

DNA-BARCODING DI *SQUALIUS CEPHALUS* COMPLEX  
IN UMBRIA

D. GIANNETTO, M.E. PULETTI, L. LUCENTINI, A. PALOMBA, E. FRANCHI,  
F. PANARA, M. LORENZONI

lorenzoni@unipg.it

Dip. di Biologia Cellulare e Ambientale, Univ. di Perugia, via Elce di Sotto, 06123 Perugia

La sistematica del genere *Squalius* è ancora oggetto di controversia: recenti ricerche hanno evidenziato come molti taxa presenti nell'Europa meridionale, nel passato identificati complessivamente come *Squalius cephalus*, risultino in realtà geneticamente distinti. In Italia è stata prospettata la presenza di almeno 3 specie: *Squalius lucumonis* (BIANCO, 1983) *Squalius squalus* (BONAPARTE, 1837) e *Squalius albus* (BONAPARTE, 1838). Lo scopo della ricerca è valutare i rapporti filogenetici fra i 3 taxa mediante DNA-barcoding basato sull'analisi di una sequenza parziale di 642bp del gene mitocondriale codificante per la subunità I della citocromo ossidasi (COI). Le sequenze sono state condotte, previa amplificazione frammento-specifica, mediante Big Dye Terminator Cycle Sequencing Kit V. 1.1 (Applied Biosystems) e sequenziatore capillare ABI PRISM 310 (Applied Biosystems) secondo protocollo standard. Le sequenze ottenute sono state allineate mediante Mega 4 e l'analisi di massima parsimonia è stata condotta mediante PAUP 4.0b.

L'analisi di 87 campioni ha mostrato la presenza di una buona corrispondenza fra l'attribuzione condotta su base morfologica e quella su base genetica. L'analisi delle sequenze ottenute evidenzia anche la buona capacità discriminativa dei frammenti individuati, che presentano mutazioni identificative delle specie in esame. Si evidenziano altresì campioni che presentano una diversa attribuzione su base genetica rispetto a quella morfologica, fatto che potrebbe essere riferibile alla presenza di ibridi inter-specifici, molto comuni fra i ciprinidi. L'analisi di sequenze nucleari appositamente selezionate è al momento in esecuzione e permetterà di verificare tale ipotesi.