



Hrvatsko biološko društvo 1885  
SOCIETAS BIOLOGORUM CROATICA 1885  
Croatian Biological Society

**11. HRVATSKI BIOLOŠKI KONGRES**  
**s međunarodnim sudjelovanjem**  
**11<sup>th</sup> CROATIAN BIOLOGICAL CONGRESS**  
**with International Participation**  
Šibenik, 16. – 21. IX 2012.



Šibenik, Katedrala Sv. Jakova (Foto Dario Žagar)



Nacionalni park Krka (Foto Sven Jelaska)

**ZBORNİK SAŽETAKA**

**PROCEEDING OF ABSTRACTS**



Hrvatsko biološko društvo 1885  
SOCIETAS BIOLOGORUM CROATICA 1885  
Croatian Biological Society

**11. HRVATSKI BIOLOŠKI KONGRES**  
s međunarodnim sudjelovanjem  
16. – 21. rujna 2012.  
Šibenik, Hrvatska

**11<sup>th</sup> CROATIAN BIOLOGICAL CONGRESS**  
With International Participation  
16<sup>th</sup> – 21<sup>st</sup> September 2012  
Šibenik, Croatia

**ZBORNİK SAŽETAKA**  
**PROCEEDING OF ABSTRACTS**

Zagreb, 2012.

data were incorporated into the existing phylogeographic framework of the species using median-joining network approach. All Croatian haplotypes clustered within Ig mt lineage, and Bosnian within Ir and Ie mt lineages. The lack of haplotype diversity consistent with bottleneck event in a small, isolated population was found in the most vulnerable population from Gorski Kotar. Due to the highest genetic similarity and shared haplotype, population of Velebit Mountain was identified as a potential donor for possible reintroduction.

Keywords: *Parnassius apollo*, mtDNA, phylogeography

#### P-77

### USPOREDBA RAZNOLIKOSTI MITOHONDRIJSKE DNA KONTINENTALNE I OTOČKE POPULACIJE KUNE BJELICE (*Martes foina*) IZ HRVATSKE

M. Sindičić<sup>1</sup>, T. Gomerčić<sup>1</sup>, Ž. Volović<sup>1</sup>, I. Vranešević<sup>1</sup>, D. Deždek<sup>2</sup>, A. Slavica<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Veterinarski fakultet Sveučilišta u Zagrebu, Heinzelova 55, Zagreb, Hrvatska (magda.sindicic@vef.hr, tomlav.gomercic@vef.hr, zeljana9@gmail.com, ines\_vrane@yahoo.com, slavica@vef.hr)

<sup>2</sup>Laboratorij za opću patologiju Hrvatski Veterinarski Institut, Savska cesta 143, Zagreb (dezdek@veinst.hr)

Značajna većina otočkih populacija biljaka i životinja ima nižu gensku raznolikost nego populacije iste vrste koje nastanjuju kopno. Genska raznolikost otočkih populacija ovisi o broju osnivača populacije, mutacijama, veličini populacije, udaljenosti otoka od kopna te mogućnosti migracija. Kuna bjelica (*Martes foina*) je autohtona hrvatska vrsta koja naseljava cijeli kontinentalni dio, ali je nalazimo i na otocima. Prilagođena je na suživot s ljudima, pa osim šuma, livada i krša, naseljava i poljoprivredna, industrijska i urbana područja. Cilj ovog istraživanja bio je usporediti raznolikost mitohondrijske DNA kune bjelice iz središnje Hrvatske s raznolikošću populacije s otoka Hvara. Istraživanje je provedeno na ukupno 26 uzoraka iz središnje Hrvatske te na 20 uzoraka s otoka Hvara. Na istraživanom slijedu kontrolne regije mtDNA u dužini od 592 parova baza pronašli smo 49 polimorfni mjesta, koja čine 12 haplotipova. Osam haplotipova pronađeno je u središnjoj Hrvatskoj, dva na otoku Hvara, a dva su zajednička kontinentalnoj i otočkoj populaciji. Sve mjere raznolikosti veće su kod kontinentalne (genska raznolikost  $H = 0,800$ ; nukleotidna raznolikost  $\Pi = 0,033$ ; srednji broj različitih nukleotida između sljedova  $\pi = 19.323$ ) nego otočke populacije ( $H = 0.614$ ;  $\Pi = 0.007$ ;  $\pi = 3.905$ ). Zaključujemo da kuna bjelica u Hrvatskoj ima vrlo visoku gensku raznolikost, no da otočka populacija zbog ograničene veličine i nemogućnosti migracija ima nižu raznolikost od populacije s kopna.

Ključne riječi: kuna bjelica, *Martes foina*, kontrolna regija, mitohondrijska DNA

### COMPARISON OF MITOCHONDRIAL DNA VARIABILITY OF CONTINENTAL AND ISLAND STONE MARTEN (*Martes foina*) POPULATION FROM CROATIA

M. Sindičić<sup>1</sup>, T. Gomerčić<sup>1</sup>, Ž. Volović<sup>1</sup>, I. Vranešević<sup>1</sup>, D. Deždek<sup>2</sup>, A. Slavica<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Faculty of Veterinary Medicine University of Zagreb, Heinzelova 55, Zagreb, Croatia (magda.sindicic@vef.hr, tomlav.gomercic@vef.hr, zeljana9@gmail.com, ines\_vrane@yahoo.com, slavica@vef.hr)

<sup>2</sup>Laboratory for General Pathology, Croatian Veterinary Institute, Savska cesta 143, Zagreb, Croatia (dezdek@veinst.hr)

The majority of plant and animal island populations have lower genetic variability than continental populations of the same species. Variability of island populations is influenced by founder effect, mutations, population size, distance from the mainland and migrations. Stone marten (*Martes foina*) is autochthonous species in Croatia, inhabiting the entire continental part, but it can also be found on islands. The species is adapted to humans, so it can be found not only in forests, meadows and karst, but also on agriculture, industrial and urban areas. The goal of this research was to compare mitochondrial DNA variability of stone marten from central Croatian and island Hvar. We have analyzed 26 samples

from central Croatia and 20 sample from island Hvar. Among the 592 base pair long sequence, we found 49 polymorphic sites comprising 12 haplotypes. Eight haplotypes were found in central Croatia, two on island Hvar, and two both in the continental and island populations. All measures of genetic diversity were higher for the continental population (gene diversity  $H = 0,800$ ; nucleotide diversity  $\Pi = 0,033$ ; mean number of pairwise differences  $\pi = 19.323$ ) than for island population ( $H = 0.614$ ;  $\Pi = 0.007$ ;  $\pi = 3.905$ ). We conclude that stone marten from Croatia have very high mitochondrial DNA diversity, but diversity of island population is lower than the continental due to the limited population size and reduced migration possibility.

Keywords: stone marten, *Martes foina*, control region, mitochondrial DNA

#### P-78

### GENETIČKA RAZNOLIKOST I STRUKTURA POPULACIJA KAMENICE (*Ostrea edulis*) U ISTOČNOM JADRANU

T. Šegvić-Bubić<sup>2</sup>, I. Bušelić<sup>1</sup>, M. Tomaš<sup>1</sup>, L. Grubišić<sup>2</sup>, M. Peharda<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Centar za studije mora, Sveučilište u Splitu, Livanjska 5/III, 21 000 Split, Hrvatska

<sup>2</sup>Institut za oceanografiju i ribarstvo, Šetalište Ivana Meštrovića 63, 21000 Split, Hrvatska

Europska kamenica (*Ostrea edulis*) je jedna od komercijalno najvažnijih vrsta školjkaša u Hrvatskoj, koja se uzgaja u akvakulturi i izlovljava iz prirodnih populacija. Zahvaljujući problemima vezanim za širenje bolesti i pretjeranog izlovljavanja u određenim dijelovima Sredozemlja, divlje populacije iz Jadrana potencijalno imaju važnu ulogu u uspostavljanju matičnjaka za uzgojnu produkciju. Cilj ovog istraživanja je odrediti razinu varijabilnosti haplotipova i rekonstruirati filogenetske odnose između prirodnih i uzgojnih populacija kamenica duž Jadrana koristeći molekularne tehnike. Genetički odnosu među lokacijama su određeni na temelju sekvenciranja fragmenata mitohondrijskih gena za 12S-rRNA i citokrom oksidaza I (COI) regije. 12S-rRNA regija je odabrana zbog visoke razine raznolikosti dokazane u prijašnjim istraživanjima, te se pokazala informativnijom od mikrosatelita, dok se COI regija po prvi puta istražuje u ovom radu. Preliminarni rezultati su pokazali visoku razinu raznolikosti haplotipova ( $h = 0.87$ ) u mitohondrijskoj 12S-rRNA regiji, što upućuje na visoku razinu genetičke raznolikosti. Ukupno su pronađena 22 polimorfna mjesta i definirano je 19 haplotipova. Rezultati ANOVA analize upućuju na visoku genetičku raznolikost unutar populacija i nisku genetičku raznolikost među populacijama. Saznanja o genetičkoj raznolikosti i strukturi su ključna za uspostavljanje prikladnog matičnjaka ili programa za obnavljanje ove vrste u budućnosti.

Gljučne riječi: Sredozemno more, morski školjkaši, komercijalno važno, molekularna raznolikost

### GENETIC DIVERSITY AND POPULATION STRUCTURE OF EUROPEAN FLAT OYSTER (*Ostrea edulis*) IN THE EASTERN ADRIATIC SEA

T. Šegvić-Bubić<sup>2</sup>, I. Bušelić<sup>1</sup>, M. Tomaš<sup>1</sup>, L. Grubišić<sup>2</sup>, M. Peharda<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Center of Marine Studies, University of Split Livanjska 5/III, 21 000 Split, Croatia

<sup>2</sup>Institute of Oceanography and Fisheries, Šetalište Ivana Meštrovića 63, 21000 Split, Croatia

European flat oyster (*Ostrea edulis*) is one of the commercially most important bivalves in Croatia that is aquacultured and collected from natural populations. Due to problems associated with spread of diseases and overharvesting in certain parts of Mediterranean, wild populations from Adriatic Sea have potentially an important role in establishment of broodstocks for cultured production. Objective of this study was to determine level of haplotype variability and to reconstruct phylogenetic relations between natural and cultured populations of oysters in the eastern Adriatic using molecular methods. Genetic relations between sites were established based on the sequencing of the 12S-rRNA and cytochrome oxidase I (COI) regions. 12S-rRNA region was chosen due to high diversity shown in the previous studies, which appeared to be much more informative than diversity observed for microsatellites, whereas COI region is investigated for the first time in this study. Preliminary results showed high levels of haplotype diversity