

DEFINICIÓN DE LA DIVERSIDAD E INTROGRESIÓN GENÉTICA DE LA TRUCHA COMÚN EN ARAGÓN



Dra. Ana Almodóvar
Dra. Graciela Gómez Nicola
Dra. Ainhoa Agorreta
Dr. Benigno Elvira



Departamento de Biodiversidad, Ecología y Evolución
Universidad Complutense de Madrid (UCM)

20 de junio de 2025

El presente trabajo es un contrato de servicios realizado por el Servicio de Caza y Pesca del Departamento de Agricultura, Ganadería y Medio Ambiente del Gobierno de Aragón y la Universidad Complutense de Madrid, para la realización del proyecto “*Definición de la diversidad e introgresión genética de la trucha común en Aragón*” (Expediente GM_SCP_2023_4). En el proyecto se analiza la distribución geográfica de la variación genética en poblaciones mediterráneas de Trucha Común de Aragón, así como los efectos genéticos de la repoblación con truchas alóctonas en las poblaciones naturales, con el objetivo final de proponer medidas de gestión que aseguren la conservación de las poblaciones nativas. El estudio está orientado a la conservación de la biodiversidad; en particular, para proteger y preservar la diversidad genética de la Trucha Común mediterránea, como medio esencial para salvaguardar la diversidad genética de la especie y mantener poblaciones sanas para una explotación sostenible por pesca recreativa. La consecución de estos objetivos generales se consigue a través de los siguientes cinco objetivos parciales:

- 1) Estudio del nivel de introgresión nuclear y mitocondrial y variabilidad genética intra e interpoblacional de las poblaciones de Trucha Común de Aragón. Detección de poblaciones sin introgresión genética que puedan servir de origen de los parentales que se utilizarían en el desarrollo de líneas autóctonas.
- 2) Análisis de las características genéticas de los stocks reproductores, destinados al establecimiento de líneas puras de Trucha Común de Aragón.
- 3) Análisis de la variabilidad intrapoblacional de las poblaciones de Trucha Común de Aragón empleando nuevas técnicas moleculares.
- 4) Establecimiento de un mapa genético según las diferencias moleculares detectadas.
- 5) Evaluación del estado de conservación de la especie en Aragón y propuesta de directrices de gestión de la pesca.

En los años 2021, 2022 y 2023 se recogieron muestras de 1146 individuos de Trucha Común en 82 localidades de Aragón, incluyendo las principales poblaciones donde la especie está presente actualmente de manera nativa. En concreto, se estudiaron las poblaciones de 46 ríos, 36 pertenecientes a la cuenca del Ebro (66 localidades), 5 a la cuenca del Turia (10 localidades), 4 a la cuenca del Mijares (4 localidades) y uno a la cuenca del Júcar (2 localidades). En las Tablas 1 y 2 y en la Figura 1 se detalla la localización de las muestras analizadas. Además, para conocer las características genéticas de los stocks reproductores, destinados al establecimiento de líneas puras de Trucha Común en Aragón, se han analizado 139 ejemplares de las líneas Guadalaviar (N=40), Pancrudo (N=49), Mijares (N=30) y Pitarque (N=20), procedentes de la piscifactoría de Los Pajares en Albarracín (Teruel), así como 17 ejemplares del río Aurín, procedentes de la piscifactoría de Planduviar (Huesca). Los muestreos fueron realizados por el

Departamento de Agricultura, Ganadería y Medio Ambiente del Gobierno de Aragón. Los ejemplares fueron capturados mediante pesca eléctrica intentando, siempre que fuera posible, tener una uniformidad de talla en las truchas capturadas. Una vez capturados los ejemplares se tomó una muestra de la aleta adiposa que fue conservada en etanol al 70% para su posterior tratamiento, devolviendo finalmente los peces vivos al río. En el laboratorio cada tejido fue sometido a varios lavados con agua destilada para su rehidratación y, posteriormente, se conservaron a -80 °C.

El estudio de la introgresión genética nuclear se ha llevado a cabo mediante la técnica de PCR-RFLPs, basada en la secuenciación parcial de los alelos *LDH-CI*90* y *LDH-CI*100* del locus diagnóstico *LDH-CI**, de la enzima L-lactato deshidrogenasa (Enzyme Commission Number 1.1.1.27). La técnica permite asignar a cada individuo como nativo (*LDH-CI*100/100*), exótico (*LDH-CI*90/90*) o híbrido (*LDH-CI*90/100*). La introgresión fue estimada a partir de la frecuencia del alelo exótico *LDH-CI*90*. El estudio de la introgresión genética mitocondrial se ha realizado mediante la técnica de amplificación y secuenciación de la región control o D-Loop del ADN mitocondrial. La introgresión en este caso fue estimada a partir de las frecuencias de haplotipos exóticos correspondientes a stocks de piscifactoría (**AT_{EX1}**, **AT_{EX2}**, **AT_{EX3}**, **AT_{EX4}** y **AT_{EX5}**). El análisis de la variabilidad genética intra e interpoblacional se ha efectuado sometiendo las muestras a dos tipos de análisis dirigidos a detectar las posibles diferencias en los dos tipos de genomas, el mitocondrial y el nuclear. El análisis mitocondrial se ha llevado a cabo mediante el análisis de la secuencia completa de la región control o D-Loop. Para estudiar la variación a nivel nuclear se ha analizado la variabilidad de 12 loci microsatélites (*Str15*, *Str60*, *Str73*, *Ssa85*, *Ssa197*, *SSOSL85*, *SSOSL417*, *SSOSL311*, *SSOSL438*, *BFRO002*, *SS4* y *Sssp1605*).

A nivel mitocondrial, se analizaron las frecuencias haplotípicas la diversidad haplotípica (h) y la diversidad nucleotídica (π_n). Para el estudio de la diferenciación genética interpoblacional se estimó el índice de fijación F_{ST} . La posible estructura poblacional se evaluó mediante el método de análisis de la varianza molecular (AMOVA). El análisis filogenético de los haplotipos obtenidos se realizó utilizando dos métodos de inferencia filogenética, máxima verosimilitud e inferencia Bayesiana. Los árboles se convirtieron en genealogías de haplotipos, representadas en forma de redes. A nivel nuclear, se evaluó la diversidad genotípica analizando el número de alelos (A), la riqueza alélica (A_R), así como la heterocigosis observada (H_o) y esperada (H_e) según la ley de equilibrio de Hardy-Weinberg ($H-W$). Para cada locus, la desviación observada se indicó mediante el índice de endogamia F_{IS} . Para estudiar la estructuración genética poblacional, se aplicó el método de agrupación bayesiano implementado en el programa *STRUCTURE*, se estimó el índice de fijación F_{ST} y se llevaron a cabo análisis discriminantes de componentes principales (DAPC). Para estudiar las tasas recientes de migración (m) entre las diferentes localidades de cada subcuenca se empleó el programa *BayesAss*.

Tabla 1. Localidades y número de ejemplares (N) estudiados de Trucha Común en la margen izquierda de la cuenca del Ebro (Pirineo) en Aragón (46 localidades).

Cuenca	Subcuenca	Río	Localidad	Código	N
Ebro	Aragón	Veral	Zuriza	AR_001	15
Ebro	Aragón	Veral	Camping Ansó	AR_002	15
Ebro	Aragón	Veral	Ansó puente carretera	AR_003	15
Ebro	Aragón	Aragón Subordán	Articallena	AR_004	15
Ebro	Aragón	Aragón Subordán	Tramo libre "Puente de Santa Ana"-Hecho	AR_005	15
Ebro	Aragón	Aragón Subordán	CSRN Hecho Superior	AR_006	15
Ebro	Aragón	Aragón Subordán	Aguas Tuertas	AR_012	15
Ebro	Aragón	Aragón Subordán	Barranco Urdués	AR_013	15
Ebro	Aragón	Osia	Aragüés del Puerto	AR_007	15
Ebro	Aragón	Canal Roya	Canfranc	AR_008	15
Ebro	Aragón	Aragón	Canfranc	AR_009	15
Ebro	Aragón	Aragón	Villanúa	AR_010	15
Ebro	Aragón	Aragón	Jaca	AR_011	15
Ebro	Gállego	Aurín	Sabiñánigo	GA_001	15
Ebro	Gállego	Aguas Limpias	La Sarra	GA_002	15
Ebro	Gállego	Aguas Limpias	Sallent de Gállego	GA_003	15
Ebro	Gállego	Aguas Limpias	Ibón de Arrieles	GA_005	15
Ebro	Gállego	Aguas Limpias	Embalse de Campo Plano	GA_006	15
Ebro	Gállego	Aguas Limpias	Embalse Respomuso	GA_007	17
Ebro	Gállego	Escarra	Sallent de Gállego	GA_008	16
Ebro	Gállego	Caldarés	Panticosa	GA_011	15
Ebro	Gállego	Gállego	Biescas	GA_004	15
Ebro	Gállego	Gállego	Embalse Bachimana	GA_009	15
Ebro	Gállego	Gállego	Ibón de Lavaza	GA_010	15
Ebro	Alcanadre	Flúmen	San Julián de Banzo	AL_001	15
Ebro	Alcanadre	Alcanadre	Bierge	AL_002	15
Ebro	Alcanadre	Alcanadre	Pedruel	AL_003	15
Ebro	Cinca	Ara	San Nicolás de Bujaruelo	CI_001	15
Ebro	Cinca	Ara	Pista Torla-Bujaruelo	CI_002	15
Ebro	Cinca	Ara	Río Otal	CI_009	15
Ebro	Cinca	Ara	Refugio pescadores Fiscal	CI_010	14
Ebro	Cinca	Arazas	Gradas de Soaso	CI_003	15
Ebro	Cinca	Barrosa	Parzán	CI_011	15
Ebro	Cinca	Bellós	Cañón de Añisclo	CI_004	15
Ebro	Cinca	Cinca	Puente del Cornato	CI_005	15
Ebro	Cinca	Cinca	Bielsa	CI_006	15
Ebro	Cinca	Cinca	Salinas de Bielsa	CI_007	15
Ebro	Cinca	Cinqueta	Plan	CI_008	15
Ebro	Ésera	Ésera	Benasque	ES_001	15
Ebro	Ésera	Ésera	Castejón de Sos	ES_002	15
Ebro	Ésera	Ésera	Campo	ES_003	15
Ebro	Ésera	Isábena	Laspaúles	ES_004	15
Ebro	Ésera	Isábena	Veracruz	ES_005	15

Tabla 1. Localidades y número de ejemplares (N) estudiados de Trucha Común en la margen izquierda de la cuenca del Ebro (Pirineo) en Aragón (46 localidades) (continuación).

Cuenca	Subcuenca	Río	Localidad	Código	N
Ebro	Noguera Ribagorzana	Noguera Ribagorzana	Aguas arriba Baserca	NG_001	15
Ebro	Noguera Ribagorzana	Llauset	Llauset	NG_002	15
Ebro	Noguera Ribagorzana	Baliera	Montanuy	NG_003	15

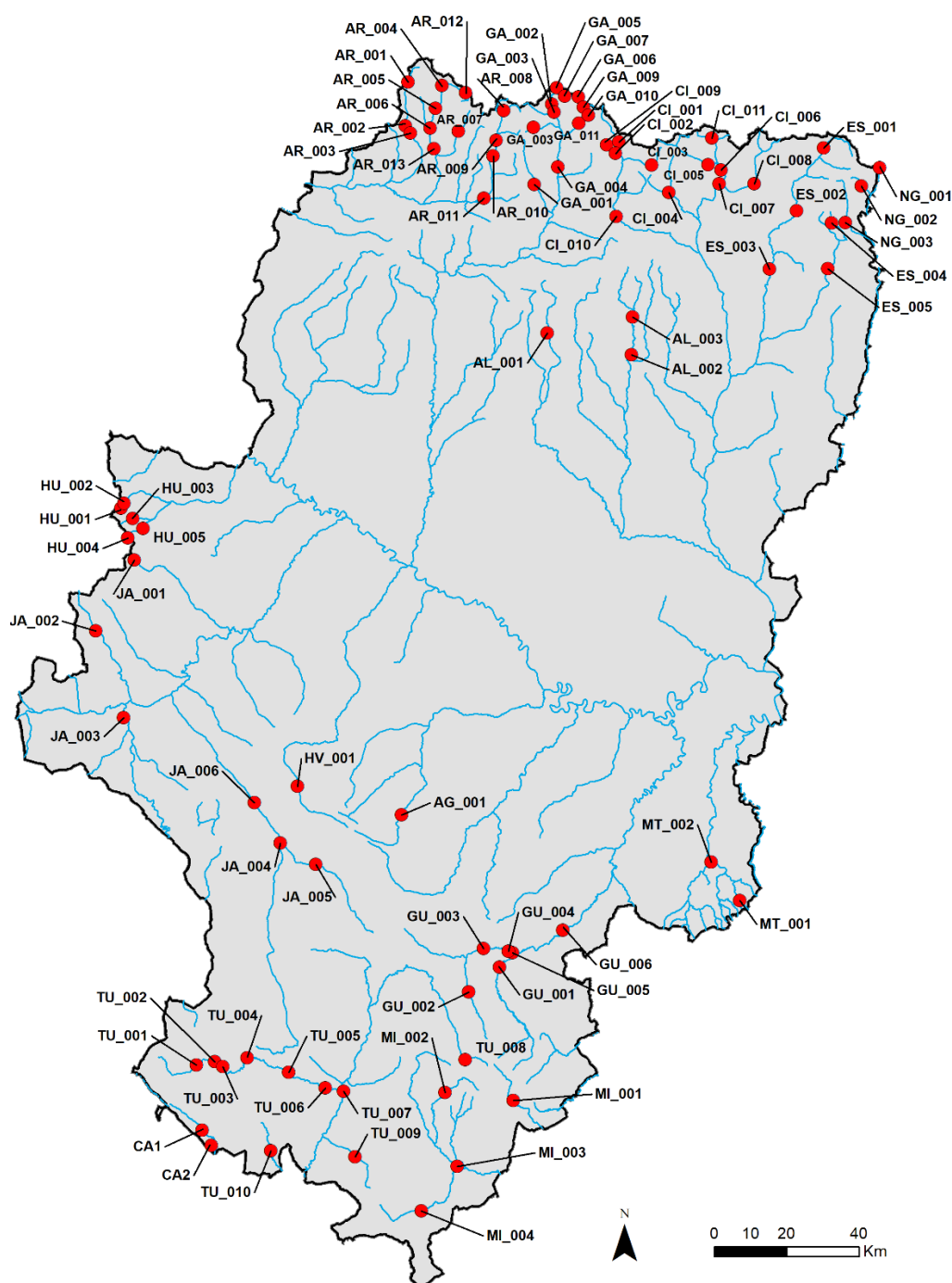


Figura 1. Situación geográfica de las localidades de muestreo de Trucha Común estudiadas en Aragón durante 2021-2023 (82 localidades, códigos en Tablas 3.1 y 3.2).

Tabla 2. Localidades y número de ejemplares (N) estudiados de Trucha Común en la margen derecha de la cuenca del Ebro (Sistema Ibérico, 20 localidades) y en las cuencas del Turia (10 localidades), Mijares (4 localidades) y Júcar (2 localidades) en Aragón.

Cuenca	Subcuenca	Río	Localidad	Código	N
Ebro	Huecha	Barranco Pedregal	San Martín	HU_001	13
Ebro	Huecha	Barranco Pedregal	San Martín - Matalpuente	HU_002	15
Ebro	Huecha	Barranco Morca	Añón - Central eléctrica	HU_003	15
Ebro	Huecha	Barranco Morana	Nacedero río Morana	HU_004	15
Ebro	Huecha	Barranco Morana	Añón - Paridera	HU_005	15
Ebro	Jalón	Isuela	Purujosa	JA_001	15
Ebro	Jalón	Manubles	Bijuesca	JA_002	15
Ebro	Jalón	Piedra	Castejón de las Armas	JA_003	15
Ebro	Jalón	Pancrudo	Aguas abajo embalse Lechago	JA_004	15
Ebro	Jalón	Pancrudo	Calamocha Fuente del Prado	JA_005	15
Ebro	Jalón	Jiloca	Azud San Martín del Río	JA_006	9
Ebro	Huerva	Huerva	Villahermosa del Campo	HV_001	9
Ebro	Aguasvivas	Aguasvivas	Huesa del Común	AG_001	15
Ebro	Guadalope	Pitarque	Pitarque	GU_001	15
Ebro	Guadalope	Guadalope	Aliaga	GU_003	3
Ebro	Guadalope	Guadalope	Órganos de Montoro	GU_004	15
Ebro	Guadalope	Pitarque	Villarluengo	GU_005	13
Ebro	Guadalope	Guadalope	Castellote	GU_006	6
Ebro	Matarraña	Matarraña	Beceite el Parrizal	MT_001	15
Ebro	Matarraña	Matarraña	Azud de La Fresneda	MT_002	15
Turia	Turia	Guadalaviar	Tramacastilla de Albarracín	TU_001	15
Turia	Turia	Guadalaviar	Torres de Albarracín	TU_002	15
Turia	Turia	Guadalaviar	Las Huelgas - Albarracín	TU_003	15
Turia	Turia	Guadalaviar	Puente de los Tres Ojos - Albarracín	TU_004	15
Turia	Turia	Guadalaviar	Gea de Albarracín	TU_005	15
Turia	Turia	Guadalaviar	San Blas - Teruel	TU_006	15
Turia	Turia	Turia	Teruel	TU_007	15
Turia	Turia	Alfambra	Gúdar	TU_008	15
Turia	Turia	Camarena	Valacloche	TU_009	15
Turia	Turia	Ebrón	Tormón	TU_010	15
Mijares	Mijares	Linares	Linares de Mira	MI_001	15
Mijares	Mijares	Alcalá	Alcalá de la Selva	MI_002	8
Mijares	Mijares	Mijares	La Escaleruela	MI_003	4
Mijares	Mijares	Torrijas	Manzanera	MI_004	6
Júcar	Júcar	Cabriel	Aguas arriba San Pedro	CA_001	5
Júcar	Júcar	Cabriel	Aguas abajo San Pedro	CA_002	3

INTROGRESIÓN GENÉTICA NUCLEAR Y MITOCONDRIAL

Los resultados genéticos obtenidos en el presente trabajo, así como los estudios previos realizados en otras poblaciones de Trucha Común, han mostrado la existencia de flujo génico entre las truchas de repoblación y las truchas nativas. Esto indica que se producen cruzamientos en el río entre las truchas alóctonas y autóctonas, con la consecuente entrada de material genético alóctono en las poblaciones nativas. Los altos valores de introgresión nuclear encontrados en una gran parte de las localidades de Aragón (52% de localidades con niveles altos o severos) indican la existencia de una elevada viabilidad de las truchas alóctonas repobladas y sus descendientes.

El 72% de las localidades analizadas presentó introgresión nuclear de material genético alóctono procedente de truchas de repoblación. La introgresión estimada a partir del alelo *LDH-C1*90* osciló entre 0 y 83% en todas las poblaciones, alcanzando un valor medio de 20%. En la cuenca del Ebro, el nivel de introgresión nuclear no presentó diferencias significativas entre las subcuencas de la margen izquierda (Pirineo) (frecuencia media 20%) y las subcuencas de la margen derecha (Sistema Ibérico) (frecuencia media 19%). Los promedios observados en las poblaciones de Aragón (Ebro 18.9%, Turia 21.7%, Mijares 27.9%, Júcar 33.3%) son muy superiores a los observados tanto en la cuenca del Duero (media 4%, rango 0-29%) como en ríos de las cuencas noribéricas (media 5%, rango 0-100%) o en la cuenca del Tajo (media 13%, rango 0-79%). En cambio, son similares a los observados en otras cuencas mediterráneas, cercanos al 20-30%.

En el 28% de las localidades no apareció el alelo diagnóstico y su presencia en el resto de poblaciones fue muy variable. El 20% de las localidades analizadas mostró valores de introgresión leves ($\leq 10\%$), el 26% alcanzó frecuencias altas entre 10 y 30%, existiendo un 27% con valores de introgresión severos mayores al 30% (Tablas 3 a 5, Figura 2). Las poblaciones que mostraron los valores de introgresión más altos registrados en el estudio presentaron individuos homocigotos para el alelo *LDH-C1*90* (localidades de los ríos Veral, Aragón Subordán, Aragón, Aguas Limpias, Escarra, Caldarés, Flúmen, Ara, Ésera, Isábena, Noguera Ribagorzana, Manubles, Aguasvivas, Guadalope, Guadalaviar, Matarraña, Turia, Torrijas, Cabriel). La introgresión en el resto de las poblaciones se debió a ejemplares heterocigotos (Figura 3).

En algo más de la mitad de las localidades estudiadas (56%, 46 localidades) se han encontrado los haplotipos de la línea *Noratlántica-Exótica* **AT_{EX}1**, **AT_{EX}2**, **AT_{EX}3**, **AT_{EX}4** y **AT_{EX}5**, en frecuencias muy variables. El 12% de las localidades analizadas mostró frecuencias de introgresión mitocondrial leves ($\leq 10\%$), el 18% alcanzó frecuencias altas entre 10 y 30%, existiendo un 26% con valores de introgresión severos mayores al 30% (Tablas 6 a 8). Además de los haplotipos exóticos de la línea *Noratlántica-Exótica*, se identificaron otros pertenecientes a cuencas atlánticas ibéricas,

el **AT_N23** de la línea *Atlántica-Noribérica* o *Cantábrica* y el **AT_TA2** de la línea *Atlántica-Suratlántica* o *Tajo*.

Solamente 21 localidades se pueden considerar libres de introgresión genética nuclear y mitocondrial, pertenecientes a 10 ríos de la cuenca del Ebro en Pirineos (Veral, Aragón Subordán, Osia, Aurín, Gállego, Alcanadre, Ara, Bellón, Cinca, Baliera), cinco del Ebro en el Sistema Ibérico (Barranco Morca, Barranco Morana, Piedra, Pancrudo, Pitarque), así como uno en las cuencas del Turia (Ebrón) y Mijares (Linares).

Por otra parte, las muestras de reproductores analizadas de los ríos Pitarque, Pancrudo, Guadalaviar y Mijares no mostraron introgresión a nivel nuclear y mitocondrial. Sin embargo, el 71% de los individuos de la muestra del río Aurín presentó introgresión nuclear y tres haplotipos mitocondriales exóticos distintos.

La variabilidad observada en los valores de introgresión medios muestra que el efecto negativo de las repoblaciones es muy variado y que depende de diversos factores genéticos y no genéticos específicos a nivel de localidad, así como de las prácticas de repoblación utilizadas históricamente. En una revisión de todos los estudios genéticos en poblaciones de Trucha Común de la península Ibérica, se encontró una elevada variabilidad en el nivel de introgresión entre las distintas cuencas. El estudio detectó que el efecto negativo de las repoblaciones depende de las características ecológicas del río de acogida, principalmente del régimen de caudales y la productividad del agua, así como de las prácticas de repoblación utilizadas. Por tanto, a pesar de que los programas de repoblación han sido muy similares a lo largo del tiempo en los ríos estudiados, los niveles de introgresión genética son muy variados e incluyen un rango de valores muy amplio. En el caso de los sistemas lagunares pirenaicos la presión histórica de repoblación ha sido mayor, hecho que se refleja en los niveles altos de introgresión observados.

En algunas poblaciones analizadas con anterioridad en las cuencas del Duero, Tajo, Guadalquivir, Ebro y Norte se ha observado que la interrupción de las repoblaciones parece haber sido una buena medida de gestión para restaurar las poblaciones nativas, ya que los alelos diagnósticos desaparecieron en algunas poblaciones con niveles leves de introgresión después de una década de cese de la medida. En aquellas localidades con niveles altos o severos se observaba algo de descenso, pero no tan acusado. Por tanto, parece existir una contra selección sobre los genes foráneos, lo que conduciría a una recuperación natural de las poblaciones a lo largo de un cierto número de generaciones. En conclusión, debería realizarse un seguimiento a medio y largo plazo de la introgresión genética en los ríos afectados, con el objeto de poder evaluar de manera precisa el tiempo que tardan en desaparecer los genes foráneos de las poblaciones nativas y conocer su capacidad de recuperación, así como determinar los problemas que pueden existir en las poblaciones donde no se ha experimentado un descenso o incluso se ha observado un aumento de los niveles de introgresión.

Tabla 3. Frecuencia del alelo diagnóstico *LDH-C1*90* según cuatro categorías (**ausente**, **leve** $\leq 10\%$, **alta** $10-30\%$, **severa** $\geq 30\%$) en las poblaciones estudiadas de la margen izquierda de la cuenca del Ebro en Aragón (Pirineo). Se indica el número de truchas estudiadas en cada localidad (N).

Cuenca	Subcuenca	Río	Localidad	N	<i>LDH-C1*90</i>
Ebro	Aragón	Veral	Zuriza	15	Severa
Ebro	Aragón	Veral	Camping Ansó	15	Ausente
Ebro	Aragón	Veral	Ansó puente carretera	15	Leve
Ebro	Aragón	Aragón Subordán	Articallena	15	Leve
Ebro	Aragón	Aragón Subordán	Tramo libre "Puente de Santa Ana"-Hecho	15	Leve
Ebro	Aragón	Aragón Subordán	CSRN Hecho Superior	15	Ausente
Ebro	Aragón	Aragón Subordán	Aguas Tuertas	15	Severa
Ebro	Aragón	Aragón Subordán	Barranco Urdués	15	Leve
Ebro	Aragón	Osia	Aragüés del Puerto	15	Ausente
Ebro	Aragón	Canal Roya	Canfranc	15	Ausente
Ebro	Aragón	Aragón	Canfranc	15	Leve
Ebro	Aragón	Aragón	Villanúa	15	Alta
Ebro	Aragón	Aragón	Jaca	15	Alta
Ebro	Gállego	Aurín	Sabiñánigo	15	Ausente
Ebro	Gállego	Aguas Limpias	La Sarra	15	Severa
Ebro	Gállego	Aguas Limpias	Sallent de Gállego	15	Severa
Ebro	Gállego	Aguas Limpias	Ibón de Arrieles	15	Severa
Ebro	Gállego	Aguas Limpias	Embalse de Campo Plano	15	Severa
Ebro	Gállego	Aguas Limpias	Embalse Respomuso	17	Severa
Ebro	Gállego	Escarra	Sallent de Gállego	16	Severa
Ebro	Gállego	Caldarés	Panticosa	15	Severa
Ebro	Gállego	Gállego	Biescas	15	Leve
Ebro	Gállego	Gállego	Embalse Bachimana	15	Ausente

Tabla 3. Frecuencia media (%) del alelo diagnóstico *LDH-C1*90* según cuatro categorías (**ausente**, **leve** $\leq 10\%$, **alta** $10-30\%$, **severa** $\geq 30\%$) en las poblaciones estudiadas de la margen izquierda de la cuenca del Ebro en Aragón (Pirineo). Se indica el número de truchas estudiadas en cada localidad (N) (continuación).

Cuenca	Subcuenca	Río	Localidad	N	<i>LDH-C1*90</i>
Ebro	Gállego	Gállego	Ibón de Lavaza	15	Ausente
Ebro	Alcanadre	Flúmen	San Julián de Banzo	15	Severa
Ebro	Alcanadre	Alcanadre	Bierge	15	Ausente
Ebro	Alcanadre	Alcanadre	Pedruel	15	Ausente
Ebro	Cinca	Ara	San Nicolás de Bujaruelo	15	Severa
Ebro	Cinca	Ara	Pista Torla-Bujaruelo	15	Severa
Ebro	Cinca	Ara	Río Otal	15	Severa
Ebro	Cinca	Ara	Refugio pescadores Fiscal	14	Ausente
Ebro	Cinca	Arazas	Gradas de Soaso	15	Alta
Ebro	Cinca	Barrosa	Parzán	15	Leve
Ebro	Cinca	Bellós	Cañón de Añisclo	15	Ausente
Ebro	Cinca	Cinca	Puente del Cornato	15	Alta
Ebro	Cinca	Cinca	Bielsa	15	Ausente
Ebro	Cinca	Cinca	Salinas de Bielsa	15	Ausente
Ebro	Cinca	Cinqueta	Plan	15	Leve
Ebro	Ésera	Ésera	Benasque	15	Severa
Ebro	Ésera	Ésera	Castejón de Sos	15	Alta
Ebro	Ésera	Ésera	Campo	15	Leve
Ebro	Ésera	Isábena	Laspáules	15	Alta
Ebro	Ésera	Isábena	Veracruz	15	Leve
Ebro	Noguera Ribagorzana	Noguera Ribagorzana	Aguas arriba Baserca	15	Severa
Ebro	Noguera Ribagorzana	Llauset	Llauset	15	Leve
Ebro	Noguera Ribagorzana	Baliera	Montanuy	15	Ausente

Tabla 4. Frecuencia media (%) del alelo diagnóstico *LDH-C1*90* según cuatro categorías (**ausente**, **leve** $\leq 10\%$, **alta** 10-30%, **severa** $\geq 30\%$) en las poblaciones estudiadas en la margen derecha de la cuenca del Ebro (Sistema Ibérico). Se indica el número de truchas estudiadas en cada localidad (N).

Cuenca	Subcuenca	Río	Localidad	N	<i>LDH-C1*90</i>
Ebro	Huecha	Barranco Pedregal	San Martín	13	Alta
Ebro	Huecha	Barranco Pedregal	San Martín - Matalpuente	15	Alta
Ebro	Huecha	Barranco Morca	Añón - Central eléctrica	15	Ausente
Ebro	Huecha	Barranco Morana	Nacedero río Morana	15	Ausente
Ebro	Huecha	Barranco Morana	Añón - Paridera	15	Ausente
Ebro	Jalón	Isuela	Purujosa	15	Alta
Ebro	Jalón	Manubles	Bijuesca	15	Alta
Ebro	Jalón	Piedra	Castejón de las Armas	15	Ausente
Ebro	Jalón	Pancrudo	Aguas abajo embalse Lechago	15	Leve
Ebro	Jalón	Pancrudo	Calamocha Fuente del Prado	15	Ausente
Ebro	Jalón	Jiloca	Azud San Martín del Río	9	Alta
Ebro	Huerva	Huerva	Villahermosa del Campo	9	Leve
Ebro	Aguasvivas	Aguasvivas	Huesa del Común	15	Severa
Ebro	Guadalope	Pitarque	Pitarque	15	Ausente
Ebro	Guadalope	Guadalope	Aliaga	3	Ausente
Ebro	Guadalope	Guadalope	Órganos de Montoro	15	Severa
Ebro	Guadalope	Pitarque	Villarluengo	13	Alta
Ebro	Guadalope	Guadalope	Castellote	6	Alta
Ebro	Matarraña	Matarraña	Beceite el Parrizal	15	Alta
Ebro	Matarraña	Matarraña	Azud de La Fresneda	15	Severa

Tabla 5. Frecuencia media (%) del alelo diagnóstico *LDH-CI*90* según cuatro categorías (**ausente**, **leve** $\leq 10\%$, **alta** 10-30%, **severa** $\geq 30\%$) en las poblaciones estudiadas en las cuencas del Turia, Mijares y Júcar. Se indica el número de truchas estudiadas en cada localidad (N).

Cuenca	Subcuenca	Río	Localidad	N	<i>LDH-CI*90</i>
Turia	Turia	Guadalaviar	Tramacastilla de Albarracín	15	Alta
Turia	Turia	Guadalaviar	Torres de Albarracín	15	Severa
Turia	Turia	Guadalaviar	Las Huelgas - Albarracín	15	Severa
Turia	Turia	Guadalaviar	Puente de los Tres Ojos - Albarracín	15	Alta
Turia	Turia	Guadalaviar	Gea de Albarracín	15	Severa
Turia	Turia	Guadalaviar	San Blas - Teruel	15	Leve
Turia	Turia	Turia	Teruel	15	Leve
Turia	Turia	Alfambra	Gúdar	15	Alta
Turia	Turia	Camarena	Valacloche	15	Leve
Turia	Turia	Ebrón	Tormón	15	Ausente
Mijares	Mijares	Linares	Linares de Mira	15	Ausente
Mijares	Mijares	Alcalá	Alcalá de la Selva	8	Severa
Mijares	Mijares	Mijares	La Escaleruela	4	Alta
Mijares	Mijares	Torrijas	Manzanera	6	Severa
Júcar	Júcar	Cabriel	Aguas arriba San Pedro	5	Severa
Júcar	Júcar	Cabriel	Aguas abajo San Pedro	3	Alta

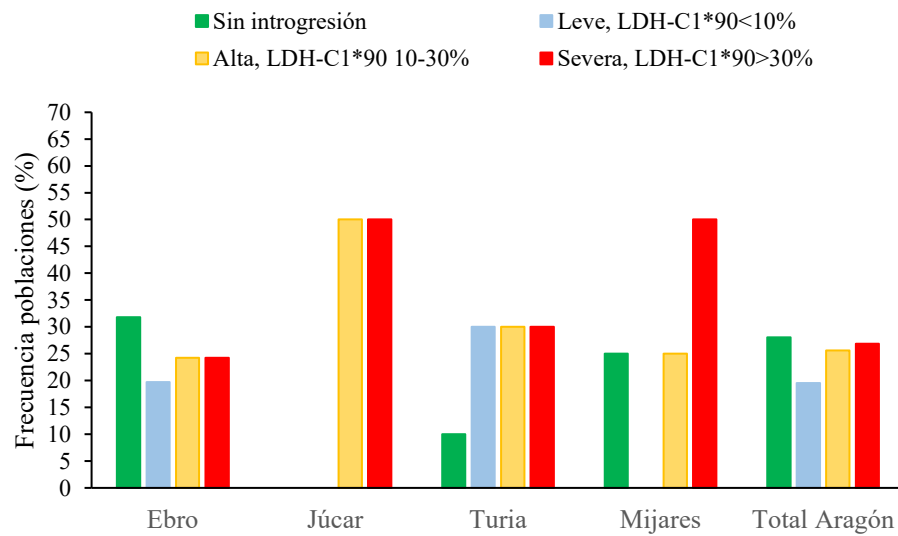


Figura 2. Frecuencia de poblaciones con distintos niveles de introgresión nuclear en las cuencas del Ebro, Júcar, Turia, Mijares y en la totalidad de localidades estudiadas en Aragón.

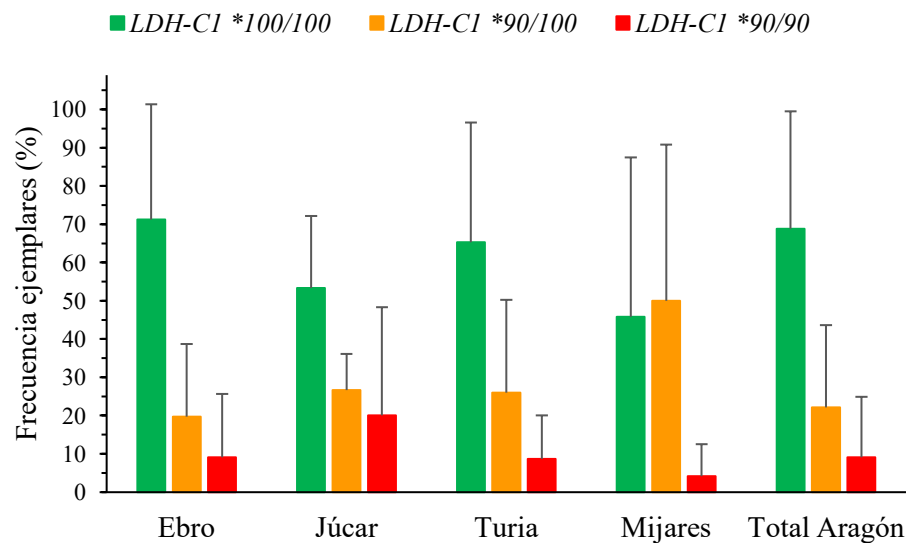


Figura 3. Frecuencia media (% \pm desviación típica) de cada uno de los genotipos encontrados en las localidades de las cuencas del Ebro, Júcar, Turia, Mijares y en la totalidad de las localidades estudiadas en Aragón.

Tabla 6. Frecuencia de los haplotipos noratlánticos exóticos en los ríos de la margen izquierda de la cuenca del Ebro (Pirineo) en Aragón y frecuencia del alelo *LDH-CI*90* en las poblaciones, según cuatro categorías (**ausente**, **leve** $\leq 10\%$, **alta** 10-30%, **severa** $\geq 30\%$).

Código	Cuenca	Subcuenca	Río	Localidad	<i>LDH-CI*90</i>	AT _{EX1}	AT _{EX2}	AT _{EX3}	AT _{EX4}	AT _{EX5}	TOTAL _{EX}
AR_001	Ebro	Aragón	Veral	Zuriza	Severa	-	Leve	-	-	-	Leve
AR_003	Ebro	Aragón	Veral	Ansó puente carretera	Leve	-	-	-	-	Severa	Severa
AR_004	Ebro	Aragón	Aragón Subordán	Articallena	Alta	-	-	-	Alta	-	Alta
AR_005	Ebro	Aragón	Aragón Subordán	Tramo libre "Puente de Santa Ana"-Hecho	Alta	-	-	-	Alta	-	Alta
AR_008	Ebro	Aragón	Canal Roya	Canfranc	Ausente	Leve	-	-	Alta	-	Leve
AR_009	Ebro	Aragón	Aragón	Canfranc	Leve	-	-	-	Alta	-	Alta
AR_012	Ebro	Aragón	Aragón Subordán	Aguas Tuertas	Severa	Alta	-	-	Severa	-	Severa
AR_013	Ebro	Aragón	Aragón Subordán	Barranco Urdués	Alta	Alta	-	-	Leve	-	Alta
GA_002	Ebro	Gállego	Aguas Limpias	La Sarra	Severa	-	Leve	Alta	-	-	Alta
GA_003	Ebro	Gállego	Aguas Limpias	Sallent de Gállego	Severa	Alta	-	Alta	-	-	Severa
GA_004	Ebro	Gállego	Gállego	Biescas	Leve	Leve	-	-	-	-	Leve
GA_005	Ebro	Gállego	Aguas Limpias	Ibón de Arrieles	Severa	Severa	-	-	-	-	Severa
GA_006	Ebro	Gállego	Aguas Limpias	Embalse de Campo Plano	Severa	-	Severa	Leve	-	-	Severa
GA_007	Ebro	Gállego	Aguas Limpias	Embalse Respomuso	Severa	-	Severa	Alta	-	-	Severa
GA_008	Ebro	Gállego	Escarra	Sallent de Gállego	Severa	Leve	-	Leve	-	-	Alta
GA_011	Ebro	Gállego	Caldarés	Panticosa	Severa	-	-	-	Alta	-	Alta
AL_001	Ebro	Alcanadre	Flúmen	San Julián de Banzo	Severa	-	Severa	Severa	-	-	Severa
CI_001	Ebro	Cinca	Ara	San Nicolás de Bujaruelo	Severa	Leve	-	Leve	Leve	Leve	Alta
CI_002	Ebro	Cinca	Ara	Pista Torla-Bujaruelo	Severa	Leve	-	Alta	Leve	-	Alta
CI_003	Ebro	Cinca	Arazas	Gradas de Soaso	Alta	-	-	-	Alta	-	Alta
CI_008	Ebro	Cinca	Cinqueta	Plan	Alta	Leve	-	-	-	-	Leve
CI_009	Ebro	Cinca	Ara	Río Otal	Severa	Severa	-	-	-	-	Severa
ES_001	Ebro	Ésera	Ésera	Benasque	Severa	Alta	Leve	-	-	-	Alta
ES_003	Ebro	Ésera	Ésera	Campo	Leve	-	-	-	-	Leve	Leve
ES_004	Ebro	Ésera	Isábena	Laspaúles	Alta	Leve 7	-	-	-	-	Leve

Tabla 7. Frecuencia de los haplotipos noratlánticos exóticos en los ríos de la margen derecha de la cuenca del Ebro (Sistema Ibérico) en Aragón y frecuencia del alelo *LDH-C1*90* en las poblaciones, según cuatro categorías (**ausente**, **leve** $\leq 10\%$, **alta** 10-30%, **severa** $\geq 30\%$).

Código	Cuenca	Subcuenca	Río	Localidad	<i>LDH-C1*90</i>	AT _{EX1}	AT _{EX2}	AT _{EX3}	AT _{EX4}	AT _{EX5}	TOTAL _{EX}
HU_001	Ebro	Huecha	Barranco Pedregal	San Martín	Alta	Severa	-	-	-	-	Severa
HU_002	Ebro	Huecha	Barranco Pedregal	San Martín - Matalpuente	Alta	Alta	-	-	-	-	Alta
JA_001	Ebro	Jalón	Isuela	Purujosa	Alta	-	Alta	Severa	-	-	Severa
JA_002	Ebro	Jalón	Manubles	Bijuesca	Alta	Leve	-	-	-	-	Leve
HV_001	Ebro	Huerva	Huerva	Villahermosa del Campo	Leve	Severa	-	-	-	-	Severa
AG_001	Ebro	Aguasvivas	Aguasvivas	Huesa del Común	Severa	-	-	Severa	-	Alta	Severa
GU_003	Ebro	Guadalope	Guadalope	Aliaga	Ausente	Severa	-	-	-	-	Severa
GU_004	Ebro	Guadalope	Guadalope	Órganos de Montoro	Severa	-	-	Leve	-	-	Leve
GU_005	Ebro	Guadalope	Pitarque	Villarluengo	Alta	Leve	-	Alta	-	-	Alta
GU_006	Ebro	Guadalope	Guadalope	Castellote	Alta	Alta	Alta	-	-	-	Severa
MT_001	Ebro	Matarraña	Matarraña	Beceite el Parrizal	Alta	-	Severa	-	-	-	Severa
MT_002	Ebro	Matarraña	Matarraña	Azud de La Fresneda	Severa	-	-	Severa	-	-	Severa

Tabla 8. Frecuencia de los haplotipos noratlánticos exóticos en los ríos de las cuencas del Turia, Mijares y Júcar en Aragón y frecuencia del alelo *LDH-C1*90* en las poblaciones, según cuatro categorías (**ausente**, **leve** $\leq 10\%$, **alta** 10-30%, **severa** $\geq 30\%$).

Código	Cuenca	Subcuenca	Río	Localidad	<i>LDH-C1*90</i>	AT _{EX1}	AT _{EX2}	AT _{EX3}	AT _{EX4}	AT _{EX5}	TOTAL _{EX}
TU_001	Turia	Turia	Guadalaviar	Tramacastilla de Albarracín	Alta	-	-	Leve	-	-	Leve
TU_003	Turia	Turia	Guadalaviar	Las Huelgas - Albarracín	Severa	Alta	-	Leve	-	-	Alta
TU_004	Turia	Turia	Guadalaviar	Puente de los Tres Ojos - Albarracín	26.7	Alta	-	Alta	-	-	Alta
TU_005	Turia	Turia	Guadalaviar	Gea de Albarracín	Severa	Alta	Severa	-	-	Leve	Severa
TU_007	Turia	Turia	Turia	Teruel	Leve	Leve	-	-	-	-	Leve
TU_008	Turia	Turia	Alfambra	Gúdar	Alta	-	Severa	-	-	-	Severa
TU_009	Turia	Turia	Camarena	Valacloche	Leve	Severa	-	-	-	-	Severa
CA_001	Júcar	Júcar	Cabriel	Aguas arriba San Pedro	Severa	Severa	-	-	-	-	Severa
MI_004	Mijares	Mijares	Torrijas	Manzanera	Alta	-	-	Severa	-	-	Severa

DIVERSIDAD GENÉTICA

Los resultados obtenidos a partir del estudio de la región control o D-Loop del ADN mitocondrial, y el análisis de 12 loci microsatélites, muestran la gran diferenciación genética existente entre las poblaciones de Trucha Común de Aragón. El estudio de loci microsatélites ha revelado un importante grado de diferenciación genética entre las poblaciones. Esta elevada diferenciación dentro de las subcuencas dificulta el desarrollo de líneas autóctonas, que se plantea mucho más complejo que el basado únicamente en el análisis del ADN mitocondrial.

Los niveles de diversidad genética mitocondrial y nuclear en Aragón fueron elevados, situándose dentro del rango descrito para la especie en poblaciones europeas e ibéricas. Los loci microsatélites mostraron valores de diversidad genética superiores a los detectados con el análisis de la región control del ADN mitocondrial. La elevada tasa de mutación de estos marcadores explicaría los mayores niveles de diversidad intrapoblacional encontrados. La combinación de los marcadores nucleares y mitocondriales ha permitido analizar con más detalle la variabilidad y estructuración genética existente en las poblaciones de Trucha Común de Aragón.

Se ha detectado la presencia de un total 20 haplotipos de trucha diferentes, 13 de ellos identificados como nativos de cuencas mediterráneas y los otros siete como exóticos (Tablas 9 a 11, Figuras 4 a 10). Los haplotipos nativos pertenecen a dos grandes líneas evolutivas mediterráneas: línea *Adriática-Suribérica* en la que se identificaron los haplotipos **ADs1**, **ADs6**, **ADs8**, **ADs9**, **ADs10** y **ADs11** y la línea *Mediterránea-Ibérica*, en la que se identificaron los haplotipos **ME1**, **ME3**, **ME4**, **ME5**, **ME6**, **ME7** y **ME8**. Se identificaron seis haplotipos nativos como nuevos, es decir, que no han sido descritos en otras cuencas mediterráneas analizadas con anterioridad, son **ADs10**, **ADs11**, **ME5**, **ME6**, **ME7** y **ME8**. Todos ellos se localizaron únicamente en la cuenca del río Ebro en Pirineos, en los ríos Aragón, Aguas Limpias, Ésera, Llauset y Baliera.

La variabilidad genética mitocondrial observada no se distribuyó de manera homogénea, encontrando desde poblaciones completamente monomórficas hasta otras con valores de diversidad elevados. La cuenca del Ebro, considerada en su conjunto, presentó valores de diversidad haplotípica y nucleotídica nativa muy elevados ($h_n = 0,652 \pm 0,012$; $\pi_n = 0,003 \pm 0,002$), siendo algo superiores en el Pirineo (rango, $h_n = 0,179-0,616$; $\pi_n = 0,001-0,003$) en comparación con el Sistema Ibérico (rango, $h_n = 0,000-0,439$, $\pi_n = 0,000-0,001$). Sin embargo, los valores medios de diversidad en la cuenca del Turia fueron menores ($h_n = 0,188 \pm 0,049$, $\pi_n = 0,001 \pm 0,000$), alcanzando los valores más bajos en el Mijares ($h_n = 0,065 \pm 0,059$, $\pi_n = 0,000$) y Júcar ($\pi_t = 0,005 \pm 0,003$, $\pi_n = 0,001 \pm 0,001$).

Tabla 9. Frecuencia media de los diferentes haplotipos para la secuencia del gen D-Loop de la Trucha común identificados en las localidades de las subcuencas estudiadas de la margen izquierda del Ebro (Pirineo) en Aragón. Los haplotipos identificados como nuevos en el estudio se indican con un asterisco y los nativos mayoritarios en negrita; *h*: diversidad haplotípica; π : diversidad nucleotídica.

	ARAGÓN	GÁLLEGO	ALCANADRE	CINCA	ÉSERA	NOGUERA R.
AD_{SI}1	73,33	5,99	51,11	22,70	48,00	57,78
AD_{SI}8	1,54	1,80	0	3,07	0	0
AD_{SI}9	0	5,39	0	1,29	0	0
AD_{SI}10*	0	0	0	0	16,00	0
AD_{SI}11*	0	0	0	0	0	13,33
ME1	4,10	45,51	20,00	61,35	29,33	28,89
ME3	0,51	0	0	1,23	0	0
ME5*	0	14,37	0	0	0	0
ME6*	0	0,60	0	0	0	0
ME7*	1,03	0	0	0	0	0
ME8*	0,51	0	0	0	0	0
AT_{NI}23	0,51	0	0	0	0	0
AT_{EX}1	3,08	10,78	0	5,52	4,00	0
AT_{EX}2	0,51	7,19	11,11	0	1,33	0
AT_{EX}3	0	6,59	17,78	1,84	0	0
AT_{EX}4	8,72	1,80	0	2,45	0	0
AT_{EX}5*	6,15	0	0	0,61	1,33	0
% nativo	81,03	73,65	71,11	89,57	93,33	100
% exótico	18,97	26,35	28,89	10,43	6,67	0
<i>h</i> nativo	0,179 ± 0,041	0,572 ± 0,043	0,417 ± 0,072	0,468 ± 0,038	0,616 ± 0,033	0,578 ± 0,054
π nativo	0,001 ± 0,001	0,002 ± 0,001	0,002 ± 0,001	0,002 ± 0,001	0,002 ± 0,001	0,003 ± 0,002
<i>h</i> total	0,450 ± 0,043	0,748 ± 0,029	0,670 ± 0,053	0,570 ± 0,037	0,665 ± 0,035	0,578 ± 0,054
π total	0,003 ± 0,002	0,005 ± 0,003	0,005 ± 0,003	0,004 ± 0,002	0,003 ± 0,002	0,003 ± 0,002

Tabla 10. Frecuencia media de los diferentes haplotipos para la secuencia del gen D-Loop de la Trucha común identificados en las localidades de las subcuencas estudiadas de la margen derecha del Ebro (Sistema Ibérico) en Aragón. Los haplotipos identificados como nuevos en el estudio se indican con un asterisco y los nativos mayoritarios en negrita; h : diversidad haplotípica; π : diversidad nucleotídica.

	HUECHA	JALÓN	HUERVA	AGUASVIVAS	GUADALOPE	MATARRAÑA
AD _{SI} 1	88,89	3,61	0	0	75,00	0
AD _{SI} 6	0	14,46	0	0	0	0
AD _{SI} 8	0	66,27	0	40,00	0	0
AD _{SI} 9	0	1,20	0	0	0	0
ME1	0	1,20	0	0	0	43,33
ME3	0	3,61	0	0	9,62	0
AT _{EX} 1	11,11	1,20	100	0	7,69	0
AT _{EX} 2	0	2,41	0	0	1,92	40,00
AT _{EX} 3	0	6,02	0	46,67	5,77	16,67
AT _{EX} 5*	0	0	0	13,33	0	0
% nativo	88,89	90,36	0	40,00	84,62	43,33
% exótico	11,11	9,64	100	60,00	15,38	56,67
h nativo	0,000 \pm 0,000	0,439 \pm 0,064	-	0,000 \pm 0,000	0,206 \pm 0,074	0,000 \pm 0,000
π nativo	0,000 \pm 0,000	0,001 \pm 0,001	-	0,000 \pm 0,000	0,001 \pm 0,001	0,000 \pm 0,000
h total	0,200 \pm 0,058	0,539 \pm 0,061	0,000 \pm 0,000	0,648 \pm 0,072	0,427 \pm 0,081	0,646 \pm 0,041
π total	0,001 \pm 0,001	0,002 \pm 0,001	0,000 \pm 0,000	0,004 \pm 0,002	0,003 \pm 0,002	0,005 \pm 0,003

Tabla 11. Frecuencia media de los diferentes haplotipos para la secuencia del gen D-Loop de la Trucha común identificados en las localidades de las cuencas del Turia, Mijares y Júcar (Cabriel) en Aragón. Los haplotipos identificados como nuevos en el estudio se indican con un asterisco y los nativos mayoritarios en negrita; h : diversidad haplotípica; π : diversidad nucleotídica.

	TURIA	CABRIEL	MIJARES
AD _{SI} 1	2,68	-	3,03
AD _{SI} 8	4,70	-	-
ME1	65,77	28,57	90,91
ME4	-	42,86	-
AT _{TA} 2	1,34	-	-
AT _{EX} 1	14,77	28,57	-
AT _{EX} 2	7,38	-	-
AT _{EX} 3	2,68	-	6,06
AT _{EX} 5*	0,67	-	-
% nativo	73,15	71,43	93,94
% exótico	26,85	28,57	6,06
h nativo	0,188 \pm 0,049	0,600 \pm 0,175	0,065 \pm 0,059
π nativo	0,001 \pm 0,000	0,001 \pm 0,001	0,000 \pm 0,000
h total	0,540 \pm 0,045	0,762 \pm 0,115	0,174 \pm 0,086
π total	0,004 \pm 0,002	0,005 \pm 0,003	0,002 \pm 0,001

El estudio de la región control del ADN mitocondrial ha permitido delimitar cuatro grandes grupos diferentes para la Trucha Común en Aragón: (1) Línea *Adriática-Suribérica*, mayoritaria y caracterizada por el haplotipo **AD_{SI}1**, incluye seis subcuencas del Ebro: cuatro de Pirineos (Aragón, Alcanadre, Ésera, Noguera-Ribagorzana) y dos del Sistema Ibérico (Huecha, Guadalupe); (2) Línea *Adriática-Suribérica*, minoritaria y caracterizada por el haplotipo **AD_{SI}8**, incluye dos subcuencas del Ebro en el Sistema Ibérico (Jalón, Aguasvivas); (3) Línea *Mediterránea-Ibérica*, mayoritaria y caracterizada por el haplotipo **ME1**, incluye cuatro subcuencas del Ebro, dos de Pirineos (Gállego, Cinca) y una del Sistema Ibérico (Matarraña), así como las cuencas del Turia y Mijares; (4) Línea *Mediterránea-Ibérica*, minoritaria y caracterizada por el haplotipo **ME4**, incluye la cuenca del Júcar (subcuenca del Cabriel).

La diversidad nuclear de la cuenca del Ebro presentó valores altos y similares al resto de cuencas mediterráneas ibéricas ($A = 63$, $A_R = 3,92$, $H_e = 0,416$), mostrando diferencias altas entre las distintas subcuencas analizadas. Así, en las subcuencas pirenaicas contrastan los valores altos o medios de las subcuencas del Gállego, Alcanadre, Cinca y Ésera ($H_e = 0,440$), con los valores algo menores del Aragón y Noguera Ribagorzana ($H_e = 0,367$). En el Sistema Ibérico, se diferencian los valores altos de las

subcuencas del Huerva, Aguasvivas, Guadalope y Matarraña ($H_e = 0,490$) con los bajos del Huecha y Jalón ($H_e = 0,272$). Los valores de diversidad nuclear intrapoblacional de las restantes cuencas mediterráneas de Aragón mostraron diferencias aún mayores, siendo muy altos en las cuencas del Turia y Cabriel ($H_e = 0,581$) y bajos en la cuenca del Mijares ($H_e = 0,371$).

La menor variabilidad encontrada en algunas cuencas y subcuencas podría deberse a la presencia de poblaciones relativamente aisladas, siendo probable que algunas situadas en las cabeceras de los ríos sufran limitaciones en el flujo génico, un proceso de aislamiento y efecto de la deriva genética, que ha influido en la consiguiente pérdida de diversidad intrapoblacional. Del mismo modo, algunos autores atribuyen la baja heterocigosis encontrada en algunas cuencas mediterráneas a las fluctuaciones en el tamaño poblacional debidas a la inestabilidad ambiental de las cuencas en el sur de Europa. Asimismo, se ha observado una variabilidad genética baja en poblaciones sometidas a acciones antropogénicas como la construcción de presas, que producen fragmentación y aislamiento de las poblaciones.

El 90,1% de los loci mostraron desviaciones significativas del equilibrio $H-W$, disminuyendo este porcentaje al 19,5% al comparar cada río de forma aislada. Cuatro subcuencas pirenaicas de las seis analizadas de la cuenca del Ebro (Aragón, Cinca, Ésera y Alcanadre) mostraron desviación del equilibrio de $H-W$ y valores de F_{IS} altos y positivos, indicativos de endogamia y déficit de heterocigotos. Por otro lado, las seis subcuencas del Sistema Ibérico se encontraron en equilibrio, con la excepción de la localidad del río Huecha, la localidad baja del río Matarraña y el río Isuela de la subcuenca del Jalón, que mostraron un desvío significativo del equilibrio $H-W$, aunque con valores de F_{IS} próximos a cero, indicativos de ausencia de endogamia. Por último, las cuencas del Turia, Cabriel y Mijares se encontraron en equilibrio poblacional y mostraron un buen estado de conservación genético.

La zona analizada se encuentra próxima al límite meridional de la distribución geográfica de la Trucha Común, donde las condiciones ambientales son muy restrictivas para los requerimientos de la especie. Estas poblaciones periféricas presentan generalmente densidades poblacionales bajas y las consecuencias de la deriva genética, de cuellos de botella y del efecto fundador, así como de las repoblaciones con truchas alóctonas realizadas en el pasado, que podrían explicar las diferencias observadas entre los distintos cursos fluviales.

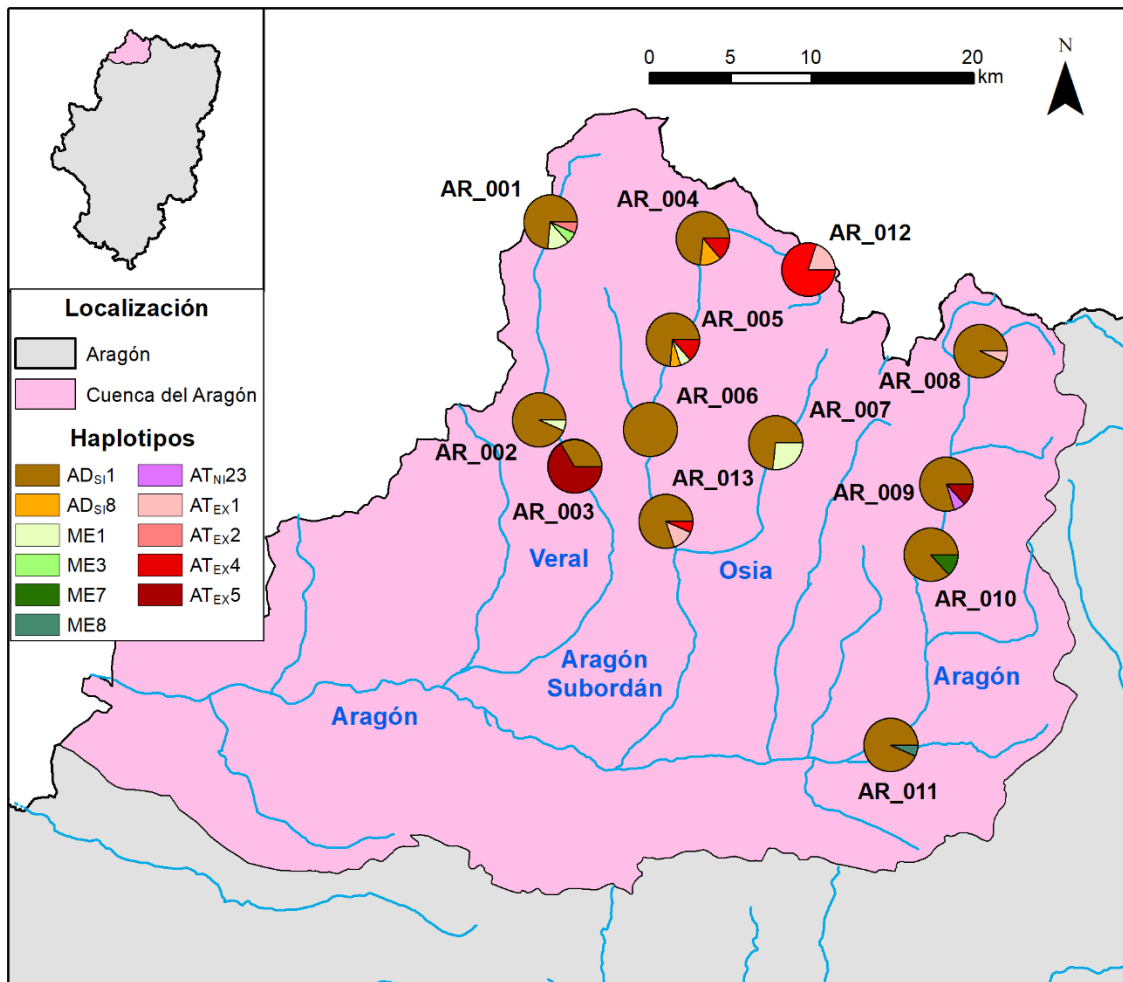


Figura 4. Posición geográfica y frecuencias de los diferentes haplotipos nativos de Trucha común en la subcuenca del río Aragón.

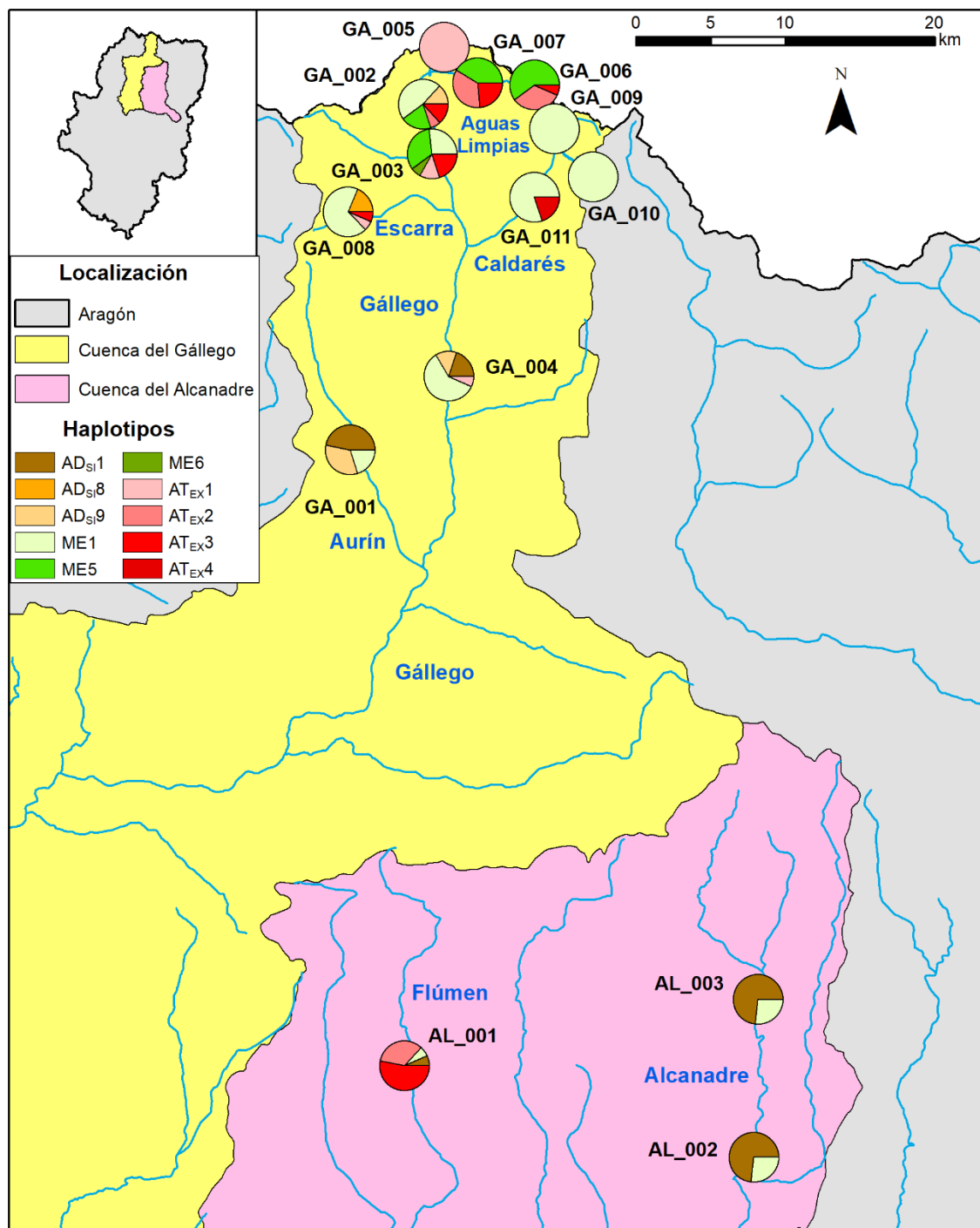


Figura 5. Posición geográfica y frecuencias de los diferentes haplotipos nativos de Trucha común en la subcuenca del río Gállego.

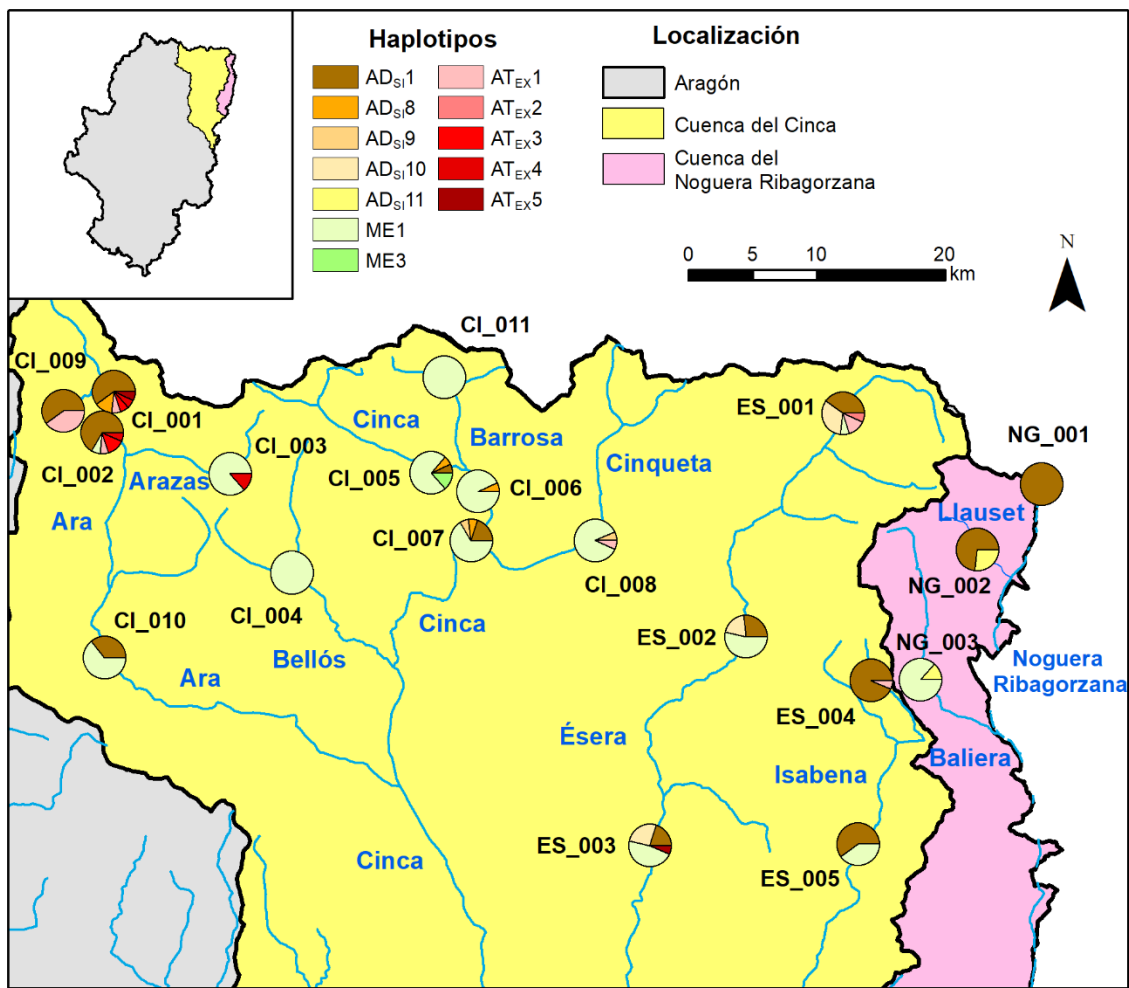


Figura 6. Posición geográfica y frecuencias de los diferentes haplotipos nativos de Trucha común en las subcuencas de los ríos Cinca, Ésera y Noguera Ribagorzana.

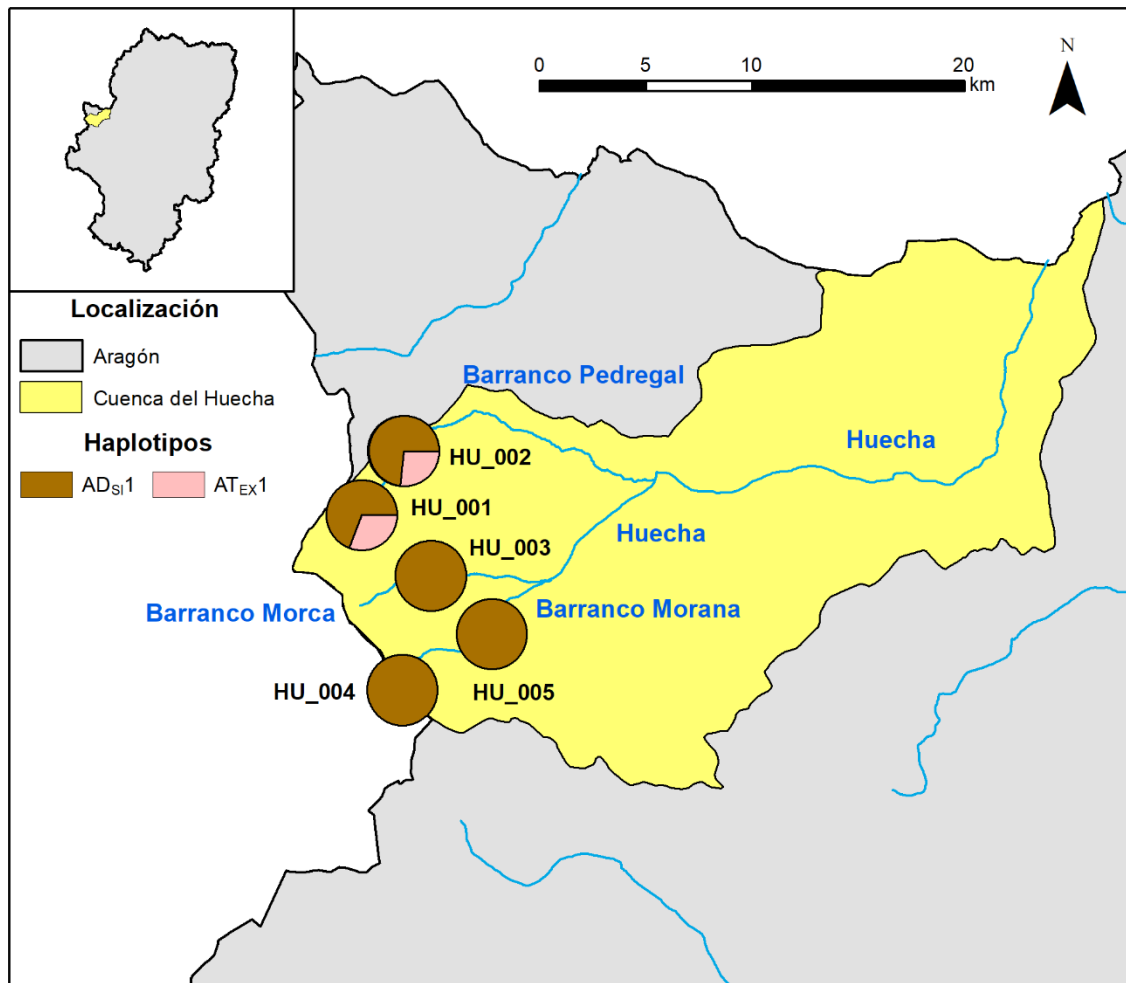


Figura 7. Posición geográfica y frecuencias de los diferentes haplotipos nativos de Trucha común en la subcuenca del Huecha.

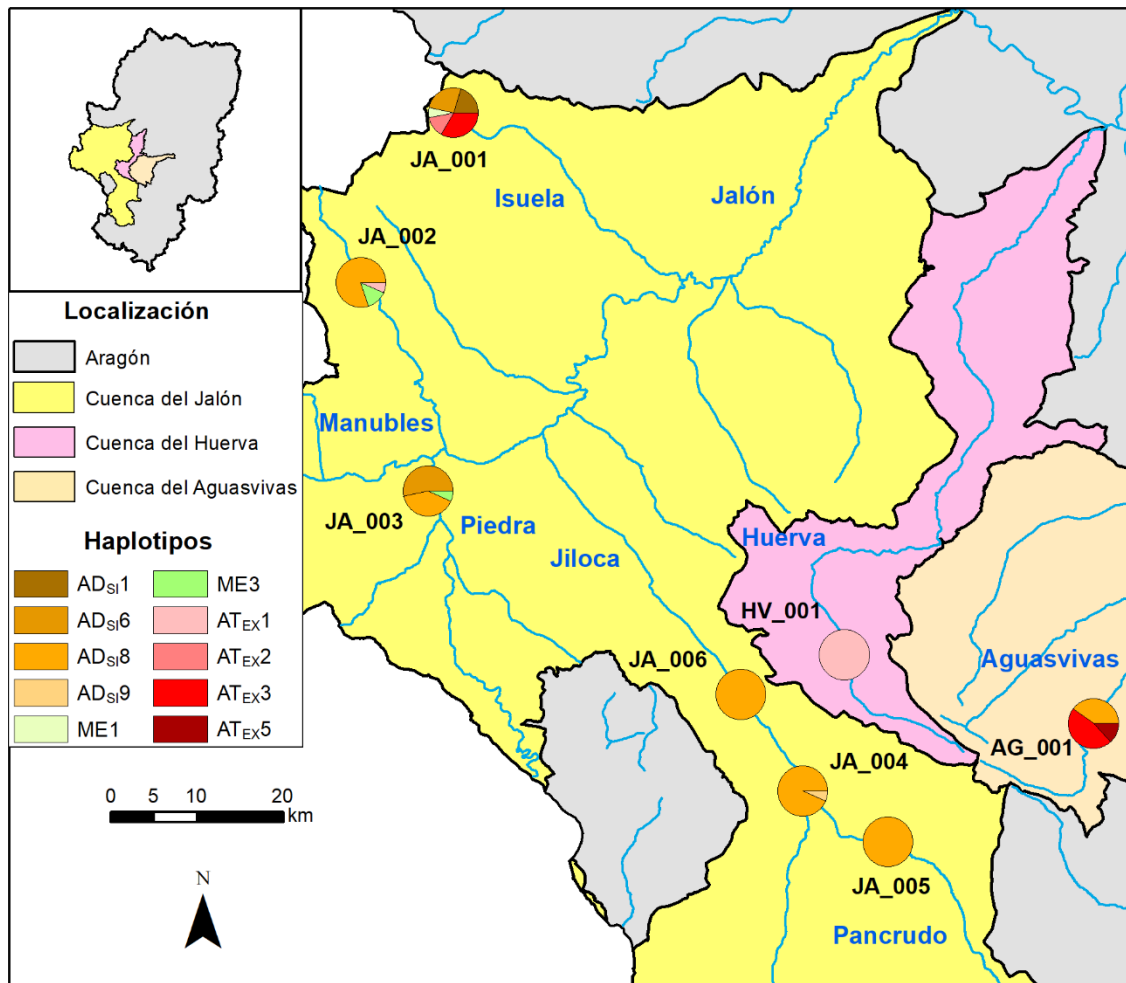


Figura 8. Posición geográfica y frecuencias de los diferentes haplotipos nativos de Trucha común en las subcuencas de los ríos Jalón, Huerva y Aguasvivas.

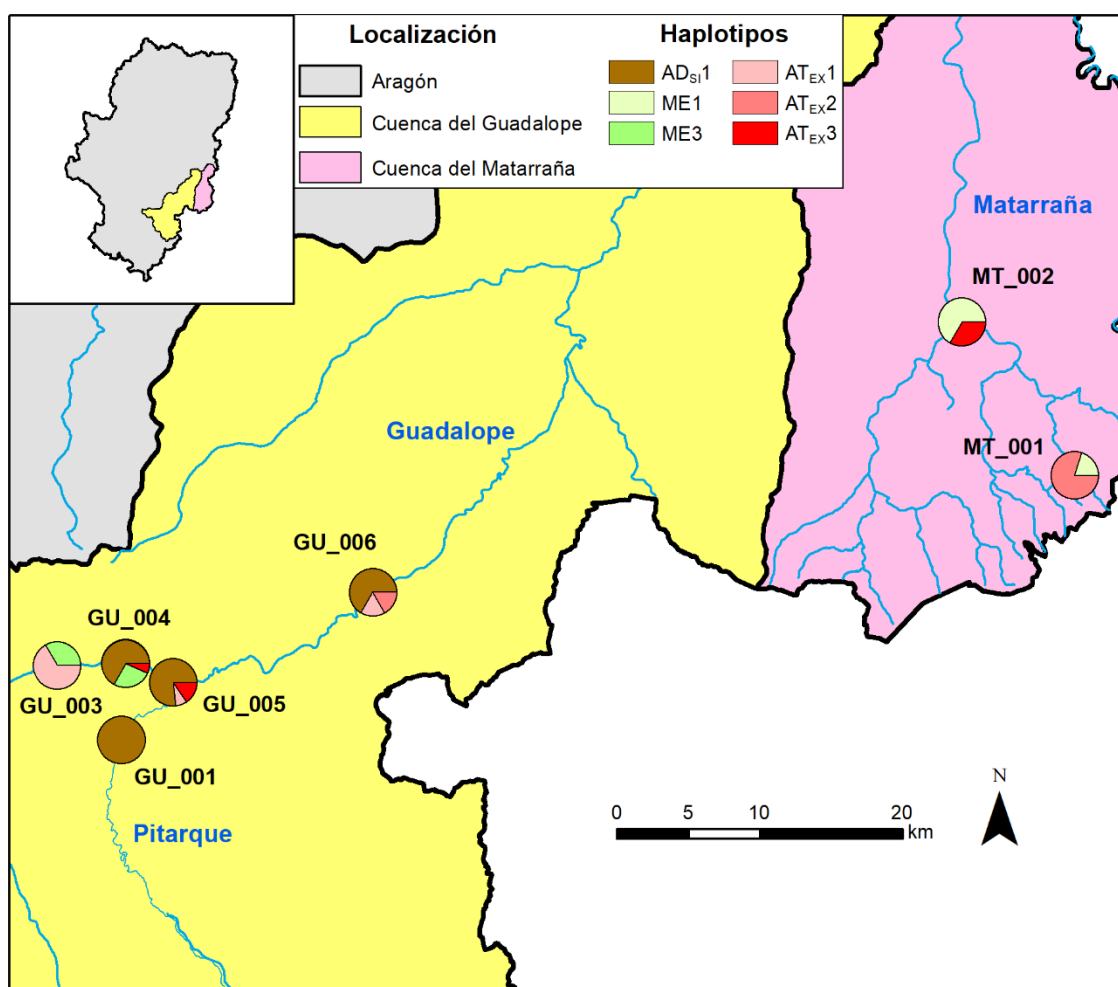


Figura 9. Posición geográfica y frecuencias de los diferentes haplotipos nativos de Trucha común en las subcuencas de los ríos Guadalupe y Matarraña.

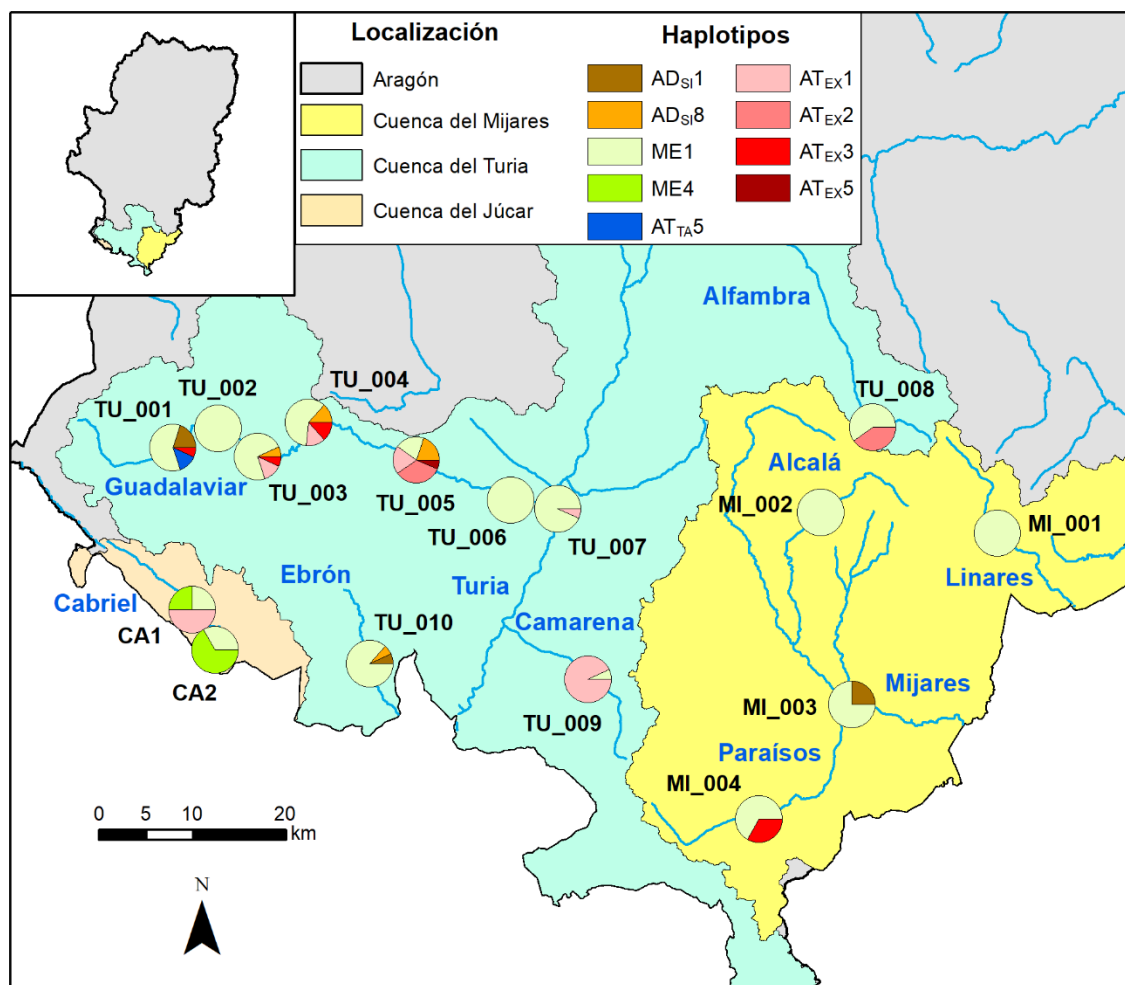


Figura 10. Posición geográfica y frecuencias de los diferentes haplotipos nativos de Trucha común en las cuencas del Turia, Júcar (subcuenca del Cabriel) y Mijares.

ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL

Los niveles de diferenciación genética observados en Aragón pusieron en evidencia una elevada divergencia poblacional entre cuencas, ríos y algunas localidades de muestreo, variando los índices F_{ST} dependiendo de la población comparada. La Trucha Común presenta una elevada estructuración tanto a nivel macro como microgeográfico. De hecho, esta alta diferenciación ha sido observada tanto en grandes cuencas hidrográficas, como en poblaciones próximas separadas o no por barreras infranqueables. Los resultados obtenidos se sitúan dentro del rango descrito para la especie en poblaciones ibéricas mediterráneas. En las poblaciones que presentaron más de un haplotipo para la región control, los valores de diferenciación mitocondrial (F_{ST}) fueron superiores a las estimas obtenidas a partir de los loci microsatélites. Este resultado es el esperado, ya que los loci nucleares presentan un tamaño efectivo cuatro veces superior a los loci heredados uniparentalmente y probablemente reflejan una menor intensidad de la deriva genética en las poblaciones.

Los resultados obtenidos mostraron un alto nivel de estructuración tanto a nivel mitocondrial como nuclear (Figuras 11 a 23). De esta manera, la estructuración encontrada parece estar relacionada principalmente con patrones de diferenciación entre ríos y cuencas, detectándose a nivel nuclear unos moderados niveles de diferenciación relacionados con patrones hidrológicos entre las localidades estudiadas. Los resultados del análisis de AMOVA fueron coherentes con las estructuras poblacionales descritas empleando el programa *STRUCTURE*, observándose, de manera general, una mayor diferenciación entre ríos o grupos de ríos que entre cuencas o localidades. De hecho, esta alta estructuración concuerda con el patrón descrito previamente en poblaciones mediterráneas de la península Ibérica.

Esta elevada estructuración ha permitido junto con la frecuencia de haplotipos distintivos de las líneas *Mediterránea-Ibérica* y *Adriática-Suribérica*, mezcla de las dos líneas, y el nivel de introgresión nuclear y mitocondrial, establecer grupos genéticos diferenciados que han servido para definir 47 unidades de gestión. El algo grado de microdiferenciación geográfica, unido a bajos niveles de dispersión, flujo genético y tamaño poblacional, hacen especialmente vulnerables a las poblaciones a las modificaciones antropogénicas, por lo que su diversidad genética debería ser mantenida para la conservación de la especie.

Estudios previos realizados en esta especie han mostrado la existencia de una compleja estructura en las poblaciones dentro del área mediterránea, generada por numerosos contactos secundarios y procesos de aislamiento y deriva. Además, esta alta diferenciación local puede ser generada o magnificada por la presencia de barreras artificiales que impidan o disminuyan el flujo de ejemplares entre las. Sin embargo, esta elevada estructuración también se ha observado en poblaciones que aparentemente no están aisladas por barreras físicas que dificulten el intercambio génico entre ellas.

Las oscilaciones de caudal que experimentan estos cursos a lo largo del año podrían generar una estructura de metapoblación con pequeños demos interconectados temporalmente. Una estructura similar ha sido descrita en hábitat inestables en poblaciones atlánticas, donde los bajos tamaños poblacionales y las posibles extinciones locales son contrarrestadas por la elevada migración existente. Sin embargo, al contrario de lo observado en estos trabajos, la estructura microgeográfica encontrada en Aragón se habría generado en un escenario en el que la dispersión de los ejemplares está muy limitada, ya sea por la ausencia de poblaciones anádromas, por la presencia de obstáculos artificiales o naturales infranqueables, por las barreras generadas por la oscilación de los caudales o por la alta fidelidad a los lugares de freza de esta especie. Este hecho, sumado a los bajos tamaños poblacionales de algunas poblaciones y a la alta inestabilidad ambiental de la zona, hace a estas poblaciones más sensibles a la extinción local.

La alta diferenciación genética a pequeña escala detectada en Aragón ha sido observada previamente en poblaciones residentes de otros salmónidos, contribuyendo a la diversidad genética global de una región. El carácter local de las poblaciones estudiadas, con distribuciones geográficas restringidas y bajos niveles de dispersión, flujo genético y tamaño poblacional, las hacen especialmente vulnerables a las alteraciones del hábitat. A pesar de que los salmónidos pueden responder a los cambios ambientales en pocas generaciones, la capacidad de adaptación a un medio depende del flujo y deriva genética, así como de la fuerza de la selección y el acervo génico poblacional, por lo que su diversidad genética debe ser mantenida.

SUBCUENCA DEL ARAGÓN

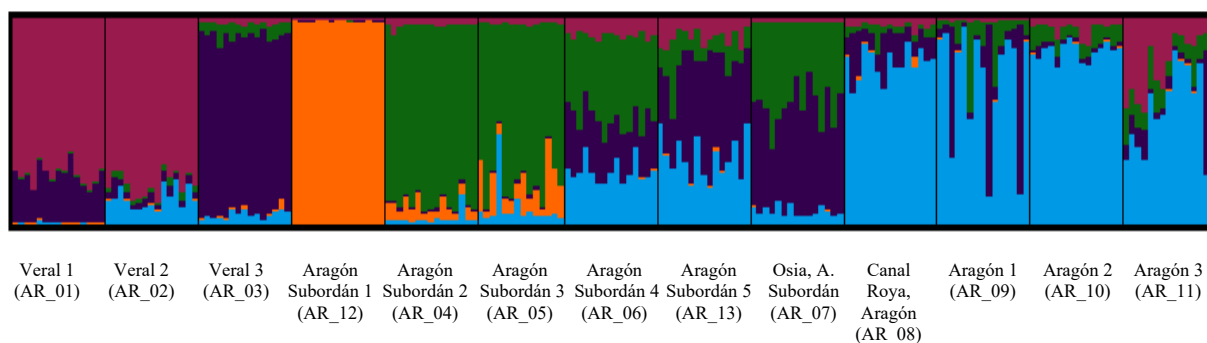


Figura 11. Representación gráfica de la diferenciación y estructura genética obtenidas mediante el programa *STRUCTURE* de las localidades estudiadas en la subcuenca del Aragón. El programa indicó una estructuración genética constituida por cinco poblaciones parentales ($\Delta K = 5$) que permitió agrupar a las localidades en cinco grupos. Un primer grupo formado por las dos localidades altas del río Veral (AR 1 y AR 2), un segundo constituido por la localidad baja del río Veral (AR 3), las localidades bajas del río Aragón Subordán 4 (AR 6) y 5 (AR 6) y el río Osia (AR 6). Un tercer grupo es el conformado únicamente por la localidad más alta del río Aragón Subordán (AR 12) que presenta una línea atlántica exótica e indica introgresión nuclear del 100%. El cuarto grupo reunió a las localidades Aragón Subordán 2 (AR 4) y 3 (AR 5). Finalmente, el quinto grupo lo constituyeron el río Canal Roya (AR8), y las localidades 1 (AR 9), 2 (AR 9) y 3 (AR 9) del río Aragón.

SUBCUENCA DEL GÁLLEGO

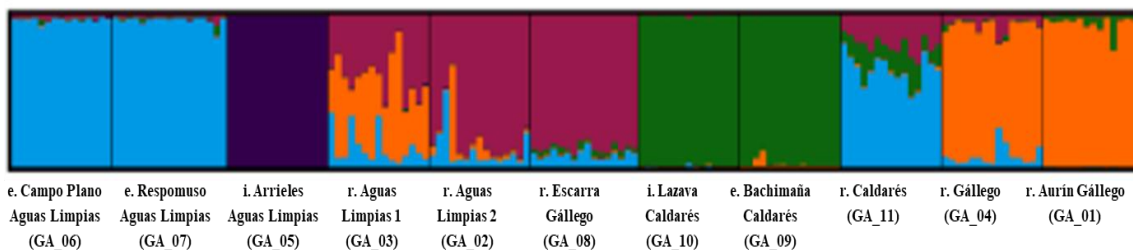


Figura 12. Representación gráfica de la diferenciación y estructura genética obtenidas mediante el programa *STRUCTURE* en las localidades estudiadas en la subcuenca del Gállego. El programa mostró unos resultados que indicaron una estructuración genética constituida por cinco poblaciones parentales ($\Delta K = 5$) que permitió distinguir seis grupos. Un primer grupo formado por los embalses de Campo Plano y Respomuso del río Aguas Limpias, un segundo grupo conformado por el ibón de Arrieles que presentó una línea atlántica exótica, señalando una introgresión nuclear del 100%, un tercer grupo constituido por las dos localidades del río Aguas Limpias y el río Escarra, un cuarto grupo formado por el ibón Lazava y el embalse de Bachimaña del río Gállego, un quinto grupo constituido por el río Caldarés y un último sexto grupo formado por los ríos Gállego y Aurín.

SUBCUENCA DEL ALCANADRE

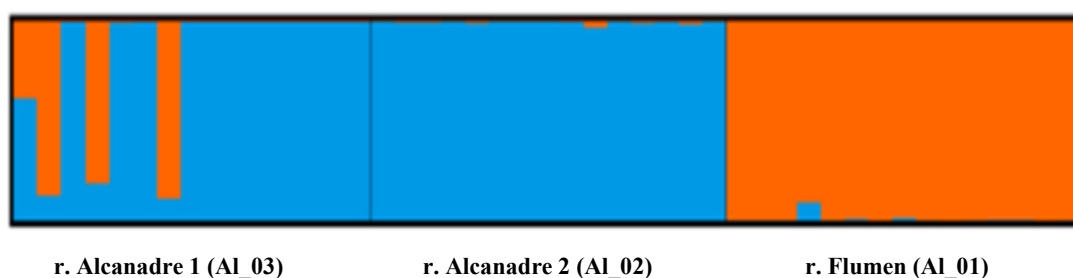


Figura 13. Representación gráfica de la diferenciación y estructura genética obtenidas mediante el programa *STRUCTURE* en las localidades estudiadas en la subcuenca del Alcanadre. Los datos obtenidos con el programa indicaron una estructuración genética constituida por dos poblaciones parentales ($\Delta K = 2$). Se observa un primer grupo formado por las localidades 1 y 2 del río Alcanadre y un segundo grupo constituido el río Flumen.

SUBCUENCA DEL CINCA

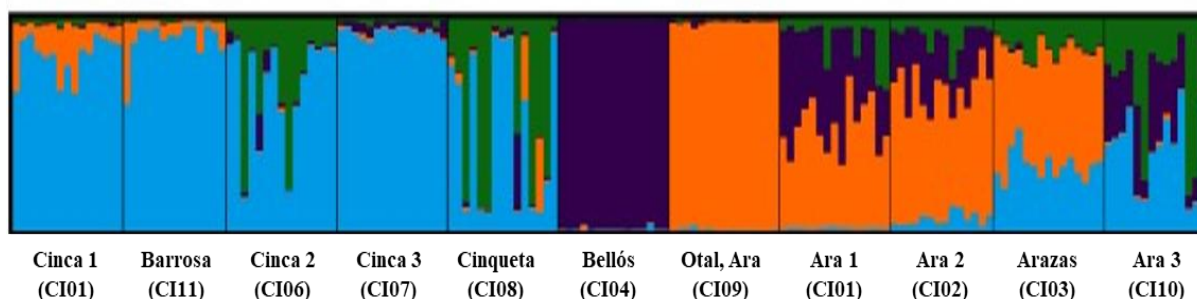


Figura 14. Representación gráfica obtenida mediante el programa *STRUCTURE* de la diferenciación y estructura genética poblacional en las localidades estudiadas en la subcuenca del Cinca. Los resultados del programa indicaron una estructuración genética compleja en la subcuenca del Cinca, constituida por cinco líneas parentales ($\Delta K = 5$) que permitió distinguir siete grupos. Se encontró un primer grupo formado la localidad 1 del río Cinca y el río Barrosa, un segundo conformado por las localidades 2 y 3 del río Cinca y el río Cinqueta, un tercer grupo que separa al río Bellós, un cuarto grupo que diferencia al río Otal, un quinto grupo que diferencia a las localidades 1, 2 y 3 del río Ara y un último séptimo grupo que diferencia al río Arazas.

SUBCUENCA DEL ÉSERA

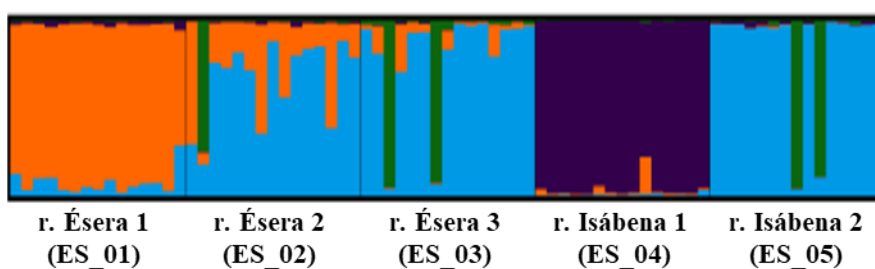


Figura 15. Representación gráfica obtenida mediante el programa *STRUCTURE* de la diferenciación y estructura genética poblacional en las localidades estudiadas en la subcuenca del Ésera. Los resultados obtenidos a partir del programa demostraron la existencia de una estructuración genética constituida por cuatro poblaciones parentales ($\Delta K = 4$). Se distingue un primer grupo formado por la localidad 1 del río Ésera, un segundo grupo que reúne a las localidades 2 y 3 del río Ésera, un tercer grupo constituido por la localidad 1 del río Isábena, y un cuarto y último grupo formado por la localidad 2 del río Isábena.

SUBCUENCA DEL NOGUERA RIBAGORZANA

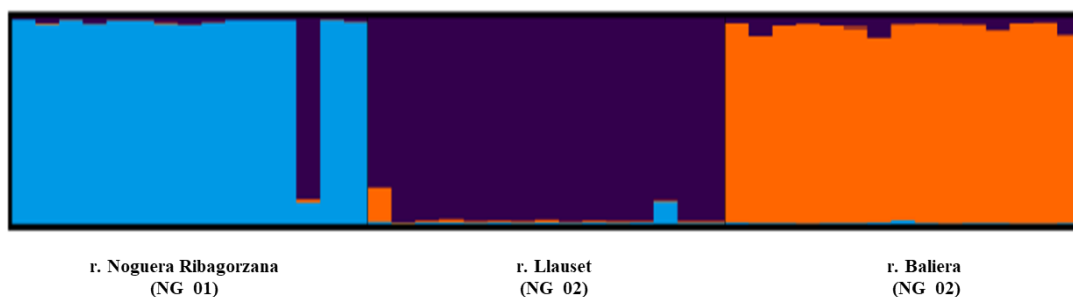


Figura 16. Representación gráfica obtenida mediante el programa *STRUCTURE* de la diferenciación y estructura genética poblacional en las localidades estudiadas en la subcuenca del Noguera Ribagorzana. Los datos obtenidos gracias al programa indicaron una estructuración genética constituida por tres poblaciones parentales ($\Delta K = 3$). Se encuentra un primer grupo formado por el río Noguera Ribagorzana, un segundo grupo por el río Llauset y un tercero constituido por el río Baliera.

SUBCUENCA DEL HUECHA

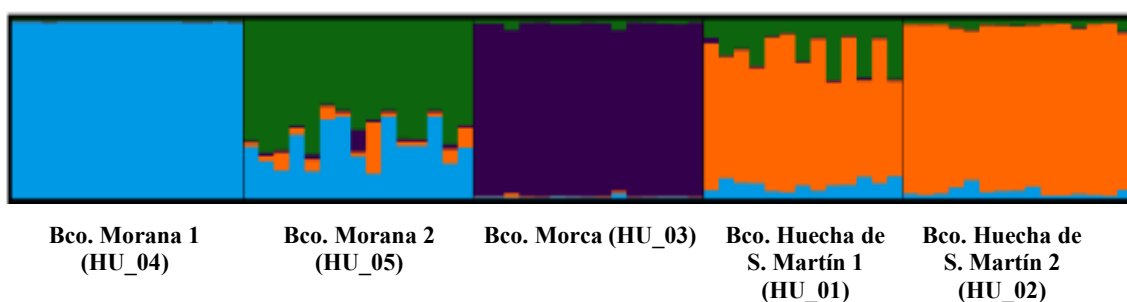


Figura 17. Representación gráfica obtenida mediante el programa STRUCTURE de la diferenciación y estructura genética poblacional en las localidades estudiadas en la subcuenca del Huecha. Los datos obtenidos con el programa indicaron una estructuración genética constituida por cuatro poblaciones parentales ($\Delta K = 4$). Se encontró un primer grupo formado por la localidad 1 del Barranco Morana, un segundo grupo por la localidad 2 del Barranco Morana, un tercero por el Barranco Morca y un último cuarto grupo constituido por las localidades 1 y 2 del Barranco Huecha de S. Martín.

SUBCUENCA DEL JALÓN

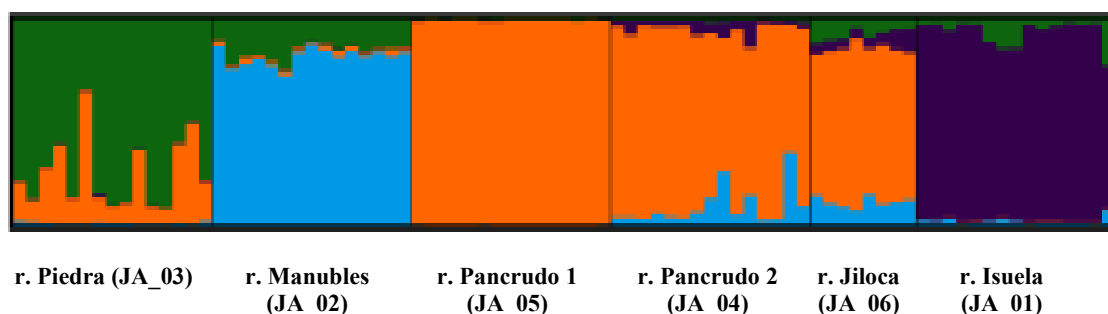


Figura 18. Representación gráfica obtenida mediante el programa STRUCTURE de la diferenciación y estructura genética poblacional en las localidades estudiadas en la subcuenca del Jalón. Los resultados obtenidos con el programa indicaron una estructuración genética constituida por cuatro poblaciones parentales ($\Delta K = 4$), que permiten distinguir un primer grupo formado por el río Piedra, un segundo por el río Manubles, un tercer grupo constituido por los ríos Pancrudo y Jiloca y un último cuarto grupo formado por el río Isuela.

SUBCUENCA DEL GUADALOPE

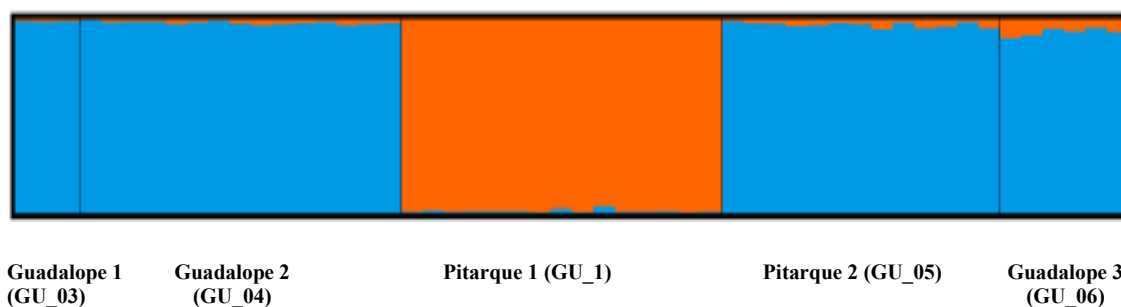


Figura 19. Representación gráfica obtenida mediante el programa STRUCTURE de la diferenciación y estructura genética poblacional en las localidades estudiadas en la subcuenca del Guadalupe. Los datos obtenidos con el programa indicaron una estructuración genética constituida por dos líneas parentales ($\Delta K = 2$). Existe un primer grupo constituido por las localidades 1, 2 y 3 del río Guadalupe y la localidad 2 del río Pitarque y un último segundo grupo formado por la localidad 1 del río Pitarque.

SUBCUENCA DEL MATARRAÑA

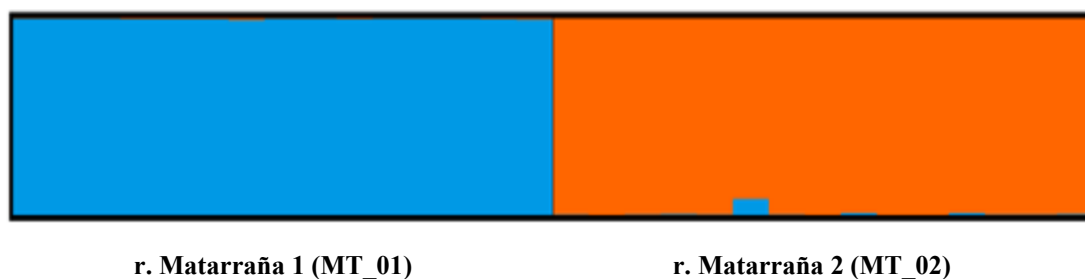


Figura 20. Representación gráfica obtenida mediante el programa STRUCTURE de la diferenciación y estructura genética poblacional en las localidades estudiadas en la subcuenca del Matarraña. Los resultados obtenidos con el programa indicaron una estructuración genética constituida por dos poblaciones parentales ($\Delta K = 2$), encontrándose un primer grupo formado por la localidad 1 del río Matarraña y un segundo grupo por la localidad 2

CUENCA DEL TURIA

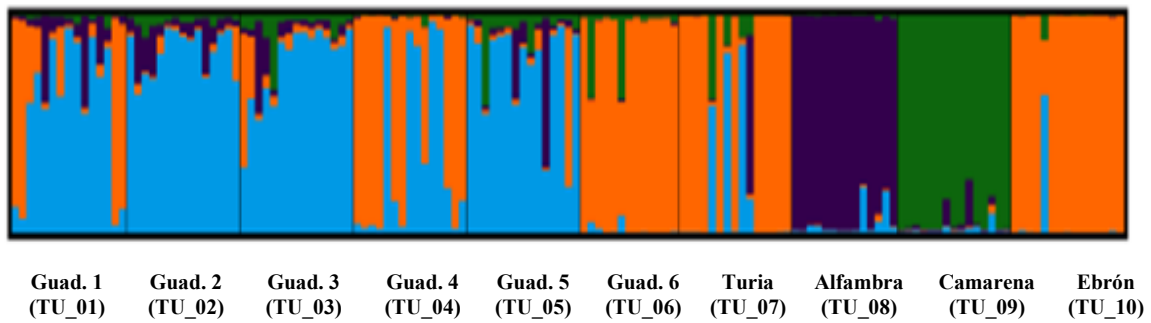


Figura 21. Representación gráfica obtenida mediante el programa *STRUCTURE* de la diferenciación y estructura genética poblacional en las localidades estudiadas en la cuenca del Turia. Los datos obtenidos con el programa indicaron una estructuración genética constituida por cuatro grupos parentales ($\Delta K = 4$). Se distingue un primer grupo constituido por las localidades 1, 2, 3 y 5 del río Guadalaviar, un segundo grupo que está formado por las localidades 4 y 6 del río Guadalaviar, junto con los ríos Turia y el Ebrón. El tercer grupo lo conforma el río Alfambra y el último cuarto grupo lo compone el río Camarena

CUENCA DEL JÚCAR

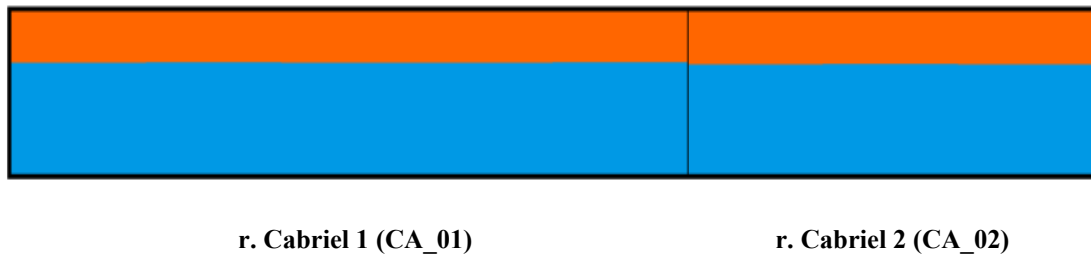


Figura 22. Representación gráfica obtenida mediante el programa *STRUCTURE* de la diferenciación y estructura genética poblacional en las localidades estudiadas en la subcuenca del Cabriel. Los datos obtenidos con el programa indicaron una estructuración genética constituida por una única línea parental ($\Delta K = 1$). Se encontró un único grupo formado por las localidades 1 y 2 del río Cabriel.

CUENCA DEL MIJARES

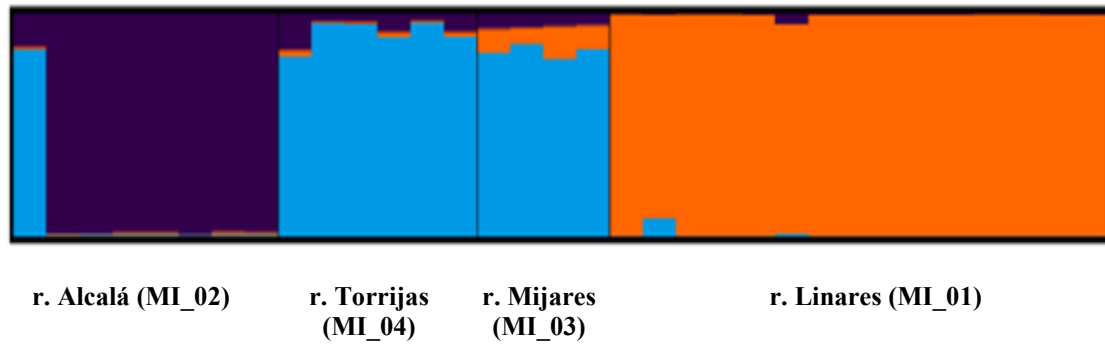


Figura 23. Representación gráfica obtenida mediante el programa STRUCTURE de la diferenciación y estructura genética poblacional en las localidades estudiadas en la cuenca del Mijares. Los resultados del programa mostraron una estructuración genética constituida por tres poblaciones parentales ($\Delta K = 3$), permitiendo diferenciar un primer grupo formado por el río Alcalá, un segundo grupo que reúne a los ríos Torrijas y Mijares, y un último tercer grupo constituido por el río Linares.

DIRECTRICES DE GESTIÓN Y CONSERVACIÓN DE LAS POBLACIONES

Unidades de gestión

Como muestran los resultados del presente trabajo, así como los obtenidos en estudios previos realizados en otras zonas de España, la conservación de la Trucha Común como especie no es suficiente, ya que su potencial evolutivo está representado por su variabilidad genética entre las distintas poblaciones, que debe ser también conservada. En este contexto, los esfuerzos de conservación deberían dirigirse a las diferentes líneas evolutivas existentes dentro de la especie, que están representadas por aquellas poblaciones o conjuntos de poblaciones con una historia evolutiva independiente y características genéticas únicas que contribuyen sustancialmente a la diversidad genética total de la especie.

Según los resultados obtenidos en el presente proyecto, en las nuevas medidas de gestión de la Trucha Común que se emprendan en Aragón deberían tenerse en cuenta las dos líneas principales o linajes evolutivos que existen en la región, *Adriática-Suribérica* y *Mediterránea-Ibérica*. Estas líneas deberían considerarse como Unidades de Conservación separadas, especialmente si en un momento dado fueran necesarias las medidas de conservación *ex situ*. Dentro de cada una de estas líneas deberían establecerse además Unidades de Gestión, que tuvieran en consideración las diferencias interpoblacionales detectadas (Tablas 12 a 23). A continuación, se realiza un resumen de los principales grupos de localidades que pueden distinguirse en las diferentes subcuencas, en función de la frecuencia relativa de los haplotipos adriáticos, mediterráneos y exóticos, así como la estructura poblacional y el nivel de introgresión nuclear. Estos grupos deberían considerarse como unidades de gestión.

CUENCA DEL EBRO. PIRINEO.

Subcuenca del Aragón

Domina la línea *Adriática-Suribérica*, en concreto el haplotipo **ADs1**, con una frecuencia superior al 70% en todas las localidades. En función de la frecuencia de haplotipos distintivos de las líneas *Mediterránea-Ibérica* y *Adriática-Suribérica*, mezcla de las dos líneas, la estructuración poblacional a nivel nuclear y el nivel de introgresión, podrían distinguirse siete unidades de gestión (Tabla 12).

Tabla 13. Unidades de gestión definidas en la subcuenca del Aragón.

Ríos y localidades	Haplotipos distintivos	Líneas genéticas nucleares
Veral 1 (AR 1) y 2 (AR 2)	AD _{SI} 1↑, ME1, ME3	Línea 3
Osia (AR 7)	AD _{SI} 1↑, ME1	Línea 2
Aragón Subordán 2 (AR04) y 3 (AR5)	AD _{SI} 1↑, ME1, AD_{SI}8	Línea 2
Aragón Subordán 4 (AR 6) y 5 (AR 13)	Ninguno (todo AD_{SI}1)	Líneas 2 y 4
Canal Roya (AR 8) y Aragón 1 (AR 9)	Ninguno (todo AD_{SI}1)	Línea 4
Aragón 2 (AR 10) y 3 (AR 11)	AD _{SI} 1↑, ME7, ME8	Línea 4
Veral 3 (AR 3), Aragón Subordán (AR 12)	AT_{EX}4, AT_{EX}5	Líneas 1 y 5 (introgresión)

Subcuenca del Gállego

Domina la línea *Mediterránea-Ibérica* en todas las localidades, en concreto el haplotipo **ME1**, salvo en el río Aurín. En función de la frecuencia de haplotipos distintivos de las líneas *Mediterránea-Ibérica* y *Adriática-Suribérica*, mezcla de las dos líneas, la estructuración poblacional a nivel nuclear y el nivel de introgresión, podrían distinguirse siete unidades de gestión (Tabla 14).

Tabla 14. Unidades de gestión definidas en la subcuenca del Gállego.

Ríos y localidades	Haplotipos distintivos	Líneas genéticas nucleares
e. Campo Plano (GA 6) y e. Respomuso (GA 7)	ME5	Línea 3
Aguas Limpias 1 (GA 2) y 2 (GA 3)	ME5, ME6, AD_{SI}9	Líneas 4 y 5
Gállego (GA 1) y Aurín (GA 4)	AD _{SI} 1, AD_{SI}9	Línea 5
Escarra (GA 8)	AD_{SI}8	Línea 4
Ibón Lavaza (GA 9), e. Bachimana (GA10)	Ninguno (todo ME1)	Línea 2
Caldarés (GA 11)	Ninguno (todo ME1)	Líneas 3 y 4
Ibón Arrieles (GA 7)	AT_{EX}1	Línea 1 (introgresión)

Subcuenca del Alcanadre

En el río principal domina la línea *Adriática-Suribérica*, en concreto el haplotipo **AD_{SI}1**, con una frecuencia superior al 70% en las localidades. La localidad del río Flúmen

tiene un nivel muy elevado de introgresión nuclear y mitocondrial. Por tanto, podrían distinguirse dos unidades de gestión (Tabla 15).

Tabla 15. Unidades de gestión definidas en la subcuenca del Alcanadre.

Ríos y localidades	Haplotipos distintivos	Líneas genéticas nucleares
Alcanadre 1 (AL 2) y 2 (AL 3)	AD _{SI} 1↑, ME1	Línea 1
Flúmen (AL 1)	AD _{SI} 1, ME1, AT _{EX} 2↑, AT _{EX} 3↑	Línea 2↑ (introgresión)

Subcuenca del Cinca

Domina la línea *Mediterránea-Ibérica*, en concreto el haplotipo **ME1**, en casi todas las localidades, salvo en la cabecera del río Ara, donde domina la línea *Adriática-Suribérica* en frecuencia superior al 60% y la línea mediterránea solamente está representada por un ejemplar exótico. En función de la frecuencia de haplotipos distintivos de las líneas *Mediterránea-Ibérica* y *Adriática-Suribérica*, mezcla de las dos líneas, la estructuración poblacional a nivel nuclear y el nivel de introgresión, podrían distinguirse seis unidades de gestión (Tabla 16).

Tabla 16. Unidades de gestión definidas en la subcuenca del Cinca.

Ríos y localidades	Haplotipos distintivos	Líneas genéticas nucleares
Cinca 1 (CI 5), 2 (CI 6) y 3 (CI 7) Cinqueta (CI 8)	ME1 ↑, ME3, AD _{SI} 1, AD _{SI} 8, AD _{SI} 9	Líneas 1, 4, 3 y 2
Barrosa (CI 11)	Ninguno (todo ME1)	Línea 4
Otal (CI 9)	AD_{SI}1	Línea 3
Ara 1 (CI 1), 2 (CI 2) y Ara 3 (CI 10)	AD_{SI}1 ↑, AD _{SI} 8, ME1	Líneas 2 y 3
Arazas (CI 3)	Ninguno (todo ME1)	Líneas 1 y 3
Bellós (CI 4)	Ninguno (todo ME1)	Líneas 2

Subcuenca del Ésera

Domina la línea *Adriática-Suribérica* en general, pero la línea *Mediterránea-Ibérica* alcanza una frecuencia elevada en algunas localidades. En función de la frecuencia de haplotipos distintivos de las líneas *Mediterránea-Ibérica* y *Adriática-Suribérica*, mezcla de las dos líneas, la estructuración poblacional a nivel nuclear y el nivel de introgresión, podrían distinguirse dos unidades de gestión (Tabla 17).

Tabla 17. Unidades de gestión definidas en la subcuenca del Ésera.

Ríos	Haplotipos distintivos	Líneas genéticas nucleares
Ésera	AD _{SI} 10, AD _{SI} 10, ME1	Líneas 2 ↑ y 1
Isábena	AD _{SI} 1 ↑, ME1	Líneas 3 ↑ y 4

Subcuenca del Noguera-Ribagorzana

En el río principal y el río Llauset domina la línea *Adriática-Suribérica*, en concreto el haplotipo **AD_{SI}1**, con una frecuencia superior al 70%. Sin embargo, en el río Baliera domina la línea *Mediterránea-Ibérica*. En función de la frecuencia de haplotipos distintivos de la línea *Adriática-Suribérica*, mezcla de las dos líneas, la estructuración poblacional a nivel nuclear y el nivel de introgresión, podrían distinguirse tres unidades de gestión (Tabla 18).

Tabla 18. Unidades de gestión definidas en la subcuenca del Noguera-Ribagorzana.

Ríos y localidades	Haplotipos distintivos	Líneas genéticas nucleares
N. Ribagorzana (NG 1)	AD _{SI} 1 ↑	Línea 2
Llauset (NG 2)	AD _{SI} 1 ↑, AD _{SI} 11	Línea 3
Baliera (NG 3)	ME1 ↑, AD _{SI} 11,	Línea 1

CUENCA DEL EBRO. SISTEMA IBÉRICO.

Subcuenca del Huecha

Domina la línea *Adriática-Suribérica*, en concreto el haplotipo **AD_{SI}1**, con una frecuencia superior al 70% en todas las localidades. En función de la frecuencia de haplotipos distintivos de la línea *Adriática-Suribérica*, la estructuración poblacional a nivel nuclear y el nivel de introgresión, podrían distinguirse tres unidades de gestión (Tabla 19).

Tabla 19. Unidades de gestión definidas en la subcuenca del Huecha.

Ríos y localidades	Haplotipos distintivos	Líneas genéticas nucleares
Bco. Morana 1(HU 4) y 2 (HU 5)	AD _{SI} 1	Líneas 4 ↑ y 3
Bco. Morca (HU 3)	AD _{SI} 1	Línea 1
Bco. Huecha S. Martín 1 (HU 1) y 2 (HU 2)	AD _{SI} 1 ↑, A _{Tex} 1	Líneas 2 ↑ y 3

Subcuenca del Jalón

Domina la línea *Adriática-Suribérica*, en concreto el haplotipo **AD_{SI}8**, con una frecuencia superior al 80% en casi todas las localidades, salvo los ríos Piedra e Isuela. En función de la frecuencia de haplotipos distintivos de las líneas *Mediterránea-Ibérica* y *Adriática-Suribérica*, mezcla de las dos líneas, la estructuración poblacional a nivel nuclear y el nivel de introgresión, podrían distinguirse cuatro unidades de gestión (Tabla 20).

Tabla 20. Unidades de gestión definidas en la subcuenca del Jalón.

Ríos	Haplotipos distintivos	Líneas genéticas nucleares
Piedra	AD_{SI}6, AD_{SI}8, ME3	Línea 1
Manubles	AD_{SI}8, ME3	Líneas 1 y 4
Pancrudo, Jiloca	AD_{SI}8	Línea 3
Isuela	AD_{SI}1, AD_{SI}6, ME1	Líneas 2 y 4

Subcuencas del Huerva y Aguasvivas

En el río Aguasvivas está presente la línea *Adriática-Suribérica*, en concreto el haplotipo **AD_{SI}8**, pero tiene una frecuencia elevada de haplotipos exóticos, superior al 60%. La localidad del río Huerva solamente presenta un haplotipo exótico. No se distinguen unidades de gestión diferentes.

Subcuenca del Guadalope

Domina la línea *Adriática-Suribérica*, en concreto el haplotipo **AD_{SI}1**, con una frecuencia superior al 65% en todas las localidades salvo la cabecera del río Guadalope (GU03), donde está ausente. En función de la frecuencia de haplotipos distintivos de la línea *Mediterránea-Ibérica*, la estructuración poblacional a nivel nuclear y el nivel de introgresión, podrían distinguirse tres unidades de gestión (Tabla 21).

Tabla 21. Unidades de gestión definidas en la subcuenca del Guadalope.

Ríos y localidades	Haplotipos distintivos	Líneas genéticas nucleares
Guadalope 1 (GU 3) y 2 (GU 4)	ME3, AT_{EX}1	Línea 2
Pitarque	Ninguno (todo AD_{SI}1)	Línea 1
Guadalope 5 (GU 5) y 6 (GU 6)	Ninguno (todo AD_{SI}1)	Línea 2

Subcuenca del Matarraña

En el río Matarraña únicamente está presente la línea *Mediterránea-Ibérica*, en concreto el haplotipo **ME1**, pero tiene una frecuencia elevada de haplotipos exóticos. No se distinguen unidades de gestión diferentes.

CUENCAS DEL TURIA, MIJARES Y JÚCAR

Cuenca del Turia

Domina la línea *Mediterránea-Ibérica*, en concreto el haplotipo **ME1**, con una frecuencia superior al 60% en casi todas las localidades, salvo dos donde la frecuencia de haplotipos exóticos es elevada. En función de la frecuencia de haplotipos distintivos de las líneas *Mediterránea-Ibérica* y *Adriática-Suribérica*, mezcla de las dos líneas, la estructuración poblacional a nivel nuclear y del nivel de introgresión mitocondrial, podrían distinguirse seis unidades de gestión (Tabla 22).

Tabla 22. Grupos de localidades definidos en la cuenca del Turia.

Ríos y localidades	Haplotipos distintivos	Líneas genéticas nucleares
Guadalaviar 1 (TU 1)	ME1 ↑, AD _{SI} 1	Líneas 2, 3 y 4
Guadalaviar 3 (TU 3), 4 (TU 4) y 5 (TU 5)	ME1 ↑, AD _{SI} 8	Líneas 1, 2, 3 y 4↑
Guadalaviar 2 (TU 2) y 6 (TU 6), Turia (TU 7)	Ninguno (todo ME1)	Líneas 1, 2↑, 3 y 4
Alfambra (TU 8)	Ninguno (todo ME1)	Línea 3
Ebrón (TU 10)	ME1 ↑, AD _{SI} 1, AD _{SI} 8	Línea 2
Camarena (TU 9)	AT_{EX}1	Línea 1 (introgresión)

Cuenca del Mijares

Solamente aparece la línea *Mediterránea-Ibérica*, en concreto el haplotipo **ME1**, con una frecuencia entre 65 y 100% en todas las localidades. Además, en el río Mijares aparece el haplotipo adriático **AD_{SI}1**, pero solamente en un ejemplar, que tiene introgresión nuclear. En el río Torrijas aparece el haplotipo exótico **AT_{EX}3** en una frecuencia alta del 33%. En función de la frecuencia de haplotipos distintivos de las líneas *Mediterránea-Ibérica* y *Adriática-Suribérica*, la estructuración poblacional a nivel nuclear y del nivel de introgresión mitocondrial, podrían distinguirse seis unidades de gestión (Tabla 23).

Tabla 23. Grupos de localidades definidos en la cuenca del Mijares.

Ríos	Haplotipos distintivos	Líneas genéticas nucleares
Alcalá (MI 2)	ME1	Línea 2
Torrijas (MI 4)	ME1 ↑, AD_{SI}1	Línea 3
Mirajes (MI 3)	ME1 , AT_{EX}1	Línea 3
Linares (MI 1)	ME1	Línea 1

Cuenca del Júcar (subcuenca del Cabriel)

Solamente aparece la línea *Mediterránea-Ibérica*, en concreto los haplotipos **ME1** y **ME4**. Además, en una de las localidades aparece el haplotipo exótico **AT_{EX}1** en una frecuencia muy alta (50%). No se distinguen unidades de gestión diferentes.