Ljuboviđa	Vrla	0,196***	0,319
Vučja r.	Garvanica	0,397***	0,708	Rača	Vrla	0,259***	0,456
Jerma g. tok	Garvanica	0,408***	0,736	Gračanica	Vrla	0,242***	0,403
Jerma d. tok	Garvanica	0,324***	0,592	Vapa	Vrla	0,169***	0,380
Jelašnička r.	Garvanica	0,336***	0,358	Povlenska r.	Vrla	0,308***	0,412
Boranjaska r.	Masurička r.	0,335***	0,494	Gradac	Vrla	0,185***	0,442
Ljuboviđa	Masurička r.	0,184***	0,280	Đetinja	Vrla	0,225***	0,371
Rača	Masurička r.	0,230***	0,383	Katušnica	Vrla	0,202***	0,384
Gračanica	Masurička r.	0,211***	0,347	Veliki Rzav	Vrla	0,152***	0,404
Vapa	Masurička r.	0,129***	0,273	Panjica	Vrla	0,320***	0,462
Povlenska r.	Masurička r.	0,280***	0,363	Tolišnica	Vrla	0,307***	0,415
Gradac	Masurička r.	0,197***	0,458	Brvenica	Vrla	0,173***	0,325
Đetinja	Masurička r.	0,201***	0,328	Bresnička r.	Vrla	0,272***	0,426
Katušnica	Masurička r.	0,180***	0,326	Studenica	Vrla	0,229***	0,393
Veliki Rzav	Masurička r.	0,143***	0,362	Izubra	Vrla	0,374***	0,418
Panjica	Masurička r.	0,330***	0,481	Brevina	Vrla	0,181***	0,339
Tolišnica	Masurička r.	0,274***	0,358	Gokčanica	Vrla	0,172***	0,336
Brvenica	Masurička r.	0,137***	0,250	Samokovska	Vrla	0,155***	0,357
Bresnička r.	Masurička r.	0,230***	0,346	Bržečka r.	Vrla	0,131**	0,251
Studenica	Masurička r.	0,178***	0,288	Štavska r.	Vrla	0,242***	0,363
Izubra	Masurička r.	0,306***	0,322	S. Moravica	Vrla	0,170***	0,385
Brevina	Masurička r.	0,164***	0,311	Toplodolska	Vrla	0,293***	0,466
Gokčanica	Masurička r.	0,147***	0,283	Visočica	Vrla	0,256***	0,513
Samokovska	Masurička r.	0,159***	0,369	Dojkinačka	Vrla	0,255***	0,469
Bržečka r.	Masurička r.	0,099***	0,177	Vodenička r.	Vrla	0,383***	0,573
Štavska r.	Masurička r.	0,185***	0,277	Dursunska r.	Vrla	0,290***	0,438
S. Moravica	Masurička r.	0,173***	0,379	Bistrička r.	Vrla	0,245***	0,397
Toplodolska	Masurička r.	0,291***	0,474	Vlasina	Vrla	0,249***	0,370
Visočica	Masurička r.	0,246***	0,478	Vučja r.	Vrla	0,305***	0,656
Dojkinačka	Masurička r.	0,250***	0,445	Jerma g. tok	Vrla	0,325***	0,686
Vodenička r.	Masurička r.	0,383***	0,559	Jerma d. tok	Vrla	0,236***	0,551
Dursunska r.	Masurička r.	0,298***	0,439	Jelašnička r.	Vrla	0,192***	0,248
Bistrička r.	Masurička r.	0,221***	0,356	Garvanica	Vrla	0,312***	0,401
Vlasina	Masurička r.	0,205***	0,290	Masurička r.	Vrla	0,122***	0,177

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Boranjaska r.	Šaovice	0,320***	0,679	Vapa	Resava	0,104***	0,286
Ljuboviđa	Šaovice	0,284***	0,656	Povlenska r.	Resava	0,233***	0,365
Rača	Šaovice	0,273***	0,689	Gradac	Resava	0,141***	0,423
Gračanica	Šaovice	0,289***	0,716	Đetinja	Resava	0,127***	0,228
Vapa	Šaovice	0,200***	0,638	Katušnica	Resava	0,134***	0,313
Povlenska r.	Šaovice	0,361***	0,731	Veliki Rzav	Resava	0,092***	0,311
Gradac	Šaovice	0,151***	0,505	Panjica	Resava	0,255***	0,440
Đetinja	Šaovice	0,305***	0,759	Tolišnica	Resava	0,248***	0,404
Katušnica	Šaovice	0,221***	0,593	Brvenica	Resava	0,087***	0,190
Veliki Rzav	Šaovice	0,124***	0,485	Bresnička r.	Resava	0,177***	0,314
Panjica	Šaovice	0,342***	0,744	Studenica	Resava	0,130***	0,263
Tolišnica	Šaovice	0,342***	0,682	Izuba	Resava	0,290***	0,383
Brvenica	Šaovice	0,248***	0,675	Brevina	Resava	0,113***	0,252
Bresnička r.	Šaovice	0,312***	0,699	Gokčanica	Resava	0,088***	0,207
Studenica	Šaovice	0,279***	0,707	Samokovska	Resava	0,106***	0,317
Izuba	Šaovice	0,419***	0,751	Bržečka r.	Resava	0,095***	0,240
Brevina	Šaovice	0,239***	0,639	Štavska r.	Resava	0,183***	0,312
Gokčanica	Šaovice	0,230***	0,647	S. Moravica	Resava	0,107***	0,283
Samokovska	Šaovice	0,170***	0,544	Toplodolska	Resava	0,183***	0,346
Bržečka r.	Šaovice	0,197***	0,605	Visočica	Resava	0,155***	0,359
Štavska r.	Šaovice	0,337***	0,768	Dojkinačka	Resava	0,159***	0,338
S. Moravica	Šaovice	0,185***	0,579	Vodenička r.	Resava	0,277***	0,455
Toplodolska	Šaovice	0,311***	0,703	Dursunska r.	Resava	0,220***	0,376
Visočica	Šaovice	0,244***	0,658	Bistrička r.	Resava	0,179***	0,340
Dojkinačka	Šaovice	0,255***	0,674	Vlasina	Resava	0,193***	0,344
Vodenička r.	Šaovice	0,343***	0,707	Vučja r.	Resava	0,274***	0,723
Dursunska r.	Šaovice	0,311***	0,681	Jerma g. tok	Resava	0,288***	0,741
Bistrička r.	Šaovice	0,281***	0,635	Jerma d. tok	Resava	0,179***	0,536
Vlasina	Šaovice	0,313***	0,664	Jelašnička r.	Resava	0,182***	0,298
Vučja r.	Šaovice	0,161***	0,453	Garvanica	Resava	0,251***	0,378
Jerma g. tok	Šaovice	0,184***	0,510	Masurička r.	Resava	0,135***	0,258
Jerma d. tok	Šaovice	0,127***	0,440	Vrla	Resava	0,147***	0,288
Jelašnička r.	Šaovice	0,348***	0,734	Šaovice	Resava	0,221***	0,651
Garvanica	Šaovice	0,345***	0,657	Boranjaska r.	Mlava	0,232***	0,572
Masurička r.	Šaovice	0,286***	0,667	Ljuboviđa	Mlava	0,192***	0,520
Vrla	Šaovice	0,283***	0,688	Rača	Mlava	0,164***	0,449
Boranjaska r.	Resava	0,247***	0,422	Gračanica	Mlava	0,166***	0,472
Ljuboviđa	Resava	0,158***	0,300	Vapa	Mlava	0,062***	0,246
Rača	Resava	0,202***	0,419	Povlenska r.	Mlava	0,254***	0,567
Gračanica	Resava	0,132***	0,264	Gradac	Mlava	0,075***	0,320

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Đetinja	Mlava	0,175***	0,482	Veliki Rzav	Krupaja	0,047***	0,215
Katušnica	Mlava	0,122***	0,386	Panjica	Krupaja	0,248***	0,574
Veliki Rzav	Mlava	0,044***	0,238	Tolišnica	Krupaja	0,289***	0,644
Panjica	Mlava	0,223***	0,524	Brvenica	Krupaja	0,133***	0,398
Tolišnica	Mlava	0,271***	0,617	Bresnička r.	Krupaja	0,184***	0,441
Brvenica	Mlava	0,119***	0,361	Studenica	Krupaja	0,153***	0,407
Bresnička r.	Mlava	0,191***	0,487	Izubra	Krupaja	0,299***	0,557
Studenica	Mlava	0,145***	0,403	Brevina	Krupaja	0,150***	0,446
Izubra	Mlava	0,299***	0,572	Gokčanica	Krupaja	0,134***	0,422
Brevina	Mlava	0,126***	0,375	Samokovska	Krupaja	0,089***	0,340
Gokčanica	Mlava	0,120***	0,381	Bržečka r.	Krupaja	0,095**	0,340
Samokovska	Mlava	0,065***	0,266	Štavska r.	Krupaja	0,205***	0,486
Bržečka r.	Mlava	0,087***	0,320	S. Moravica	Krupaja	0,100***	0,356
Štavska r.	Mlava	0,198***	0,466	Toplodolska	Krupaja	0,208***	0,521
S. Moravica	Mlava	0,090***	0,343	Visočica	Krupaja	0,145***	0,429
Toplodolska	Mlava	0,200***	0,530	Dojkinačka	Krupaja	0,167***	0,482
Visočica	Mlava	0,132***	0,415	Vodenička r.	Krupaja	0,268***	0,592
Dojkinačka	Mlava	0,140***	0,420	Dursunska r.	Krupaja	0,271***	0,658
Vodenička r.	Mlava	0,250***	0,576	Bistrička r.	Krupaja	0,226***	0,576
Dursunska r.	Mlava	0,232***	0,562	Vlasina	Krupaja	0,222***	0,528
Bistrička r.	Mlava	0,200***	0,518	Vučja r.	Krupaja	0,197***	0,674
Vlasina	Mlava	0,214***	0,525	Jerma g. tok	Krupaja	0,207***	0,683
Vučja r.	Mlava	0,178***	0,611	Jerma d. tok	Krupaja	0,112***	0,479
Jerma g. tok	Mlava	0,192***	0,642	Jelašnička r.	Krupaja	0,211***	0,463
Jerma d. tok	Mlava	0,092***	0,411	Garvanica	Krupaja	0,278***	0,581
Jelašnička r.	Mlava	0,213***	0,488	Masurička r.	Krupaja	0,184***	0,470
Garvanica	Mlava	0,252***	0,531	Vrla	Krupaja	0,188***	0,493
Masurička r.	Mlava	0,175***	0,451	Šaovice	Krupaja	0,149***	0,574
Vrla	Mlava	0,172***	0,472	Resava	Krupaja	0,127***	0,415
Šaovice	Mlava	0,127***	0,508	Mlava	Krupaja	0,017***	0,081
Resava	Mlava	0,117***	0,406	Boranjaska r.	Kožica	0,352***	0,503
Boranjaska r.	Krupaja	0,260***	0,634	Ljuboviđa	Kožica	0,282***	0,428
Ljuboviđa	Krupaja	0,209***	0,553	Rača	Kožica	0,311***	0,523
Rača	Krupaja	0,176***	0,465	Gračanica	Kožica	0,238***	0,393
Gračanica	Krupaja	0,177***	0,480	Vapa	Kožica	0,161***	0,340
Vapa	Krupaja	0,065***	0,249	Povlenska r.	Kožica	0,372***	0,513
Povlenska r.	Krupaja	0,266***	0,589	Gradac	Kožica	0,216***	0,528
Gradac	Krupaja	0,100***	0,401	Đetinja	Kožica	0,221***	0,351
Đetinja	Krupaja	0,177***	0,465	Katušnica	Kožica	0,162***	0,301
Katušnica	Krupaja	0,131***	0,396	Veliki Rzav	Kožica	0,139***	0,363

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Panjica	Kožica	0,267***	0,385	Panjica	Vratna	0,287***	0,435
Tolišnica	Kožica	0,388***	0,531	Tolišnica	Vratna	0,311***	0,443
Brvenica	Kožica	0,174***	0,314	Brvenica	Vratna	0,157***	0,293
Bresnička r.	Kožica	0,164***	0,240	Bresnička r.	Vratna	0,222***	0,343
Studenica	Kožica	0,147***	0,245	Studenica	Vratna	0,160***	0,262
Izubra	Kožica	0,434***	0,492	Izubra	Vratna	0,357***	0,414
Brevina	Kožica	0,183***	0,340	Brevina	Vratna	0,143***	0,248
Gokčanica	Kožica	0,213***	0,403	Gokčanica	Vratna	0,159***	0,302
Samokovska	Kožica	0,169***	0,391	Samokovska	Vratna	0,142***	0,327
Brzečka r.	Kožica	0,210**	0,410	Brzečka r.	Vratna	0,175***	0,368
Štavska r.	Kožica	0,260***	0,381	Štavska r.	Vratna	0,264***	0,395
S. Moravica	Kožica	0,190***	0,417	S. Moravica	Vratna	0,151***	0,342
Toplodolska	Kožica	0,166***	0,253	Toplodolska	Vratna	0,210***	0,333
Visočica	Kožica	0,140***	0,266	Visočica	Vratna	0,195***	0,382
Dojkinačka	Kožica	0,162***	0,293	Dojkinačka	Vratna	0,196***	0,358
Vodenička r.	Kožica	0,267***	0,343	Vodenička r.	Vratna	0,308***	0,444
Dursunska r.	Kožica	0,386***	0,600	Dursunska r.	Vratna	0,278***	0,426
Bistrička r.	Kožica	0,313***	0,508	Bistrička r.	Vratna	0,222***	0,361
Vlasina	Kožica	0,283***	0,418	Vlasina	Vratna	0,234***	0,359
Vučja r.	Kožica	0,349***	0,772	Vučja r.	Vratna	0,315***	0,724
Jerma g. tok	Kožica	0,365***	0,804	Jerma g. tok	Vratna	0,333***	0,758
Jerma d. tok	Kožica	0,259***	0,615	Jerma d. tok	Vratna	0,232***	0,585
Jelašnička r.	Kožica	0,307***	0,413	Jelašnička r.	Vratna	0,269***	0,391
Garvanica	Kožica	0,326***	0,410	Garvanica	Vratna	0,256***	0,331
Masurička r.	Kožica	0,241***	0,369	Masurička r.	Vratna	0,204***	0,335
Vrla	Kožica	0,288***	0,482	Vrla	Vratna	0,233***	0,399
Šaovice	Kožica	0,303***	0,724	Šaovice	Vratna	0,264***	0,661
Resava	Kožica	0,188***	0,355	Resava	Vratna	0,131***	0,258
Mlava	Kožica	0,190***	0,533	Mlava	Vratna	0,164***	0,468
Krupaja	Kožica	0,203***	0,536	Krupaja	Vratna	0,189***	0,527
Boranjska r.	Vratna	0,300***	0,468	Kožica	Vratna	0,123***	0,183
Ljuboviđa	Vratna	0,217***	0,363	Boranjska r.	Zlotska r.	0,469***	0,598
Rača	Vratna	0,256***	0,457	Ljuboviđa	Zlotska r.	0,359***	0,478
Gračanica	Vratna	0,195***	0,332	Rača	Zlotska r.	0,407***	0,608
Vapa	Vratna	0,162***	0,370	Gračanica	Zlotska r.	0,449***	0,709
Povlenska r.	Vratna	0,325***	0,471	Vapa	Zlotska r.	0,353***	0,655
Gradac	Vratna	0,180***	0,462	Povlenska r.	Zlotska r.	0,494***	0,615
Đetinja	Vratna	0,222***	0,376	Gradac	Zlotska r.	0,329***	0,653
Katušnica	Vratna	0,175***	0,334	Đetinja	Zlotska r.	0,430***	0,651
Veliki Rzav	Vratna	0,122***	0,327	Katušnica	Zlotska r.	0,373***	0,623

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Veliki Rzav	Zlotska r.	0,285***	0,598	Đetinja	Mirovštica	0,394***	0,602
Panjica	Zlotska r.	0,521***	0,766	Katušnica	Mirovštica	0,343***	0,577
Tolišnica	Zlotska r.	0,496***	0,615	Veliki Rzav	Mirovštica	0,260***	0,574
Brvenica	Zlotska r.	0,373***	0,596	Panjica	Mirovštica	0,486***	0,728
Bresnička r.	Zlotska r.	0,469***	0,659	Tolišnica	Mirovštica	0,440***	0,537
Studenica	Zlotska r.	0,429***	0,682	Brvenica	Mirovštica	0,331***	0,553
Izubra	Zlotska r.	0,606***	0,725	Bresnička r.	Mirovštica	0,428***	0,603
Brevina	Zlotska r.	0,322***	0,483	Studenica	Mirovštica	0,388***	0,628
Gokčanica	Zlotska r.	0,353***	0,574	Izubra	Mirovštica	0,562***	0,656
Samokovska	Zlotska r.	0,337***	0,648	Brevina	Mirovštica	0,301***	0,484
Bržečka r.	Zlotska r.	0,300**	0,485	Gokčanica	Mirovštica	0,306***	0,516
Štavska r.	Zlotska r.	0,408***	0,524	Samokovska	Mirovštica	0,286***	0,556
S. Moravica	Zlotska r.	0,199***	0,335	Bržečka r.	Mirovštica	0,262**	0,435
Toplodolska	Zlotska r.	0,496***	0,760	Štavska r.	Mirovštica	0,373***	0,494
Visočica	Zlotska r.	0,413***	0,726	S. Moravica	Mirovštica	0,137***	0,237
Dojkinačka	Zlotska r.	0,414***	0,689	Toplodolska	Mirovštica	0,453***	0,693
Vodenička r.	Zlotska r.	0,548***	0,770	Visočica	Mirovštica	0,363***	0,634
Dursunska r.	Zlotska r.	0,407***	0,531	Dojkinačka	Mirovštica	0,376***	0,641
Bistrička r.	Zlotska r.	0,395***	0,543	Vodenička r.	Mirovštica	0,506***	0,706
Vlasina	Zlotska r.	0,465***	0,640	Dursunska r.	Mirovštica	0,355***	0,478
Vučja r.	Zlotska r.	0,437***	0,846	Bistrička r.	Mirovštica	0,332***	0,478
Jerma g. tok	Zlotska r.	0,451***	0,874	Vlasina	Mirovštica	0,431***	0,605
Jerma d. tok	Zlotska r.	0,395***	0,781	Vučja r.	Mirovštica	0,417***	0,846
Jelašnička r.	Zlotska r.	0,468***	0,591	Jerma g. tok	Mirovštica	0,432***	0,870
Garvanica	Zlotska r.	0,512***	0,662	Jerma d. tok	Mirovštica	0,346***	0,704
Masurička r.	Zlotska r.	0,381***	0,539	Jelašnička r.	Mirovštica	0,422***	0,529
Vrla	Zlotska r.	0,372***	0,528	Garvanica	Mirovštica	0,471***	0,595
Šaovice	Zlotska r.	0,395***	0,806	Masurička r.	Mirovštica	0,350***	0,510
Resava	Zlotska r.	0,323***	0,533	Vrla	Mirovštica	0,313***	0,435
Mlava	Zlotska r.	0,301***	0,683	Šaovice	Mirovštica	0,354***	0,742
Krupaja	Zlotska r.	0,321***	0,715	Resava	Mirovštica	0,270***	0,458
Kožica	Zlotska r.	0,445***	0,649	Mlava	Mirovštica	0,272***	0,639
Vratna	Zlotska r.	0,365***	0,531	Krupaja	Mirovštica	0,293***	0,668
Boranjska r.	Mirovštica	0,451***	0,602	Kožica	Mirovštica	0,416***	0,617
Ljuboviđa	Mirovštica	0,289***	0,389	Vratna	Mirovštica	0,329***	0,501
Rača	Mirovštica	0,362***	0,558	Zlotska r.	Mirovštica	0,157***	0,144
Gračanica	Mirovštica	0,396***	0,616	Boranjska r.	Janjska r.	0,284**	0,472
Vapa	Mirovštica	0,306***	0,575	Ljuboviđa	Janjska r.	0,246***	0,438
Povlenska r.	Mirovštica	0,432***	0,523	Rača	Janjska r.	0,270***	0,505
Gradac	Mirovštica	0,278***	0,577	Gračanica	Janjska r.	0,167***	0,289

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Vapa	Janjska r.	0,108***	0,259	Boranjska r.	Tripušnica	0,476***	0,736
Povlenska r.	Janjska r.	0,313***	0,468	Ljuboviđa	Tripušnica	0,408***	0,695
Gradac	Janjska r.	0,152***	0,397	Rača	Tripušnica	0,421***	0,765
Đetinja	Janjska r.	0,157***	0,256	Gračanica	Tripušnica	0,399***	0,722
Katušnica	Janjska r.	0,117***	0,232	Vapa	Tripušnica	0,316***	0,687
Veliki Rzav	Janjska r.	0,115***	0,340	Povlenska r.	Tripušnica	0,502**	0,759
Panjica	Janjska r.	0,222***	0,328	Gradac	Tripušnica	0,293***	0,696
Tolišnica	Janjska r.	0,316***	0,473	Đetinja	Tripušnica	0,404***	0,717
Brvenica	Janjska r.	0,139***	0,265	Katušnica	Tripušnica	0,356***	0,728
Bresnička r.	Janjska r.	0,166***	0,264	Veliki Rzav	Tripušnica	0,262***	0,702
Studenica	Janjska r.	0,139***	0,249	Panjica	Tripušnica	0,465***	0,746
Izobra	Janjska r.	0,355***	0,433	Tolišnica	Tripušnica	0,490***	0,728
Brevina	Janjska r.	0,111***	0,199	Brvenica	Tripušnica	0,354***	0,688
Gokčanica	Janjska r.	0,148***	0,295	Bresnička r.	Tripušnica	0,436***	0,729
Samokovska	Janjska r.	0,093***	0,223	Studenica	Tripušnica	0,388***	0,715
Brzečka r.	Janjska r.	0,123**	0,267	Izobra	Tripušnica	0,584***	0,778
Štavska r.	Janjska r.	0,191***	0,295	Brevina	Tripušnica	0,371***	0,742
S. Moravica	Janjska r.	0,148***	0,366	Gokčanica	Tripušnica	0,343***	0,686
Toplodolska	Janjska r.	0,202***	0,346	Samokovska	Tripušnica	0,303***	0,712
Visočica	Janjska r.	0,130***	0,273	Brzečka r.	Tripušnica	0,325**	0,676
Dojkinačka	Janjska r.	0,150***	0,279	Štavska r.	Tripušnica	0,454***	0,752
Vodenička r.	Janjska r.	0,252***	0,382	S. Moravica	Tripušnica	0,314***	0,717
Dursunska r.	Janjska r.	0,290***	0,460	Toplodolska	Tripušnica	0,428***	0,720
Bistrička r.	Janjska r.	0,256***	0,436	Visočica	Tripušnica	0,341***	0,662
Vlasina	Janjska r.	0,264***	0,439	Dojkinačka	Tripušnica	0,361***	0,697
Vučja r.	Janjska r.	0,308***	0,734	Vodenička r.	Tripušnica	0,484***	0,723
Jerma g. tok	Janjska r.	0,329***	0,782	Dursunska r.	Tripušnica	0,451***	0,725
Jerma d. tok	Janjska r.	0,218***	0,567	Bistrička r.	Tripušnica	0,413***	0,679
Jelašnička r.	Janjska r.	0,250***	0,389	Vlasina	Tripušnica	0,445***	0,701
Garvanica	Janjska r.	0,288***	0,398	Vučja r.	Tripušnica	0,385***	0,844
Masurička r.	Janjska r.	0,198***	0,348	Jerma g. tok	Tripušnica	0,395***	0,852
Vrla	Janjska r.	0,209***	0,371	Jerma d. tok	Tripušnica	0,307**	0,707
Šaovice	Janjska r.	0,257***	0,681	Jelašnička r.	Tripušnica	0,466***	0,683
Resava	Janjska r.	0,116***	0,235	Garvanica	Tripušnica	0,495***	0,694
Mlava	Janjska r.	0,136***	0,398	Masurička r.	Tripušnica	0,394***	0,660
Krupaja	Janjska r.	0,166***	0,472	Vrla	Tripušnica	0,397***	0,701
Kožica	Janjska r.	0,162***	0,280	Šaovice	Tripušnica	0,307***	0,696
Vratna	Janjska r.	0,190***	0,335	Resava	Tripušnica	0,318***	0,648
Zlotska r.	Janjska r.	0,390***	0,621	Mlava	Tripušnica	0,253***	0,687
Mirovštica	Janjska r.	0,353***	0,576	Krupaja	Tripušnica	0,273***	0,720

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Kožica	Tripušnica	0,400***	0,654	Vrla	Lisinska r.	0,289***	0,555
Vratna	Tripušnica	0,376***	0,681	Šaovice	Lisinska r.	0,160***	0,398
Zlotska r.	Tripušnica	0,541***	0,866	Resava	Lisinska r.	0,249***	0,583
Mirovštica	Tripušnica	0,497***	0,791	Mlava	Lisinska r.	0,197***	0,605
Janjska r.	Tripušnica	0,369***	0,710	Krupaja	Lisinska r.	0,226***	0,692
Boranjaska r.	Lisinska r.	0,367***	0,661	Kožica	Lisinska r.	0,331***	0,656
Ljuboviđa	Lisinska r.	0,334***	0,643	Vratna	Lisinska r.	0,298***	0,611
Rača	Lisinska r.	0,317***	0,654	Zlotska r.	Lisinska r.	0,434***	0,756
Gračanica	Lisinska r.	0,327***	0,671	Mirovštica	Lisinska r.	0,404***	0,728
Vapa	Lisinska r.	0,265***	0,680	Janjska r.	Lisinska r.	0,279***	0,601
Povlenska r.	Lisinska r.	0,414***	0,738	Tripušnica	Lisinska r.	0,374***	0,737
Gradac	Lisinska r.	0,209***	0,545	Boranjaska r.	Ljubatska r.	0,369***	0,688
Đetinja	Lisinska r.	0,338***	0,697	Ljuboviđa	Ljubatska r.	0,353***	0,719
Katušnica	Lisinska r.	0,206***	0,415	Rača	Ljubatska r.	0,325***	0,697
Veliki Rzav	Lisinska r.	0,146***	0,397	Gračanica	Ljubatska r.	0,339***	0,721
Panjica	Lisinska r.	0,382***	0,702	Vapa	Ljubatska r.	0,267***	0,716
Tolišnica	Lisinska r.	0,362***	0,605	Povlenska r.	Ljubatska r.	0,431***	0,798
Brvenica	Lisinska r.	0,290***	0,647	Gradac	Ljubatska r.	0,213***	0,579
Bresnička r.	Lisinska r.	0,344***	0,643	Đetinja	Ljubatska r.	0,356***	0,765
Studenica	Lisinska r.	0,318***	0,659	Katušnica	Ljubatska r.	0,216***	0,447
Izuba	Lisinska r.	0,468***	0,721	Veliki Rzav	Ljubatska r.	0,157***	0,456
Brevina	Lisinska r.	0,284***	0,628	Panjica	Ljubatska r.	0,393***	0,749
Gokčanica	Lisinska r.	0,276***	0,638	Tolišnica	Ljubatska r.	0,394***	0,692
Samokovska	Lisinska r.	0,228***	0,589	Brvenica	Ljubatska r.	0,302***	0,704
Brzečka r.	Lisinska r.	0,261***	0,642	Bresnička r.	Ljubatska r.	0,367***	0,722
Štavaska r.	Lisinska r.	0,388***	0,768	Studenica	Ljubatska r.	0,333***	0,725
S. Moravica	Lisinska r.	0,247***	0,653	Izuba	Ljubatska r.	0,478***	0,764
Toplodolska	Lisinska r.	0,347***	0,662	Brevina	Ljubatska r.	0,306***	0,714
Visočica	Lisinska r.	0,283***	0,623	Gokčanica	Ljubatska r.	0,290***	0,695
Dojkinačka	Lisinska r.	0,290***	0,621	Samokovska	Ljubatska r.	0,234***	0,637
Vodenička r.	Lisinska r.	0,388***	0,672	Brzečka r.	Ljubatska r.	0,268**	0,692
Dursunska r.	Lisinska r.	0,364***	0,666	Štavaska r.	Ljubatska r.	0,404***	0,830
Bistrička r.	Lisinska r.	0,323***	0,608	S. Moravica	Ljubatska r.	0,252***	0,689
Vlasina	Lisinska r.	0,349***	0,607	Toplodolska	Ljubatska r.	0,372***	0,749
Vučja r.	Lisinska r.	0,078***	0,152	Visočica	Ljubatska r.	0,296***	0,694
Jerma g. tok	Lisinska r.	0,117***	0,235	Dojkinačka	Ljubatska r.	0,306***	0,691
Jerma d. tok	Lisinska r.	0,096***	0,225	Vodenička r.	Ljubatska r.	0,389***	0,694
Jelašnička r.	Lisinska r.	0,401***	0,732	Dursunska r.	Ljubatska r.	0,367***	0,688
Garvanica	Lisinska r.	0,371***	0,589	Bistrička r.	Ljubatska r.	0,331***	0,649
Masurička r.	Lisinska r.	0,311***	0,576	Vlasina	Ljubatska r.	0,364***	0,669

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Vučja r.	Ljubatska r.	0,063***	0,129	Toplodolska	Dragovištica	0,343***	0,726
Jerma g. tok	Ljubatska r.	0,084***	0,172	Visočica	Dragovištica	0,282***	0,698
Jerma d. tok	Ljubatska r.	0,083***	0,205	Dojkinačka	Dragovištica	0,287***	0,686
Jelašnička r.	Ljubatska r.	0,416***	0,793	Vodenička r.	Dragovištica	0,379***	0,720
Garvanica	Ljubatska r.	0,381***	0,627	Dursunska r.	Dragovištica	0,358***	0,718
Masurička r.	Ljubatska r.	0,321***	0,617	Bistrička r.	Dragovištica	0,320***	0,665
Vrla	Ljubatska r.	0,312***	0,618	Vlasina	Dragovištica	0,340***	0,648
Šaovice	Ljubatska r.	0,162***	0,431	Vučja r.	Dragovištica	0,040***	0,095
Resava	Ljubatska r.	0,270***	0,657	Jerma g. tok	Dragovištica	0,073***	0,168
Mlava	Ljubatska r.	0,190***	0,612	Jerma d. tok	Dragovištica	0,067***	0,192
Krupaja	Ljubatska r.	0,221***	0,706	Jelašnička r.	Dragovištica	0,384***	0,756
Kožica	Ljubatska r.	0,358***	0,756	Garvanica	Dragovištica	0,362***	0,623
Vratna	Ljubatska r.	0,322***	0,711	Masurička r.	Dragovištica	0,291***	0,580
Zlotska r.	Ljubatska r.	0,443***	0,805	Vrla	Dragovištica	0,285***	0,596
Mirovštica	Ljubatska r.	0,417***	0,781	Šaovice	Dragovištica	0,136***	0,389
Janjska r.	Ljubatska r.	0,297***	0,658	Resava	Dragovištica	0,249***	0,651
Tripušnica	Ljubatska r.	0,393***	0,815	Mlava	Dragovištica	0,173***	0,595
Lisinska r.	Ljubatska r.	0,026**	0,041	Krupaja	Dragovištica	0,199***	0,681
Boranjaska r.	Dragovištica	0,363***	0,726	Kožica	Dragovištica	0,329***	0,727
Ljuboviđa	Dragovištica	0,324***	0,681	Vratna	Dragovištica	0,296***	0,683
Rača	Dragovištica	0,300***	0,675	Zlotska r.	Dragovištica	0,428***	0,827
Gračanica	Dragovištica	0,316***	0,701	Mirovštica	Dragovištica	0,398***	0,783
Vapa	Dragovištica	0,240***	0,681	Janjska r.	Dragovištica	0,277***	0,659
Povlenska r.	Dragovištica	0,400***	0,770	Tripušnica	Dragovištica	0,368***	0,812
Gradac	Dragovištica	0,191***	0,555	Lisinska r.	Dragovištica	0,015NS	0,028
Đetinja	Dragovištica	0,328***	0,743	Ljubatska r.	Dragovištica	0,002NS	0,005
Katušnica	Dragovištica	0,211***	0,471	Boranjaska r.	Brankovačka	0,359***	0,672
Veliki Rzav	Dragovištica	0,140***	0,442	Ljuboviđa	Brankovačka	0,336***	0,675
Panjica	Dragovištica	0,371***	0,740	Rača	Brankovačka	0,313***	0,672
Tolišnica	Dragovištica	0,361***	0,667	Gračanica	Brankovačka	0,330***	0,701
Brvenica	Dragovištica	0,278***	0,686	Vapa	Brankovačka	0,253***	0,667
Bresnička r.	Dragovištica	0,333***	0,686	Povlenska r.	Brankovačka	0,417***	0,773
Studenica	Dragovištica	0,303***	0,686	Gradac	Brankovačka	0,207***	0,563
Izobra	Dragovištica	0,445***	0,734	Đetinja	Brankovačka	0,346***	0,745
Brevina	Dragovištica	0,279***	0,684	Katušnica	Brankovačka	0,217***	0,456
Gokčanica	Dragovištica	0,267***	0,681	Veliki Rzav	Brankovačka	0,153***	0,456
Samokovska	Dragovištica	0,209***	0,595	Panjica	Brankovačka	0,383***	0,730
Brzečka r.	Dragovištica	0,239***	0,658	Tolišnica	Brankovačka	0,372***	0,653
Štavaska r.	Dragovištica	0,374***	0,801	Brvenica	Brankovačka	0,288***	0,671
S. Moravica	Dragovištica	0,233***	0,684	Bresnička r.	Brankovačka	0,353***	0,690

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Studenica	Brankovačka	0,322***	0,694	Povlenska r.	Rib. Panjica	0,299***	0,642
Izubra	Brankovačka	0,458***	0,720	Gradac	Rib. Panjica	0,072***	0,275
Brevina	Brankovačka	0,296***	0,688	Đetinja	Rib. Panjica	0,225***	0,594
Gokčanica	Brankovačka	0,281***	0,678	Katušnica	Rib. Panjica	0,169***	0,518
Samokovska	Brankovačka	0,223***	0,596	Veliki Rzav	Rib. Panjica	0,051NS	0,250
Brzečka r.	Brankovačka	0,255***	0,655	Panjica	Rib. Panjica	0,263***	0,585
Štavska r.	Brankovačka	0,390***	0,799	Tolišnica	Rib. Panjica	0,314***	0,662
S. Moravica	Brankovačka	0,249***	0,687	Brvenica	Rib. Panjica	0,170***	0,506
Toplodolska	Brankovačka	0,365***	0,742	Bresnička r.	Rib. Panjica	0,239***	0,561
Visočica	Brankovačka	0,290***	0,686	Studena	Rib. Panjica	0,203***	0,547
Dojkinačka	Brankovačka	0,296***	0,671	Izubra	Rib. Panjica	0,355***	0,627
Vodenička r.	Brankovačka	0,384***	0,694	Brevina	Rib. Panjica	0,174***	0,515
Dursunska r.	Brankovačka	0,367***	0,700	Gokčanica	Rib. Panjica	0,169***	0,536
Bistrička r.	Brankovačka	0,332***	0,656	Samokovska	Rib. Panjica	0,074NS	0,267
Vlasina	Brankovačka	0,357***	0,655	Brzečka r.	Rib. Panjica	0,105NS	0,338
Vučja r.	Brankovačka	0,086***	0,169	Štavska r.	Rib. Panjica	0,264***	0,626
Jerma g. tok	Brankovačka	0,115***	0,240	S. Moravica	Rib. Panjica	0,104***	0,373
Jerma d. tok	Brankovačka	0,098***	0,249	Toplodolska	Rib. Panjica	0,241***	0,586
Jelašnička r.	Brankovačka	0,403***	0,769	Visočica	Rib. Panjica	0,157***	0,457
Garvanica	Brankovačka	0,365***	0,591	Dojkinačka	Rib. Panjica	0,187***	0,542
Masurička r.	Brankovačka	0,307***	0,587	Vodenička r.	Rib. Panjica	0,277***	0,595
Vrla	Brankovačka	0,308***	0,617	Dursunska r.	Rib. Panjica	0,273***	0,636
Šaovice	Brankovačka	0,149***	0,397	Bistrička r.	Rib. Panjica	0,231***	0,566
Resava	Brankovačka	0,259***	0,641	Vlasina	Rib. Panjica	0,272***	0,626
Mlava	Brankovačka	0,183***	0,594	Vučja r.	Rib. Panjica	0,184***	0,589
Krupaja	Brankovačka	0,218***	0,708	Jerma g. tok	Rib. Panjica	0,208***	0,659
Kožica	Brankovačka	0,350***	0,747	Jerma d. tok	Rib. Panjica	0,095***	0,391
Vratna	Brankovačka	0,314***	0,692	Jelašnička r.	Rib. Panjica	0,269***	0,570
Zlotska r.	Brankovačka	0,441***	0,820	Garvanica	Rib. Panjica	0,315***	0,630
Mirovštica	Brankovačka	0,412***	0,782	Masurička r.	Rib. Panjica	0,233***	0,595
Janjska r.	Brankovačka	0,284***	0,627	Vrla	Rib. Panjica	0,222***	0,584
Tripušnica	Brankovačka	0,388***	0,818	Šaovice	Rib. Panjica	0,111***	0,396
Lisinska r.	Brankovačka	0,039***	0,064	Resava	Rib. Panjica	0,158***	0,531
Ljubatska r.	Brankovačka	0,002NS	0,001	Mlava	Rib. Panjica	0,055***	0,272
Dragovištica	Brankovačka	0,006NS	0,010	Krupaja	Rib. Panjica	0,062***	0,272
Boranjaska r.	Rib. Panjica	0,263**	0,612	Kožica	Rib. Panjica	0,233***	0,612
Ljuboviđa	Rib. Panjica	0,232***	0,583	Vratna	Rib. Panjica	0,215***	0,605
Rača	Rib. Panjica	0,224***	0,613	Zlotska r.	Rib. Panjica	0,355***	0,767
Gračanica	Rib. Panjica	0,211***	0,559	Mirovštica	Rib. Panjica	0,301***	0,656
Vapa	Rib. Panjica	0,107***	0,377	Janjska r.	Rib. Panjica	0,180***	0,532

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Tripušnica	Rib. Panjica	0,277***	0,691	Vrla	Rib. S.M.	0,193***	0,509
Lisinska r.	Rib. Panjica	0,202***	0,571	Šaovice	Rib. S.M.	0,109***	0,401
Ljubatska r.	Rib. Panjica	0,198***	0,594	Resava	Rib. S.M.	0,140***	0,467
Dragovištica	Rib. Panjica	0,178***	0,570	Mlava	Rib. S.M.	0,047***	0,240
Brankovačka	Rib. Panjica	0,193***	0,581	Krupaja	Rib. S.M.	0,055***	0,241
Boranjaska r.	Rib. S.M.	0,261***	0,618	Kožica	Rib. S.M.	0,227***	0,601
Ljuboviđa	Rib. S.M.	0,201***	0,517	Vratna	Rib. S.M.	0,195***	0,550
Rača	Rib. S.M.	0,186***	0,500	Zlotska r.	Rib. S.M.	0,293***	0,602
Gračanica	Rib. S.M.	0,203***	0,540	Mirovštica	Rib. S.M.	0,231***	0,472
Vapa	Rib. S.M.	0,099***	0,355	Janjska r.	Rib. S.M.	0,172***	0,510
Povlenska r.	Rib. S.M.	0,276***	0,586	Tripušnica	Rib. S.M.	0,272***	0,700
Gradac	Rib. S.M.	0,077***	0,303	Lisinska r.	Rib. S.M.	0,207***	0,635
Đetinja	Rib. S.M.	0,218***	0,579	Ljubatska r.	Rib. S.M.	0,206***	0,655
Katušnica	Rib. S.M.	0,156***	0,480	Dragovištica	Rib. S.M.	0,189***	0,656
Veliki Rzav	Rib. S.M.	0,052***	0,258	Brankovačka	Rib. S.M.	0,200***	0,641
Panjica	Rib. S.M.	0,253***	0,574	Rib. Panjica	Rib. S.M.	0,014 NS	0,084
Tolišnica	Rib. S.M.	0,279***	0,584	Boranjaska r.	Rib. Jerma	0,347**	0,653
Brvenica	Rib. S.M.	0,155***	0,457	Ljuboviđa	Rib. Jerma	0,302***	0,649
Bresnička r.	Rib. S.M.	0,222***	0,520	Rača	Rib. Jerma	0,269**	0,594
Studenica	Rib. S.M.	0,193***	0,526	Gračanica	Rib. Jerma	0,290***	0,660
Izubra	Rib. S.M.	0,354***	0,659	Vapa	Rib. Jerma	0,178**	0,516
Brevina	Rib. S.M.	0,154***	0,454	Povlenska r.	Rib. Jerma	0,370**	0,636
Gokčanica	Rib. S.M.	0,145***	0,449	Gradac	Rib. Jerma	0,140***	0,443
Samokovska	Rib. S.M.	0,077**	0,299	Đetinja	Rib. Jerma	0,301***	0,669
Brzečka r.	Rib. S.M.	0,088NS	0,304	Katušnica	Rib. Jerma	0,250***	0,668
Štavaska r.	Rib. S.M.	0,230***	0,524	Veliki Rzav	Rib. Jerma	0,123***	0,475
S. Moravica	Rib. S.M.	0,055**	0,174	Panjica	Rib. Jerma	0,349**	0,663
Toplodolska	Rib. S.M.	0,238***	0,594	Tolišnica	Rib. Jerma	0,392***	0,700
Visočica	Rib. S.M.	0,154***	0,456	Brvenica	Rib. Jerma	0,245***	0,632
Dojkinačka	Rib. S.M.	0,176***	0,520	Bresnička r.	Rib. Jerma	0,325***	0,647
Vodenička r.	Rib. S.M.	0,280***	0,625	Studenica	Rib. Jerma	0,286***	0,665
Dursunska r.	Rib. S.M.	0,255***	0,617	Izubra	Rib. Jerma	0,486**	0,765
Bistrička r.	Rib. S.M.	0,214***	0,543	Brevina	Rib. Jerma	0,245**	0,608
Vlasina	Rib. S.M.	0,251***	0,588	Gokčanica	Rib. Jerma	0,229***	0,598
Vučja r.	Rib. S.M.	0,188***	0,652	Samokovska	Rib. Jerma	0,144**	0,453
Jerma g. tok	Rib. S.M.	0,209***	0,701	Brzečka r.	Rib. Jerma	0,173NS	0,497
Jerma d. tok	Rib. S.M.	0,100**	0,436	Štavaska r.	Rib. Jerma	0,331***	0,651
Jelašnička r.	Rib. S.M.	0,251***	0,541	S. Moravica	Rib. Jerma	0,127***	0,368
Garvanica	Rib. S.M.	0,305***	0,622	Toplodolska	Rib. Jerma	0,312**	0,609
Masurička r.	Rib. S.M.	0,216***	0,567	Visočica	Rib. Jerma	0,241***	0,612

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Dojkinačka	Rib. Jerma	0,258***	0,643	Brvenica	rib. Danska	0,215***	0,614
Vodenička r.	Rib. Jerma	0,377***	0,691	Bresnička r.	Rib. Danska	0,307***	0,729
Dursunska r.	Rib. Jerma	0,358***	0,733	Studenica	Rib. Danska	0,250***	0,652
Bistrička r.	Rib. Jerma	0,318**	0,690	Izubra	Rib. Danska	0,425**	0,745
Vlasina	Rib. Jerma	0,358***	0,714	Brevina	Rib. Danska	0,218**	0,624
Vučja r.	Rib. Jerma	0,251***	0,717	Gokčanica	Rib. Danska	0,204**	0,623
Jerma g. tok	Rib. Jerma	0,267***	0,752	Samokovska	Rib. Danska	0,136***	0,490
Jerma d. tok	Rib. Jerma	0,165**	0,578	Brzečka r.	Rib. Danska	0,128NS	0,434
Jelašnička r.	Rib. Jerma	0,359***	0,658	Štavska r.	Rib. Danska	0,305***	0,698
Garvanica	Rib. Jerma	0,418***	0,743	S. Moravica	Rib. Danska	0,129***	0,442
Masurička r.	Rib. Jerma	0,307***	0,689	Toplodolska	Rib. Danska	0,296***	0,686
Vrla	Rib. Jerma	0,294**	0,679	Visočica	Rib. Danska	0,203***	0,564
Šaovice	Rib. Jerma	0,151***	0,465	Dojkinačka	Rib. Danska	0,235**	0,663
Resava	Rib. Jerma	0,216***	0,592	Vodenička r.	Rib. Danska	0,356**	0,756
Mlava	Rib. Jerma	0,125***	0,499	Dursunska r.	Rib. Danska	0,318***	0,727
Krupaja	Rib. Jerma	0,130***	0,483	Bistrička r.	Rib. Danska	0,284***	0,663
Kožica	Rib. Jerma	0,303**	0,644	Vlasina	Rib. Danska	0,323**	0,722
Vratna	Rib. Jerma	0,272***	0,636	Vučja r.	Rib. Danska	0,176***	0,537
Zlotska r.	Rib. Jerma	0,411***	0,727	Jerma g. tok	Rib. Danska	0,197***	0,597
Mirovštica	Rib. Jerma	0,353**	0,645	Jerma d. tok	Rib. Danska	0,092*	0,362
Janjska r.	Rib. Jerma	0,250***	0,614	Jelašnička r.	Rib. Danska	0,332**	0,702
Tripušnica	Rib. Jerma	0,331**	0,682	Garvanica	Rib. Danska	0,370***	0,725
Lisinska r.	Rib. Jerma	0,273***	0,706	Masurička r.	Rib. Danska	0,275***	0,687
Ljubatska r.	Rib. Jerma	0,276**	0,756	Vrla	Rib. Danska	0,270**	0,700
Dragovištica	Rib. Jerma	0,251***	0,741	Šaovice	Rib. Danska	0,129***	0,432
Brankovačka	Rib. Jerma	0,265***	0,724	Resava	Rib. Danska	0,197***	0,631
Rib. Panjica	Rib. Jerma	0,072**	0,260	Mlava	Rib. Danska	0,060***	0,289
Rib. S.M.	Rib. Jerma	0,041NS	0,151	Krupaja	Rib. Danska	0,062***	0,271
Boranjska r.	Rib. Danska	0,335*	0,764	Kožica	Rib. Danska	0,287**	0,721
Ljuboviđa	Rib. Danska	0,280***	0,696	Vratna	Rib. Danska	0,257**	0,699
Rača	Rib. Danska	0,260**	0,700	Zlotska r.	Rib. Danska	0,383***	0,789
Gračanica	Rib. Danska	0,272***	0,716	Mirovštica	Rib. Danska	0,333**	0,708
Vapa	Rib. Danska	0,128**	0,429	Janjska r.	Rib. Danska	0,237***	0,673
Povlenska r.	Rib. Danska	0,362**	0,759	Tripušnica	Rib. Danska	0,305**	0,719
Gradac	Rib. Danska	0,120***	0,451	Lisinska r.	Rib. Danska	0,222***	0,608
Đetinja	Rib. Danska	0,274***	0,698	Ljubatska r.	Rib. Danska	0,208***	0,617
Katušnica	Rib. Danska	0,214***	0,651	Dragovištica	Rib. Danska	0,188***	0,602
Veliki Rzav	Rib. Danska	0,090***	0,414	Brankovačka	Rib. Danska	0,210**	0,631
Panjica	Rib. Danska	0,330***	0,716	Rib. Panjica	Rib. Danska	0,034**	0,137
Tolišnica	Rib. Danska	0,368***	0,760	Rib. S.M.	Rib. Danska	0,051**	0,220

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Rib. Jerma	Rib. Danska	0,100*	0,336	Krupaja	Atersko j.	0,119***	0,466
Boranjska r.	Atersko j.	0,349*	0,669	Kožica	Atersko j.	0,286**	0,594
Ljuboviđa	Atersko j.	0,244**	0,530	Vratna	Atersko j.	0,241**	0,546
Rača	Atersko j.	0,247**	0,580	Zlotska r.	Atersko j.	0,387**	0,661
Gračanica	Atersko j.	0,274***	0,619	Mirovštica	Atersko j.	0,318**	0,573
Vapa	Atersko j.	0,141**	0,414	Janjska r.	Atersko j.	0,233**	0,573
Povlenska r.	Atersko j.	0,350**	0,619	Tripušnica	Atersko j.	0,344*	0,722
Gradac	Atersko j.	0,138***	0,456	Lisinska r.	Atersko j.	0,234**	0,574
Đetinja	Atersko j.	0,263***	0,580	Ljubatska r.	Atersko j.	0,221**	0,588
Katušnica	Atersko j.	0,208**	0,552	Dragovištica	Atersko j.	0,203**	0,576
Veliki Rzav	Atersko j.	0,087***	0,368	Brankovačka	Atersko j.	0,213**	0,568
Panjica	Atersko j.	0,354**	0,685	Rib. Panjica	Atersko j.	0,075**	0,297
Tolišnica	Atersko j.	0,345**	0,610	Rib. S.M.	Atersko j.	0,075**	0,298
Brvenica	Atersko j.	0,189***	0,466	Rib. Jerma	Atersko j.	0,131NS	0,388
Bresnička r.	Atersko j.	0,284**	0,562	Rib. Danska	Atersko j.	0,087NS	0,289
Studenica	Atersko j.	0,247**	0,571	Boranjska r.	Trebišnjica	0,281***	0,672
Izubra	Atersko j.	0,438**	0,630	Ljuboviđa	Trebišnjica	0,234***	0,610
Brevina	Atersko j.	0,204**	0,504	Rača	Trebišnjica	0,224***	0,629
Gokčanica	Atersko j.	0,185***	0,487	Gračanica	Trebišnjica	0,241***	0,656
Samokovska	Atersko j.	0,125**	0,422	Vapa	Trebišnjica	0,119***	0,408
Brzečka r.	Atersko j.	0,122NS	0,368	Povlenska r.	Trebišnjica	0,299***	0,659
Štavska r.	Atersko j.	0,292**	0,560	Gradac	Trebišnjica	0,098***	0,367
S. Moravica	Atersko j.	0,122**	0,379	Đetinja	Trebišnjica	0,237***	0,626
Toplodolska	Atersko j.	0,303**	0,614	Katušnica	Trebišnjica	0,203***	0,637
Visočica	Atersko j.	0,221***	0,558	Veliki Rzav	Trebišnjica	0,084***	0,375
Dojkinačka	Atersko j.	0,250***	0,622	Panjica	Trebišnjica	0,282***	0,646
Vodenička r.	Atersko j.	0,377**	0,687	Tolišnica	Trebišnjica	0,310***	0,692
Dursunska r.	Atersko j.	0,313**	0,607	Brvenica	Trebišnjica	0,191***	0,566
Bistrička r.	Atersko j.	0,241**	0,478	Bresnička r.	Trebišnjica	0,268***	0,668
Vlasina	Atersko j.	0,287***	0,536	Studenica	Trebišnjica	0,229***	0,626
Vučja r.	Atersko j.	0,216**	0,586	Izubra	Trebišnjica	0,369***	0,716
Jerma g. tok	Atersko j.	0,233**	0,625	Brevina	Trebišnjica	0,194***	0,579
Jerma d. tok	Atersko j.	0,119*	0,430	Gokčanica	Trebišnjica	0,181***	0,575
Jelašnička r.	Atersko j.	0,305**	0,534	Samokovska	Trebišnjica	0,118***	0,434
Garvanica	Atersko j.	0,316***	0,510	Brzečka r.	Trebišnjica	0,121*	0,409
Masurička r.	Atersko j.	0,237***	0,508	Štavska r.	Trebišnjica	0,273***	0,665
Vrla	Atersko j.	0,247**	0,550	S. Moravica	Trebišnjica	0,120***	0,413
Šaovice	Atersko j.	0,154**	0,491	Toplodolska	Trebišnjica	0,261***	0,639
Resava	Atersko j.	0,193**	0,527	Visočica	Trebišnjica	0,197***	0,583
Mlava	Atersko j.	0,107**	0,456	Dojkinačka	Trebišnjica	0,213***	0,622

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F _{ST}	D _{AS}
Vodenička r.	Trebišnjica	0,307***	0,692	Panjica	Radika	0,381***	0,659
Dursunska r.	Trebišnjica	0,279***	0,678	Tolišnica	Radika	0,399***	0,639
Bistrička r.	Trebišnjica	0,250***	0,636	Brvenica	Radika	0,250***	0,547
Vlasina	Trebišnjica	0,286***	0,684	Bresnička r.	Radika	0,342***	0,631
Vučja r.	Trebišnjica	0,190***	0,613	Studenica	Radika	0,288***	0,578
Jerma g. tok	Trebišnjica	0,206***	0,657	Izubra	Radika	0,486**	0,659
Jerma d. tok	Trebišnjica	0,107***	0,445	Brevina	Radika	0,272***	0,612
Jelašnička r.	Trebišnjica	0,287***	0,652	Gokčanica	Radika	0,245***	0,569
Garvanica	Trebišnjica	0,330***	0,706	Samokovska	Radika	0,212***	0,576
Masurička r.	Trebišnjica	0,244***	0,643	Brzečka r.	Radika	0,227**	0,562
Vrla	Trebišnjica	0,226***	0,599	Štavska r.	Radika	0,359***	0,650
Šaovice	Trebišnjica	0,105***	0,395	S. Moravica	Radika	0,233***	0,633
Resava	Trebišnjica	0,179***	0,586	Toplodolska	Radika	0,349***	0,653
Mlava	Trebišnjica	0,069***	0,331	Visočica	Radika	0,272***	0,614
Krupaja	Trebišnjica	0,081***	0,343	Dojkinačka	Radika	0,281***	0,610
Kožica	Trebišnjica	0,260***	0,690	Vodenička r.	Radika	0,407***	0,668
Vratna	Trebišnjica	0,228***	0,640	Dursunska r.	Radika	0,364***	0,636
Zlotska r.	Trebišnjica	0,343***	0,765	Bistrička r.	Radika	0,305***	0,540
Mirovštica	Trebišnjica	0,292***	0,669	Vlasina	Radika	0,347***	0,590
Janjska r.	Trebišnjica	0,209***	0,613	Vučja r.	Radika	0,307***	0,770
Tripušnica	Trebišnjica	0,280***	0,725	Jerma g. tok	Radika	0,317**	0,767
Lisinska r.	Trebišnjica	0,222***	0,657	Jerma d. tok	Radika	0,208**	0,590
Ljubatska r.	Trebišnjica	0,214***	0,666	Jelašnička r.	Radika	0,374**	0,602
Dragovištica	Trebišnjica	0,193***	0,640	Garvanica	Radika	0,398***	0,595
Brankovačka	Trebišnjica	0,201***	0,628	Masurička r.	Radika	0,305***	0,571
Rib. Panjica	Trebišnjica	0,032***	0,142	Vrla	Radika	0,312***	0,613
Rib. S.M.	Trebišnjica	0,027***	0,119	Šaovice	Radika	0,235***	0,633
Rib. Jerma	Trebišnjica	0,050NS	0,167	Resava	Radika	0,235***	0,563
Rib. Danska	Trebišnjica	0,036*	0,135	Mlava	Radika	0,179***	0,604
Atersko j.	Trebišnjica	0,076**	0,275	Krupaja	Radika	0,190***	0,611
Boranjska r.	Radika	0,370**	0,648	Kožica	Radika	0,327***	0,616
Ljuboviđa	Radika	0,324***	0,622	Vratna	Radika	0,294***	0,598
Rača	Radika	0,320***	0,648	Zlotska r.	Radika	0,471***	0,818
Gračanica	Radika	0,302***	0,593	Mirovštica	Radika	0,422***	0,736
Vapa	Radika	0,224***	0,590	Janjska r.	Radika	0,285**	0,622
Povlenska r.	Radika	0,408***	0,668	Tripušnica	Radika	0,206**	0,314
Gradac	Radika	0,218***	0,628	Lisinska r.	Radika	0,289***	0,631
Đetinja	Radika	0,316***	0,631	Ljubatska r.	Radika	0,314***	0,740
Katušnica	Radika	0,261***	0,604	Dragovištica	Radika	0,283***	0,695
Veliki Rzav	Radika	0,178***	0,576	Brankovačka	Radika	0,310***	0,736

Tabela 4. Nastavak.

Populacija 1	Populacija 2	F_{ST}	D_{AS}	Populacija 1	Populacija 2	F_{ST}	D_{AS}
Rib. Panjica	Radika	0,193***	0,606	Rib. Danska	Radika	0,216**	0,642
Rib. S.M.	Radika	0,195***	0,635	Atersko j.	Radika	0,249*	0,653
Rib. Jerma	Radika	0,238**	0,618	Trebišnjica	Radika	0,208***	0,657

Tabela 5. Hijerarhijski koraci u proceni broja genetičkih grupa (K) na osnovu mikrosatelitskih podataka, primenom STRUCTURE analize i ΔK metode, na celokupnom uzorku. Mean LnP(K), srednja aposteriorna verovatnoća K ; Stdev, standardna devijacija sedam nezavisnih ponovaka LnP(K); ΔK , *ad hoc* kvantifikacija, predikcija realnog broja klastera (Evanno i sar., 2005). Najviša vrednost ΔK je obojena.

1 – korak: sve populacije	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-48511,24	0,85	—
	2	-44384,53	2,32	1107,09
	3	-42821,47	391,62	0,25
	4	-41160,53	55,39	12,34
	5	-40183,17	172,67	0,92
	6	-39364,20	86,98	0,65
	7	-38601,69	80,54	2,56
	8	-38045,74	118,95	0,21
	9	-37515,21	161,34	0,03
	10	-36989,77	187,81	1,79
	11	-36801,34	728,17	0,55
	12	-36209,13	253,62	13,95
	13	-39156,04	4600,66	0,83
	14	-38270,89	3624,19	0,25
	15	-38309,79	6779,01	0,50
	16	-34935,24	142,81	21,95
	17	-34695,06	197,66	0,18
	18	-34491,40	109,94	3,87
	19	-34713,53	911,71	0,71
	20	-34292,73	353,04	0,14
	21	-33922,90	150,26	12,93
	22	-35496,21	4258,25	0,83
	23	-33514,37	220,37	12,52
	24	-34292,64	1592,60	0,65
	25	-34042,21	2028,68	0,39
	26	-34574,30	1997,10	0,89
	27	-33335,24	491,93	2,59
	28	-33370,34	775,80	0,56
	29	-33838,11	1894,23	0,69
	30	-35617,04	4398,42	0,74
	31	-34160,66	2056,21	0,28
	32	-33280,36	1579,42	1,40
	33	-34616,24	2716,34	0,46
	34	-34714,04	3540,67	0,46
	35	-35507,21	4794,70	0,12
	36	-35745,56	3132,62	0,99
	37	-32882,39	737,54	6,39

38	-34732,34	3447,21	0,59	
39	-34546,74	1891,30	0,41	
40	-35132,11	3935,50	0,21	
41	-34902,20	2684,28	1,27	
42	-38082,03	5131,93	1,12	
43	-35531,53	2412,12	0,75	
44	-34784,64	3368,31	0,31	
45	-35067,50	3376,14	0,32	
46	-34254,07	1594,43	0,66	
47	-34489,34	1827,89	2,44	
48	-39184,09	7426,65	1,08	
49	-35821,39	1841,29	2,71	
50	-37442,63	4645,84	0,72	
51	-35725,63	2874,84	1,67	
52	-38822,71	7299,55	0,29	
53	-39783,74	7395,23	0,60	
54	-36283,21	3485,80	1,70	
55	-38712,36	4916,64	1,13	
56	-35579,30	2892,10	2,17	
57	-38727,66	8980,85	0,14	
58	-40587,89	5807,54	0,64	
59	-38742,93	5300,30	0,01	
60	-36961,80	2086,54	0,66	
61	-36562,29	2798,78	—	
2 – korak: Štavska reka, Toplodolska reka, Dojkinačka reka, Visočica, Vodenička reka, Vlasina, Polomska reka, Garvanica, Dursunska reka, Bistrička reka, Jelašnička reka, Masurička reka, Vrla, Sokobanjska Moravica, Brzečka reka, Vapa, Boranjska reka, Rača, Gračanica, Ljuboviđa, Povlenska reka, Resava, Katušnica, Panjica, Tolišnica, Brvenica, Maglička reka, Bresnička reka, Studenica, Brevina, Izubra, Gokčanica, Samokovska reka, Đetinja, Janjska reka, Zlotska reka, Mirovštica, Kožica, Vratna	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
1	-27583,60	0,35	—	
2	-26331,61	48,47	5,18	
3	-25330,84	82,28	3,76	
4	-24639,56	74,15	0,41	
5	23917,66	152,35	1,17	
6	-23373,61	157,56	0,06	
7	-22820,07	75,26	1,94	
8	-22412,88	129,56	0,30	
9	-21966,47	46,15	3,06	
10	-21661,30	45,74	11,23	

11	-21869,81	916,01	1,10	
12	-21069,66	69,25	9,30	
13	-20913,53	92,14	1,42	
14	-20626,20	62,90	1,22	
15	-20415,86	117,70	0,97	
16	-20319,34	224,82	2,09	
17	-20694,13	1230,21	0,38	
18	-20595,44	1698,43	0,13	
19	-20266,10	1462,23	0,14	
20	-20143,77	1239,57	0,45	
21	-19462,23	152,56	10,31	
22	-20355,00	2791,37	0,44	
23	-20007,06	1995,68	0,30	
24	-19051,97	152,26	21,24	
25	-21330,27	3773,26	0,94	
26	-20075,30	2162,33	0,11	
27	-19063,01	1050,69	1,24	
28	-19352,07	1065,21	0,74	
29	-18852,74	466,80	3,41	
30	-19945,58	1577,82	—	
2 – korak: Gradac, Mlava, Krupaja, Veliki Rzav, Šaovice, ribnjak Panjica, ribnjak Sokobanjska Moravica, ribnjak Jerma, ribnjak Češka Republika, ribnjak Danska, Atersko jezero, Trebišnjica, Tripušnica, Radika, Vučja reka, Jerma, Jerma donji tok, Ljubatska reka, Lisinska reka, Brankovačka reka, Dragovištica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
1	-17398,89	0,54	—	
2	-15414,50	3,26	373,78	
3	-14648,77	85,36	3,49	
4	-14181,26	110,90	1,40	
5	-13869,31	85,39	0,88	
6	-13632,20	75,54	0,83	
7	-13458,13	51,94	0,99	
8	-13335,67	50,42	1,41	
9	-13284,50	24,19	0,58	
10	-13219,27	37,23	0,47	
11	-13136,43	133,44	1,64	
12	-13272,90	54,84	2,06	
13	-13296,60	344,15	0,50	
14	-13148,03	107,50	4,21	
15	-13451,89	340,82	0,33	
16	-13643,27	283,78	1,99	

	17	-14400,59	2067,06	0,51
	18	-16216,76	3273,43	1,24
	19	-13975,89	176,24	26,53
	20	-16410,96	3365,15	0,74
	21	-16361,06	3452,58	0,32
	22	-17432,57	4024,58	—
3 – korak: Dojkinačka reka, Visočica, Vodenička reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1824,91	0,36	—
	2	-1702,57	0,72	181,17
	3	-1711,58	11,84	0,64
	4	-1728,23	14,90	2,98
	5	-1789,31	30,32	0,49
	6	-1835,56	28,45	—
3 – korak: Vlasina, Polomska reka, Garvanica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1073,10	0,24	—
	2	-925,03	0,17	872,89
	3	-925,73	12,76	0,09
	4	-927,60	5,76	4,93
	5	-957,88	9,20	—
3 – korak: Dursunska reka, Bistrička reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-843,40	1,16	—
	2	-756,04	0,34	332,35
	3	-781,97	5,35	1,21
	4	-814,36	9,29	0,90
	5	-855,10	28,99	—
3 – korak: Sokobanjska Moravica, Brzečka reka, Vapa	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1858,91	0,42	—
	2	-1780,61	9,01	3,02
	3	-1675,06	7,59	12,48
	4	-1664,27	5,18	9,13
	5	-1700,78	109,17	—
3 – korak: Ljubovida, Povolenska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-798,06	0,60	—
	2	-717,56	2,25	31,25
	3	-707,41	3,72	14,96
	4	-752,96	11,39	1,84
	5	-777,47	18,99	—
3 – korak: Studenica, Brevina	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1153,01	0,60	—
	2	-1118,80	2,16	43,13

	3	-1177,69	9,39	6,11
	4	-1294,00	153,38	1,23
	5	-1599,98	288,03	—
3 – korak: Gokčanica, Samokovska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1352,04	0,52	—
	2	-1269,98	0,50	116,76
	3	-1246,08	2,06	38,00
	4	1300,51	16,74	0,11
	5	-1356,83	29,60	—
3 – korak: Đetinja, Janjska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1186,18	1,27	—
	2	-1085,36	0,52	208,99
	3	-1093,03	2,91	28,40
	4	-1183,30	22,71	1,70
	5	-1312,12	31,86	—
3 – korak: Zlotska reka, Mirovštica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-653,28	0,76	—
	2	-611,36	3,27	28,69
	3	-663,30	4,86	7,94
	4	-676,64	7,77	2,59
	5	-710,11	16,21	—
3 – korak: Kožica, Vratna	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-908,51	0,61	—
	2	-825,30	0,64	166,82
	3	-848,90	5,17	1,90
	4	-882,33	9,69	2,61
	5	-890,43	13,52	—
3 – korak: Gradac, Mlava, Krupaja, Veliki Rzav, Šaovice, ribnjak Panjica, ribnjak Sokobanjska Moravica, ribnjak Jerma, ribnjak Češka Republika, ribnjak Danska, Atersko jezero, Trebišnjica, Tripušnica, Radika	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-11003,93	0,64	—
	2	-10293,14	103,95	1,43
	3	-9731,21	21,48	11,15
	4	-9408,69	84,49	0,92
	5	-9164,23	3,24	37,18
	6	-9040,11	6,50	1,94
	7	-8928,57	20,59	0,64
	8	-8830,14	39,04	5,61
	9	-8950,83	354,64	0,81
	10	-8783,64	72,27	2,44
	11	-8793,03	97,40	0,89

	12	-8715,34	43,28	4,31
	13	-8824,20	57,97	3,84
	14	-9155,46	165,02	0,84
	15	-9347,67	227,26	—
3 – korak: Vučja reka, Jerma gornji tok, Jerma donji tok, Ljubatska reka, Lisinska reka, Brankovačka reka, Dragovištica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-4453,03	0,46	—
	2	-4180,09	0,83	260,63
	3	-4122,29	0,86	66,00
	4	-4121,57	3,03	15,04
	5	-4166,39	9,15	4,54
	6	-4252,77	118,30	1,21
	7	-4481,76	114,29	1,54
	8	-4534,70	78,07	—
4 – korak: Brzečka reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-357,17	0,45	—
	2	-304,88	0,60	90,26
	3	-307,11	0,99	0,51
	4	-309,85	1,66	0,29
	5	-312,11	1,37	—
4 – korak: Samokovska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-658,41	0,89	—
	2	-634,38	1,59	22,70
	3	-646,46	4,90	0,05
	4	-658,80	5,61	—
4 – korak: Mlava, Krupaja, Veliki Rzav	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-3033,83	1,05	—
	2	-2944,91	2,24	351,62
	3	-3644,44	1573,43	0,10
	4	-4180,53	3184,57	—
4 – korak: Šaovice	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-628,43	0,47	—
	2	-604,86	1,91	82,47
	3	-738,70	82,96	2,74
	4	-645,00	16,50	—
4 – korak: ribnjak Panjica, ribnjak Sokobanjska Moravica, ribnjak Jerma, ribnjak Češka Republika, ribnjak Danska, Atersko jezero, Trebišnjica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-3876,98	0,61	—
	2	-3848,57	42,33	0,91
	3	-3781,36	20,21	0,50
	4	-3704,01	11,84	10,08

	5	-3746,00	92,10	0,38
	6	-3752,92	97,65	0,48
	7	-3712,73	28,67	5,97
	8	-3843,87	64,44	—
4 – korak: Tripušnica, Radika	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-655,96	0,62	—
	2	-554,71	0,94	116,75
	3	-563,09	1,21	4,45
	4	-566,03	3,80	0,07
	5	-568,70	2,20	—
4 – korak: Vučja reka, Jerma gornji tok, Jerma donji tok	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1623,56	0,68	—
	2	-1559,81	2,07	22,72
	3	1542,98	3,10	30,32
	4	-1620,10	25,43	1,65
	5	-1629,73	10,77	1,06
	6	-1650,79	18,60	—
5 – korak: Veliki Rzav	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-905,18	0,76	—
	2	-1013,06	154,96	1,10
	3	-949,83	10,43	9,22
	4	-982,81	15,54	—

Tabela 6. Hijerarhijski koraci u proceni broja genetičkih grupa (K) na osnovu mikrosatelitskih podataka, primenom STRUCTURE analize i ΔK metode, na uzorku koji obuhvata dominantno dunavsku grupu populacija i populacije sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Jadranskog sliva. Mean LnP(K), srednja aposteriorna verovatnoća K ; Stdev, standardna devijacija sedam nezavisnih ponovaka LnP(K); ΔK , *ad hoc* kvantifikacija, predikcija realnog broja klastera (Evanno i sar., 2005). Najviša vrednost ΔK je obojena.

1 – korak: Kožica, Vratna, Povelnska reka, Ljubovida, Boranjska reka, Gračanica, Vapa, Rača, Jelašnička reka, Masurička reka, Štavska reka, Toplodolska reka, Visočica, Dojkinačka reka, Vodenička reka, Dursunska reka, Bistrička reka, Vlasina, Polomska reka, Garvanica, Vrla, Sokobanjska Moravica, Brzečka reka, Đetinja, Katušnica, Panjica, Izubra, Tolišnica, Brvenica, Maglička reka, Bresnička reka, Studenica, Brevina, Gokčanica, Samokovska reka, Resava, Janjska reka, Zlotska reka, Mirovštica, Tripušnica, Radika	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-29473,83	0,51	—
	2	-28003,46	80,82	4,41
	3	-26889,16	178,29	1,21
	4	-25990,09	49,14	4,57
	5	-25315,70	163,72	0,22
	6	-24605,20	80,62	1,71
	7	-24032,74	153,79	0,02
	8	-23463,89	54,28	3,94
	9	-23108,83	176,60	0,00
	10	-22754,39	98,75	2,67
	11	-22663,96	690,30	0,39
	12	-22303,57	391,88	0,19
	13	-22018,89	507,69	0,32
	14	-21573,43	36,16	6,19
	15	-21351,81	96,75	0,04
	16	-21126,26	128,70	3,16
	17	-21307,79	612,99	1,23
	18	-20732,70	239,73	5,49
	19	-21474,33	2056,57	0,71
	20	-20748,39	546,49	2,50
	21	-21387,09	2758,32	0,40
	22	-20919,07	895,25	1,09
	23	-21430,41	1786,58	1,16
	24	-19875,33	176,33	23,20
	25	-22410,57	2712,35	1,44
	26	-21032,49	1590,02	1,86
	27	-22611,93	3788,89	0,84
	28	-21005,64	2131,16	0,82
	29	-21139,90	2446,73	0,10

	30	-21027,09	3460,87	0,10
	31	-20581,79	1108,04	0,89
	32	-21117,41	1786,55	0,11
	33	-21856,50	2074,81	0,42
	34	-21717,36	1801,48	1,00
	35	-23386,77	3243,30	1,01
	36	-21783,66	1443,20	1,84
	37	-22841,61	4899,20	0,23
	38	-22794,21	3104,26	0,00
	39	-22736,86	4382,82	0,21
	40	-23594,64	3811,75	0,27
	41	-23425,19	2878,02	0,40
	42	-24412,93	4573,85	—
2 – korak: Kožica, Vratna	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-908,51	0,61	—
	2	-825,30	0,64	166,82
	3	-848,90	5,17	1,90
	4	-882,33	9,69	2,61
	5	-890,43	13,52	—
2 – korak: Povlenska reka, Ljubovida	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-798,06	0,60	—
	2	-717,56	2,25	31,25
	3	-707,41	3,72	14,96
	4	-752,96	11,39	1,84
	5	-777,47	18,99	—
2 – korak: Rača, Jelašnička reka, Masurička reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1480,81	0,62	—
	2	-1239,40	0,28	623,62
	3	-1174,37	0,69	196,46
	4	-1244,37	37,32	1,82
	5	-1246,34	11,81	—
2 – korak: Visočica, Dojkinačka reka, Vodenička reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1824,91	0,36	—
	2	-1702,57	0,72	181,17
	3	-1711,58	11,84	0,64
	4	-1728,23	14,90	2,98
	5	-1789,31	30,32	0,49
	6	-1835,56	28,45	—
2 – korak: Dursunska reka, Bistrička reka, Vlasina, Polomska reka, Garvanica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-2338,09	0,66	—
	2	-1953,33	0,30	771,71

	3	-1803,13	22,96	5,87
	4	-1787,81	132,09	0,74
	5	-1869,97	515,06	0,48
	6	-1706,68	17,84	—
2 – korak: Sokobanjska Moravica, Brzečka reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1139,23	0,34	—
	2	-1053,81	0,66	232,13
	3	-1122,63	29,23	2,87
	4	-1194,31	11,85	31,87
	5	-1234,13	31,89	—
2 – korak: Panjica, Izubra	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-669,04	2,13	—
	2	-507,63	0,14	1164,07
	3	-506,87	0,61	27,93
	4	-523,08	4,00	1,99
	5	-531,31	4,78	—
2 – korak: Studenica, Brevina	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1153,01	0,60	—
	2	-1118,80	2,16	43,13
	3	-1177,69	9,39	6,11
	4	-1294,00	153,38	1,23
	5	-1599,98	288,03	—
2 – korak: Gokčanica, Samokovska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1352,04	0,52	—
	2	-1269,98	0,50	116,76
	3	-1246,08	2,06	38,00
	4	1300,51	16,74	0,11
	5	-1356,83	29,60	—
2 – korak: Zlotska reka, Mirovštica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-653,28	0,76	—
	2	-611,36	3,27	28,69
	3	-663,30	4,86	7,94
	4	-676,64	7,77	2,59
	5	-710,11	16,21	—
2 – korak: Tripušnica, Radika	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-655,96	0,62	—
	2	-554,71	0,94	116,75
	3	-563,09	1,21	4,45
	4	-566,03	3,80	0,07
	5	-568,70	2,20	—
3 – korak: Dursunska reka, Bistrička reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-843,40	1,16	—

	2	-756,04	0,34	332,35
	3	-781,97	5,35	1,21
	4	-814,36	9,29	0,90
	5	-855,10	28,99	—
3 – korak: Vlasina, Polomska reka, Garvanica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1073,10	0,24	—
	2	-925,03	0,17	872,89
	3	-925,73	12,76	0,09
	4	-927,60	5,76	4,93
	5	-957,88	9,20	—
3 – korak: Brzečka reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-357,17	0,45	—
	2	-304,88	0,60	90,26
	3	-307,11	0,99	0,51
	4	-309,85	1,66	0,29
	5	-312,11	1,37	—
3 – korak: Samokovska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-658,41	0,89	—
	2	-634,38	1,59	22,70
	3	-646,46	4,90	0,05
	4	-658,80	5,61	—

Tabela 7. Hijerarhijski koraci u proceni broja genetičkih grupa (K) na osnovu mikrosatelitskih podataka, primenom STRUCTURE analize i ΔK metode, na uzorku koji obuhvata dominantno dunavsku grupu populacija i populacije sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Egejskog sliva. Mean $\text{LnP}(K)$, srednja aposteriorna verovatnoća K ; Stdev, standardna devijacija sedam nezavisnih ponovaka $\text{LnP}(K)$; ΔK , *ad hoc* kvantifikacija, predikcija realnog broja klastera (Evanno i sar., 2005). Najviša vrednost ΔK je obojena.

1 – korak: Štavska reka, Toplodolska reka, Dojkinačka reka, Visočica, Vodenička reka, Vlasina, Polomska reka, Garvanica, Dursunska reka, Bistrička reka, Jelašnička reka, Masurička reka, Vrla, Sokobanjska Moravica, Brzečka reka, Vapa, Boranjska reka, Rača, Gračanica, Ljubovida, Poblenska reka, Resava, Katušnica, Panjica, Tolišnica, Brvenica, Maglička reka, Bresnička reka, Studenica, Brevina, Izubra, Gokčanica, Samokovska reka, Đetinja, Janjska reka, Zlotska reka, Mirovštica, Kožica, Vratna, Vučja reka, Jerma gornji tok, Jerma donji tok, Ljubatska reka, Lisinska reka, Brankovačka reka, Dragovištica	K	Mean $\text{LnP}(K)$	Stdev $\text{LnP}(K)$	ΔK
	1	-35161,63	0,60	—
	2	-31928,40	1,72	1136,52
	3	-30649,41	20,16	13,60
	4	-29644,53	65,02	4,28
	5	-28917,86	74,34	1,51
	6	-28303,39	74,62	1,07
	7	-27768,86	84,55	0,11
	8	-27224,83	75,18	2,07
	9	-26836,20	106,51	0,28
	10	-26418,23	52,84	2,24
	11	-26118,40	107,31	0,18
	12	-25799,39	92,37	3,20
	13	-25775,80	753,86	0,56
	14	-25331,93	167,92	0,71
	15	-25006,50	93,34	0,93
	16	-24768,11	51,41	6,40
	17	-24858,89	468,86	0,37
	18	-24774,34	745,12	0,21
	19	-24536,59	571,44	0,01
	20	-24290,86	105,73	2,04
	21	-24261,24	213,59	1,65
	22	-23878,27	90,57	5,40
	23	-23983,94	382,53	0,95
	24	-23724,79	161,93	2,16
	25	-23814,76	736,76	0,70
	26	-23390,13	68,05	15,73
	27	-24035,66	1795,83	0,82

28	-23205,53	65,31	14,64	
29	-23331,74	694,09	0,23	
30	-23620,99	844,08	0,80	
31	-23237,04	517,10	0,95	
32	-23345,10	653,34	0,28	
33	-23634,99	1060,03	0,61	
34	-23279,81	375,28	2,50	
35	-23863,71	628,90	0,73	
36	-23990,19	1025,18	0,38	
37	-24505,67	1364,96	0,94	
38	-26309,81	4215,63	1,01	
39	-23866,87	120,73	19,30	
40	-23753,67	619,80	2,29	
41	-25060,07	3333,43	0,81	
42	-23661,26	241,65	11,02	
43	-24924,26	1994,92	0,21	
44	-25777,70	3467,02	0,04	
45	-26784,39	2975,20	0,91	
46	-25074,39	1523,78	2,52	
47	-27202,30	3805,42	—	
2 – korak: Štavska reka, Toplodolska reka, Dojkinačka reka, Visočica, Vodenička reka, Vlasina, Polomska reka, Garvanica, Dursunska reka, Bistrička reka, Jelašnička reka, Masurička reka, Vrla, Sokobanjska Moravica, Brzečka reka, Vapa, Boranjska reka, Rača, Gračanica, Ljubovida, Poblenska reka, Resava, Katušnica, Panjica, Tolišnica, Brvenica, Maglička reka, Bresnička reka, Studenica, Brevina, Izubra, Gokčanica, Samokovska reka, Đetinja, Janjska reka, Zlotska reka, Mirovštica, Kožica, Vratna	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
1	-27583,60	0,35	—	
2	-26331,61	48,47	5,18	
3	-25330,84	82,28	3,76	
4	-24639,56	74,15	0,41	
5	23917,66	152,35	1,17	
6	-23373,61	157,56	0,06	
7	-22820,07	75,26	1,94	
8	-22412,88	129,56	0,30	
9	-21966,47	46,15	3,06	
10	-21661,30	45,74	11,23	
11	-21869,81	916,01	1,10	
12	-21069,66	69,25	9,30	
13	-20913,53	92,14	1,42	
14	-20626,20	62,90	1,22	

	15	-20415,86	117,70	0,97
	16	-20319,34	224,82	2,09
	17	-20694,13	1230,21	0,38
	18	-20595,44	1698,43	0,13
	19	-20266,10	1462,23	0,14
	20	-20143,77	1239,57	0,45
	21	-19462,23	152,56	10,31
	22	-20355,00	2791,37	0,44
	23	-20007,06	1995,68	0,30
	24	-19051,97	152,26	21,24
	25	-21330,27	3773,26	0,94
	26	-20075,30	2162,33	0,11
	27	-19063,01	1050,69	1,24
	28	-19352,07	1065,21	0,74
	29	-18852,74	466,80	3,41
	30	-19945,58	1577,82	—
2 – korak: Vučja reka, Jerma gornji tok, Jerma donji tok, Ljubatska reka, Lisinska reka, Brankovačka reka, Dragovištica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-4452,96	0,54	—
	2	-4180,06	0,31	216,08
	3	-4123,24	1,17	59,51
	4	-4125,94	2,78	62,26
	5	-4190,90	33,79	11,54
	6	-4244,31	102,14	111,26
	7	-4408,98	88,28	38,48
	8	-4612,14	178,82	—
3 – korak: Dojkinačka reka, Visočica, Vodenička reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1824,91	0,36	—
	2	-1702,57	0,72	181,17
	3	-1711,58	11,84	0,64
	4	-1728,23	14,90	2,98
	5	-1789,31	30,32	0,49
	6	-1835,56	28,45	—
3 – korak: Vlasina, Polomska reka, Garvanica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1073,10	0,24	—
	2	-925,03	0,17	872,89
	3	-925,73	12,76	0,09
	4	-927,60	5,76	4,93
	5	-957,88	9,20	—
3 – korak: Dursunska reka, Bistrička reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-843,40	1,16	—

	2	-756,04	0,34	332,35
	3	-781,97	5,35	1,21
	4	-814,36	9,29	0,90
	5	-855,10	28,99	—
3 – korak: Sokobanjska Moravica, Brzečka reka, Vapa	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1858,91	0,42	—
	2	-1780,61	9,01	3,02
	3	-1675,06	7,59	12,48
	4	-1664,27	5,18	9,13
	5	-1700,78	109,17	—
3 – korak: Ljubovida, Povlenska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-798,06	0,60	—
	2	-717,56	2,25	31,25
	3	-707,41	3,72	14,96
	4	-752,96	11,39	1,84
	5	-777,47	18,99	—
3 – korak: Studenica, Brevina	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1153,01	0,60	—
	2	-1118,80	2,16	43,13
	3	-1177,69	9,39	6,11
	4	-1294,00	153,38	1,23
	5	-1599,98	288,03	—
3 – korak: Gokčanica, Samokovska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1352,04	0,52	—
	2	-1269,98	0,50	116,76
	3	-1246,08	2,06	38,00
	4	1300,51	16,74	0,11
	5	-1356,83	29,60	—
3 – korak: Đetinja, Janjska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1186,18	1,27	—
	2	-1085,36	0,52	208,99
	3	-1093,03	2,91	28,40
	4	-1183,30	22,71	1,70
	5	-1312,12	31,86	—
3 – korak: Zlotska reka, Mirovštica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-653,28	0,76	—
	2	-611,36	3,27	28,69
	3	-663,30	4,86	7,94
	4	-676,64	7,77	2,59
	5	-710,11	16,21	—
3 – korak: Kožica, Vratna	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK

	1	-908,51	0,61	—
	2	-825,30	0,64	166,82
	3	-848,90	5,17	1,90
	4	-882,33	9,69	2,61
	5	-890,43	13,52	—
3 – korak: Vučja reka, Jerma gornji tok, Jerma donji tok	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1623,56	0,68	—
	2	-1559,81	2,07	22,72
	3	1542,98	3,10	30,32
	4	-1620,10	25,43	1,65
	5	-1629,73	10,77	1,06
	6	-1650,79	18,60	—
4 – korak: Brzečka reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-357,17	0,45	—
	2	-304,88	0,60	90,26
	3	-307,11	0,99	0,51
	4	-309,85	1,66	0,29
	5	-312,11	1,37	—
4 – korak: Samokovska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-658,41	0,89	—
	2	-634,38	1,59	22,70
	3	-646,46	4,90	0,05
	4	-658,80	5,61	—

Tabela 8. Hijerarhijski koraci u proceni broja genetičkih grupa (K) na osnovu mikrosatelitskih podataka, primenom STRUCTURE analize i ΔK metode, na uzorku koji obuhvata dominantno dunavsku grupu populacija i populacije sa dominantnim prisustvom alela poreklom iz Atlantskog sliva. Mean LnP(K), srednja aposteriorna verovatnoća K ; Stdev, standardna devijacija sedam nezavisnih ponovaka LnP(K); ΔK , *ad hoc* kvantifikacija, predikcija realnog broja klastera (Evanno i sar., 2005). Najviša vrednost ΔK je obojena.

1 – korak: Đetinja, Katušnica, Studenica, Izubra, Tolišnica, Maglička reka, Bresnička reka, Brvenica, Brevina, Gokčanica, Samokovska reka, Panjica, Brzečka reka, Vapa, Boranjska reka, Gračanica, Rača, Ljubovida, Poblenska reka, Resava, Kožica, Vratna, Štavska reka, Toplodolska reka, Visočica, Dojkinčka reka, Vodenička reka, Dursunska reka, Bistrička reka, Vlasina, Polomska reka, Garvanica, Jelašnička reka, Masurička reka, Vrla, Janjska reka, Zlotska reka, Mirovštica, Veliki Rzav, Sokobanjska Moravica, Gradac, Mlava, Krupaja, Šaovice, ribnjak Sokobanjska Moravica, ribnjak Panjica, ribnjak Češka Republika, ribnjak Danska, ribnjak Jerma, Trebišnjica, Atersko jezero	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-39238,23	0,50	—
	2	-36556,44	7,38	201,50
	3	-35361,50	173,04	0,70
	4	-34288,14	104,52	3,21
	5	-33550,04	56,82	11,45
	6	-33462,61	1611,32	0,46
	7	-32634,04	1048,92	0,17
	8	-31984,99	296,10	0,28
	9	-31419,39	89,88	1,44
	10	-30983,31	75,49	8,59
	11	-31195,46	1175,63	0,95
	12	-30296,23	156,23	4,26
	13	-30061,86	142,03	0,36
	14	-29775,70	62,48	2,98
	15	-29675,76	317,35	0,84
	16	-29308,56	139,99	1,66
	17	-29173,81	119,20	0,85
	18	-29139,90	281,37	0,97
	19	-28832,73	435,75	0,70
	20	-28831,50	598,81	0,36
	21	-29043,29	1020,56	1,00
	22	-28237,84	89,23	12,51
	23	-28548,84	601,43	0,78
	24	-29330,93	1710,03	0,32
	25	-29566,96	2699,41	0,01
	26	-29763,00	1930,66	1,64
	27	-33130,80	8212,88	0,99

28	-28406,79	1284,70	5,68	
29	-30975,03	6830,94	0,30	
30	-31503,36	6068,71	0,17	
31	-33087,67	5391,11	0,88	
32	-29903,61	2099,34	2,37	
33	-31698,09	6017,02	0,39	
34	-35852,10	15636,82	0,49	
35	-32303,69	4890,98	0,29	
36	-30152,34	2504,54	2,47	
37	-34194,14	3234,61	1,49	
38	-33427,61	8140,32	0,14	
39	-31530,44	5049,14	1,42	
40	-36827,04	7616,88	0,63	
41	-37316,63	16268,34	0,29	
42	-33035,01	4310,17	1,56	
43	-35489,70	8683,07	0,51	
44	-33556,07	6984,99	0,72	
45	-36685,69	6815,87	0,31	
46	-37725,30	8980,72	0,52	
47	-34112,24	3152,17	1,73	
48	-35956,91	4567,08	0,80	
49	-34162,34	4221,17	0,74	
50	-35485,89	8888,30	0,55	
51	-31948,97	3444,92	1,52	
52	-33636,87	2462,31	—	
2 – korak: Đetinja, Katušnica, Studenica, Izubra, Tolišnica, Maglička reka, Bresnička reka, Brvenica, Brevina, Gokčanica, Samokovska reka, Panjica, Brzečka reka, Vapa, Boranjska reka, Gračanica, Rača, Ljubovida, Poblenska reka, Resava, Kožica, Vratna, Štavska reka, Toplodolska reka, Visočica, Dojkinčka reka, Vodenička reka, Dursunska reka, Bistrička reka, Vlasina, Polomska reka, Garvanica, Jelašnička reka, Masurička reka, Vrla, Janjska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
1	-25094,57	0,45	—	
2	-23959,54	86,62	3,07	
3	-23090,06	97,78	1,47	
4	-22364,01	40,58	3,21	
5	-21768,07	52,95	2,99	
6	-21330,24	56,16	0,24	
7	-20879,17	91,01	0,82	
8	-20502,66	49,74	3,39	
9	-20294,59	130,29	1,87	
10	-19842,33	58,69	5,27	
11	-19699,23	90,16	1,12	

12	19455,43	101,39	0,34	
13	-19177,51	42,66	1,26	
14	-18953,26	64,52	1,25	
15	-18809,47	112,99	3,89	
16	-19105,74	1230,53	0,34	
17	-18982,01	794,57	0,04	
18	-18891,03	1670,81	0,05	
19	-18719,54	1542,07	0,40	
20	-19170,91	1840,15	0,82	
21	-18116,00	475,49	3,18	
22	-18571,89	2469,54	0,33	
23	-18205,14	1020,74	1,23	
24	-19096,74	3618,80	0,72	
25	-17397,84	153,25	22,86	
26	-19202,51	3554,26	0,96	
27	-17596,80	740,36	2,36	
28	-17740,71	1643,64	0,32	
29	-17359,07	657,12	2,26	
30	-18463,83	1896,30	1,04	
31	-17587,20	643,86	1,41	
32	-17615,76	487,64	2,07	
33	-18652,39	1902,90	0,73	
34	-18304,47	1879,17	0,26	
35	-18449,77	921,89	0,03	
36	-18623,39	1137,94	0,57	
37	-18149,07	1780,90	—	
2 – korak: Zlotska reka, Mirovštica, Veliki Rzav, Sokobanjska Moravica, Gradac, Mlava, Krupaja, Šaovice, ribnjak Sokobanjska Moravica, ribnjak Panjica, ribnjak Češka Republika, ribnjak Danska, ribnjak Jerma, Trebišnjica, Atersko jezero	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
1	-11909,36	0,88	—	
2	-10992,46	0,74	631,16	
3	-10540,59	15,35	7,95	
4	-10210,67	75,07	1,03	
5	-9957,93	4,37	25,58	
6	-9816,93	8,15	5,01	
7	-9716,74	95,84	0,27	
8	-9590,27	15,28	0,60	
9	-9473,01	4,94	53,75	
10	-9621,40	459,38	0,78	
11	-9413,70	19,00	11,79	
12	-9429,97	142,09	0,00	

	13	-9445,57	231,99	0,17
	14	-9499,49	102,53	2,00
	15	-9758,96	88,26	0,74
	16	-9953,46	124,90	—
3 – korak: Gokčanica, Samokovska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1352,04	0,52	—
	2	-1269,98	0,50	116,76
	3	-1246,08	2,06	38,00
	4	1300,51	16,74	0,11
	5	-1356,83	29,60	—
3 – korak: Brzečka reka, Vapa	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1009,44	0,86	—
	2	-920,16	0,77	111,54
	3	-916,51	6,74	3,95
	4	-886,23	3,49	14,98
	5	-908,24	15,36	—
3 – korak: Ljubovida, Povlenska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-798,06	0,60	—
	2	-717,56	2,25	31,25
	3	-707,41	3,72	14,96
	4	-752,96	11,39	1,84
	5	-777,47	18,99	—
3 – korak: Kožica, Vratna	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-908,51	0,61	—
	2	-825,30	0,64	166,82
	3	-848,90	5,17	1,90
	4	-882,33	9,69	2,61
	5	-890,43	13,52	—
3 – korak: Visočica, Dojkinačka reka, Vodenička reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1824,91	0,36	—
	2	-1702,57	0,72	181,17
	3	-1711,58	11,84	0,64
	4	-1728,23	14,90	2,98
	5	-1789,31	30,32	0,49
	6	-1835,56	28,45	—
3 – korak: Dursunska reka, Bistrička reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-843,40	1,16	—
	2	-756,04	0,34	332,35
	3	-781,97	5,35	1,21
	4	-814,36	9,29	0,90
	5	-855,10	28,99	—

3 – korak: Vlasina, Polomska reka, Garvanica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-1073,10	0,24	—
	2	-925,03	0,17	872,89
	3	-925,73	12,76	0,09
	4	-927,60	5,76	4,93
	5	-957,88	9,20	—
3 – korak: Zlotska reka, Mirovštica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-653,28	0,76	—
	2	-611,36	3,27	28,69
	3	-663,30	4,86	7,94
	4	-676,64	7,77	2,59
	5	-710,11	16,21	—
3 – korak: Veliki Rzav, Sokobanjska Moravica, Gradac, Mlava, Krupaja, Šaovice, ribnjak Sokobanjska Moravica, ribnjak Panjica, ribnjak Češka Republika, ribnjak Danska, ribnjak Jerma, Trebišnjica, Atersko jezero	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-10412,07	0,84	—
	2	-9942,91	4,89	31,89
	3	-9629,66	62,24	0,04
	4	-9313,71	11,91	15,37
	5	-9180,86	26,86	0,56
	6	-9033,03	15,83	0,51
	7	-8893,27	16,35	2,34
	8	-8791,78	5,21	11,14
	9	-8748,40	4,62	7,46
	10	-8739,50	28,01	1,39
	11	-8769,58	162,92	0,45
	12	-8873,04	342,81	0,02
	13	-8984,34	400,25	0,23
	14	-9002,43	97,25	—
4 – step: Samokovska reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-658,41	0,89	—
	2	-634,38	1,59	22,70
	3	-646,46	4,90	0,05
	4	-658,80	5,61	—
4 – step: Brzečka reka	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-357,17	0,45	—
	2	-304,88	0,60	90,26
	3	-307,11	0,99	0,51
	4	-309,85	1,66	0,29
	5	-312,11	1,37	—
4 – korak: Veliki Rzav, Sokobanjska Moravica,	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK

Gradac, Mlava, Krupaja				
	1	-5066,08	0,88	—
	2	-4863,08	7,07	2,15
	3	-4675,26	15,32	3,16
	4	-4535,78	1,76	51,93
	5	-4487,63	2,44	26,05
	6	-4502,93	19,46	—
4 – korak: Šaovice, ribnjak Sokobanjska Moravica, ribnjak Panjica, ribnjak Češka Republika, ribnjak Danska, ribnjak Jerma, Trebišnjica, Atersko jezero	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-4868,47	0,49	—
	2	-4523,90	0,67	377,89
	3	-4432,83	4,78	18,57
	4	-4430,50	19,73	5,95
	5	-4310,73	7,50	29,15
	6	-4409,64	132,72	1,31
	7	-4334,78	68,81	1,42
	8	-4357,71	28,24	5,34
	9	-4531,48	125,02	—
5 – korak: Veliki Rzav	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-905,18	0,76	—
	2	-1013,06	154,96	1,10
	3	-949,83	10,43	9,22
	4	-982,81	15,54	—
5 – korak: Šaovica	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-628,43	0,47	—
	2	-604,86	1,91	82,47
	3	-738,70	82,96	2,74
	4	-645,00	16,50	—
5 – korak: ribnjak Sokobanjska Moravica, ribnjak Panjica, ribnjak Češka Republika, ribnjak Danska, ribnjak Jerma, Trebišnjica, Atersko jezero	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	ΔK
	1	-3876,98	0,61	—
	2	-3848,57	42,33	0,91
	3	-3781,36	20,21	0,50
	4	-3704,01	11,84	10,08
	5	-3746,00	92,10	0,38
	6	-3752,92	97,65	0,48
	7	-3712,73	28,67	5,97
	8	-3843,87	64,44	—

Tabela 9. Koraci za procenu broj genetičkih klastera (K) na osnovu mikrosatelitskih podataka, primenom STRUCTURE analize i ΔK metode, na uzorku koji obuhvata matično jato ribnjaka „Panjica“ i referentne populacija. Mean $\text{LnP}(K)$ – srednja aposteriorna verovatnoća K ; Stdev $\text{LnP}(K)$ – standardna devijacija sedam nezavisnih ponovaka $\text{LnP}(K)$; ΔK – *ad hoc* kvantifikacija, predikcija realnog broja klastera. Najviša vrednost ΔK je obojena.

1-korak: svi uzorci	K	Mean $\text{LnP}(K)$	Stdev $\text{LnP}(K)$	ΔK
	1	-7174,16	0,28	—
	2	-6279,59	1,73	357,57
	3	-6002,43	10,36	6,96
	4	-5797,39	101,87	1,85
	5	-5780,77	160,05	0,96
	6	-5610,06	30,87	4,54
	7	-5579,33	88,81	—

Tabela 10. Spisak analiziranih jedinki matičnog jata ribnjaka „Panjica“. Za svaku jedinku prikazan je mtDNK haplotip, LDH genotip i udeo dunavskih alela mikrosatelitske DNK. Poslednja kolona označava kojoj grupi jedinka pripada (1 – alohtone, 2 – hibridi, 3 – alohtone jedinke). Jedinke autohtone na svim genetičkim markerima (DA mtDNK haplotip, 100/100 genotip i > 0,99 dunavskih alela mikrosatelitske DNK) su boldirane. Sivom bojom označene su jedinke koje nakon analize srodničkih odnosa (Tabela 11 u Prilogu) treba zadržati u matičnom jatu.

Šifra uzorka	mtDNK haplotip	LDH genotip	Udeo dunavskih alela mikrosatelitske DNK	Grupa
HP-01	Da28	100/100	0,997	1
HP-02	Da28	90/100	0,997	2
HP-03	ATcs3	90/100	0,026	2
HP-04	ATcs3	100/100	0,053	2
HP-05	Da28	90/100	0,996	2
HP-06	Da1c	100/100	0,997	1
HP-07	Da1c	100/100	0,996	1
HP-08	Da28	90/100	0,996	2
HP-09	Da1c	100/100	0,968	2
HP-11	ATcs3	90/100	0,219	2
HP-12	ATcs3	90/90	0,407	2
HP-13	Da28	100/100	0,996	1
HP-14	ATcs3	90/100	0,011	2
HP-15	Da28	90/90	0,996	2
HP-16	Da1c	100/100	0,995	1
HP-18	Da1a	100/100	0,996	1
HP-19	Da1c	100/100	0,997	1
HP-20	Da28	90/100	0,996	2
HP-21	Da28	100/100	0,997	1
HP-22	Da28	90/100	0,996	2
HP-23	Da1a	90/100	0,995	2
HP-24	Da28	90/90	0,996	2
HP-25	Da28	100/100	0,997	1
HP-26	Da28	90/100	0,997	2
HP-27	ATcs3	100/100	0,02	2

Tabela 10. Nastavak.

<i>Šifra uzorka</i>	<i>mtDNK haplotip</i>	<i>LDH genotip</i>	<i>Udeo dunavskih alela mikrosatelitske DNK</i>	<i>Grupa</i>
HP-28	Da28	90/100	0,997	2
HP-29	ATcs3	90/100	0,03	2
HP-30	Da28	100/100	0,997	1
HP-31	Da1a	90/100	0,882	2
HP-32	Da28	100/100	0,996	1
HP-33	Da28	90/100	0,997	2
HP-34	Da28	90/100	0,997	2
HP-35	Da28	100/100	0,994	1
HP-37	Da28	90/100	0,997	2
HP-38	Da28	100/100	0,995	1
HP-39	ATcs3	100/100	0,038	2
HP-40	Da28	90/90	0,997	2
HP-41	Da1a	100/100	0,993	1
HP-42	Da1c	100/100	0,997	1
HP-44	Da28	90/100	0,997	2
HP-45	Da1a	90/100	0,997	2
HP-46	Da28	100/100	0,995	1
HP-47	ATcs3	90/100	0,038	2
HP-48	Da28	100/100	0,992	1
HP-49	Da1a	100/100	0,995	1
HP-50	ATcs3	90/100	0,018	2
HP-51	Da1a	90/100	0,997	2
HP-52	ATcs3	100/100	0,011	2
HP-53	Da28	100/100	0,996	1
HP-54	Da1c	90/100	0,997	2
HP-55	Da1c	100/100	0,994	1
HP-56	Da1a	100/100	0,997	1
HP-57	Da1c	100/100	0,996	1
HP-58	Da1c	100/100	0,996	1
HP-59	Da1c	100/100	0,995	1
HP-60	Da28	100/100	0,997	1
HP-61	Da28	100/100	0,997	1
HP-62	Da1c	100/100	0,995	1
HP-63	ATcs3	90/100	0,022	2
HP-65	Da28	100/100	0,998	1
HP-66	Da1c	100/100	0,995	1

Tabela 10. Nastavak.

<i>Šifra uzorka</i>	<i>mtDNK haplotip</i>	<i>LDH genotip</i>	<i>Udeo dunavskih alela mikrosatelitske DNK</i>	<i>Grupa</i>
HP-67	Da1c	100/100	0,996	1
HP-68	Da1c	100/100	0,996	1
HP-69	Da28	100/100	0,996	1
HP-70	Da28	100/100	0,996	1
HP-71	Da28	100/100	0,997	1
HP-72	ATcs3	100/100	0,058	2
HP-73	Da28	100/100	0,997	1
HP-74	Da28	90/100	0,997	2
HP-75	Da1a	100/100	0,992	1
HP-76	Da1c	100/100	0,996	1
HP-77	Da28	90/100	0,997	2
HP-78	Da28	100/100	0,995	1
HP-79	ATcs3	90/100	0,024	2
HP-80	Da28	90/100	0,996	2
HP-81	ATcs3	100/100	0,062	2
HP-82	Da28	90/100	0,995	2
HP-83	ATcs3	100/100	0,028	2
HP-84	Da1a	100/100	0,996	1
HP-85	Da1c	100/100	0,990	1
HP-87	Da28	100/100	0,997	1
HP-88	ATcs3	100/100	0,414	2
HP-89	Da28	100/100	0,997	1
HP-90	Da28	100/100	0,996	1
HP-91	ATcs3	100/100	0,029	2
HP-92	Da1a	90/100	0,997	2
HP-93	Da28	100/100	0,995	1
HP-94	Da28	100/100	0,993	1
HP-95	Da1c	100/100	0,994	1
HP-96	Da1c	100/100	0,991	1
HP-97	Da28	100/100	0,997	1
HP-98	Da1a	100/100	0,995	1
HP-99	Da28	100/100	0,996	1
HP-100	Da1c	100/100	0,994	1
HP-101	Da28	90/100	0,996	2
HP-102	ATcs3	90/100	0,005	2
HP-103	ATcs3	90/90	0,005	3

Tabela 10. Nastavak.

<i>Šifra uzorka</i>	<i>mtDNK haplotip</i>	<i>LDH genotip</i>	<i>Udeo dunavskih alela mikrosatelitske DNK</i>	<i>Grupa</i>
HP-104	Da1a	100/100	0,995	1
HP-105	Da1c	90/100	0,996	2
HP-106	Da1c	100/100	0,997	1
HP-107	ATcs3	90/90	0,018	2
HP-108	ATcs3	90/90	0,003	3
HP-109	Da28	100/100	0,997	1
HP-110	ATcs3	90/90	0,004	3
HP-112	Da2a	90/90	0,005	2
HP-113	Da1c	90/100	0,995	2
HP-114	ATcs1	90/90	0,003	3
HP-115	Da1c	90/100	0,994	2
HP-116	Da28	100/100	0,997	1
HP-117	ATcs4	90/100	0,184	2
HP-118	Da2a	90/100	0,020	2
HP-119	ATcs3	90/90	0,004	3
HP-120	ATcs3	90/100	0,038	2
HP-121	Da28	90/100	0,997	2
HP-122	Da1a	100/100	0,995	1
HP-123	ATcs3	90/100	0,257	2
HP-124	Da28	100/100	0,996	1
HP-125	ATcs3	100/100	0,376	2
HP-126	ATcs3	90/100	0,323	2
HP-127	Da28	100/100	0,997	1
HP-128	Da28	100/100	0,997	1
HP-129	Da1a	100/100	0,996	1
HP-130	Da1a	90/100	0,994	2
HP-131	Da1a	90/100	0,996	2
HP-132	ATcs3	90/100	0,055	2
HP-133	Da1a	90/100	0,996	2
HP-134	Da1c	100/100	0,996	1
HP-135	Da1a	100/100	0,996	1
HP-137	Da28	100/100	0,997	1
HP-138	Da28	90/100	0,997	2
HP-139	Da28	100/100	0,996	1

Tabela 10. Nastavak.

<i>Šifra uzorka</i>	<i>mtDNK haplotip</i>	<i>LDH genotip</i>	<i>Udeo dunavskih alela mikrosatelitske DNK</i>	<i>Grupa</i>
HP-140	Da1c	100/100	0,997	1
HP-142	ATcs3	90/100	0,512	2
HP-143	Da1a	100/100	0,997	1
HP-144	Da28	100/100	0,996	1
HP-145	Da1a	90/100	0,997	2
HP-146	Da28	100/100	0,996	1
HP-147	ATcs3	90/90	0,205	2
HP-148	Da28	90/100	0,997	2
HP-149	Da28	100/100	0,997	1
HP-150	Da1c	100/100	0,997	1

Tabela 11. Punorodne familije autohtonih jedinki iz Grupe 1 matičnog jata ribnjaka „Panjica“. Svaki red predstavlja jednu familiju. Tabelom su predstavljene vrednosti „Full Sibship“ indeksa, „Prob (Inc.)“ i „Prob (Exc.)“ verovatnoća za svaku familiju, kao i šifre (Tabela 10 u Prilogu) prvog (Jedinka 1) i drugog potomka (Jedinka 2) svake familije. Redovi koji sadrže vrednosti „Prob (Inc.)“ verovatnoće više od 0,500 i „Prob (Exc.)“ verovatnoće niže od 0,500 su označeni sivom bojom, § označava člana familije za koga je predloženo isključivanje iz matičnog jata ribnjaka „Panjica“.

Full Sibship Index	Prob (Inc.)	Prob (Exc.)	Jedinka 1	Jedinka 2
1	1,0000	0,5735	HP01	
2	1,0000	0,1746	HP06	
3	1,0000	0,2375	HP07	
4	0,7240	0,3971	HP13	HP53 §
5	1,0000	0,3807	HP16	
6	0,4402	0,2155	HP18	HP25
7	1,0000	0,1765	HP19	
8	0,9151	0,7949	HP21	HP109
9	0,7894	0,2626	HP30	HP97 §
10	1,0000	0,2899	HP32	
11	0,6938	0,4685	HP35 §	HP70
12	0,5011	0,2422	HP38	HP46 §
13	1,0000	0,2562	HP41	
14	1,0000	0,1132	HP42	
15	0,5758	0,4471	HP48 §	HP93
16	1,0000	0,2345	HP49	
17	1,0000	0,7134	HP55	
18	0,8153	0,6222	HP56	HP71
19	0,6310	0,0305	HP57	HP59 §
20	1,0000	0,1662	HP58	
21	1,0000	0,1918	HP60	
22	1,0000	0,1010	HP61	
23	1,0000	0,2381	HP62	
24	1,0000	0,0935	HP65	
25	1,0000	0,3551	HP66	
26	1,0000	0,1558	HP67	
27	1,0000	0,1441	HP68	
28	1,0000	0,6637	HP69	
29	1,0000	0,1408	HP73	
30	1,0000	0,1555	HP75	

Tabela 11. Nastavak.

Full Sibship Index	Prob (Inc.)	Prob (Exc.)	Jedinka 1	Jedinka 2
31	1,0000	0,3552	HP76	
32	1,0000	0,1781	HP78	
33	1,0000	0,2415	HP84	
34	1,0000	0,3807	HP85	
35	1,0000	0,2958	HP87	
36	1,0000	0,4412	HP89	
37	1,0000	0,1434	HP90	
38	1,0000	0,1697	HP94	
39	0,2832	0,1201	HP95	HP100
40	1,0000	0,4311	HP96	
41	1,0000	0,2835	HP98	
42	1,0000	0,2203	HP99	
43	1,0000	0,1423	HP104	
44	1,0000	0,0458	HP106	
45	1,0000	0,1506	HP116	
46	1,0000	0,1611	HP122	
47	1,0000	0,4528	HP124	
48	1,0000	0,1234	HP127	
49	1,0000	0,3401	HP128	
50	1,0000	0,1445	HP129	
51	1,0000	0,5579	HP134	
52	1,0000	0,3412	HP135	
53	1,0000	0,1975	HP137	
54	1,0000	0,1767	HP139	
55	0,5577	0,2342	HP140 §	HP143
56	1,0000	0,1919	HP144	
57	1,0000	0,4038	HP146	
58	1,0000	0,1599	HP149	
59	1,0000	0,1727	HP150	



OPEN ACCESS

EDITED BY
Jun Hou,
Hohai University, China

REVIEWED BY
Xiaogang Wang,
Nanjing Hydraulic Research Institute,
China
Xiaotao Shi,
China Three Gorges University, China

*CORRESPONDENCE
Vladica Simić,
vladica.simic@pmf.kg.ac.rs
Ana Petrović,
ana.petrovic@pmf.kg.ac.rs

SPECIALTY SECTION
This article was submitted to Freshwater
Science,
a section of the journal
Frontiers in Environmental Science

RECEIVED 25 May 2022
ACCEPTED 27 June 2022
PUBLISHED 22 July 2022

CITATION
Simić V, Bănăduc D,
Curtean-Bănăduc A, Petrović A,
Veličković T, Stojković-Piperac M and
Simić S (2022), Assessment of the
ecological sustainability of river basins
based on the modified the ESHIPPOfish
model on the example of the Velika
Morava basin (Serbia, Central Balkans).
Front. Environ. Sci. 10:952692.
doi: 10.3389/fenvs.2022.952692

COPYRIGHT
© 2022 Simić, Bănăduc, Curtean-
Bănăduc, Petrović, Veličković,
Stojković-Piperac and Simić. This is an
open-access article distributed under
the terms of the [Creative Commons
Attribution License \(CC BY\)](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/). The use,
distribution or reproduction in other
forums is permitted, provided the
original author(s) and the copyright
owner(s) are credited and that the
original publication in this journal is
cited, in accordance with accepted
academic practice. No use, distribution
or reproduction is permitted which does
not comply with these terms.

Assessment of the ecological sustainability of river basins based on the modified the ESHIPPOfish model on the example of the Velika Morava basin (Serbia, Central Balkans)

Vladica Simić^{1*}, Doru Bănăduc², Angela Curtean-Bănăduc²,
Ana Petrović^{1*}, Tijana Veličković¹, Milica Stojković-Piperac³ and
Snežana Simić¹

¹Department of Biology and Ecology, Faculty of Science, University of Kragujevac, Kragujevac, Serbia, ²Applied Ecology Research Center, Lucian Blaga University of Sibiu, Sibiu, Romania, ³Department of Biology and Ecology, Faculty of Sciences and Mathematics, University of Niš, Niš, Serbia

This study examines the ecological sustainability of the Velika Morava River Basin (Serbia, Central Balkans) under modern conditions of multiple freshwater stressors, including climate change. The impact of stressors on the ecological services of the river basin is considered, including: drinking water, irrigation, recreation, tourism, ecotourism, and fishing. In order to assess the ecological sustainability of the river basin, a modification of the ESHIPPO model was performed. The essence of the modification is a change to the ES component, which, in the basic model, assesses the degree of ecological specialization of a taxon; and in the modified assessment of the ecological stability of the ecosystem (ESE). The structure of ichthyocenosis is used as the basic biological indicator for the assessment of ESE. The assessment of river basin sustainability was obtained as the difference between ESE and the impact of multiple factors, including: habitat change, invasive species, pollution, human population growth (social factors), and the over-exploitation of resources (HIPPO). The statistical analysis (SOM—Self Organizing Map) highlights the most reliable indicators of both biotic (ichthyocenosis structure elements) and the indicators that best detect the influence of HIPPO factors. The structure of the model is based on general and easily measurable indicators, which enables its application in any river basin in the world. The results of the model indicate that 80% of the studied basin is ecologically unsustainable and that its potential environmental services are greatly reduced.

KEYWORDS

ecological sustainability, river basin, ichthyocenosis, ESHIPPOfish model, multiple freshwater stressors



A new perspective on the molecular dating of the brown trout complex with an extended phylogeographic information on the species in Serbia

Tijana Veličković | ORCID: 0000-0001-9152-056X

Department of Biology and Ecology, Faculty of Science, University of Kragujevac, Radoja Domanovića 12, 34000 Kragujevac, Serbia

Aleš Snoj | ORCID: 0000-0003-4708-0370

Department of Animal Science, Biotechnical Faculty, University of Ljubljana, Jamnikarjeva 101, 1000 Ljubljana, Slovenia

Vladica Simić | ORCID: 0000-0001-6787-9783

Department of Biology and Ecology, Faculty of Science, University of Kragujevac, Radoja Domanovića 12, 34000 Kragujevac, Serbia

Radek Šanda | ORCID: 0000-0001-8514-3948

Department of Zoology, National Museum of the Czech Republic, Václavské náměstí 68, 115 79 Prague, Czech Republic

Jasna Vukić | ORCID: 0000-0003-2243-0303

Department of Ecology, Faculty of Science, Charles University, Viničná 7, 12844 Prague 2, Czech Republic

Dovilė Barcytė | ORCID: 0000-0002-3542-1177

Department of Zoology, National Museum of the Czech Republic, Václavské náměstí 68, 115 79 Prague, Czech Republic

David Stanković | ORCID: 0000-0002-3312-382X

Department of Organisms and Ecosystems Research, National Institute of Biology, 1000 Ljubljana, Slovenia
david.stankovic@nib.si

Saša Marić | ORCID: 0000-0002-8132-3738

Institute of Zoology, Faculty of Biology, University of Belgrade, Studentski trg 16,
11001 Belgrade, Serbia

RECEIVED: 13 DECEMBER 2022; REVISED AND ACCEPTED: 25 APRIL 2023; PUBLISHED
ONLINE 25 MAY 2023; PUBLISHED IN ISSUE 1 AUGUST 2023
EDITOR: R. VONK

Abstract

To elucidate the historical biogeography of a species, the patterns of population divergence must be understood, and the evolutionary history of the species must be accurately known. For brown trout (*Salmo trutta* complex), estimating divergence times remains a challenge due to the lack of well-defined time calibration points and insufficient phylogeographic coverage in previous studies. The present work aims to improve molecular dating of mitochondrial control region sequences by using a multicalibration framework based on the latest paleogeological evidence for dating the origin of Lake Ohrid and two available *Salmo* fossils, including the overlooked *Salmo immigratus*. Our results clearly show that, contrary to common belief, the major divisions within the brown trout occurred in the Late Pliocene, not the Pleistocene. The Pliocene origin suggests that the brown trout lineages did not form because of geo(hydro)morphological changes during glaciation cycles but may be the result of orogeny and drainage evolution. In addition, increased sampling, particularly in Serbia, led to the identification of a new haplogroup (DA-INT) occupying an intermediate position with respect to DA-ES and DA-BS haplogroups. While the control region can delineate brown trout lineages, its phylogenetic resolution is limited, so even extensive sampling could not further resolve the lineage level polytomies.

Keywords

Danubian brown trout lineage – phylogeography – Pleistocene – Pliocene – *Salmo* spp. – time-calibrated phylogeny

Introduction

It is widely accepted among researchers that the first splits in trout of the *Salmo* genus began in the Late Pliocene, but most divisions of the brown trout (BT) complex (all trout except for *Salmo ohridanus* and *Salmo obtusirostris*) observed today are thought to have occurred in the Pleistocene because of climatic, environmental and geomorphological changes that occurred during glaciation events. These events shaped hydrogeography

of the major European river systems and led to the isolation of trout populations, which consequently evolved into distinct genetic lineages (Osinov & Bernatchez, 1996; Bernatchez, 2001; Crête-Lafrenière et al., 2012; Alexandrou et al., 2013; Pustovrh et al., 2014; Lecaudey et al., 2018; Ninua et al., 2018; Hashemzadeh Segherloo et al., 2021). As a result, the distribution of the five evolutionary mitochondrial lineages more or less coincides with these principal river systems: Atlantic (AT), Danubian (DA), Mediterranean (ME), Adriatic

BIOGRAFIJA

Tijana Z. Veličković rođena je 23. 01. 1991. godine u Smederevskoj Palanci (Republika Srbija). Osnovnu školu i gimnaziju završila je u Velikoj Plani. Školske 2010/2011. godine upisala je Prirodno-matematički fakultet u Kragujevcu, smer biologija. Osnovne akademske studije biologije završila je 2013. godine sa prosečnom ocenom 8,9. Školske 2013/2014. godine upisala je master studije biologije na Prirodno-matematičkom fakultetu u Kragujevcu. Završila je studije 2015. godine odbranom završnog rada pod nazivom „Primena krioprezervacije kao metode u konzervaciji ugroženih vrsta riba na primeru mladice (*Hucho hucho*)” sa ocenom 10 i prosečnom ocenom tokom studija 9,32. Time je stekla zvanje diplomirani biolog-master. Doktorske akademske studije biologije na Prirodno-matematičkom fakultetu u Kragujevcu upisala je školske 2015/2016. godine. U zvanje istraživač-pripravnik u Institutu za biologiju i ekologiju Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Kragujevcu izabrana je 10. 02. 2016. godine, a u zvanje istraživač-saradnik 30. 01. 2019. godine. Od 30. 09. 2020. godine je angažovana kao asistent na Institutu za biologiju i ekologiju Prirodno-matematičkog fakulteta Univerziteta u Kragujevcu za užu naučnu oblast Ekologija, biogeografija i zaštita životne U toku naučno istraživačkog rada, objavila je tri poglavlja u monografijama od međunarodnog značaja, osam naučnih radova u međunarodnim časopisima (SCI lista): jedan rad u kategoriji M21a, dva rada u M21, jedan rad u M22 i četiri rada u M23 kategoriji. U nacionalnim časopisima publikovala je dva rada (jedan u kategoriji M24, a drugi kategoriji M52), i ukupno 21 saopštenje na konferencijama od međunarodnog i nacionalnog značaja. Takođe, koautor je jednog univerzitetskog praktikuma.

ИЗЈАВА АУТОРА О ОРИГИНАЛНОСТИ ДОКТОРСКЕ ДИСЕРТАЦИЈЕ

Изјављујем да докторска дисертација под насловом:

„Конципирање модела за одрживо коришћење популација комплекса поточне пастрмке (*Salmo spp.*) на подручју Србије”

представља *оригинално ауторско дело* настало као резултат *сопственог истраживачког рада*.

Овом Изјавом такође потврђујем:

- да сам *једини аутор* наведене докторске дисертације,
- да у наведеној докторској дисертацији *нисам извршио/ла повреду ауторског нити другог права интелектуалне својине других лица*,

У Крагујевцу, 06. 10. 2023. године,


потпис аутора

**ИЗЈАВА АУТОРА О ИСТОВЕТНОСТИ ШТАМПАНЕ И ЕЛЕКТРОНСКЕ ВЕРЗИЈЕ
ДОКТОРСКЕ ДИСЕРТАЦИЈЕ**

Изјављујем да су штампана и електронска верзија докторске дисертације под насловом:

**„Конципирање модела за одрживо коришћење популација комплекса поточне пастрмке
(*Salmo spp.*) на подручју Србије”**

истоветне.

У Крагујевцу, 06. 10. 2023. године,

Маријана Вештковић
потпис аутора

ИЗЈАВА АУТОРА О ИСКОРИШЋАВАЊУ ДОКТОРСКЕ ДИСЕРТАЦИЈЕ

Ја, Тијана З. Величковић,

дозвољавам

не дозвољавам

Универзитетској библиотеци у Крагујевцу да начини два трајна умножена примерка у електронској форми докторске дисертације под насловом:

„Конципирање модела за одрживо коришћење популација комплекса поточне пастрмке (*Salmo spp.*) на подручју Србије”

и то у целини, као и да по један примерак тако умножене докторске дисертације учини трајно доступним јавности путем дигиталног репозиторијума Универзитета у Крагујевцу и централног репозиторијума надлежног министарства, тако да припадници јавности могу начинити трајне умножене примерке у електронској форми наведене докторске дисертације путем *преузимања*.

Овом Изјавом такође

дозвољавам

не дозвољавам¹

припадницима јавности да тако доступну докторску дисертацију користе под условима утврђеним једном од следећих *Creative Commons* лиценци:

¹ Уколико аутор изабере да не дозволи припадницима јавности да тако доступну докторску дисертацију користе под условима утврђеним једном од *Creative Commons* лиценци, то не искључује право припадника јавности да наведену докторску дисертацију користе у складу са одредбама Закона о ауторском и сродним правима.

- 1) Ауторство
- 2) Ауторство - делити под истим условима
- 3) Ауторство - без прерада
- 4) Ауторство - некомерцијално
- ⑤ Ауторство - некомерцијално - делити под истим условима
- 6) Ауторство - некомерцијално - без прерада²

У Крагујевцу, 06. 10. 2023. године,

Тијана Веничковић
потпис аутора

² Молимо ауторе који су изабрали да дозволе припадницима јавности да тако доступну докторску дисертацију користе под условима утврђеним једном од *Creative Commons* лиценци да заокруже једну од понуђених лиценци. Детаљан садржај наведених лиценци доступан је на: <http://creativecommons.org.rs/>