

Određivanje bioraznolikosti faune tulara (Insecta, Trichoptera) u Hrvatskoj metodom barkodiranja DNA

Ćukušić, Anđela

Doctoral thesis / Disertacija

2019

Degree Grantor / Ustanova koja je dodijelila akademski / stručni stupanj: **University of Zagreb, Faculty of Science / Sveučilište u Zagrebu, Prirodoslovno-matematički fakultet**

Permanent link / Trajna poveznica: <https://um.nsk.hr/um:nbn:hr:217:045262>

Rights / Prava: [In copyright](#)/[Zaštićeno autorskim pravom.](#)

Download date / Datum preuzimanja: **2024-09-30**



Repository / Repozitorij:

[Repository of the Faculty of Science - University of Zagreb](#)





Sveučilište u Zagrebu

Prirodoslovno-matematički fakultet – Biološki odsjek

Andela Ćukušić

**Određivanje bioraznolikosti faune tulara
(Insecta, Trichoptera) u Hrvatskoj metodom
barkodiranja DNA**

DOKTORSKI RAD

Zagreb, 2019



Sveučilište u Zagrebu

Prirodoslovno-matematički fakultet – Biološki odsjek

Anđela Ćukušić

**Određivanje bioraznolikosti faune tulara
(Insecta, Trichoptera) u Hrvatskoj metodom
barkodiranja DNA**

DOKTORSKI RAD

Zagreb, 2019



University of Zagreb

Faculty of Science - Division of Biology

Anđela Čukušić

**Determination of caddisflies (Insecta,
Trichoptera) fauna biodiversity in Croatia
using the method of DNA barcoding**

DOCTORAL DISSERTATION

Zagreb, 2019

Ovaj rad je izrađen na Zoologijskom zavodu i Hrvatskom prirodoslovnom muzeju, pod vodstvom dr. sc. Mladena Kučinića, red. prof. i dr. sc. Martine Podnar Lešić, znanstvene suradnice, u sklopu Sveučilišnog poslijediplomskog doktorskog studija Biologije pri Biološkom odsjeku Prirodoslovno-matematičkog fakulteta Sveučilišta u Zagrebu.

Određivanje bioraznolikosti faune tulara (Insecta, Trichoptera) u Hrvatskoj metodom barkodiranja DNA

Andela Ćukušić

Zoologijski zavod, Biološki odsjek, Prirodoslovno-matematički fakultet, Sveučilište u Zagrebu, Rooseveltov trg 6, Zagreb, Hrvatska

Tulari se zbog povezanosti sa specifičnim uvjetima staništa i osjetljivosti na onečišćenje, smatraju ključnom bioindikatorskom skupinom na temelju koje su se brojne zemlje obavezale pratiti biološku kakvoću slatkovodnih ekosustava. Pouzdano i brzo određivanje do razine vrste pokazalo se izazovnom u taksonomiji. Fauna tulara u Hrvatskoj nepotpuno je istražena zbog malog broja specijaliziranih taksonoma i nedostatka morfološkog ključa za određivanje pojedinih svojti ženki i ličinki. U ovom radu korištena je metoda DNA barkodiranja, koja se pokazala kao brz i pouzdan alat za određivanje nepoznatih uzoraka svrstavanjem u poznatu vrstu ili skupinu srodnih vrsta kroz filogenetsku analizu. Istraženi su filogenetski odnosi 441 primjerka tulara prikupljenih na 177 lokacija u Hrvatskoj. Uspješno je DNA barkodirano 85% poznatih vrsta tulara, odnosno 89% poznatih rodova u fauni Hrvatske iz svih 17 porodica, a DNA barkodirajuće sekvence pohranjene su u svjetsku javnu bazu BOLD. Metodom DNA barkodiranja potvrđeni su nalazi novih i rijetkih vrsta u fauni Hrvatske, određeni primjerci koje nije bilo moguće odrediti korištenjem morfoloških značajki ili za koje nisu opisane dijagnostičke značajke. Istaknuti su genetski divergentni primjerci unutar poznatih vrsta. Otkriveno je šest do sada nezabilježene vrsta za znanost, uključujući i pet kriptičnih vrsta.

(309 stranica, 78 slika, 42 tablica, 306 literaturnih navoda, hrvatski jezik)

Ključne riječi: tulari, *COI*, taksonomija, filogenija, vodeni kukci

Voditelji: red. prof. Dr. sc. Mladen Kučinić; Dr. sc. Martina Podnar Lešić,
znanstvena suradnica

Ocjenitelji: doc. Dr. sc. Ana Previšić
Dr. sc. Branka Bruvo Mađarić, znanstvena suradnica
red. prof. Dr. sc. Ivana Maguire

Determination of caddisflies (Insecta, Trichoptera) fauna biodiversity in Croatia using the method of DNA barcoding

Anđela Ćukušić

Division of Zoology, Department of Biology, Faculty of Science, University of Zagreb, Rooseveltov trg 6, Zagreb, Croatia

Caddisflies are used as biological indicators of water quality because they are highly sensitive to environmental stress and pollution. Therefore, they have an essential role in standardized ecological assessment of aquatic ecosystems in most countries. However, reliable and rapid identification to the species level is proved challenging. In Croatia, caddisfly faunistic data are incomplete due to a small number of taxonomists and a lack of morphological description keys for females and larvae of known species. In this research, a DNA barcoding method was used as a fast and reliable tool that can classify an unknown sample into a known species or group of related species through phylogenetic analysis. Phylogenetic relations between 441 caddisfly individuals, sampled from 177 locations in Croatia are analyzed in this study. A full-length DNA barcode was obtained from 85% of known caddisfly species, representing 89% of known genera and all 17 families of caddisflies known from Croatia. DNA barcode sequences are stored in the BOLD public database. The DNA barcoding method confirmed findings of new and rare species in Croatian caddisfly fauna, identified specimens that were not possible using morphology or for which no diagnostic features were described. Specimens with highly divergent DNA barcode with respect to known species are highlighted. DNA barcoding revealed six new species, including five cryptic species hitherto unrecorded based on morphology.

(309 pages, 78 figures, 42 tables, 306 references, original in Croatian)

Key words: caddisfly, *COI*, taxonomy, phylogeny, aquatic insects

Supervisors: PhD. Mladen Kučinić, Assoc. Prof., PhD. Martina Podnar Lešić, research associate

Reviewers: PhD. Ana Previšić, Assis. Prof.

PhD. Branka Bruvo Mađarić, research associate

PhD. Ivana Maguire, Assoc. Prof.

INFORMACIJE O MENTORIMA

Ime i prezime mentora: Mladen Kučinić

Matični broj znanstvenika: 176213

URL za web CROSBİ: <https://bib.irb.hr/lista-radova?autor=176213>

Radno mjesto: Redoviti profesor na Prirodoslovno-matematički fakultetu (PMF), Sveučilište u Zagrebu.

Obrazovanje:

1985. Diplomirani inženjer eksperimentalne biologije, PMF, Sveučilište u Zagrebu, 1997. Magistar znanosti, polje Biologija, PMF, Sveučilište u Zagrebu, 2002. Doktor znanosti, polje Biologija, PMF, Sveučilište u Zagrebu.

Zaposlenje:

1985-1987. kustos, Hrvatski narodni zoološki muzej u Zagrebu

1987-1998. viši kustos, Hrvatski prirodoslovni muzej u Zagrebu

1998. do danas: PMF, Sveučilište u Zagrebu: 1998.- 2002. Asistent, 2002-2004. Viši asistent, 2004-2009. Docent, 2009-2016. Izvanredni profesor, 2016. Redoviti profesor.

Mentorstva doktorskih studenata i poslijedoktoranata:

2004-2016. 48 diplomanata, 1 magistarskog rada, 7 uspješno obranjenih doktorskih disertacija, mentor na 5 doktorskih disertacija na PMF-u, Sveučilište u Zagrebu.

Nastavne aktivnosti:

Predavač i nositelj na sveučilišnom prediplomskom studiju Zoologija, Terenska nastava iz botanike i zoologije te na sveučilišnom diplomskom studiju Ekologije kukaca, Entomologija, Principi i načela sistematske zoologije na Prirodoslovno-matematičkom fakultetu, Sveučilišta u Zagrebu. Predavač na sveučilišnom diplomskom studiju Funkcionalnost bioloških sustava na Fakultetu strojarstva i brodogradnje, Sveučilište u Zagrebu, sveučilišnom prediplomskom studiju Entomologija na Sveučilištu na Primorskom in Koper (Republika Slovenija) i sveučilišnom prediplomskom i diplomskom studiju Zoologija na S. Toraigyrov, Državno Sveučilište u Pavlodaru (Republika Kazakhstan).

Sudjelovanje na najvažnijim znanstvenim i stručnim projektima:

Voditelj projekta DNA barkodiranje bioraznolikosti hrvatske faune (2017. do danas), suvoditelj za područje Hrvatske, Bosne i Hercegovine, Srbije, Makedonije i Albanije projekta The Drusinae (Insecta: Trichoptera) in a world of global change (2012-2015), koordinator za skupinu Trichoptera unutar projekta EU Natura 2000, Integration project, NIP (2012-2016),, voditelj projekta Raznolikost i ekologija Arthropoda u zaštićenim krškim područjima Hrvatske (2007-2013), voditelj projekta Entomološka zbirka i podaci o tularima, Trichoptera and lepidoptirima, Lepidoptera zabilježenim u Nacionalnom parku Krka (2012-2013).

Ime i prezime mentora: Martina Podnar Lešić

Matični broj znanstvenika: 235332

URL za web CROSBİ: <https://bib.irb.hr/lista-radova?autor=235332>

Radno mjesto: viša kustosica u Hrvatskom prirodoslovnom muzeju (HPM)

Obrazovanje, usavršavanje i zaposlenje:

1995 - Diplomirani inženjer biologije, smjer Molekularna biologija, PMF, Sveučilište u Zagrebu; 2000 - Magistra znanosti, polje Biologija, grana Molekularna i stanična biologija, PMF, Sveučilište u Zagrebu; 2005 - Doktorica znanosti, polje Biologija, PMF, Sveučilište u Zagrebu; 1996-1997 mlađa asistentica, Institut Ruđer Bošković, 1997- danas - zaposlena u Hrvatskom prirodoslovnom muzeju, Zagreb (1997-2011 kao znanstveni novak, 2011-2013 kao kustosica, 2014 – danas kao viša kustosica; Zbirka tkiva za genetičke analize).

Organizacijske i nastavne aktivnosti:

Predavačica kolegija Molekularna arheogenetika na Odsjeku za etnologiju i kulturnu antropologiju (od 2017. do danas), Filozofski fakultet Sveučilišta u Zagrebu, Predavačica u sklopu Metodoloških tečajeva u biologiji i medicini Instituta Ruđer Bošković (metode: molekularna filogenija (2009-2012)); Predavačica i nositeljica kolegija Molekularna evolucija, doktorski studij biologije, PMF, Sveučilište u Zagrebu (od 2011. do danas); Gost predavač u okviru kolegija "Osnove molekularne ekologije" - PMF (2012, 2016).

Sudjelovanje u znanstvenim projektima:

Od 2017. do danas na dva projekta: „DNA barkodiranje bioraznolikosti hrvatske faune“ (HRZZ: 9988) te „Klimatske promjene i invazivne vrste – utvrđivanje utjecaja na bioraznolikost nativnih slatkovodnih rakova i pastrva i njihova konzervacija“ (HRZZ: 2563). 2007-2013: “Biologija ugroženih i endemičnih životinjskih vrsta Hrvatske” (MZOŠ: 183-1193080-0831) 2002-2006; “Biologija indikatorskih vrsta ugroženih staništa” (Ministarstvo znanosti i tehnologije: 0183007); 1997-2001: “Fauna hrvatskih otoka Jadrana” (Ministarstvo znanosti i tehnologije, šifra: 0183005).

Usavršavanje, stručnim tečajevi i radionice:

2000-2002: 18-mjesečni studijski boravak u Laboratoriju za molekularnu sistematiku Prirodoslovnog muzeja u Beču, Austrija. 2011. Radionica: “Molecular phylogeny and microevolution in rodents” (Prirodoslovni muzej u Beču)

Nagrade i stipendije: 2006. Nagrada “Željko Trgovčević” za mlade istraživače u području molekularne biologije (Hrvatsko genetičko društvo), 2010. Synthesys -The European Union - funded Integrated Activities Grant (TAF-A, prirodoslovni muzej u Beču).

Akademski doprinos i znanstveni interes:

Područje znanstvenog interesa je molekularna sistematika, filogenija, filogeografija, konzervacijska genetika i molekularna sistematika s naglaskom na filogeniju i filogeografiju gušterica iz porodice Lacertidae. Sudjelovala je u filogenetskim i filogeografskim istraživanjima brojnih životinjskih vrsta (beskralježnjaka i kralježnjaka) uključujući slatkovodne rakove i školjkaše, ribe, voluharice i šišmiše.

Sadržaj

| | |
|---|----|
| 1. UVOD | 1 |
| 1.1. Svrha i ciljevi rada | 1 |
| 1.2. Polazna hipoteza | 2 |
| 2. LITERATURNI PREGLED | 3 |
| 2.1. Red Trichoptera | 3 |
| 2.1.1. Rasprostranjenost i brojnost tulara | 4 |
| 2.1.2. Životni ciklus tulara | 39 |
| 2.1.3. Morfološke značajke tulara | 40 |
| 2.1.4. Filogenija i sistematika tulara | 44 |
| 2.2. Metoda DNA barkodiranja | 49 |
| 2.2.1. Operativne taksonomske jedinice i definiranje genetske udaljenost za DNA barkod regiju | 51 |
| 2.3. DNA barkodiranje komplementira filogenetska i taksonomska istraživanja – primjeri na istraživanju tulara | 54 |
| 3. MATERIJALI I METODE | 4 |
| 3.1. Područje istraživanja..... | 4 |
| 3.2. Morfološka analiza i određivanje | 11 |
| 3.3. Molekularno genetičke laboratorijske metode i materijali | 13 |
| 3.3.1. Izolacija genomske DNA | 13 |
| 3.3.2. PCR (Lančana reakcija polimeraze) i korištene početnice..... | 14 |
| 3.3.3. Elektroforetsko odjeljivanje fragmenata DNA | 16 |
| 3.3.4. Određivanje primarne strukture DNA (sekvenciranje) | 17 |
| 3.4. Analiza i obrada podataka | 17 |
| 3.4.1. Bioinformatičke analize | 17 |
| 3.4.2. Odabrane nove i taksonomski specifične svojte tulara u Hrvatskoj – setovi podataka i bioinformatičke analize | 21 |

| | | |
|--------|--|-----|
| 4. | REZULTATI..... | 63 |
| 4.1. | Nove i taksonomski specifične vrste u fauni tulara Hrvatske | 63 |
| 4.1.1. | Nova vrsta za Hrvatsku iz roda <i>Tinodes</i> Curtis, 1834..... | 63 |
| 4.1.2. | Nove vrste za Hrvatsku iz roda <i>Adicella</i> McLachlan, 1877..... | 67 |
| 4.1.3. | Potvrda nalaza rijetke vrste <i>Trichostegia minor</i> (Curtis, 1834)..... | 69 |
| 4.1.4. | Određivanje malih vrsta i potvrda novih vrsta za Hrvatsku iz porodice Hydroptilidae..... | 72 |
| 4.1.5. | Taksonomski specifične vrste u fauni Hrvatske <i>Micropterna wagneri</i> Malicky, 1971 i <i>Micropterna fissa</i> McLachlan, 1875 | 82 |
| 4.1.6. | Taksonomski specifične vrste iz roda <i>Rhyacophila</i> Pictet, 1834..... | 86 |
| 4.1.1. | Filogenetski odnosi vrsta roda <i>Chaetopteryx</i> Stephens, 1829 prisutnih u Hrvatskoj | 94 |
| 4.1.2. | Osvrt na vrste iz roda <i>Potamophylax</i> Wallengren, 1891 u Hrvatskoj..... | 98 |
| 4.1.3. | Taksonomski status podvrste <i>Triaenodes ochreellus lefkas</i> , Malicky 1974 | 104 |
| 4.1.4. | Potencijalno nova vrsta za znanost <i>Agapetus</i> cf. <i>fuscipes</i> | 106 |
| 4.2. | Povezivanje mužjaka i ženki metodom DNA barkodiranja | 109 |
| 4.2.1. | Povezivanje mužjaka i ženki vrste <i>Lepidostoma basale</i> Kolenati 1848 | 109 |
| 4.2.2. | Povezivanje mužjaka i ženki vrste <i>Rhyacophila schmidinarica</i> Urbanič, Krušnik & Malicky 2000 | 111 |
| 4.2.3. | Povezivanje mužjaka i ženki <i>Hydropsyche angustipennis</i> Curtis 1834 i potvrda nove vrste <i>Hydropsyche bulbifera</i> McLachlan, 1878 u fauni Hrvatske..... | 113 |
| 4.3. | Povezivanje odraslog i ličinačkog stadija metodom DNA barkodiranja..... | 115 |
| 4.3.1. | Povezivanje odraslog i ličinačkog stadija vrste <i>Glossosoma discophorum</i> Klapalek, 1902 | 115 |
| 4.4. | Otkrivanje kriptičnih vrsta metodom DNA barkodiranja..... | 119 |
| 4.4.1. | Otkrivanje kriptičnih vrsta roda <i>Diplectrona</i> Westwood, 1839..... | 119 |
| 4.5. | Filogenetski odnosi tulara u Hrvatskoj na temelju DNA barkoda..... | 130 |
| 5. | RASPRAVA..... | 140 |

| | | |
|---------|--|-----|
| 5.1. | Nove i taksonomski specifične vrste u fauni tulara Hrvatske | 142 |
| 5.1.1. | Nove vrste za Hrvatsku iz roda <i>Tinodes</i> Curtis, 1834..... | 142 |
| 5.1.2. | Nove vrste za Hrvatsku iz roda <i>Adicella</i> McLachlan, 1877..... | 143 |
| 5.1.3. | Potvrda nalaza rijetke vrste <i>Trichostegia minor</i> (Curtis, 1834)..... | 144 |
| 5.1.4. | Određivanje malih vrsta i potvrda novih vrsta za Hrvatsku iz porodice Hydroptilidae..... | 146 |
| 5.1.5. | Taksonomski specifične vrste u fauni Hrvatske <i>Micropterna wagneri</i> Malicky, 1971 i <i>Micropterna fissa</i> McLachlan, 1875 | 154 |
| 5.1.6. | Taksonomski specifične vrste iz roda <i>Rhyacophila</i> Pictet, 1834..... | 158 |
| 5.1.7. | Filogenetski odnosi vrsta roda <i>Chaetopteryx</i> Stephens, 1829 prisutnih u Hrvatskoj | 164 |
| 5.1.8. | Osvrt na vrste iz roda <i>Potamophylax</i> Wallengren, 1891 u Hrvatskoj | 166 |
| 5.1.9. | Taksonomski status podvrste <i>Triaenodes ochreellus lefkas</i> , Malicky 1974 | 171 |
| 5.1.10. | Potencijalno nova vrsta za znanost iz roda <i>Agapetus</i> Curtis, 1834 | 173 |
| 5.2. | Povezivanje mužjaka i ženki metodom DNA barkodiranja | 175 |
| 5.2.1. | Povezivanje mužjaka i ženki vrste <i>Lepidostoma basale</i> Kolenati 1848 | 175 |
| 5.2.2. | Povezivanje mužjaka i ženki vrste <i>Rhyacophila schmidinarica</i> Urbanič, Krušnik & Malicky 2000 | 176 |
| 5.2.3. | Povezivanje mužjaka i ženki <i>Hydropsyche angustipennis</i> Curtis 1834 i potvrda nove vrste <i>Hydropsyche bulbifera</i> McLachlan, 1878 u fauni Hrvatske..... | 177 |
| 5.3. | Povezivanje odraslog i ličinačkog stadija, metodom DNA barkodiranja..... | 179 |
| 5.3.1. | Povezivanje odraslog i ličinačkog stadija vrste <i>Glossosoma discophorum</i> Klapalek, 1902 | 179 |
| 5.4. | Otkrivanje kriptičnih vrsta metodom DNA barkodiranja..... | 182 |
| 5.4.1. | Otkrivanje kriptičnih vrsta roda <i>Diplectrona</i> Westwood, 1839..... | 182 |
| 5.5. | Filogenetski odnosi tulara u Hrvatskoj na temelju DNA barkoda..... | 187 |
| 5.5.1. | Filogenetski odnosi tulara u Hrvatskoj na temelju DNA barkoda | 187 |
| 6. | ZAKLJUČAK | 191 |

| | |
|--------------------|-----|
| 7. LITERATURA..... | 193 |
| 8. PRILOZI..... | 229 |
| 9. ŽIVOTOPIS | 306 |

POPIS KRATICA

16S, 28S rRNA - mitohondrijski kodirana komponenta velike podjedinice (eng. LSU -large subunit ribosomalne RNA)

ABGD - eng. Automatic Barcode Gap Discovery

BA - Bayesian analiza (eng. Bayesian analysis)

BIC - eng. Bayesian information criterion

BIN - Barcode indeks number

BOLD - eng. The Barcode of Life Data System

BPP - Bayesian posteriorna vjerojatnost (eng. Bayesian posterior probabilities)

CAD - karbamoil fosfat sinteza, gen (eng. Carbamoyl-Phosphate Synthetase 2)

CPSase - karbamoil fosfat sinteza, enzim (eng. Carbamoyl-Phosphate Synthetase)

COI - podjedinica 1 citokrom C oksidaze (eng. cytochrome oxidase subunit I)

COII - podjedinica 2 citokrom oksidazu (eng. cytochrome oxidase subunit II)

CBOL - eng. Consortium for the Barcode of Life

CROBF - projekt u BOLD bazi, dio projekta „DNA barkodiranje bioraznolikosti Hrvatske“ faune

CROTR - podprojekt projekta CROBF u BOLD bazi, dio projekta „DNA barkodiranje bioraznolikosti Hrvatske“

D1, D2, D3 rRNA - djelovi velike podjedinice ribosomalne RNA

DNA - deoksiribonukleinska kiselina

DNAqua-Net - EU Cost Action for developing new genetic tools for bioassessment of aquatic ecosystems in Europe

eDNA metabrkođing - okolišno DNA barkodiranje (eng. environmental DNA barcoding)

EF-1 α - elongacijski faktor 1 α (eng. elongation factor 1 alpha)

EPT - Ephemeroptera, Plecoptera, Trichoptera

ER - ekoregija

GBIF - eng. Global Biodiversity Information Facility

GR - gorska regija prema Bertić (2001).

iBOL - eng. International Barcode of Life Project

ID - identification number

IDH - izocitrat dehidrogenaza, enzim (eng. Isocitrate dehydrogenase 1)

K2P - korigirane genetske udaljenosti (eng. corrected distances, Kimura two-parameter distance)

mtDNA - mitohondrijska DNA

MOTUS - operativne molekularne taksonomske jedinice (eng. molecular operational taxonomic units)

MP - metoda najveće štedljivosti (eng. maximum parsimony)

ML - metoda najveće vjerojatnosti (eng. maximum likelihood)

MR - mediteranska regija prema Bertić (2001).

NCBI - eng. National Center for Biotechnology Information

NIP - eng. EU Natura 2000 Integration Project

NJ - metoda susjednog sparivanja (eng. neighbor joining)

OTU- operativne taksonomske jedinice (eng. operational taxonomic units)

p-distance -nekorigirane udvojene genetske udaljenosti, PD (eng. p uncorrected pairwise distance)

pb - parova baza

POL (I, II) - RNA polimeraza (I, II)

PCR - lančana reakcija polimerazom (eng. polymerase chain reaction)

PPR - planinska regija prema Bertić (2001).

RNA - ribonukleinska kiselina

rRNA - ribosomalna RNA

RP2 - enzim za polimerazu ribonukleinske kiseline 2

RaxML - eng. Randomized Axelerated Maximum Likelihood

tRNA - transfer ribonukleinska kiselina

UV - ultraljubičasto

wg - gen, eng. wingless

1. UVOD

1.1. Svrha i ciljevi rada

Tulari, red Trichoptera Kirby, 1813 pripadaju holometabolnim kukcima koji tokom životnog ciklusa prolaze potpunu preobrazbu. S taksonomskog stajališta velika morfološka razlika pojedinih životnih stadija predstavlja izazov za određivanje i potrebu za većim brojem ključeva za određivanje. Dodatan problem kod određivanja tulara predstavlja značajan broj taksonomski neopisanih primjeraka ženki poznatih vrsta. Kod beskralježnjaka, pa tako i tulara ponekad je nemoguće prepoznati vrstu koristeći samo morfološke značajke. Kako se tulari koriste kao biološki element kakvoće u monitoringu ekološkog stanja površinskih voda postoji velika potreba za brzim i točnim određivanjem vrsta unutar ove skupine. Tulari su skupina kukaca koji u svojem životnom ciklusu koriste slatkovodna i kopnena staništa te tako predstavljaju važnu kariku u prijenosu energije i trofičkoj dinamici između ta dva staništa (Resh i Rosenberg 1984). Uz dvokrilce, najveći su red vodenih kukaca. Nastanjuju gotovo sva vodena staništa, od visokoplaninskih izvora, do nizinskih rijeka, potoka i jezera, na svim kontinentima osim Antarktike (Morse 2003, Graf i sur. 2008). Tako su tulari čest predmet ekoloških istraživanja koja nameću potrebu za novom metodologijom koja će olakšati i ubrzati proces određivanja vrsta. Iako je znanje o raznolikosti, rasprostranjenosti i ekologiji faune tulara u Republici Hrvatskoj napredovalo u posljednjih 20 godina, ova skupina beskralježnjaka nije u potpunosti istražena. Postoji mali broj stručnjaka - taksonoma specijaliziranih za određivanje tulara. Metodologija DNA barkodiranja predložena je 2003. godine kao univerzalni sistem za određivanje biološkog materijala u smislu određivanja vrste, ali također i kao oruđe za otkrivanje novih tzv. kriptičnih vrsta koje se ne mogu međusobno razlikovati na temelju morfoloških karakteristika (Hebert i sur. 2003). Pri tome se određuje slijed nukleotida standardiziranog fragmenta mitohondrijskog gena za podjedinicu jedan citokrom oksidaze (*COI*) duljine oko 650 pb. Ideja ovog rada je uz tradicionalne, taksonomske metode, korištenjem metode DNA barkodiranja obogatiti dosadašnja znanja o raznolikosti i rasprostranjenosti tulara Hrvatske. Osim toga, svrha je i testirati primjenjivost molekularnih metoda, prvenstveno DNA barkodiranja, na rasvjetljavanje filogenetskih odnosa ovog reda u Hrvatskoj. Duljina odabranog *COI* fragmenta je dovoljno velika da prikaže genetsku varijaciju između vrsta i dovoljno mala da se može lako i jeftino analizirati. Također, mala duljina DNA barkod regije omogućuje njenu amplifikaciju iz degradirane

DNA što omogućuje analizu materijala iz tradicionalnih muzejskih zbirki. Filogenetska informacija sadržana u DNA barkod regiji dovoljna je da omogući svrstavanje nepoznatog uzorka u poznatu vrstu ili skupinu srodnih vrsta kroz filogenetsku analizu (Valentini i sur. 2008). Metoda je uspješno zaživjela u znanstvenoj zajednici što je rezultiralo brojnim međunarodnim inicijativama kao što je npr. International Barcode of Life (iBOL) koja obuhvaća članice organizacija sa svih kontinenata (preko 150 zemalja) uključujući brojne institute, sveučilišta i prirodoslovne muzeje. Ideja ovog rada je upotpuniti javno dostupnu bazu BOLD - The Barcode of Life Data System, koja predstavlja svjetsku bazu DNA barkodova (carstva Animalia, Plantae, Fungi, Protista) s primjercima DNA barkoda tulara iz Hrvatske te ih usporediti s postojećim DNA sekvencama tulara u bazi. S obzirom na gore navedeno, cilj ovog rada je u najvećoj mogućoj mjeri DNA barkodirati faunu tulara Hrvatske.

1.2. Polazna hipoteza

1. DNA barkodiranje ukazat će na prisustvo novih ili ranije nezabilježenih, kriptičnih vrsta tulara ili dugotrajno izolirane genetske linije unutar poznatih vrsta čime će se popuniti praznine u postojećoj inventarizaciji biološke raznolikosti tulara.
2. DNA barkodiranje omogućit će precizno određivanje vrsta koje nije bilo moguće morfološki odrediti.
3. DNA barkodiranje omogućit će povezivanje odraslih i ličinačkih stadija kao i povezivanje mužjaka i ženki vrsta kod kojih nisu opisane morfološke dijagnostičke značajke za jedan od razvojnih stadija odnosno spolova.
4. DNA barkodiranje unaprijediti će analizu makrozoobentosa (omogućiti će primjenu novih DNA metodologija u praćenju stanja slatkovodnih ekosustava, pomoći će u izradi determinacijskih ključeva).

2. LITERATURNI PREGLED

2.1. Red Trichoptera

Red Trichoptera uspostavio je 1813 Kirby davši im ime koje u prijevodu znači dlakava krila (grč. trichos - dlaka, pteron - krila) referirajući se na krila odraslih jedinki. Pretpostavlja se da hrvatski naziv tulari potječe od kućica u obliku tuljaca koje oblikuju ličinke. Pripadaju skupini holometaboličnih kukaca što znači da tokom životnog ciklusa prolaze potpunu preobrazbu. Dio njihovog razvojnog ciklusa odvija se u vodi u kojoj žive stadiji jajašca, ličinke i kukuljice, dok odrasli oblik (imago) živi na kopnu. U slatkovodnim ekosustavima predstavljaju jednu od najraznovrsnijih i najbrojnijih skupina kukaca (Holzenthal i sur. 2007). Uloga tulara u hranidbenom lancu slatkovodnih ekosustava je značajna jer predstavljaju hranu velikog broja riba, vodozemaca, gmazova, ptica i šišmiša (Wiggins 2004). Zbog povezanosti sa specifičnim uvjetima staništa i osjetljivosti na onečišćenje, tulari predstavljaju jednu od ključnih bioindikatorskih skupina u procjeni ekološkog stanja različitih slatkovodnih staništa, kao i promjena u zajednicama (Graf i sur. 2008). Tulari, uz vretenca (Odonata), vodencvjetove (Ephemeroptera), obalčare (Plecoptera) i dvokrilce (Diptera), čine glavninu kukaca makrozoobentosa slatkovodnih staništa. Biomonitoring slatkovodnih ekosustava zahtijeva korištenje spoznaja iz različitih područja znanosti odnosno interdisciplinarni pristup. Podrazumijeva korištenje monitoringa vrsta, populacija i zajednica koristeći ekološke, fiziološke i molekularne tehnike kako bi se prikupile informacije o stanju ekosustava koji je pod utjecajem čovjeka (Rosenberg i Resh 1993). Gospodarenje slatkovodnim ekosustavom, odnosno površinskim, podzemnim prijelaznim i priobalnim vodama u Hrvatskoj se provodi kroz Zakon o vodama (ZOV) (Narodne novine - NN br. 53/09, 63/11, 130/11, 56/13, 14/14, 46/18) i Uredbu o standardu kakvoće vode (NN 73/13, 151/14, 78/15 i 61/16, 80/18). U ove zakone su uvrštene odredbe temeljnog dokumenta gospodarenja slatkovodnim ekosustavima u Europskoj uniji – Okvirne direktive o vodama (eng. Water Framework Directive, 2000). Tako je Hrvatska, kao i druge zemlje Europske unije, obavezna pratiti biološku kakvoću slatkovodnih ekosustava. Unutar praćenja bioloških elemenata kakvoće makrozoobentosa koristi se EPT indeks, odnosno udio predstavnika skupina: vodencvjetova (Ephemeroptera), obalčara (Plecoptera) i tulara (Trichoptera). Kako bi odredili EPT indeks potrebno je točno određivanje svake od skupina do najniže moguće taksonomske razine. Određivanje ličinki

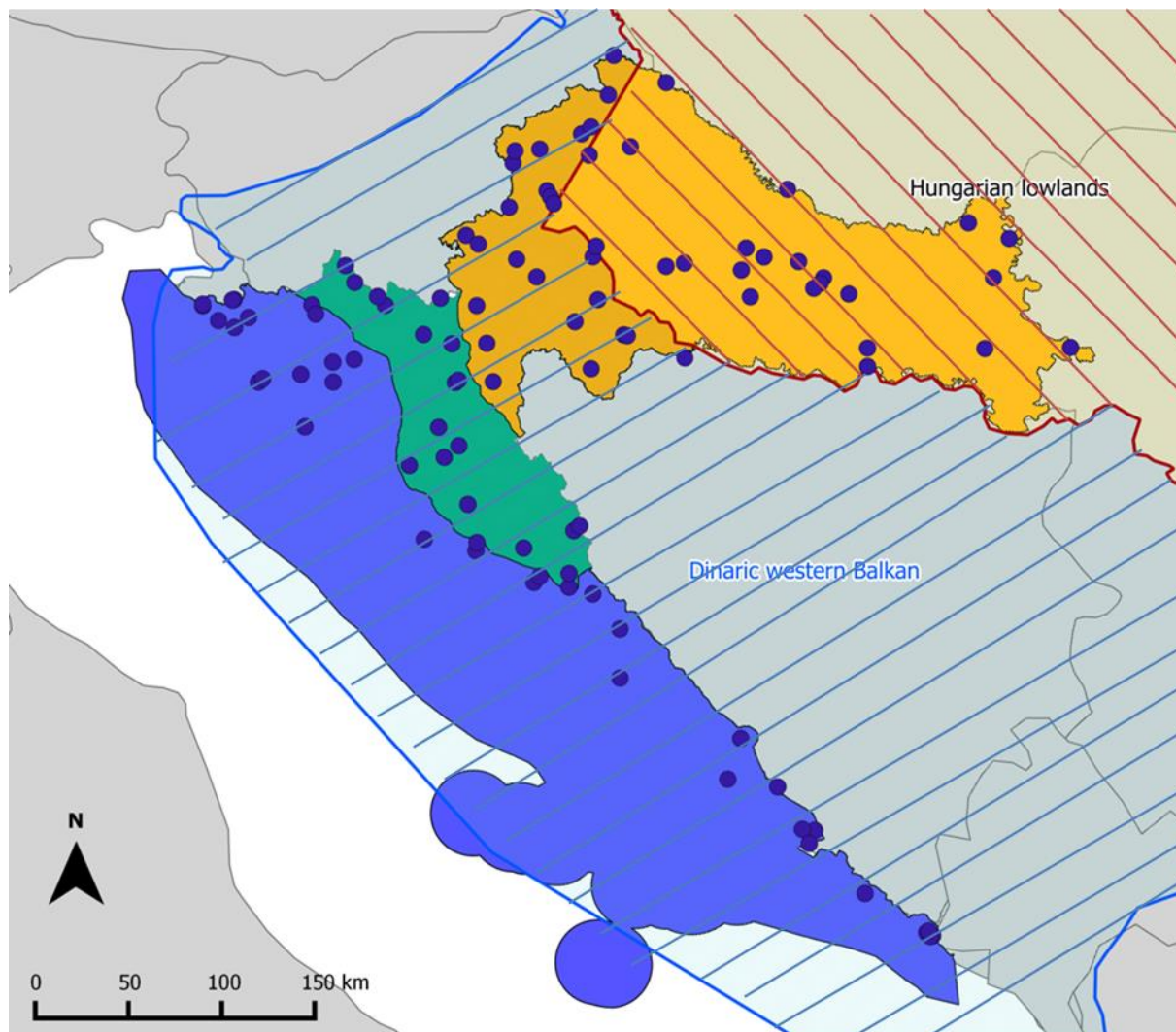
tulara ne daje uvijek dovoljno točne rezultate. Postoje vrste koje se u tom razvojnem stadiju ne mogu uvijek sigurno i točno odrediti, čak i uz upotrebu najbolje literature i dugogodišnje iskustvo (Malicky 2004), dok je kod odraslih određivanje moguće do razine vrste. Kod odraslih tulara genitalni aparat mužjaka ima bolje definirane strukture i omogućuje najtočnije određivanje, dok je kod ženki unutar istog roda moguće da su genitalne strukture identične. Stoga je kod pojedinih rodova određivanje ženki znatno otežano (kao npr. kod rodova *Wormaldia*, *Glossosoma*, *Hydropsyche*, *Tinodes*) ili nije moguća (kao npr. kod rodova *Agapetus*, *Hydroptila*, *Hydropsyche*, *Synagapetus*) (Malicky 2004). Iz tog razloga postoji veći broj ključeva za imago i opisanih mužjaka, nego što je slučaj s ličinkama, kukuljicama i ženkama.

3. MATERIJALI I METODE

3.1. Područje istraživanja

Prikupljanje tulara u razdoblju od 2014. do 2018. godine provedeno je na 177 odabranih lokaliteta na području cijele Hrvatske (Tablica 1). Navedeni lokaliteti predstavljaju lokacije uzorkovanja, no nije iz svih prikupljenih uzoraka izolirana DNA. Odabrani su lokaliteti predstavljali razna vodena staništa (velike i male rijeke, potoci, jezera; izvori, srednji i donji tok) u različitim dijelovima Hrvatske (Slika 1). Odabrani lokaliteti posjećeni su 3 puta godišnje u sljedećim sezonama: proljetni period (ožujak-svibanj), ljetni period (lipanj-kolovoz), jesenski period (rujan-listopad). U radu je uzeta podjela ekoregija prema Illies (1967, 1978) koja je uobičajena kod europskih limnologa. Prema Illies (1967, 1978) Hrvatska se nalazi u dvije ekoregije: ER 5. Dinarski zapadni Balkan (eng. Dinaric Western Balkan) i ER 11. Panonske nizine (eng. Hungarian lowlands) (Slika 1). Također je korištena i geografska podjela prema Bertić i sur. (2001) na: panonsko-peripanonsku (PPR), planinsku, gorsku (GR) i mediteransku regiju (MR) kako bi rezultati bili usporedivi s postojećim istraživanjima tulara u Hrvatskoj koji koriste navedenu podjelu (Slika 1). Dio terenskih prikupljanja uzoraka bio je usmjeren na prikupljanje vrsta koje su poznate za faunu Hrvatske, ali nisu prikupljene redovitim odlascima na teren. Stoga su se posjetili tipski lokaliteti (*locus typicus*) za određene svojte. Tipski lokalitet označava lokalitet na kojem su prikupljeni primjerci koji su poslužili opisu nove svojte (npr. Plitvička jezera su tipski lokalitet za

podvrstu *Rhyacophila dorsalis plitvicensis*). Kartografski prikazi u ovom radu kreirani su korištenjem programa Qgis.



Slika 1. Prikaz Hrvatske s lokalitetima prikupljanja uzoraka (označeno točkama), te podjela na geografske regije prema Bertić i sur. (2001) (plava = mediteranska regija, zelena = gorska regija, narančasta = panonsko-peripanonska regija) i ekoregijama prema Illies (1967,1978) (ER5 = plavo polje s plavim linijama, ER11 = smeđe polje s crvenim linijama).

Tablica 1. Popis lokacija na kojima su prikupljeni uzorci s koordinatama (lat i log) i pripadajućom geografskom regijom prema Bertić i sur. (2001) i ekoregijama prema Illiesu (1967, 1978).

| | Lokalitet | Illies | Bertić | Lat | Log |
|----|----------------------|--------|--------|----------|----------|
| 1. | jezero Butoniga | ER5 | MR | 45.33353 | 13.92393 |
| 2. | jezero Crna Mlaka | ER5 | PPR | 45.60946 | 15.72417 |
| 3. | jezero Kutu -Badžule | ER5 | MR | 42.95550 | 17.61194 |

Tablica 1. Popis lokacija na kojima su prikupljeni uzorci s koordinatama (lat i log) i pripadajućom geografskom regijom prema Bertić i sur. (2001) i ekoregijama prema Illesu (1967, 1978).

| | Lokalitet | Illies | Bertić | Lat | Log |
|-----|---|--------|--------|----------|----------|
| 4. | jezero na Jankovcu - dom na Jovanovici, Papuk | ER11 | PPR | 45.51875 | 17.68616 |
| 5. | potok Jankovac (gornji tok) - zapadno od Orahovca, Papuk | ER11 | PPR | 45.54677 | 17.70636 |
| 6. | jezero Njivice - otok Krk | ER5 | MR | 45.17510 | 14.56077 |
| 7. | jezero Ponikve - otok Krk | ER5 | MR | 45.07511 | 14.56783 |
| 8. | jezero Ričice | ER5 | GR | 44.31891 | 15.78087 |
| 9. | jezero Veliko Blato - otok Pag | ER5 | MR | 44.36133 | 15.14679 |
| 10. | jezero Vransko jezero - otok Cres | ER5 | MR | 44.85475 | 14.39545 |
| 11. | lokva Beli - otok Cres | ER5 | MR | 45.11417 | 14.34851 |
| 12. | Pašin potok - Mečenčani | ER5 | MR | 45.28238 | 16.43015 |
| 13. | Pašina vrela - iznad sela Mečenčani | ER5 | MR | 45.28936 | 16.42339 |
| 14. | potok Bistra (srednji tok) - Bistra, Medvednica | ER5 | PPR | 45.93647 | 15.93040 |
| 15. | potok Bliznec (srednji tok) - javna ustanova PP Medvednica | ER5 | PPR | 45.87790 | 15.97634 |
| 16. | potok Crkveni jarak (srednji tok) | ER11 | PPR | 45.62616 | 15.31290 |
| 17. | potok Donja Rašenica (izvor) - Grubišno polje | ER11 | PPR | 45.67013 | 17.21983 |
| 18. | potok Dubračina (donji tok)-Tribalj | ER5 | MR | 45.18100 | 14.69631 |
| 19. | potok Glogovica (izvor) - Glogovica, Dilj gora | ER11 | PPR | 45.22757 | 17.98672 |
| 20. | potok Glogovnica (izvor) - Kalnik | ER11 | PPR | 46.12975 | 16.55683 |
| 21. | potok Jelenska (gornji tok) - Gornja Jelenska | ER11 | PPR | 45.59768 | 16.69643 |
| 22. | potok Konavočica (izvor) – Vodovođe, Palje, Konavle | ER5 | MR | 42.51763 | 18.42215 |
| 23. | potok Konavočica (srednji tok) - Palje, Konavle | ER5 | MR | 42.51433 | 18.41553 |
| 24. | Konavle izvor Vrelo | ER5 | MR | 42.63289 | 18.19673 |
| 25. | Konavle, Pridvorje | ER5 | MR | 42.54532 | 18.34713 |
| 26. | potok Mlini (izvor) | ER5 | MR | 45.45257 | 13.92448 |
| 27. | potok Mlini (srednji tok) - Ugrini | ER5 | MR | 45.44619 | 13.92388 |
| 28. | potok Peratovica (izvor) - V. Peratovica, Bilogora | ER11 | PPR | 45.76341 | 17.31431 |
| 29. | potok Peratovica (srednji tok) - Bilogora | ER11 | PPR | 45.70927 | 17.23127 |
| 30. | potok pritok Cetine (gornji tok) - Civljane | ER5 | MR | 43.94781 | 16.40143 |
| 31. | potok Rakov potok (izvor) - Medvednica | ER5 | PPR | 45.93406 | 15.98197 |
| 32. | potok Roč (izvor) - Marušići | ER5 | MR | 45.42331 | 13.72946 |
| 33. | potok Roč-Marušić - srednji tok kod Mosta | ER5 | MR | 45.42287 | 13.72803 |
| 34. | potok Štirovača (gornji tok, izvor) - srednji Velebit | ER5 | GR | 44.69808 | 15.04992 |
| 35. | potok Šumi (izvor) – Ivančica | ER5 | PPR | 46.18884 | 16.15777 |
| 36. | potok Trsteno - Trsteno | ER5 | MR | 42.71332 | 17.97793 |
| 37. | potok Velika Paklenica (donji tok) - Anića kuk, Velebit | ER5 | MR | 44.30919 | 15.47926 |
| 38. | potok Velika Paklenica (srednji tok) - Borisov dom, Velebit | ER5 | MR | 44.34557 | 15.48262 |
| 39. | potok Vrba (izvor) - Muć | ER5 | MR | 43.72087 | 16.40175 |
| 40. | potok Vrutak (izvor) - Gornja Podgora | ER5 | MR | 43.24933 | 17.08480 |
| 41. | potok Žbiljski potok (srednji tok) - nizvodno od Žbilja | ER5 | PPR | 46.11356 | 15.72579 |
| 42. | potok Zeleni Vir (izvor) | ER5 | GR | 45.42289 | 14.89573 |

Tablica 1. Popis lokacija na kojima su prikupljeni uzorci s koordinatama (lat i log) i pripadajućom geografskom regijom prema Bertić i sur. (2001) i ekoregijama prema Illesu (1967, 1978).

| | Lokalitet | Illies | Bertić | Lat | Log |
|-----|---|--------|--------|----------|----------|
| 43. | rijeka Baranjska Karašica (donji tok) - Popovac | ER11 | PPR | 45.79171 | 18.63281 |
| 44. | rijeka Bednja - Ivanečka Železnica, Ivanec | ER5 | PPR | 46.21884 | 16.21340 |
| 45. | rijeka Bosut (donji tok) - lokacija na cesti Rokovci - Andrijaševci | ER11 | PPR | 45.22795 | 18.73942 |
| 46. | rijeka Butišnica (srednji tok) - Golubić (uzvodno) | ER5 | MR | 44.11094 | 16.22735 |
| 47. | rijeka Čabranka (donji tok, ušće) | ER5 | PPR | 45.52566 | 14.69947 |
| 48. | rijeka Čabranka (izvor) - Čabar | ER5 | GR | 45.60104 | 14.64079 |
| 49. | rijeka Čabranka - most nizvodno od Čabra | ER5 | GR | 45.59241 | 14.65096 |
| 50. | rijeka Čabranka - nizvodno od Mandli | ER5 | GR | 45.55587 | 14.69314 |
| 51. | rijeka Cetina - Mrtvaja, Totići, Sinjsko polje | ER5 | MR | 43.65655 | 16.73205 |
| 52. | rijeka Cetina, kanal Brkljača - Sinjsko polje | ER5 | MR | 43.63441 | 16.74053 |
| 53. | rijeka Cetina - Rumin, Vrilo, Mali Rumin | ER5 | MR | 43.77979 | 16.65660 |
| 54. | rijeka Cetina – Čikotina lađa | ER5 | MR | 43.53301 | 16.74463 |
| 55. | rijeka Cetina – Radmanove Mlinice | ER5 | MR | 43.53301 | 16.74463 |
| 56. | rijeka Drava - Nemetin | ER11 | PPR | 45.54310 | 18.77929 |
| 57. | rijeka Drava (srednji tok) - Gornji Hrašćan | ER5 | PPR | 46.34733 | 16.33361 |
| 58. | rijeka Drava (srednji tok) - Terezino Polje | ER11 | PPR | 45.94127 | 17.47603 |
| 59. | rijeka Dretulja (izvor) | ER5 | GR | 45.07462 | 15.34285 |
| 60. | rijeka Dretulja (srednji tok) - Plaški | ER5 | GR | 45.08003 | 15.32687 |
| 61. | rijeka Dunav - Zlatna Greda | ER11 | PPR | 45.72272 | 18.89766 |
| 62. | rijeka Dunav (srednji tok) - Šarengrad | ER11 | PPR | 45.23441 | 19.28276 |
| 63. | rijeka Gacka (izvor) - Tonkovića vrilo | ER5 | GR | 44.78813 | 15.36709 |
| 64. | rijeka Gacka (izvor) - Majerovo vrilo | ER5 | GR | 44.81471 | 15.3588 |
| 65. | rijeka Gacka (srednji tok) - Otočac | ER5 | GR | 44.86174 | 15.23327 |
| 66. | rijeka Korana (srednji tok) - Veljun | ER5 | PPR | 45.25267 | 15.54611 |
| 67. | rijeka Krapina (srednji tok) - Krapina Selo | ER5 | PPR | 46.07230 | 16.20007 |
| 68. | rijeka Korana - Bogovolja | ER5 | PPR | 45.06581 | 15.73413 |
| 69. | rijeka Krapinjšica (srednji tok) –Velika Ves | ER11 | PPR | 46.11985 | 15.88531 |
| 70. | rijeka Krupa (donji tok) - Manastir | ER5 | MR | 44.19010 | 15.88937 |
| 71. | rijeka Kupa (donji tok) - Brest | ER5 | PPR | 45.44606 | 16.26450 |
| 72. | rijeka Kupa (donji tok) - Jamnička Kiselica | ER5 | PPR | 45.54714 | 15.85891 |
| 73. | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | ER5 | PPR | 45.46203 | 14.85570 |
| 74. | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | ER5 | GR | 45.46125 | 15.26577 |
| 75. | rijeka Kupčina (izvor, gornji tok) - Žumberak | ER5 | PPR | 45.73623 | 15.41461 |
| 76. | rijeka Kupčina (srednji tok) - Kostanjevac, Žumberak | ER5 | PPR | 45.70267 | 15.48455 |
| 77. | rijeka Lika – izvor | ER5 | GR | 44.42618 | 15.54100 |
| 78. | rijeka Lika (gornji tok) - Kosinj | ER5 | GR | 44.73540 | 15.27411 |
| 79. | rijeka Lika (srednji tok) - Bilaj | ER5 | GR | 44.51490 | 15.42327 |
| 80. | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | ER5 | MR | 42.53966 | 18.37984 |

Tablica 1. Popis lokacija na kojima su prikupljeni uzorci s koordinatama (lat i log) i pripadajućom geografskom regijom prema Bertić i sur. (2001) i ekoregijama prema Illesu (1967, 1978).

| | Lokalitet | Illies | Bertić | Lat | Log |
|------|--|--------|--------|----------|----------|
| 81. | rijeka Ljuta (srednji tok) - Konavle | ER5 | MR | 42.53390 | 18.37822 |
| 82. | rijeka Maja- Glina | ER5 | PPR | 45.34614 | 16.10924 |
| 83. | rijeka Matica (srednji tok) - Vrgorac | ER5 | MR | 43.17546 | 17.38640 |
| 84. | rijeka Mirna - Kotli | ER5 | MR | 45.36817 | 14.01761 |
| 85. | rijeka Mirna - Livade | ER5 | MR | 45.35406 | 13.83109 |
| 86. | rijeka Mislina (donji tok) - Mlinište | ER5 | MR | 42.99231 | 17.61362 |
| 87. | rijeka Mrežnica – Belavići | ER5 | PPR | 45.41223 | 15.47848 |
| 88. | rijeka Mura (donji tok) - Goričan | ER11 | PPR | 46.40518 | 16.70370 |
| 89. | rijeka Mura (skela) - Sveti Martin na Muri | ER5 | PPR | 46.52811 | 16.37190 |
| 90. | rijeka Neretva (donji tok) - Opuzen | ER5 | MR | 43.02209 | 17.55640 |
| 91. | rijeka Odra (donji tok) - livade Selce | ER5 | PPR | 45.64107 | 16.22615 |
| 92. | rijeka Pakra - Kusunje | ER11 | PPR | 45.45717 | 17.22600 |
| 93. | rijeka Raša - Izvor Grdak | ER5 | MR | 45.09260 | 14.01831 |
| 94. | rijeka Raša (srednji tok) - dolina Raše | ER5 | MR | 45.08192 | 14.03024 |
| 95. | rijeka Riječina (izvor) | ER5 | MR | 45.42199 | 14.42127 |
| 96. | rijeka Riječina (srednji tok) - Drastin | ER5 | MR | 45.37853 | 14.44914 |
| 97. | rijeka Rijeka - Bastaji, Papuk | ER11 | PPR | 45.63656 | 17.31619 |
| 98. | potok Škodinovac - Bastaji | ER11 | PPR | 45.66388 | 17.33289 |
| 99. | rijeka Sava - Drenje Brdovečko | ER11 | PPR | 45.86144 | 15.68711 |
| 100. | rijeka Sava (srednji tok) - Orle | ER11 | PPR | 45.68708 | 16.24706 |
| 101. | rijeka Sava (srednji tok) - Slavonski Brod | ER11 | PPR | 45.11492 | 17.96371 |
| 102. | rijeka Slunječica (izvor) | ER5 | PPR | 45.07964 | 15.58925 |
| 103. | rijeka Sutla (srednji tok) - Zelenjak, Kumrovec | ER5 | PPR | 46.05928 | 15.71507 |
| 104. | rijeka Toplica (srednji tok) - Batinjani, Daruvar | ER11 | PPR | 45.60923 | 17.27930 |
| 105. | rijeka Tounjčica (izvor) | ER5 | GR | 45.24844 | 15.32317 |
| 106. | rijeka Una (donji tok) - Hrvatska Dubica | ER5 | PPR | 45.19111 | 16.78692 |
| 107. | rijeka Una (gornji tok) - Srb | ER5 | GR | 44.41922 | 16.13499 |
| 108. | rijeka Una (izvor) | ER5 | GR | 44.39934 | 16.10382 |
| 109. | rijeka Veličanka - uzvodno od Požege | ER11 | PPR | 45.49104 | 17.64883 |
| 110. | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija | ER11 | PPR | 45.47447 | 17.86741 |
| 111. | rijeka Vitunjčica (izvor) - Vitunj | ER5 | GR | 45.29117 | 15.14049 |
| 112. | rijeka Voćnska (izvor) - Voćin | ER11 | PPR | 45.61943 | 17.54401 |
| 113. | rijeka Vrljika (izvor) - Proložac, Imotski | ER5 | MR | 43.45465 | 17.17195 |
| 114. | rijeka Žirovnica (gornji tok) - Gvozdansko | ER5 | PPR | 45.13633 | 16.23782 |
| 115. | rijeka Zrmanja (donji tok) - most kod Kaštel Žegarskog | ER5 | MR | 44.16240 | 15.85086 |
| 116. | rijeka Zrmanja (izvor) | ER5 | GR | 44.20484 | 16.08444 |
| 117. | rijeka Zrmanja (srednji tok) - Palanka | ER5 | GR | 44.14688 | 16.07112 |
| 118. | Bijeli potoci - Kamensko, Korenica | ER5 | GR | 44.67402 | 15.84855 |
| 119. | izvor na Bjelolasici | ER5 | GR | 45.27310 | 14.96323 |

Tablica 1. Popis lokacija na kojima su prikupljeni uzorci s koordinatama (lat i log) i pripadajućom geografskom regijom prema Bertić i sur. (2001) i ekoregijama prema Illesu (1967, 1978).

| | Lokalitet | Illies | Bertić | Lat | Log |
|------|--|--------|--------|----------|----------|
| 120. | izvor na Keljevo brdo - Korenica | ER5 | GR | 44.71890 | 15.74119 |
| 121. | rijeka Petrinjčica - Prnjavor Čuntićki | ER5 | PPR | 45.35303 | 16.28199 |
| 122. | rijeka Petrinjčica - Hrvatski Čuntić | ER5 | PPR | 45.35767 | 16.28479 |
| 123. | izvor Grab - Sinj | ER5 | MR | 43.64099 | 16.76997 |
| 124. | rijeka Rudnica, izvor – Ožanići | ER5 | GR | 45.21457 | 15.39262 |
| 125. | rijeka Zagorska Mrežnica, izvor - Desmerice | ER5 | GR | 45.19455 | 15.22274 |
| 126. | rijeka Dobra izvor - Mala Dobra | ER5 | GR | 45.42795 | 14.95681 |
| 127. | rijeka Dobra - kanjon | ER5 | GR | 45.3578 | 15.30490 |
| 128. | rijeka Dobra - Novigrad na Dobri | ER5 | GR | 45.46408 | 15.43058 |
| 129. | rijeka Dobra - Trošmarija | ER5 | GR | 45.32717 | 15.27631 |
| 130. | rijeka Dobra - Jarče polje | ER5 | GR | 45.43335 | 15.40031 |
| 131. | rijeka Dobra - Lešće | ER5 | GR | 45.37336 | 15.35576 |
| 132. | rijeka Dobra - Kamičnik | ER5 | GR | 45.36598 | 15.07526 |
| 133. | rijeka Dobra - Priselci | ER5 | GR | 45.55818 | 15.49650 |
| 134. | izvor Napojište - Plitvički Ljeskovac | ER5 | GR | 44.82661 | 15.61666 |
| 135. | potok Plitvice, izvor - Plitvica Selo | ER5 | GR | 44.90137 | 15.57379 |
| 136. | potok Plitvice, srednji tok - Plitvica Selo | ER5 | GR | 44.90301 | 15.59250 |
| 137. | Prošćansko jezero, most - NP Plitvička jezera | ER5 | GR | 44.85339 | 15.58917 |
| 138. | jezero Gavanovac - NP Plitvička jezera | ER5 | GR | 44.89844 | 15.61086 |
| 139. | jezero Kozjak, most - NP Plitvička jezera | ER5 | GR | 44.88010 | 15.61403 |
| 140. | jezero Milanovac - NP Plitvička jezera | ER5 | GR | 44.89582 | 15.6094 |
| 141. | slap Labudovac - NP Plitvička jezera | ER5 | GR | 44.87054 | 15.59858 |
| 142. | jezero Ciginovac - NP Plitvička jezera | ER5 | GR | 44.87165 | 15.59708 |
| 143. | izvor Crne rijeke - Plitvička jezera | ER5 | GR | 44.83086 | 15.61343 |
| 144. | izvor Česma - Vrlika | ER5 | MR | 43.90841 | 16.38209 |
| 145. | rijeka Kupčina – Lazina, Karlovac | ER5 | PPR | 45.59929 | 15.62301 |
| 146. | rijek Norin, ušće - Metković | ER5 | MR | 43.03489 | 17.60777 |
| 147. | rijeka Cetina - izvor Glavaš | ER5 | MR | 43.97648 | 16.43020 |
| 148. | potok Križ - Petrinja | ER11 | PPR | 45.42250 | 16.24800 |
| 149. | Bijeli potoci - Kamensko, Korenica | ER5 | GR | 44.64247 | 15.86368 |
| 150. | izvor Drakulić rijeke | ER5 | GR | 44.78892 | 15.65101 |
| 151. | izvor Grude | ER5 | MR | 42.52946 | 18.39940 |
| 152. | izvor Rabac | ER5 | MR | 45.08494 | 14.13915 |
| 153. | izvor Čerišnjevac - Pazin | ER5 | MR | 45.28281 | 13.91373 |
| 154. | izvor Ružicov | E11 | PPR | 45.51156 | 17.85922 |
| 155. | rijeka Krka - NP Krka, desna obala, pristanište za brodove | ER5 | MR | 43.80572 | 15.96375 |
| 156. | rijeka Krka - Visovac, pristanište na desnoj obali | ER5 | MR | 43.86144 | 15.97422 |
| 157. | rijeka Krka - HE Miljacka | ER5 | MR | 44.00119 | 16.01822 |
| 158. | rijeka Krka - Roški slap | ER5 | MR | 43.90329 | 15.97541 |

Tablica 1. Popis lokacija na kojima su prikupljeni uzorci s koordinatama (lat i log) i pripadajućom geografskom regijom prema Bertić i sur. (2001) i ekoregijama prema Illesu (1967, 1978).

| | Lokalitet | Illies | Bertić | Lat | Log |
|------|---|--------|--------|----------|----------|
| 159. | jezero Brljan - NP Krka | ER5 | MR | 44.00873 | 16.03701 |
| 160. | izvor Bijela stijena - Petrovec, Petrinja | ER5 | PPR | 45.42317 | 16.22337 |
| 161. | rijeka Milka Trnina | ER5 | GR | 44.89443 | 15.60811 |
| 162. | rijeka Utinja, vodocrpilište Banovina - Pecki | ER5 | PPR | 45.38730 | 16.24771 |
| 163. | potok Šumetlica - Pšunj | ER11 | PPR | 45.37560 | 17.36087 |
| 164. | pritok rijeke Maje, Banovina | ER11 | PPR | 45.32821 | 16.11993 |
| 165. | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | ER11 | PPR | 45.47889 | 17.65952 |
| 166. | rijeka Sunja - Kukuruzari | ER11 | PPR | 45.26795 | 16.48591 |
| 167. | potok Vrklješće, izvor - Velika Rakovic, Samoborsko gorje | ER5 | MR | 45.77922 | 15.71631 |
| 168. | Biokovo, Zagvozd | ER5 | MR | 43.41378 | 17.05910 |
| 169. | Lazac - Risnjak | ER5 | GR | 45.45263 | 14.60594 |
| 170. | Baške Oštarije | ER5 | GR | 44.53164 | 15.16667 |
| 171. | Nova velika, jama - Biokovo | ER5 | MR | 43.32883 | 17.05030 |
| 172. | Amfora, jama, Bikovo | ER5 | MR | 43.33513 | 17.07383 |
| 173. | Mokre noge, jama - Biokovo | ER5 | MR | 43.32889 | 17.05612 |
| 174. | Jama pod sv. Jurom - Biokovo | ER5 | MR | 43.34227 | 17.05306 |
| 175. | Bukovac špilja - Delnice | ER5 | GR | 45.34308 | 14.75720 |
| 176. | Jama Vjetrova - Crnopac | ER5 | GR | 44.25343 | 15.84123 |
| 177. | Velika Čulimova pećina, špilja - Kijevo | ER5 | MR | 43.98908 | 16.37234 |

Tijekom terenskog istraživanja bilježeni su podatci o prikupljenim vrstama (npr. ime vrste, spol jedinke, brojnost), o području istraživanja (npr. abiotički čimbenici: temperatura vode, temperatura i vlažnost zraka, vrsta staništa, uzroci ugroženosti) i o korištenoj metodi prikupljanja. Fotografirana su mjesta uzorkovanja tulara te je GPS uređajem zabilježena točna lokacija. Prikupljanje je vršeno tijekom dana i noći. Tijekom dana uzorci tulara su prikupljeni ručno te s entomološkom mrežicom (Slika 2) u vremenu od 30 minuta na različitim staništima. Tijekom noći za prikupljanje tulara koristila se svjetlosna klopka koja je bila postavljena 90 minuta. Svjetlosnu lovku čini izvor svjetlosti (fluorescentna cijev koja emitira ultraljubičasto - UV zračenje) koji se postavlja u središte metalne konstrukcije piramidalnog oblika i prekriva reflektirajućom bijelom plahtom (Slika 3). Pazilo se da svjetlosna klopka ne bude postavljena za vrijeme punog mjeseca, snažnog vjetra i jake kiše. Svi skupljeni uzorci tulara pohranjeni su u plastične posudice s 96% etilnim alkoholom i primjereno označeni.



Slika 2. Prikupljanje tulara za vrijeme dana (slika lijevo – ručno prikupljanje (foto: Renata Ćuk), slika desno – prikupljanje entomološkom mrežicom (foto: Antun Delić).

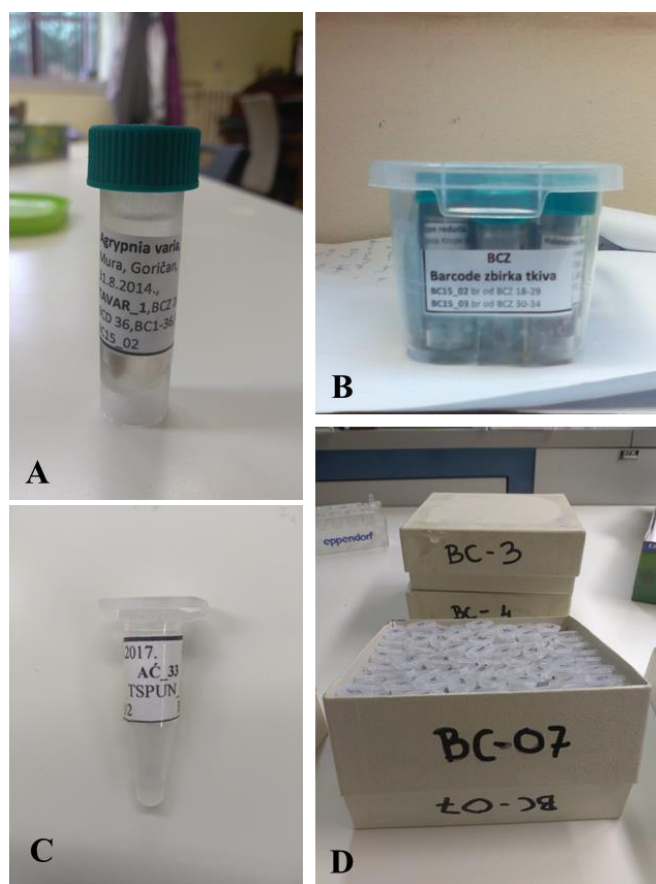


Slika 3. Prikupljanje tulara tijekom noći uz pomoć svjetlosne klopke.

3.2. Morfološka analiza i određivanje

U laboratoriju su provedene morfološke analize i određivanje prikupljenih uzoraka. Za određivanje ličinki korištena je sljedeća literatura: Hickin (1967), Lepneva (1966) i Waringer i Graf (2011). Određivanje odraslih tulara provedena je prema standardnoj literaturi: Kumanski (1985) i Malicky (2004). Osim terenskog prikupljanja, dio uzoraka ustupili su kolege iz osobnih zbirki tulara. Molekularna analiza provedena je na izdvojenim primjercima iz prikupljenih i morfološki određenih uzorka. S ostalim prikupljenim uzorcima i svim pratećim podatcima formirana je entomološka zbirka „Trichoptera NIP“ u Hrvatskom prirodoslovnom muzeju. Uzorci na kojima je napravljena molekularna analiza pohranjeni su u zbirku tkiva BCZ „DNA barcode collection“ u Hrvatskom prirodoslovnom muzeju. Svaki uzorak DNA dobio je jedinstven broj - DNA kod u zbirci DNA (npr. TABAL_1). Oznaka je skraćena slova reda (T - Trichoptera), imena roda (A – *Adicella*) imena vrste (BAL –

balcanica), rednog broja uzora (1 – prvi uzorak ove vrste u zbirci). Oznaka DNA koda naznačena je na etiketi postavljenoj na tubici (Eppendorf tuba volumena 1.5 μ L) za pohranu DNA. Uz DNA kod svaki primjerak je dobio jedinstven broj u zbirci izolirane DNA i s naznakom kutije u kojoj je pohranjena za lakše snalaženje. Tako npr. uzorak TABAL_1 ima oznaku BCD 248 što znači da je to 248 primjerak u Barkod zbirci DNA, a BC4-13 znači da je pohranjen u kutiju oznake BC4 na mjestu 13. Primjerci izolirani u zadnje dvije godine dobili su i još jednu jedinstvenu oznaku koja predstavlja projekt unutar kojeg su izolirane (Projekt DNA barkodiranje bioraznolikosti hrvatske faune, www.pmf.unizg.hr/dna_barkodiranje). Tako npr. imamo uzorak TLSPA_1 AC_1 što znači da je to prvi primjerak vrste *Limnephilus sparsus* u „Barcode zbirka DNA“ i prvi primjerak tulara izoliran unutar projekta. Životinja iz koje je izolirana DNA pohranjena je u tubu s 96% etanolom kao dokazni muzejski primjerak (engl. voucher specimen) s istom oznakom kao i Barcode zbirka DNA. Navedena životinja dio je zbirke DNA barcode collection - BZC“ (Slika 4).



Slika 4. A-D. Pohrana uzoraka: A – pojedinačna životinja koja služi kao dokazni muzejski primjerak, vaučer (eng. voucher), B – pohrana više vaučera koji čine zbirku tkiva BCZ, C – eluat izolirane DNA, D – više uzoraka izolirane DNA koji čine zbirku izolirane DNA BCD.

3.3. Molekularno genetičke laboratorijske metode i materijali

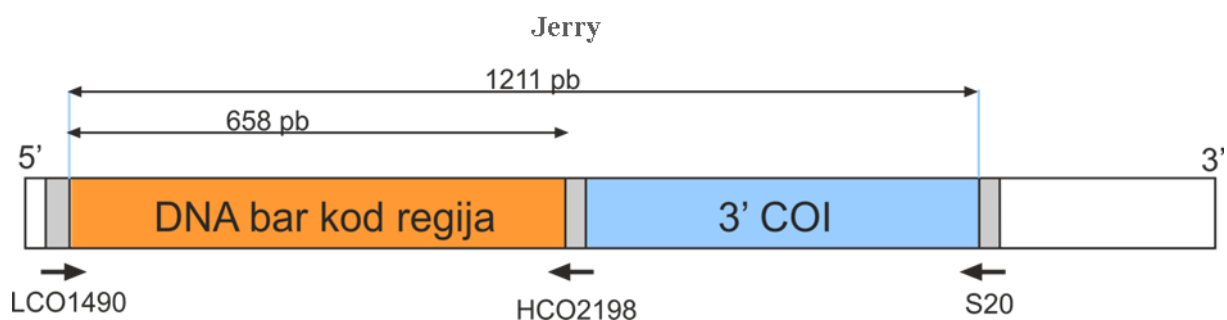
Iz terenski prikupljenih uzoraka izdvojeni su uzorci iz kojih je izolirana DNA. Osim primjeraka iz Hrvatske, obrađeni su i primjerci iz drugih zemalja u svrhu usporedbe sekvenci DNA barkod regije (PRILOG 1). Za sve primjerke iz kojih je uspješno izolirana DNA i dobiven željeni PCR produkt, DNA barkod regija, s pripadajućim informacijama unesene su u BOLD bazu. Unesene DNA barkod sekvence dostupne su javnosti unutar alata Identification Engine, a preuzimanje i rad sa podacima i sekvencama moguć je preko kreiranih Projekata unutar BOLD baze (navedeni alati BOLD baze objašnjeni su u potpoglavlju 3.4.1. Bioinformatičke analize ovog rada, stranica 20). Dio DNA sekvenci s podacima iz ovog rada su javno dostupni u BOLD bazi na Public Data Portal (www.boldsystems.org). Nakon objave pojedinog znanstvenog rada ili završetka projekta bit će javno dostupni sve DNA barkod sekvence i podatci iz ovog rada.

3.3.1. Izolacija genomske DNA

Ukupna genomska DNA izolirana je iz tkiva noge tulara. Kod malih vrsta (veličine oko 2 mm) korištena je cijela životinja, koja je nakon izolacije pohranjena (točnije genitalni aparat). Testirana je uspješnost izolacije ukoliko se uzorak prije izolacije zdrobi ili razreže skalpelom na manje dijelove u odnosu na netretirani uzorak. Rezultati su bili istovjetni za tretirane i ne tretirane uzorke, stoga se prije izolacije nije vršilo usitnjavanje uzoraka. Testirana je uspješnost različitih komercijalnih kompleta za izolaciju DNA: Invitrogen™ PureLink™ Genomic DNA Mini Kit (Thermo Fisher Scientific), One-Tube Hair DNA Extraction Kit (BioBasic), QIAamp® - Isolation of Genomic DNA from FFPE Tissue (QIAGEN), GenElute™ Mammalian Genomic DNA Miniprep Kit (SIGMA – ALDRICH). Komplet za izolaciju DNA QIAGEN imao je najveću uspješnost izolacije DNA iz tkiva tulara, posebno kod malih vrsta. Za daljnju izolaciju DNA odabran je SIGMA – ALDRICH komplet za izolaciju DNA koji se pokazao kao najbolji uzimajući u obzir omjer cijene i uspješnosti izolacije DNA iz tkiva tulara. Daljnja izolacija DNA iz tulara provedena je prema uputama proizvođača. Jedina promjena u odnosu na tvorničke upute jest elucija DNA u puferu za izolaciju. Ovisno o ulaznoj količini tkiva, DNA je eluirana u 50 µl ili 30 µl pufera za eluciju.

3.3.2. PCR (Lančana reakcija polimeraze) i korištene početnice

U PCR reakciji (engl. Polymerase Chain Reaction) za 5' regiju mitohondrijskog gena za citokrom oksidazu podjedinica I većinom su korištene univerzalne početnice LCO-1490 i HCO-2198 (Folmer i sur. 1994). Početnica za smjer 5' prema 3' predstavlja „forward“ početnicu, a početnica u smjeru 3' prema 5' „reverse“ početnicu. U dosadašnjim istraživanjima tulara na području Hrvatske korištena je druga regija, tj. 3' regija gena za citokrom oksidazu podjedinica I (*COI*), stoga se nastojalo dobiti dulji fragment DNA koji bi uključivao i ovu regiju. Za navedenu regiju korištena je početnica S20 (Pauls i sur. 2003) u kombinaciji s početnicom LCO-1490 (rezultat je dulji fragment, obje regije), a rjeđe s početnicom Jerry (Simon i sur. 1994) (rezultat je kraći fragment, 3' regija, duljine 541 bp) (Slika 5).



Slika 5. Shematski prikaz regije mitohondrijskog gena za citokrom oksidazu podjedinica I uključujući početnice s naznačenom regijom koju umnožavaju, smjerom i duljinom prikazanom u parovima baza.

Za primjerke kod kojih nismo dobili PCR produkt kombinacijom nekih od navedenih početnica, dizajnirane su vrsno specifične početnice: TM1 LCOI, TM2 LCOI, TM3 HCOI, TM4 HCOI, DIPL H1, DIPL H2, DIPL H3. Najveća uspješnost PCR reakcije postignuta je koktelom C_LepFolF i C_LepFolR, tj. smjesom početnica LCO-1490 i LepF1 - C_LepFolF te HCO-2198 i LepR1 - C_LepFolR u omjeru 50:50 (Tablica 2). U tablici (Tablica 2) su navedene početnice za druge fragmente mitohondrijskog *16S* rRNA i nuklearnih *wg*, *CAD* biljega.

Tablica 2. Početnice korištene u PCR reakcijama.

| Gen | Naziv početnice | Sekvenca 5'-3' | Literatura |
|------------|-----------------|---------------------------|--------------------|
| <i>COI</i> | LCO-1490 | GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG | Folmer i sur. 1994 |

Tablica 2. Početnice korištene u PCR reakcijama.

| Gen | Naziv početnice | Sekvenca 5'-3' | Literatura |
|----------|-----------------|--|------------------------------|
| | HCO-2198 | TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA | |
| | S20 | GGGAAAAAGGTTAAATTTACTCC-3 | Pauls i sur. 2003 |
| | Jerry | CAACATTTATTTTGATTTTTTTGG | Simon i sur. 1994 |
| | TM3 HCOI | TGATTYTTYGGYCACCCWGAAGTTTA | ovaj rad |
| | TM4 HCOI | TGATTYTTYGGRCACCCWGAAGTTTA | ovaj rad |
| | DIPLH1 | TATATGGGATAAATTTGAAG | ovaj rad |
| | DIPLH2 | AATGTGCTACTACATAATARGT | ovaj rad |
| | DIPLH3 | AATGRGCTACTACRTARTATGT | ovaj rad |
| | LepF1 | ATTCAACCAATCATAAAGATATTGG | Hebert i sur. 2003 a,b |
| | LepR1 | TAAACTTCTGGATGTCCAAAAAATCA | Hebert i sur. 2003 a,b |
| | C_LepFolF | LepF1:LCO-1490 | Hernández-Triana i sur. 2014 |
| | C_LepFolR | LepR1:HCO-2198 | Hernández-Triana i sur. 2014 |
| 16S rRNA | LR-N-13398 | CACCTGmAACAAAAACAT | Simon i sur. 1994 |
| | LR-J-12887 | TTACGCTGTTATCCTAA | Simon i sur. 1994 |
| CAD | CAD_743nF | TAA TAC GAC TCA CTA TAG GGG GNG TNA CNA CNG CNT GYT TYG ARC | Wahlberg i sur. 2008 |
| | CAD_1028R | ATT AAC CCT CAC TAA AGG GT TRT TNG GNA RYT GNC CNC CCA T | Wahlberg i sur. 2008 |
| wg | Wingnut1a | GAA ATG CGN CAR GAR TGY AA | Pauls i sur. 2008 |
| | Wingnut3 | ACY TCR CAR CAC CAR TGR AA | Pauls i sur. 2008 |

PCR je metoda kojom se iz ukupne genomske DNA umnožavaju ciljani segmenti DNA. U ovom radu lančana reakcija polimeraze odvijala se kako je dalje napisano. Mijenjao se ukupan volumen reakcijske smjese (50 μ L, 25 μ L, 20 μ L, 15 μ L). Reakcijska smjesa, sadržavala je 1X (koncentracija) pufera (5X Green Go Taq®Flexi Buffer, Promega), 0.2 mM svakog deoksiribonukleotid trifosfat - dNTP (10 mM PCR Nucleotide Mix, Biobasic), po 0.4 μ M svake početnice, 1.25 U (Go Taq®Hot Start Polymerase, Promega), 5 μ L eluata genomske DNA, a ostatak volumena nadopunjen je destiliranom vodom (eng. *nuclease free water*), ovisno kolika je ukupna reakcijska smjesa (do 50 μ L, 25 μ L, 20 μ L, 15 μ L). Ukoliko nije dobiven PCR produkt ovim omjerom standarda za PCR i volumena DNA, povećan je volumen DNA. Prilikom svake PCR reakcije korištena je negativna kontrola koja nije sadržavala DNA nego vodu, a služila je kao kontrola potencijalne kontaminacije pojedinih

kemikalija i pribora. Kako bi se izbjegla kontaminacija, reakcijska smjesa bez početnica i DNA kalupa, osvijetljena je 10 minuta ultraljubičastim (UV) svjetlom valne duljine od 254 do 300 nm (Sarkar i Sommer 1990). Uvjeti PCR reakcije mijenjani su ovisno o ciljanom genu i korištenim početnicama kako je navedeno u tablici (Tablica 3).

Tablica 3. Uvjeti PCR reakcije (*početnice prema Hernández-Triana i sur. 2014).

| GEN | Korak PCR reakcije | Temperatura (°C) | Trajanje (min) | Br. ciklusa |
|--|-------------------------------|------------------|----------------|-------------|
| <i>COI, 16S rRNA i CAD</i> | Početna denaturacija | 95 | 2:00 | 1 ciklus |
| | Naizmjenična denaturacija | 95 | 0:30 | 35 ciklusa |
| | Sparivanje početnica | 50 | 0:30 | |
| | Produljenje lanaca DNA | 72 | 1:30 | |
| | Finalno produljenje lanca DNA | 72 | 7:00 | |
| | Hlađenje | 4 | ∞ | |
| <i>wg</i> | Početna denaturacija | 95 | 2:00 | 1 ciklus |
| | Naizmjenična denaturacija | 95 | 0:30 | 35 ciklusa |
| | Sparivanje početnica | 52 | 0:30 | |
| | Produljenje lanaca DNA | 72 | 1:30 | |
| | Finalno produljenje lanca DNA | 72 | 7:00 | |
| | Hlađenje | 4 | ∞ | |
| <i>COI (samo s početnicama C_LepFolF i C_LepFolR*)</i> | Početna denaturacija | 94 | 2:00 | 1 ciklus |
| | Naizmjenična denaturacija | 95 | 0:40 | 5 ciklusa |
| | Sparivanje početnica | 55 | 1:00 | |
| | Produljenje lanaca DNA | 72 | 0:40 | |
| | Naizmjenična denaturacija | 95 | 0:30 | 35 ciklusa |
| | Sparivanje početnica | 51 | 0:30 | |
| | Produljenje lanaca DNA | 72 | 1:00 | |
| | Finalno produljenje lanca DNA | 72 | 5:00 | |
| | Hlađenje | 4 | ∞ | |

3.3.3. Elektroforetsko odjeljivanje fragmenata DNA

Uspješnost PCR reakcije provjerena je metodom elektroforeze u agaroznom gelu. Elektroforeza je metoda koja omogućuje razdvajanje molekula DNA po duljini pod utjecajem istosmjernog električnog polja. Negativno nabijene DNA molekule kreću se od negativne katode prema pozitivnoj anodi, pri čemu kraće molekule putuju brže kroz gel od duljih. Korišten je 1%-tni agarozni gel koji je pripremljen otapanjem 1 g agaroze u 100 ml 1x TBE (tris-borat- etilendiamintetraoctena kiselina) pufera s 100 µl etidijevog bromida koncentracije 0,5 µg/ml. Etidij bromid je boja koja interkalira u dvolančanu DNA te omogućuje vizualizaciju fragmenata DNA pod UV svjetlom.

3.3.4. Određivanje primarne strukture DNA (sekvenciranje)

PCR produkti poslani su na pročišćavanje i na obostrano sekvenciranje (smjer „forward“ i „reverse“) u komercijalni servis Macrogen Inc. (Amsterdam, Nizozemska). Sekvenciranje je provedeno upotrebom početnica koje su korištene u amplifikaciji fragmenata DNA.

3.4. Analiza i obrada podataka

3.4.1. Bioinformatičke analize

3.4.1.1. Uređivanje i sravnjivanje nukleotidnih sekvenci

Sekvence dobivene eksperimentalnom obradom označene su jedinstvenim oznakama kao i u procesima izolacije i umnažanja. Autentičnost umnoženih i sekvenciranih mtDNA nukleotidnih sljedova provjerena je usporedbom s DNA barkod sekvencama pohranjenim u BOLD bazi podataka. Pri tom je uspoređena dobivena sekvenca iz ove studije s postojećim sekvencama pohranjenim u BOLD bazi korištenjem analitičkih alata platforme BOLD.

Za pregledavanje i uređivanje eksperimentalno dobivenih sekvenci korišten je program Bioedit 7.2.4. (Hall 1999). Uređivanje sravnjenih sekvenci korištenih u analizi uključivalo je uklanjanje početnica te loše očitanih početaka i krajeva varijabilnih duljina. Razlike u očitanim nukleotidima provjerene su pregledavanjem kromatograma pojedinih sekvenci. Sve pogreške sekvenciranja su ručno ispravljene, a prisutne su u obliku pogrešno očitano signala, preklapanja signala dviju baza ili izostavljanja neke od baza. Sekvence loše kvalitete ili nedovoljne duljine izostavljene su iz daljnje analize. DNA barkod regija dobivena je sravnjivanjem sekvenci iz oba smjera za svaki uzorak (smjer 5' prema 3' i smjer 3' prema 5'). Obostrani nukleotidni sljedovi međusobno su sravnjeni u programu Bioedit 7.2.4 pomoću ClustalW višestrukog sravnjivanja (Larkin i sur. 2007). Sekvence su kolabirane u jedinstvene haplotipove (skupinu sekvenci s identičnim nukleotidnim slijedom) koristeći online servis FaBox v.1.41 (Villesen 2007).

3.4.1.2. Filogenetičke i filogeografske analize sekvenci

Filogenetske analize provedene su na sljedećim filogenetskim metodama: metoda Bayesian analize (BA, eng. Bayesian analysis), metoda najveće štedljivosti (MP, eng. maximum

parsimony), metoda najveće vjerojatnosti (ML, eng. maximum likelihood) te metoda susjednog sparivanja (NJ, eng. neighbour joining). Programi korišteni za analize srađenjenih sekvenci i rekonstrukciju filogenetskih stabala su MEGA6 (Tamura i sur. 2013) za NJ, ML i MP analize te MrBayes (Ronquist i Huelsenbeck 2003) za BA analizu. Većina filogenetskih stabala u ovom radu rekonstruirana su metodama NJ i ML zbog dobivanja brzog rezultata te mogućnosti usporedbe rezultata s prijašnjim istraživanjima koja se dominantno temelje na navedenim metodama. BA analiza korištena je za utvrđivanje veće vjerodostojnosti rezultata kod molekularno-filogenetskih analiza pojedinih svojti. BA analiza rijeđe je korištena metoda u ovom radu s obzirom da je potrebna duža priprema DNA sekvenci te sporija obrada i dobivanje rezultata.

Rekonstrukciji filogenetskog stabla prethodi odabir optimalnog evolucijskog modela za svaki genski biljeg. Evolucijski ili nukleotidni supstitucijski modeli pretpostavljaju kojim je načinom došlo do nukleotidnih promjena u sekvencama tijekom evolucijske prošlosti. Primjena različitih evolucijskih modela rezultira različitim rezultatima filogenetskih analiza. Statistički testovi odabiru model koji najbolje pristaje uz analizirane podatke, a mogu se podijeliti u dvije skupine: hijerarhijski test udjela vjerojatnosti (hLRT, eng. hierarchical likelihood ratio test) te informacijski kriterij (IC, eng. information criteria). Najpovoljniji evolucijski model odabran je u programu jModelTest 2.1.5. (Darriba i sur. 2012) prema Bayesian informacijskom kriteriju (BIC, eng. Bayesian information criterion). Nekorigirane udvojene genetske udaljenosti (PD, eng. p-distance, uncorrected pairwise distance) i korigirane genetske udaljenosti (K2P, eng. corrected distances, Kimura two-parameter distance) izračunate su u programu MEGA6. Također, uz pomoć programa MEGA6, određene su vrijednosti sačuvanih mjesta (C; eng. conserved sites), varijabilnih mjesta (V, eng. variable sites) te parsimonijski informativnih mjesta (Pi, parsimony informative sites). U provedenim filogenetičkim analizama (NJ, MP i ML) kao statistička podrška grananja unutar stabla korištena je metoda bootstrap. Podrška za grananja unutar filogenetskih stabala određena je na temelju 1000 *bootstrap* ponavljanja za MP i ML analizu te na temelju 5000 *bootstrap* ponavljanja za NJ analizu. Podrška grananjima u BA procijenjena je na temelju posteriornih vjerojatnosti (eng. Bayesian posterior probabilities, BPP). Parametri analiza za podatke postavljeni su na isti način. U NJ metodi korištene su p-distance (eng. uncorrected pairwise distance), a u analizu su uključene tranzicije i transverzije. Filogenetsko stablo u MP metodi dobiveno je „tree bisection reconnection“ (TBR) algoritmom pri čemu je razina

pretrage iznosila jedan, a inicijalno stablo dobiveno nasumičnim dodavanjem sekvenci u 10 kopija. U analizi statističkom metodom ML korišteni su prethodno navedeni supstitucijski modeli, a heuristička metoda odabira stabala je „Nearest-Neighbor-Interchange“ (NNI). U BA metodi prvih 20% stabala isključeno je iz analiza kao „burn in“ (Posada i Crandall 2001). Filogenetska stabla su uređena u programu CorelDRAW Graphics Suite X7 (<http://www.coreldraw.com>).

Star BEAST metoda (*BEAST) implementirana u programskom paketu BEAST v2.4.0 (Bouckaert i sur. 2014) korištena je za konstrukciju stabla vrsta kao i određivanje vremena divergencije među njima (Heled i Drummond 2009). Set podataka sastojao se od pojedinačnih sravnjenja sva četiri korištena molekularna biljega (*COI*, *16S rRNA*, *CAD* i *wg*) pri čemu su korištene samo one jedinice za koje su uspješno umnožena sva četiri biljega (Tablica 18). Ovaj Bayesianski pristup temelji se na teoriji koalescencije i koristi multiple genske lokuse te omogućava razrješavanje filogenetskih odnosa blisko srodnih vrsta kao i razgraničenje kriptičnih vrsta. Pri tome se u istoj Bayesian MCMC (eng. Monte Carlo Markov Chain) analizi simultano određuje stablo vrsta i sva stabla gena (za svaki od molekularnih biljega). Budući da metoda zahtijeva *a priori* specificiranje vrsta, hipotetske vrste specificirane su na temelju rezultata provedenih ML i Bayesian filogenetskih analiza. Evolucijski model i parametri modela primijenjeni za svaku particiju konkateniranih sekvenci odabrani su računalnim programom jModelTest 2.1.5. (Darriba i sur. 2012) korištenjem Bayesian informacijskog kriterija. Za sve particije korišten je striktni molekularni sat pri čemu je za *COI* particiju primijenjena fiksna vrijednost od 0,0177 supstitucija po mjestu u milijun godina (prema Papadopoulou i dr. 2010). Molekularni sat, supstitucijski modeli i modeli stabala zadani su u analizi kao nevezani (eng. unlinked) za sva četiri lokusa uz iznimku vezanog (eng. linked) modela stabla za dva mitohondrijska lokusa (*COI* i *16S rRNA*). Analiza je provedena korištenjem Yule specijacijskog modela kroz 150 000 000 generacija uz uzorkovanje svake 15-tisućite generacije od kojih je prvih 10% odbačeno („burn-in“). Konvergencija analiza testirana je na temelju posteriornih uzoraka korištenjem dijagnostičkog softvera Tracer v. 1.6 (Rambaut i dr. 2014). Efektivne veličine uzoraka (ESS vrijednosti) bile su >200 za sve parametre indicirajući konvergenciju. Stablo vrsta vizualizirano je korištenjem DensiTree softvera (Bouckaert 2010).

3.4.1.3. Razdvajanje vrsta

ABGD (Automatic Barcode Gap Discovery) analiza je automatizirana metoda pomoću koje se sekvence iz seta podataka razvrstavaju u hipotetske vrste na temelju tzv. „barkod praznine“ (eng. barcode gap, Hebert i sur. 2003b). DNA barkod prazina predstavlja prekid u distribuciji vrijednosti udvojenih genetičkih udaljenosti (interval između maksimalnih intraspecifičnih i minimalnih interspecifičnih udaljenosti). „Barkod praznina“ može se uočiti kad god su genetske razlike između organizama koji pripadaju istoj vrsti manje nego što su genetske razlike između organizama koji pripadaju različitim vrstama. ABGD analiza izvršena je korištenjem mrežnog softvera ABGD (Puillandre i sur. 2012). Pri tome su vrijednosti minimalne i maksimalne intraspecifične varijabilnosti postavljene na $P_{min}=0,001$ i $P_{max}=0,08$ (pretpostavljeni interval u kojem se nalazi DNA barkod praznina za skupinu Trichoptera), za minimalnu širinu barkod praznine (koja određuje osjetljivost metode na širinu praznine) uzeta je vrijednost 1, a za udaljenost je izabran Kimura 2 parametar. Korištene su srađene sekvence gena *COI* (DNA barkod regija) koje su potom kolabirane u haplotipove. Kao rezultat analize dobiju se dvije particije, rekurzivna i inicijalna. U ovom radu uzete su u obzir inicijalne particije s obzirom da su stabilnije na širok raspon prije postavljenih vrijednosti (npr. vrijednosti P_{min} , P_{max}) te su uobičajeno bliže broju grupa koje su i taksonomski validne (Puillandre i sur. 2012). Analiza grupira sekvence u grupe koje predstavljaju hipotetske vrste, odnosno molekularne operativne taksonomske jedinice - MOTUs.

3.4.1.4. Analize pomoću BOLD platforme

BOLD, osim baze, predstavlja bioinformatičku platformu s alatom koji je korišten u ovom radu (www.boldsystem.org version 4.0):

1. BOLD Identification Engine – omogućuje automatsko određivanje promatrane *COI*, DNA barkod sekvence na način da se promatrana DNA barkod sekvenca uspoređuje s postojećim DNA barkod sekvencama (javnim i privatnim) u bazi. Rezultat je prikazan postotkom sličnosti promatrane DNA barkod sekvence s gdje 100% sličnosti znači da je promatrana DNA barkod sekvenca u potpunosti identična s DNA barkod sekvencom iz baze. Rezultat određivanja može se prikazati u obliku filogenetskog stabla;

2. Kreiranje projekata – registracijom u BOLD bazi kreira se projekt u koji se unosi DNA barkod sekvence i podatke za pojedine primjerke (morfološko određivanje, razvojni stadij, spol, osoba koja je morfološki odredila primjerak, vrijeme i mjesto prikupljanja, geografske koordinate itd.). Svaki od projekata se naziva s nekoliko slova (npr. projekt CROTR, unutar projekta CROBF). Navedeni projekti, pa tako i DNA sekvence s podacima mogu biti privatni - dostupni samo osobi koja ih je kreirala (i osobama koje ona odredi) ili javni - dostupni svim korisnicima;
3. Taxon ID tree – omogućuje konstrukciju filogenetskog stabla metodom susjednog sparivanja od unesenih DNA barkod sekvenci;
4. Cluster Sequences – alat koji svrstava DNA barkod sekvence u operative taksonomske jedinice nazivane „Barcode index number – BIN“ (Barcode of Life Data Systems Handbook, Ratnasingham i Hebert 2007).

3.4.2. Odabrane nove i taksonomski specifične svojte tulara u Hrvatskoj – setovi podataka i bioinformatičke analize

3.4.2.1. Vrste iz roda *Tinodes* Curtis, 1834

Metoda DNA barkodiranja korištena je kako bi se sigurnošću potvrdilo da se radi o novoj vrsti roda *Tinodes* u fauni Hrvatske. Za izradu filogenetskih stabala temeljenih na DNA barkod regiji korištene su uz sekvence dobivene ovim radom (Tablica 4) i sekvence preuzete iz BOLD baze podataka (*Tinodes higashiyamanus* Tsuda, 1942, *T. n. sp. nr. turanicus* Martynov, 1927, *T. dives consiglioi* Botosaneanu, 1980, *T. provo* Ross & Merkley, 1950, PRILOG 2). Od navedenih DNA sekvenci načinjeni su jedinstveni haplotipovi. Rodovi i vrste iz porodice Psychomyiidae (*Psychomyia flavida* Hagen, 1861, *P. mortisai* Tsuda, 1942, *Lype diversa* (Banks, 1914), *L. excisa* Mey, 1991) korištene su za ukorjenjivanje stabla. Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrane su metode: NJ, ML i BA. Kod ABGD analize uzeta je vrijednost inicijalne particije s maksimalnom vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,08.

Tablica 4. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Tinodes*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|---|-----------|------------------|-------------------------------------|
| <i>Tinodes antonioi</i> Botosaneanu & Taticchi-Vigano, 1974 | TTANT_1 | NIP002-16 | potok Roč (izvor) - Marušići |
| <i>Tinodes</i> sp. | TTIN_1 | NIP003-16 | potok Mlini (izvor) |
| <i>Tinodes</i> sp. | TTIN_2 | NIP004-16 | potok Roč (izvor) - Marušići |
| <i>Tinodes braueri</i> McLachlan, 1878 | TTBRA_1 | NIP005-16 | rijeka Krupa (donji tok) - Manastir |
| <i>Tinodes pallidulus</i> McLachlan, 1878 | TTPAL_1 | NIP006-16 | potok Roč (izvor) - Marušići |
| <i>Tinodes waeneri</i> (Linnaeus, 1758) | TTWAE_1 | NIP001-16 | potok Mlini (izvor) |
| <i>Tinodes dives</i> (Pictet, 1834) | TTDIV_1 | NIP007-16 | rijeka Una (izvor) |

3.4.2.2. Vrste iz roda *Adicella* McLachlan, 1877

Metoda DNA barkodiranja korištena je kako bi sa sigurnošću potvrdili da se radi o nove dvije vrste roda *Adicella*: *A. cremisa* Malicky 1972 i *A. balcanica* Botosaneanu & Novak 1965 u fauni Hrvatske. Za izradu filogenetskih stabala temeljenih na genu za *COI* korišteni su jedinstveni haplotipovi dobiveni ovim radom (Tablica 5) i sekvence preuzete iz BOLD baze (PRILOG 3). Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrana je metoda: NJ. Za ukorjenjivanje stabala korištena je sekvenca vrste *Rhyacophila vulgaris* Pictet, 1834.

Tablica 5. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Adicella*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|--|-----------|------------------|--|
| <i>Adicella balcanica</i> Botosaneanu & Novak 1965 | TABAL_1 | NIP010-16 | rijeka Krupa (donji tok) - Manastir |
| <i>Adicella cremisa</i> Malicky 1972 | TACRE_1 | NIP009-16 | rijeka Zrmanja (srednji tok) - Palanka |
| <i>Adicella cremisa</i> | TASYR_1 | NIP008-16 | rijeka Krapina (srednji tok) - Krapina Selo |
| <i>Rhyacophila vulgaris</i> Pictet, 1834 | TRVUL_1 | CROAA031-18 | rijeka Kupčina (gornji tok) – Vrabac, Žumberak |

3.4.2.3. Vrste iz roda *Trichostegia* Kolenati, 1848

Za izradu filogenetskih stabala temeljenih na genu za *COI*, DNA barkod regije korišteni su haplotipovi dobiveni ovim radom (Tablica 6) i sekvence preuzete iz BOLD baze (*Hagenella*

clathrate (Kolenati, 1848), *Oligostomis reticulata* (Linnaeus, 1761), *Phryganea bipunctata* Retzius, 1783, PRILOG 4). Od navedenih DNA sekvenci načinjeni su jedinstveni haplotipovi. Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrane u metode: NJ i ML. Kod ABGD analize uzeta je vrijednost inicijalne particije s vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,08. Korištena je metoda DNA barkodiranja kako bi se potvrdila morfološka određena vrsta i utvrdili odnosi vrste *Trichostegia minor* (Curtis, 1834) unutar porodice Phryganidae. Za ukorjenjivanje stabala korištena je sekvenca vrste *Lepidostoma hirtum* (Fabricius, 1775).

Tablica 6. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Trichostegia*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|---|-----------|------------------|------------------------------------|
| <i>Trichostegia minor</i> (Curtis, 1834) | TTMIN_1 | CROAA133-18 | Rijeka Gacka, izvor Majerovo vrilo |
| <i>Agrypnia varia</i> , Fabricius, 1793 | TAVAR_1 | CROAA013-18 | Rijeka Mura, Goričan |
| <i>Phryganea grandis</i> Linnaeus, 1758 | TPGRA_1 | CROAA134-18 | Rijeka Dunav, Zlatna greda |
| <i>Lepidostoma hirtum</i> (Fabricius, 1775) | TLHIT_1 | CROAA126-18 | Rijeka Kupa, Pribanjci |

3.4.2.4. Svojte iz porodice Hydroptilidae

Ovim radom testirana je mogućnost metode DNA barkodiranja u određivanju mikrotulara, porodice Hydroptilidae. Kako se radi o veličinom malim vrstama unutar porodice Hydroptilidae s malim razlikama u građi genitalnog aparata mužjaka teškoća u morfološkom određivanju je razumljiva te pokazuje potrebu potvrđivanja morfološki određenih primjeraka s molekularnim metodama. Za filogenetske analize na temelju *COI* gena korišteni su haplotipovi dobiveni ovim radom te haplotipovi preuzeti iz BOLD baze (Tablica 7, za rod *Hydroptila* Dalman, 1819 PRILOG 5, za rod *Orthotrichia* Eaton, 1873 PRILOG 6, za rod *Ithytrichia* Eaton, 1873 PRILOG 7, za rod *Oxyethira* Eaton, 1873 PRILOG 8. Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrane u metode: NJ i ML Kod ABGD analize uzeta je vrijednost inicijalne particije s vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,08 za rod *Hydroptila* i *Ithytrichia*, 0,049 za *Orthotrichia*, 0,03 za *Oxyethira*. Za ukorjenjivanje stabala korištena je sekvenca vrste *Glossosoma conformis* Neboiss, 1963.

Tablica 7. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta iz porodice Hydroptilidae. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|--|-----------|---------------------|---------------------------------------|
| <i>Hydroptila forcipata</i> Eaton, 1873 | THFOR_1 | CROAA093-18 | rijeka Čabranka, ušće |
| <i>Hydroptila forcipata</i> | THFOR_3 | CROTR121-19 | rijeka Dobra, Priselci |
| <i>Hydroptila forcipata</i> | THFOR_2 | CROTR095-19 | rijeka Cetina, Čikotina lađa |
| <i>Hydroptila forcipata</i> | THFOR_5 | CROTR131-19 | rijeka Krka, Roški slap |
| <i>Hydroptila forcipata</i> | THFOR_4 | CROTR127-19 | rijeka Cetina, Radmanove mlinice |
| <i>Hydroptila lotensis</i> Mosely, 1930 | THANG_1 | CROAA119-18 | rijeka Bednja, Ivanečka Železnica |
| <i>Hydroptila lotensis</i> | THANL_1 | CROAA108-18 | rijeka Bednja, Ivanečka Železnica |
| <i>Hydroptila lotensis</i> | THYD_13 | CROTR185-19 | potok Pecki, Banovina |
| <i>Hydroptila lotensis</i> | THLOT_1 | CROTR255-19 | rijeka Petrinjčica, Hrvatski Čuntić |
| <i>Hydroptila martini</i> Marshall, 1977 | THMAR_1 | CROAA094-18 | rijeka Gacka, Otičac |
| <i>Hydroptila martini</i> | THYD_5 | CROTR087-19 | rijeka Rudnica |
| <i>Hydroptila martini</i> | THYD_7 | CROTR088-19 | rijeka Rudnica |
| <i>Hydroptila martini</i> | THYD_8 | CROTR141-19 | rijeka Rudnica |
| <i>Hydroptila martini</i> | THYP_8 | CROTR170-19 | Konavle, Pridvorje |
| <i>Hydroptila phaon</i> Malicky, 1976 | THPHA_1 | CROTR232-19 | potok Marušići, izvor |
| <i>Hydroptila phaon</i> | TPHAK_1 | - | rijeka Vitunjčica, izvor |
| <i>Hydroptila simulans</i> Mosely, 1920 | THSIM_1 | CROTR129-19 | rijeka Krka, Roški slap |
| <i>Hydroptila sparsa</i> Curtis, 1834 | THSPA_1 | CROAA124-18 | rijeka Neretva, Opuzen |
| <i>Hydroptila sparsa</i> | THYP_6 | CROTR196-19 | Konavle, Pridvorje |
| <i>Hydroptila sparsa</i> | THYD_12 | CROTR184-19 | rijeka Krka, Visovac |
| <i>Hydroptila sparsa</i> | THSPA_4 | CROTR156-19 | rijeka Krka, Roški slap |
| <i>Hydroptila tigurina</i> Ris, 1894 | THTIG_1 | CROTR146-19 | rijeka Mrežnica, Belavići |
| <i>Hydroptila tigurina</i> | THTIG_2 | CROTR182-19 | rijeka Dobra, Priselci |
| <i>Hydroptila tigurina</i> | THTIG_3 | CROTR183-19 | rijeka Dobra, Priselci |
| <i>Hydroptila tineoides</i> Dalman, 1819 | THTIN_1 | CROTR085-19 | rijeka Dobra, Jarče |
| <i>Hydroptila tineoides</i> | THID_3 | CROTR102-19 | rijeka Rudnica, izvor |
| <i>Hydroptila tineoides</i> | THID_6 | CROTR139-19 | rijeka Rudnica, izvor |
| <i>Hydroptila tineoides</i> | THTIN_2 | CROTR231-19 | rijeka Petrinjčica, Prnjavor Čuntićki |
| <i>Hydroptila vectis</i> Curtis, 1834 | THVEC_1 | CROAA091-18 | rijeka Bednja, Ivanečka Železnica |
| <i>Hydroptila vectis</i> | THVEC_2 | CROTR168-19 | Pridvorje, Konavle |
| <i>Hydroptila vectis</i> | THYD_3 | CROTR215-19 | potok Čerišnjevac, izvor, Pazin |
| <i>Orthotrichia angustella</i> (McLachlan, 1865) | THYP_1 | CROAA068-18 | rijeka Kupa, Jamnička Kiselica |
| <i>Orthotrichia costalis</i> Curtis, 1834 | THSPA_5 | CROTR184-19 | rijeka Krka, Roški slap |
| <i>Orthotrichia costalis</i> | THYD_10 | CROTR224-19 | rijeka Krka, Visovac |
| <i>Orthotrichia costalis</i> | THYD_11 | CROTR184-19 | rijeka Krka, Visovac |
| <i>Orthotrichia tragetti</i> Mosely, 1930 | TOTRA_1 | CROAA069-18 | jezero Kuti, Badžule |
| <i>Ithytrichia lamellaris</i> Eaton, 1873 | TILAM_1 | CROAA067-18 | rijeka Raša, dolina |
| <i>Ithytrichia lamellaris</i> | TILAM_2 | CROTR200-19 | rijeka Krapina |
| <i>Ithytrichia lamellaris</i> | TILAM_3 | CROTR138-19 | rijeka Dobra, polje Jarče |
| <i>Ithytrichia lamellaris</i> | TITH_1 | CROTR143-19 | rijeka Dobra, polje Jarče |
| <i>Oxyethira flavicornis</i> Pictet, 1834 | TOFLA_1 | CROAA050-18 | rijeka Sava, Drenje Brdovečko |
| <i>Oxyethira flavicornis</i> | THYD_1 | CROAA095-18 | rijeka Lika, Bilaj |
| <i>Oxyethira flavicornis</i> | TOFLA_2 | CROTR062-19 | rijeka Lika, Bilaj |
| <i>Oxyethira flavicornis</i> | TOXY_1 | CROTR103-19 | rijeka Dobra, Trošmarija |
| <i>Oxyethira flavicornis</i> | TOFLA_1 | CROAA050-18 | rijeka Sava, Drenje Brdovečko |
| <i>Oxyethira falcata</i> Morton, 1893 | THYP_4 | CROTR166-19 | Konavle, Pridvorje |
| <i>Oxyethira falcata</i> | THYP_5 | CROTR167-19 | Konavle, Pridvorje |

Tablica 7. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta iz porodice Hydroptilidae. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|---|-----------|---------------------|---------------------------|
| <i>Oxyethira falcata</i> | THYP_7 | CROTR169-19 | Konavle, Pridvorje |
| <i>Glossosoma conformis</i> Neboiss, 1963 | TGCON_2 | CROTR210-19 | potok Bliznec, Medvednica |

3.4.2.5. Vrste iz roda *Micropterna* Stein, 1873

Za genetske analize vrste blabla na temelju *COI* gena korištene su sekvence dobivene ovim radom te sekvence preuzete iz BOLD baze (Tablica 8, PRILOG 9). Od navedenih DNA sekvenci načinjeni su jedinstveni haplotipovi. Kako se u BOLD bazi za istovjetne DNA sekvence koristi različiti taksonomski naziv u daljnjem radu korišteni su nazivi prema validnoj taksonomiji prema Morse (2019). Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrane u metode: NJ, ML i BA. Kod ABGD analize uzeta je vrijednost inicijalne particije s maksimalnom vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,08. Za ukorjenjivanje stabala korištena je sekvencavrst *Halesus tessellatus* (Rambur, 1842).

Tablica 8. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Micropterna*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|---|-----------|---------------------|---|
| <i>Micropterna wagneri</i> Malicky, 1971 | TMWAG_1 | NIPM001-17 | potok u selu Palje, Konavle |
| <i>Micropterna wagneri</i> | TPWAG_1 | NIPM002-17 | potok u selu Palje, Konavle |
| <i>Micropterna wagneri</i> | TRIC_13 | CROTR108-19 | Spelaeacelicokave, jama, Bridash massif, Albanija |
| <i>Micropterna nycterobia</i> McLachlan, 1875 | TMIC_1 | NIPM003-17 | rijeka Zrmanja - izvor |
| <i>Micropterna nycterobia</i> | TMNYC_1 | NIPM006-17 | rijeka Krupa - Manastir |
| <i>Micropterna nycterobia</i> | TMNYC_2 | CROTR016-19 | izvor na Keljevo brdo - Korenica |
| <i>Micropterna nycterobia</i> | TRIC_10 | CROTR174-19 | Velika Čulimova pećina, špilja - Kijevo |
| <i>Micropterna nycterobia</i> | TLIM_3 | CROTR055-19 | Jama pod sv. Jurom, Biokovo |
| <i>Micropterna nycterobia</i> | TMSEQ_4 | CROTR226-19 | Mokre noge, jama, Biokovo |
| <i>Micropterna nycterobia</i> | TMWAG_2 | CROTR055-19 | Jama pod sv. Jurom, jama, Biokovo |
| <i>Micropterna testacea</i> (Gmelin, 1789) | TMTES_2 | CROTR026-19 | rijeka Lika, izvor |
| <i>Micropterna testacea</i> | TLIM_5 | CROTR098-19 | Nova velika, jama, Biokovo |
| <i>Micropterna testacea</i> | TMTES_3 | CROTR028-19 | rijeka Gacka, izvor, Mejervo vrilo |
| <i>Micropterna testacea</i> | TMTES_1 | NIPM008-17 | rijeka Lika, Bilaj, Gospić |
| <i>Micropterna lateralis</i> (Stephens, 1837) | TMLAT_1 | CROTR002-19 | rijeka Lika, izvor |
| <i>Micropterna lateralis</i> | TLIM_2 | NIPM005-17 | rijeka Dretulja- Plaški |
| <i>Micropterna lateralis</i> | TMLAT_2 | - | potok Peratovica (izvor) - Bilogora |

Tablica 8. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Micropterna*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|---|-----------|------------------|--|
| <i>Micropterna sequax</i> McLachlan, 1875 | TLIM_2 | NIPM005-17 | rijeka Dretulja, Plaški, Ogulin |
| <i>Micropterna sequax</i> | TMSEQ_3 | CROTR239-19 | jezero Kozjak, pristanište - NP Plitvička jezera |
| <i>Micropterna sequax</i> | TMSEQ_2 | CROTR051-19 | jezero Kozjak, most - NP Plitvička jezera |
| <i>Micropterna sequax</i> | TMSEQ_1 | NIPM007-17 | potok Marušić, izvor, Roč, Istra |
| <i>Micropterna sequax</i> | TRIC_12 | - | Mahovina, Sozina, Limljani, Virpazzan, Crna Gora |
| <i>Micropterna sequax</i> | TMIC_2 | NIPM004-17 | rijeka Una - izvor |
| <i>Micropterna fissa</i> McLachlan, 1875 | TMIC_3m | CROTR045-19 | Mokre noge, jama, Biokovo |
| <i>Micropterna fissa</i> | TMIC_3f | CROTR050-19 | Mokre noge, jama, Biokovo |
| <i>Halesus tessellatus</i> | THDIG_1 | NIPM009-17 | rijek Zrmanja - izvor |

3.4.2.6. Vrste iz roda *Rhyacophila* Pictet, 1834

U analizu su uvrštene sekvence vrsta roda *Rhyacophila* prisutnih u Hrvatskoj koje su dobivenih ovim istraživanjem (Tablica 9) i preuzetim iz BOLD baze. Od navedenih DNA sekvenci načinjeni su jedinstveni haplotipovi. Vrsta iz porodice *Anabolia furcata* Brauer, 1857 korištena je za ukorjenjivanje stabla (Tablica 9, PRILOG 10). Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrane u metode: NJ i ML. Kod ABGD analize uzeta je vrijednost inicijalne particije s vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,004.

Tablica 9. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Rhyacophila*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|---|-----------|------------------|---|
| <i>Rhyacophila aurata</i> Brauer, 1857 | TRAUR_1 | CROTR144-19 | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi |
| <i>Rhyacophila aurata</i> | TRAUR_2 | CROTR145-19 | rijeka Mrežnica - Belavići |
| <i>Rhyacophila balcanica</i> Radovanović, 1953 | TRBAL_1 | - | rijeka Una - izvor |
| <i>Rhyacophila cabrankensis</i> Malicky, Previšić & Kučinić, 20 | TRCAB_1 | CROAA089-18 | rijeka Čabranka (izvor) - Čabar |
| <i>Rhyacophila dorsalis</i> Curtis, 1834 | TRDOR_1 | CROTR257-19 | Sutla - Zelenjak, Kumrovec |
| <i>Rhyacophila dorsalis</i> | TRDOR_2 | CROAA060-18 | izvor Čabranke |
| <i>Rhyacophila dorsalis</i> | TRDP_2 | CROTR258-19 | rijeka Sunja - Kukuruzari |
| <i>Rhyacophila dorsalis</i> | TRHY_2 | CROTR263-19 | rijeka Mrežnica - Belavići |
| <i>Rhyacophila dorsalis</i> | TRDOP_1 | CROAA033-18 | rijeka Kupa - Brod na Kupi |
| <i>Rhyacophila dorsalis</i> | TRDOP_2 | CROAA034-18 | rijeka Kupa - Pribanjci |
| <i>Rhyacophila dorsalis plitvicensis</i> Kučinić | TRDOP_4 | CROTR262-19 | jezero Labudovac - Plitvička jezera |

Tablica 9. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Rhyacophila*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|---|-----------|---------------------|---|
| & Malicky, 2002 | | | |
| <i>Rhyacophila dorsalis plitvicensis</i> | TRDPL_3 | CROTR259-19 | jezero Labudovac - Plitvička jezera |
| <i>Rhyacophila dorsalis plitvicensis</i> | TRDPL_1 | CROTR259-19 | jezero Gavanovac - Plitvička jezera |
| <i>Rhyacophila dorsalis plitvicensis</i> | TRDPL_4 | CROTR261-19 | jezero Labudovac - Plitvička jezera |
| <i>Rhyacophila fasciata</i> Hagen, 1859 | TRFAS_1 | CROTR264-19 | potok Zeleni Vir (izvor) |
| <i>Rhyacophila fasciata</i> | TRFAS_2 | CROTR116-19 | Mrežnica, Belavići |
| <i>Rhyacophila hirticornis</i> McLachlan, 1879 | TRHIT_1 | CROTR265-19 | potok Šumi (izvor) - Ivančica |
| <i>Rhyacophila loxias</i> Schmid, 1970 | TRLOX_2 | - | rijeka Veličanka - uzvodno od Požege |
| <i>Rhyacophila loxias</i> | TRARM_1 | - | Sastav reke, NP Mavrovo, Makedonija |
| <i>Rhyacophila nubila</i> Zetterstedt, 1840 | TRDP_1 | CROTR267-19 | rijeka Petrinjčica - Prnjavor Čuntički |
| <i>Rhyacophila nubila</i> | TRAUR_3 | CROTR198-19 | rijeka Petrinjčica - Prnjavor Čuntički |
| <i>Rhyacophila obliterated</i> McLachlan, 1863 | TROBL_1 | - | Guriikuq, Kosovo |
| <i>Rhyacophila obliterated</i> | TROBL_2 | - | Kutjevačka rijeka, gornji tok |
| <i>Rhyacophila palmeni</i> McLachlan, 1879 | TRPAL_1 | - | Trigona (MKZ), Village, Kardista, Grčka |
| <i>Rhyacophila palmeni</i> | TRPAL_3 | - | KM 10 Manastir: Pejë Municipality, Kosovo |
| <i>Rhyacophila palmeni</i> | TRPAL_4 | - | Fthiotida, Iti-Geb, Pervoli, Grčka |
| <i>Rhyacophila palmeni</i> | TRPAL_5 | - | rijeka Aroanios, Achaias (Achaea), Krinofita, Grčka |
| <i>Rhyacophila palmeni</i> | TRPAL_6 | - | Pika 2, Kosovo |
| <i>Rhyacophila palmeni</i> | TRPAL_7 | CROAA030-18 | rijeka Kupa, Pribanjci |
| <i>Rhyacophila polonica</i> McLachlan, 1879 | TRHY_1 | - | potok Zeleni Vir (izvor) |
| <i>Rhyacophila polonica</i> | TRPOL_1a | - | Mushtisht, Kosovo |
| <i>Rhyacophila praemorsa</i> McLachlan, 1879 | TRPRAE_1 | CROTR058-19 | potok Jankovac (gornji tok) - Papuk |
| <i>Rhyacophila schmidinarica</i> Urbanič, Krušnik & Malicky, 2000 | TRSCH_1 | CROTR007-19 | izvor na Bjelolasici |
| <i>Rhyacophila schmidinarica</i> | TRSCH_3 | CROTR070-19 | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac |
| <i>Rhyacophila schmidinarica</i> | TRSCH_4 | CROTR084-19 | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac |
| <i>Rhyacophila torrentium</i> FJ Pictet, 1834 | TRTOR_1 | - | potok Zeleni Vir (izvor) |
| <i>Rhyacophila tristis</i> Pictet, 1834 | TRTRI_1 | - | Pika 6, Dečan, Kosovo |
| <i>Rhyacophila tristis</i> | TRTRI_2 | - | Kujavqe, Kosovo |
| <i>Rhyacophila tristis</i> | TRTRI_4 | CROAA098-18 | izvor potoka vodov, Konavle |
| <i>Rhyacophila tristis</i> | TRTRI_5 | CROTR011-19 | izvor potoka vodov, Konavle |
| <i>Rhyacophila vulgaris</i> Pictet, 1834 | TRVUL_1 | CROAA031-18 | rijeka Kupčina, gornji tok, Vrabac, Žumberak |
| <i>Anabolia furcata</i> Brauer, 1857 | TAFUR_1 | CROAA002-18 | potok Jankovac (gornji tok) - Papuk |

3.4.2.7. Vrste iz roda *Chaetopteryx* Stephens, 1829

U cilju utvrđivanja odnosa između vrsta roda *Chaetopteryx* Stephens, 1829, a posebno vrsta *C. psunjensis* Oláh 2017 i *C. papukensis* Oláh & Szivák, 2012, prikupljeni su novi uzorci ovih dviju vrsta. Za vrstu *C. psunjensis* mjesto s kojeg je prvi put prikupljen uzorak i znastveno

opisan, *locus typicus*, jest izvor Jankovac na Papuku (uzorci TCSCHE_1, TCSCHE_1), a za *C. psunjensis* izvor potoka Šumetlica na Psunju (uzorci TCPSU_1f, TCPSU_2m). Prikupljeni materijal je analiziran u ovom radu i uspoređen s postojećim DNA sekvencama mitohondrijskog gena *COI*, DNA barkod regije, korištenima u radu Kučinić i sur. (2013), te DNA sekvencama dostupnim na BOLD bazi (Tablica 10, PRILOG 11). Od navedenih DNA sekvenci načinjeni su jedinstveni haplotipovi. Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrane u metode: NJ, ML i BA. Kod ABGD analize uzete su dvije vrijednosti inicijalne particije s maksimalnom vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,01 te 0,007. S obzirom da vrste *C. psunjensis* i *C. papukensis* pripadaju kompleksu vrsta *C. rugulosa* s malom genetskom udaljenosti očekuje se manja širina barkod prazine. Za ukorjenjivanje stabala korištene su sekvence vrste *Ecclisopteryx keroveci* Previšić, Graf & Vitecek, 2014.

Tablica 10. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Chaetopteryx*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|--|-----------|---------------------|---|
| <i>Chaetopteryx fusca</i> Brauer, 1857 | TCFUS_1 | CROAA082-18 | rijeka Zagorska Mrežnica, izvor |
| <i>Chaetopteryx bosniaca</i> Marinkovic-Gospodnetić, 1959 | TAAPF_2 | CROAA081-18 | rijeka Cetina, izvor Glavaš |
| <i>Chaetopteryx schmidi</i> Botosaneanu, 1957 | TCSCHE_2 | CROAA077-18 | izvor Škodinovac, Bastaji |
| <i>Chaetopteryx schmidi</i> | TCSCHE_1 | CROAA003-18 | potok Jankovac (izvor) - zapadno od Orahovca, Papuk |
| <i>Chaetopteryx schmidi</i> | TCPSU_1f | CROTR110-19 | potok Šumetlica, izvor, Psunj |
| <i>Chaetopteryx schmidi</i> | TCPSU_2m | CROTR111-19 | potok Šumetlica, izvor, Psunj |
| <i>Chaetopteryx rugulosa</i> Kolenati, 1848 | TAGA_3 | CROAA122-18 | potok Vrklješće, Samoborsko gorje |
| <i>Chaetopteryx major</i> McLachlan, 1876 | TCMAJ_1 | CROAA103-18 | potok Šumetlice, izvor - Psunj |
| <i>Ecclisopteryx keroveci</i> Previšić, Graf & Vitecek, 2014 | TED_1 | CROAA059-18 | Rijeka Veličanka |
| <i>Ecclisopteryx keroveci</i> | TEKER 1 | CROTR041-19 | rijeka Dretulja - Plaški |

3.4.2.8. Vrste iz roda *Potamophylax* Wallengren, 1891

U radu su uspoređeni filogenetski odnosi vrsta roda *Potamophylax* prisutnih u Hrvatskoj (DNA sekvence dobivene ovim radom) s istim vrstama u Europi (DNA sekvence preuzete iz BOLD baze) (Tablica 11, PRILOG 12) na temelju DNA barkod regije. Od navedenih DNA sekvenci načinjeni su jedinstveni haplotipovi. Za ukorjenjivanje stabala korištene su sekvence vrste *Limnephilus sparsus* Curtis, 1834. Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrane u

metode: NJ i ML. Kod ABGD analize uzeta je vrijednost inicijalne particije s maksimalnom vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,03.

Tablica 11. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Potamophylax*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|---|-----------|---------------------|--|
| <i>Potamophylax cingulatus</i> Stephens, 1837 | TPCIN_1 | CROAA087-18 | potok Šumi (izvor) – Ivančica |
| <i>Potamophylax latipennis</i> (Curtis, 1834) | TPLAT_1 | CROAA027-18 | rijeka Una, Srb |
| <i>Potamophylax latipennis</i> | TPLAT_2 | CROAA028-18 | rijeka Dretulja (izvor) |
| <i>Potamophylax latipennis</i> | TPLAT_3 | CROAA078-18 | rijeka Zrmanja (izvor) |
| <i>Potamophylax latipennis</i> | TPLAT_4 | CROAA079-18 | rijeka Riječina (izvor) |
| <i>Potamophylax latipennis</i> | TPROT_2 | CROTR207-19 | rijeka Gacka, izvor Tonkovića vrilo |
| <i>Potamophylax luctuosus</i> Piller & Mitterpacher, 1783 | TPLUC_1 | CROTR282-19 | rijeka Kupa - Pribanjci |
| <i>Potamophylax luctuosus</i> | TPLUC_2 | CROAA113-18 | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija |
| <i>Potamophylax nigricornis</i> (Pictet, 1834) | TPNIG_1 | CROTR022-19 | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija |
| <i>Potamophylax pallidulus</i> (Klapalek, 1899) | TPPAL_1 | CROAA114-18 | Rakov potok, Medvednica |
| <i>Potamophylax pallidulus</i> | TPPAL_4 | CROTR136-19 | izvor Napojište |
| <i>Potamophylax pallidulus</i> | TPPAL_5 | CROTR171-19 | izvor Crne rijeke, Plitvice |
| <i>Potamophylax rotundipennis</i> (Brauer, 1857) | TPROT_1 | CROAA016-18 | rijeka Sava - Drenje Brdovečko |
| <i>Potamophylax rotundipennis</i> | TPROT_3 | CROTR186-19 | jezero Gavanovac - NP Plitvička jezera |
| <i>Limnephilus sparsus</i> Curtis, 1834 | TLSPA_2 | CROTR025-19 | rijeka Dretulja, Plaški |

3.4.2.9. Vrste iz roda *Triaenodes* McLachlan, 1865

Provedena je filogenetska analiza na temelju gena *COI*, DNA barkod regija primjerka TTOCL_1 *Triaenodes ochreellus lefkas*, Malicky 1974 s vrstama iz roda *Triaenodes* McLachlan, 1865. Korištene su DNA sekvence nastale ovim radom (Tablica 12) i one preuzete iz BOLD baze (*T. ochreellus ochreellus* McLachlan, 1877, *T. unanims* McLachlan, 1877, *T. reuteri* (McLachlan, 1880), *T. detruncatus* (Martynov, 1929), *T. simulans* (Tjeder, 1929), *T. plectus* Ulmer, 1908, *T. rufescens* Martynov, 1935, PRILOG 13). Od navedenih DNA sekvenci načinjeni su jedinstveni haplotipovi. Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrane u metode: NJ i ML. Kod ABGD analize uzeta je vrijednost inicijalne particije s maksimalnom vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,04. Za ukorjenjivanje stabala korištene su sekvence vrste *Mystacides longicornis* (Linnaeus, 1758).

Tablica 12. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Triaenodes*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|--|-----------|---------------------|---------------------------------------|
| <i>Triaenodes ochreellus lefkas</i> Malicky 1974 | TTOCL_1 | NIPTR001-17 | rijeka Neretva Opuzen |
| <i>Triaenodes ochreellus lefkas</i> | TTOCL_2 | CROTR015-19 | rijeka Mislina (donji tok) - Mlinište |
| <i>Mystacides longicornis</i> Linnaeus, 1758 | TMYS_1 | CROAA015-18 | rijeka Drava – Gornji Hrašćan |

3.4.2.10. Vrste iz roda *Agapetus* Curtis, 1834

Na izvoru Ljute u Konavlima prikupljen je mužjak roda *Agapetus* Curtis, 1834 morfološki najbližiji *A. fuscipes* Curtis, 1834. Kako bi se utvrdilo radi li se o varijaciji unutar vrste *A. fuscipes* ili nekoj drugoj vrsti napravljena je filogenetska analiza na temelju *COI* gena (DNA barkod) regije. U analizu su osim vrste *A. fuscipes* uvrštene tri vrste iz roda *Agapetus* za koje je poznato da imaju areal rasprostiranja u Hrvatskoj: *A. delicatulus* McLachlan, 1884, *A. laniger* Pictet, 1834, *A. ochripes* Curtis, 1834 te vrste koje se može očekivati u fauni Hrvatske. U analizu su uvrštene i vrste roda *Synagapetus* McLachlan, 1879 dobivene ovim radom (Tablica 13) i preuzete iz BOLD baze (*A. slavorum* Botosaneanu 1960, *A. delicatulus* McLachlan, 1884, *A. nimbulus* McLachlan, 1879, *A. padanus* (Bertuetti, Lodovici & Valle, 2004), *S. dubitans* McLachlan, 1879, PRILOG 14). Od navedenih DNA sekvenci načinjeni su jedinstveni haplotipovi. Kako se u BOLD bazi za istovjetne DNA sekvence koristi različiti taksonomski naziv (rod *Agapetus* i *Synagapetus*) u Tablica 13 navedeni su nazivi originalno preuzeti iz BOLD baze u zagradi te nadalje korišteni ujednačeno prema validnoj taksonomiji prema Morse (2019). Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrane u metode: NJ i ML. Kod ABGD analize uzeta je vrijednost inicijalne particije s maksimalnom vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,08.

Tablica 13. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Agapetus* i *Synagapetus*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|-------------------------------------|-----------|---------------------|----------------------|
| <i>Agapetus</i> cf. <i>fuscipes</i> | TAFUS_1 | NIP011-17 | izvor Ljute, Konavle |
| <i>Agapetus</i> cf. <i>fuscipes</i> | TAFUS_2 | CROTR225-19 | izvor Ljute, Konavle |
| <i>Agapetus</i> cf. <i>fuscipes</i> | TAFUS_3 | CROTR230-19 | izvor Ljute, Konavle |
| <i>Agapetus</i> cf. <i>fuscipes</i> | TAFUS_4 | CROTR216-19 | izvor Ljute, Konavle |

Tablica 13. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Agapetus* i *Synagapetus*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|---|-----------|---------------------|---|
| <i>Agapetus ochripes</i> Curtis, 1834 | TAOCH_2 | CROTR010-19 | Gospin potok, Papuk |
| <i>Agapetus ochripes</i> | TAOCH_3 | CROTR199-19 | rijeka Lika, izvor |
| <i>Agapetus laniger</i> Pictet, 1834 | TALAN_1 | NIPAG001-17 | rijeka Drava, Goričan |
| <i>Synagapetus moselyi</i> (Ulmer, 1938) | TSMOS_1 | NIPAG003-17 | potok Crkveni jarak (srednji tok) |
| <i>Synagapetus krawanyi</i> Ulmer, 1939 | TSKRA_1 | CROTR153-19 | izvor Škodinovac - Bastaji |
| <i>Synagapetus krawanyi</i> | TAGA_1 | CROTR213-19 | potok Vrklišće, izvor - Samoborsko gorje |
| <i>Synagapetus krawanyi</i> | TAGA_2 | NIPAG002-17 | potok Vrklišće, izvor - Samoborsko gorje |
| <i>Glossosoma bifidum</i> McLachlan, 1879 | TGBIF_1 | NIPAG004-17 | rijeka Kupčina (izvor, gornji tok) - Žumberak |

3.4.2.11. Vrste iz roda *Lepidostoma* Rambur, 1842

S obzirom da nije moguće pouzdano morfološki odrediti ženku vrste *Lepidostoma basale* Kolenati 1848 prema referentnom ključu za određivanje „Atlas of European Trichoptera“ napravljeno je molekularno određivanje metodom DNA barkodiranja. Na lokalitetu Pašina vrela kod sela Mečenčani prikupljen je i morfološki određen mužjak vrste *L. basale* (TLBAS_2) i ženka morfološki nasličnija navednoj vrsti (TLBAS_2). U Hrvatskoj je rasprostranjena još jedna vrsta iz roda *Lepidostoma*, *L. hirtum* (Fabricius, 1775) koja je uvrštena u analizu, kao i DNA sekvence tih vrsta iz BOLD baze (Tablica 14, PRILOG 15). Od DNA sekvenci nisu načinjeni jedinstveni haplotipovi, već su korištene pojedinačne sekvence, s obzirom da su većinom korištene DNA sekvence s malim brojem primjeraka nastale ovim radom. Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrane u metode: NJ i ML. Za ukorjenjivanje stabala korištena je sekvenca vrste *Crunoecia kempnyi* Morton, 1901.

Tablica 14. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Lepidostoma*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|---|-----------|---------------------|-------------------------------------|
| <i>Lepidostoma basale</i> Kolenati 1848 | TLBAS_1 | CROAA024-18 | Pašina vrela - iznad sela Mečenčani |
| <i>Lepidostoma basale</i> | TLBAS_2 | CROAA025-18 | Pašina vrela - iznad sela Mečenčani |

Tablica 14. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Lepidostoma*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|---|-----------|------------------|------------------------------------|
| <i>Lepidostoma basale</i> | TLBAS_3 | CROTR122-19 | rijeka Grab, izvor - Sinj |
| <i>Lepidostoma hirtum</i> (Fabricius, 1775) | TLHIT_1 | CROAA126-18 | rijeka Kupa, Pribanjci |
| <i>Lepidostoma hirtum</i> | TLHIT_2 | CROTR053-19 | Rudnica izvor |
| <i>Lepidostoma hirtum</i> | TLHIT_3 | CROTR132-19 | rijeka Krka, Roški slap |
| <i>Lepidostoma hirtum</i> | TLHIT_4 | CROTR235-19 | rijeka Krka, HE Miljacka |
| <i>Lepidostoma hirtum</i> | TLHIT_5 | CROTR218-19 | jezero Labudovac, Plitvička jazera |
| <i>Crunoecia kempnyi</i> Morton, 1901 | TCKEM_1 | CROTR074-19 | rijeka Cetina, selo Totići |

3.4.2.12. Vrsta *Rhyacophila schmidinarica* Urbanič, Krušnik & Malleky, 2000

S obzirom da nije moguće morfološki odrediti ženku vrste *Rhyacophila schmidinarica* prema referentnom ključu za određivanje „Atlas of European Trichoptera“ napravljeno je molekularno određivanje. Metoda DNA barkodiranja korištena je kako bi povezali mužjaka vrste *R. schmidinarica* s lokaliteta izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac (ID uzorka: TRSCH_3) i ženke roda *Rhyacophila* s istog lokaliteta (TRSCH_4). Vrsta *Plectrocnemia conspersa* (Curtis, 1834) korištena je za ukorjenjivanje stabla. Osim primjeraka dobivenih ovim radom, u analizu su uvršteni primjerci vrste *Rhyacophila hirticornis* McLachlan, 1879 koja je morfološki najbližnja i stoga najčešće krivo morfološki određena (Tablica 15). Od DNA sekvenci nisu načinjeni jedinstveni haplotipovi, već su korištene pojedinačne sekvence, s obzirom da su većinom korištene DNA sekvence s malim brojem primjeraka nastale ovim radom (Tablica 15, PRILOG 16). Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrane u metode: NJ i ML.

Tablica 15. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Rhyacophila*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|---|-----------|------------------|---------------------------------------|
| <i>Rhyacophila schmidinarica</i> Urbanič, Krušnik & Malleky, 2000 | TRSCH_1 | CROTR007-19 | izvor na Bjelolasici |
| <i>Rhyacophila schmidinarica</i> | TRSCH_3 | CROTR070-19 | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac |
| <i>Rhyacophila schmidinarica</i> | TRSCH_4 | CROTR084-19 | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac |
| <i>Plectrocnemia conspersa</i> (Curtis, 1834) | TPCON_2 | CROTR008-19 | izvor na Bjelolasici |

3.4.2.13. Vrste iz roda *Hydropsyche* Pictet, 1834

S obzirom da nije moguće morfološki odrediti ženku vrste *Hydropsyche angustipennis* Curtis 1834 prema referentnom ključu „Atlas of European Trichoptera“, napravljeno je molekularno određivanje metodom DNA barkodiranja. U analizu je uvršten morfološki određeni mužjak vrste *H. angustipennis* te primjerak ženke roda *Hydropsyche* s iste lokacije, potok Dubočanka blizu mjesta Tribalj. U analizu su uvrštene i druge vrste iz roda *Hydropsyche* koje imaju areal u Hrvatskoj prikupljene ovim radom (Tablica 16) i preuzete iz BOLD baze (*H. guttata* Pictet, 1834, *H. ornatula* McLachlan, 1878). Također, metodom DNA barkodiranja nastojala se potvrditi nova vrsta za faunu Hrvatske morfološki određena kao *H. bulbifera* McLachlan, 1878. Osim vrsta iz roda *Hydropsyche* nastalih ovim radom preuzete su DNA sekvence iz BOLD baze vrsta koji su zabilježene u Hrvatskoj (Tablica 16, PRILOG 17). Od DNA sekvenci nisu načinjeni jedinstveni haplotipovi, već su korištene pojedinačne sekvence, s obzirom da su većinom korištene DNA sekvence s malim brojem primjeraka nastale ovim radom. Za ukorjenjivanje stabala korištene su sekvence vrste *Plectrocnemia conspersa* (Curtis, 1834). Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrane u metode: NJ i ML.

Tablica 16. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Hydropsyche*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|--|-----------|---------------------|---|
| <i>Hydropsyche angustipennis</i> (Curtis, 1834) | THANG_1 | CROAA119-18 | Baranjska Karašica, Popovac |
| <i>Hydropsyche angustipennis</i> | THANG_2 | CROAA108-18 | potok Dubračina, Tribalj |
| <i>Hydropsyche angustipennis</i> | THANG_3 | CROAA109-18 | potok Dubračina, Tribalj |
| <i>Hydropsyche bulbifera</i> McLachlan, 1878 | THBUB_1 | CROAA005-18 | potok Bistra, Medvednica |
| <i>Hydropsyche bulbifera</i> | THBUB_3 | CROTR039-19 | rijeka Gacka-Otočac |
| <i>Hydropsyche bulgaromanorum</i> Malicky, 1977 | THBUL_1 | CROAA056-18 | rijeka Dunav - Zlatna Greda |
| <i>Hydropsyche bulgaromanorum</i> | THBUL_2 | CROAA055-18 | rijeka Dunav - Zlatna Greda |
| <i>Hydropsyche contubernalis</i> McLachlan, 1865 | TCHE_1 | CROAA076-18 | rijeka Drava, Goričan |
| <i>Hydropsyche contubernalis</i> | THCON_2 | CROTR269-19 | potok Bistra |
| <i>Hydropsyche contubernalis</i> | THCON_1 | CROAA006-18 | rijeka Sava (srednji tok) - Orle |
| <i>Hydropsyche contubernalis</i> | THCON_3 | CROTR219-19 | rijeka Sunja, Kukuruzari |
| <i>Hydropsyche dinarica</i> Marinković-Gospodnetić, 1979 | THDIN_1 | CROTR150-19 | rijeka Čabranka, most nizvodno od Čabra |
| <i>Hydropsyche fulvipes</i> (Curtis, 1834) | THINS_8 | CROTR163-19 | Palje brdo-Konavle |
| <i>Hydropsyche incognita</i> Pitsch, 1993 | THINC_3 | CROAA123-18 | rijeka Toplica - Batinjani, Papuk |
| <i>Hydropsyche incognita</i> | THINC_5 | CROTR036-19 | rijeka Voćinska - Voćin |
| <i>Hydropsyche incognita</i> | THINC_11 | CROTR119-19 | rijeka Dobra - Priselci, ušće |
| <i>Hydropsyche instabilis</i> (Curtis, 1834) | THINS_2 | CROTR238-19 | potok Velika Paklenica-Anića kuk |
| <i>Hydropsyche instabilis</i> | THINS_5 | CROTR270-19 | potok Plitvice, Plitvička jezera, |

Tablica 16. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Hydropsyche*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|---|-----------|---------------------|-----------------------------------|
| <i>Hydropsyche instabilis</i> | THINS_6 | CROTR091-19 | izvor Grab |
| <i>Hydropsyche instabilis</i> | THINS_7 | CROTR151-19 | Cetina, Čikotina lađa |
| <i>Hydropsyche instabilis</i> | THINS_3 | CROTR162-19 | Gospin potok, Papuk |
| <i>Hydropsyche instabilis</i> | THINS_9 | CROTR142-19 | rijeka Dobra - izvor |
| <i>Hydropsyche instabilis</i> | THINS_10 | CROTR242-19 | rijeka Krka - Miljacka |
| <i>Hydropsyche instabilis</i> | THINS_4 | CROTR201-19 | izvor Rječine |
| <i>Hydropsyche instabilis</i> | THYD_1 | CROAA053-18 | jezero Crna Mlaka |
| <i>Hydropsyche modesta</i> Navas, 1925 | THMOD_1 | CROAA046-18 | rijeka Sava-Drenje Brdovečko |
| <i>Hydropsyche mostarensis</i> Klapalek, 1898 | THMOS_1 | CROTR086-19 | rijeka Krka - Miljacka |
| <i>Hydropsyche pellucidula</i> (Curtis, 1834) | THYD_1 | CROTR271-19 | jezero Crna Mlaka |
| <i>Hydropsyche pellucidula</i> | THPEL_2 | CROTR155-19 | jezero Ponikve- otok Krk |
| <i>Hydropsyche pellucidula</i> | THINC_1a | CROTR194-19 | rijeka Mirna- Livade |
| <i>Hydropsyche saxonica</i> McLachlan, 1884 | THSAX_1 | CROAA070-18 | potok Vrba, Muć |
| <i>Hydropsyche saxonica</i> | THSAX_2 | CROTR149-19 | potok Vrba, Muć |
| <i>Hydropsyche saxonica</i> | THSAX_3 | CROTR202-19 | potok Mlini, Ugrini |
| <i>Hydropsyche saxonica</i> | THINC_3 | CROAA123-18 | rijeka Toplica - Batinjani, Papuk |
| <i>Hydropsyche saxonica</i> | THSAX_4 | CROTR229-19 | rijeka Milka Trnina |
| <i>Plectrocnemia conspersa</i> (Curtis, 1834) | TPCON_2 | CROTR008-19 | Bjelolasica izvor |

3.4.2.14. Vrste iz roda *Glossosoma* Curtis, 1834

S obzirom da nije moguće morfološki odrediti ličinku vrste *Glossosoma discophorum* Klapalek, 1902, napravljeno je molekularno određivanje metodom DNA barkodiranja. U analizu je uvršten mužjak morfološki određeni kao vrsta *G. discophorum* (TGDIS_7) te primjerak ličinke roda *Glossosoma* (TGDIS_5) s iste lokacije. U analizu su uvrštene i druge vrste roda *Glossosoma* za koje je poznato da imaju areal u Hrvatskoj: *G. bifidum* McLachlan, 1879, *G. conformis* Neboiss, 1963, *G. neretvae* Marinkovic, 1988 (Tablica 17) te sekvence iz BOLD baze onih vrsta koje se nisu prikupile u ovom radu (PRILOG 18). S obzirom na manji broj vrsta i manji broj primjeraka, od DNA sekvenci nisu načinjeni jedinstveni haplotipovi, već su korištene pojedinačne sekvence. Za rekonstrukciju filogenetskog stabla odabrane u metode: NJ i ML. Kod ABGD analize uzeta je vrijednost inicijalne particije s maksimalnom vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,08. Vrsta *Agapetus ochripes* Curtis, 1834 korištena je za ukorjenjivanje stabla.

Tablica 17. Popis korištenih DNA barkod sekvenci dobivenih ovim radom za filogenetsku analizu vrsta roda *Hydropsyche*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD ID sekvence i lokacija nalaza.

| Ime vrste | ID uzorka | BOLD ID Sekvence | Lokacija nalaza |
|--|--------------|---------------------|--|
| <i>Glossosoma bifidum</i> McLachlan, 1879 | TGBIF_1 | NIPAG004-17 | rijeka Kupčina, izvor, Žumberak |
| <i>Glossosoma conformis</i> Neboiss, 1963 | TGCON_1 | CROTR210-19 | potok Bliznec, Medvednica |
| <i>Glossosoma conformis</i> | TGCON_2 | CROTR014-19 | potok Bliznec, Medvednica |
| <i>Glossosoma discophorum</i> Klapalek, 1902 | TGDIS_1 | CROAA004-18 | rijeka Tounjčica (izvor) |
| <i>Glossosoma discophorum</i> | TGDIS_2 | CROAA035-18 | izvor Vitunjčice |
| <i>Glossosoma discophorum</i> | TGDIS_3 | CROAA036-18 | izvor Slunjčice |
| <i>Glossosoma discophorum</i> | TGDIS_4 | CROAA036-18 | izvor Une |
| <i>Glossosoma discophorum</i> | TGDIS_5 | CROAA064-18 | Mali Rumin |
| <i>Glossosoma discophorum</i> | TGDIS_6 | CROTR057-19 | izvor potoka Plitvice |
| <i>Glossosoma discophorum</i> | TGDIS_7 | CROTR063-19 | Mali Rumin |
| <i>Glossosoma discophorum</i> | TGDIS_8 | CROTR090-19 | izvor Grab |
| <i>Glossosoma neretvae</i> Marinkovic, 1988 | TGNER_1 | CROTR052-19 | rijeka Neretva - Žitomislčić, Bosna i Hercegovina |
| <i>Glossosoma neretvae</i> | TGNER_2 | CROTR059-19 | rijeka Neretva – Žitomislčić, Bosna i Hercegovina |
| <i>Glossosoma klotho</i> Malicky, 2003 | TGKLO_3 a | CROTR093-19 | rijeka Bistrica, Te Manastir Mulla, Pejë, Kosovo |
| <i>Agapetus ochripes</i> | TAOCH_2 | CROTR010-19 | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk |

3.4.2.15. Vrste iz roda *Diplectrona* Westwood, 1839

Morfološkim pregledom ličinki roda *Diplectrona* prikupljenih na izvoru rijeke Ljute, Konavle, uočeno je da se razlikuju od ličinki roda *Diplectrona* rasprostranjenih ostalim dijelovima Hrvatske. Nakon toga slijedila je molekularna analiza koja je uključila odrasle primjerke s navedene lokacije te primjerke *D. atra* McLachlan, 1878 s Papuka gdje su prikupljeni uzorci ličinki i odraslih. Osim primjeraka iz Hrvatske u analizu su uvršteni primjerci *D. atra* iz Bosne i Hercegovine, Kosova, Makedonije, Crne Gore i Albanije. Kao referentni primjerci uzeti su *D. felix* McLachlan, 1878 i *D. atra* iz Francuske od kuda su i opisane ove dvije vrste (Tablica 18). Osim DNA sekvenci vrsta nastalih ovim radom preuzete su sekvence iz BOLD baze (*D. obscura* Ulmer, 1930, *D. aurovittata* (Ulmer, 1906), *D. metaqui* Ross, 1970, *D. modesta* Banks, 1908, *D. zealandensis* Mosely, 1953), a vrste iz roda *Hydropsyche* korištene su za ukorjenjivanje filogenetskog stabla (*H. pelucidulla* (Curtis, 1834), *H. siltalai* Doehler, 1963). Od navedenih DNA sekvenci načinjeni su jedinstveni haplotipovi. Setovi podataka i duljina sravnjenja korišteni za rekonstrukciju filogenetskih

odnosa vrsta roda *Diplectrona* navedeni su tablici (Tablica 19). Kod ABGD analize uzeta je vrijednost inicijalne particije s maksimalnom vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,08.

Tablica 18. Oznake, lokaliteti prikupljanja, DNA kodovi analiziranih primjeraka roda *Diplectrona* te duljine sekvencioniranih fragmenata četiri molekularna biljega uzoraka analiziranih u studiji. Kratice: pb = parova baza, FR = Francuska, HR= Hrvatska, KOS = Kosovo, MK = Republika Sjeverna Makedonija, MNE = Crna Gora, AL = Albanija.

| Ime vrste | ID uzorka | Oznaka uzorka (voucher) | Lokacija nalaza | Molekularni biljeg (gen) | | | |
|---|-----------|-------------------------|--|--|----------|-----|------|
| | | | | COI | 16S rRNA | wg | CA D |
| | | | | (duljina sekvencioniranog fragmenata u pb) | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> McLachlan, 1878 | DATBH_1 | DatBH0101M | BiH: Sutjeska, NP Jabučica sastavci | 1038 | 537 | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATFR_1 | DatFR0101M | FR: Belvoeer, Doubs | 1127 | 537 | 418 | 850 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATFR_2 | DatFR0102M | | 1120 | 514 | 418 | 818 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATFR_3 | DatFR0103F | | 1168 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATFR_4 | DatFR0104F | | 1168 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATH_1 | DatHR0301M | HR: Gospin izvor, Papuk | 658 | 515 | 418 | 850 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATH_3 | DatHR0303M | | 1168 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATH_4 | DatHR0304F | | 1168 | | 418 | 818 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATH_6 | DatHR0201M | HR: Dubočanka, Papuk | 1040 | 537 | 418 | 850 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATH_8 | DatHR0203M | | 1068 | 511 | 418 | 850 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATH_9 | DatHR0204M | | 1019 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATH-10 | DatHR0205M | | 1059 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATKO_1 | DatKO0401M | KOS: odujevë Municipality, selo Murgull izvorišno područje rijeke Lla, uz glavnu cestu | 1147 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATKO_2 | DatKO0402M | | 1147 | 551 | 418 | 818 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATKO_4 | DatKO0404M | | 1168 | 528 | 418 | 850 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATKO_5 | DatKO0501M | KOS: Drini burim, Pejë Municipality, selo Radac, izvorišno područje rijeka Drini i Bardhë | 1155 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATKO_6 | DatKO0601M | KOS: Bajgorë, Mitrovicë Municipality, izvorišno područje rijeke Kaçandoll, uz glavnu cestu | 1146 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATMK_1 | DatMK0101 | MK: Mavrovo, Rosočki livadi, Kalin izvor, Rosočka reka | 1039 | | 418 | 850 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATMK_2 | DatMK0102F | | 1032 | 538 | 418 | 818 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATMN_1 | DatMN0101 | MNE: Andrijevisa, Aksov potok | 1168 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATMN_3 | DatMN0301 | MNE: Andrijevisa, Desni prtok Zlorečice | 1168 | 528 | 391 | 850 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATMN_4 | DatMN0401 | MNE: Andrijevisa, Rajeva rijeka | 1003 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATMN_5 | DatMN0501 | MNE: Murinska rijeka i izvori | 910 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DATMN_6 | DatMN0502 | | 1048 | 551 | 418 | 818 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DIPL_1 | DspHR0101 | HR: Izvor Ljute, Konavle | 620 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DSPH_2 | DspHR0102 | | 972 | 524 | 391 | 850 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DSPH_4 | DspHR0104 | | 658 | 524 | 391 | 818 |
| <i>Diplectrona atra</i> | TDATR_1 | TDATR_1 | | 1030 | 546 | 418 | 818 |

Tablica 18. Oznake, lokaliteti prikupljanja, DNA kodovi analiziranih primjeraka roda *Diplectrona* te duljine sekvencioniranih fragmenata četiri molekularna biljega uzoraka analiziranih u studiji. Kratice: pb = parova baza, FR = Francuska, HR= Hrvatska, KOS = Kosovo, MK = Republika Sjeverna Makedonija, MNE = Crna Gora, AL = Albanija.

| Ime vrste | ID uzorka | Oznaka uzorka (voucher) | Lokacija nalaza | Molekularni biljeg (gen) | | | |
|--|-----------|-------------------------|--|---|-----------------|-----------|-------------|
| | | | | <i>COI</i> | <i>16S</i> rRNA | <i>wg</i> | <i>CA D</i> |
| | | | | (duljina sekvencioniranog fragmenta u pb) | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | TDATR_2 | TDATR_2 | | 1030 | 546 | 418 | 850 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DVAAL_1 | DvaAL0101M | AL: potok u selu Moglicë, Korçë, Opari | 1168 | 512 | 418 | 850 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DVAAL_2 | DvaAL0102M | | 1168 | 534 | 418 | 818 |
| <i>Diplectrona atra</i> | DVAAL_3 | DvaAL0103M | | 1146 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DVAAL_4 | DvaAL0105L | | 1146 | | | |
| <i>Diplectrona atra</i> | DVAAL_5 | DvaAL0106L | | 1168 | 512 | 418 | 818 |
| <i>Diplectrona felix</i> McLachlan, 1878 | DFEFR_1 | DfeFR0101M | FR: Leoinassiere | 658 | 489 | 418 | 850 |
| <i>Diplectrona felix</i> | DFEFR_2 | DfeFR0102M | | 1065 | 488 | 418 | 818 |
| <i>Diplectrona felix</i> | DFEFR_3 | DfeFR0103M | | 658 | 514 | 418 | 818 |
| <i>Diplectrona felix</i> | DFEFR_4 | DfeFR0104M | | 658 | | | |

Tablica 19. Setovi podataka i duljina sravnjenja u parovima baza korišteni za rekonstrukciju filogenetskih odnosa vrsta roda *Diplectrona*.

| SET PODATAKA | | DULJINA SRAVNJENJA (pb) |
|--------------|--|-------------------------|
| 1 | <i>COI</i> 5' (DNA barkod regija) | 658 |
| 2 | <i>COI</i> 5',3' (DNA barkod regija i nizvodna regija gena) | 1168 |
| 3 | <i>16S</i> rRNA | 509 |
| 4 | <i>CAD</i> | 818 |
| 5 | <i>wg</i> | 418 |
| 6 | konkatenirane mitohondrijske sekvence: <i>COI</i> 5',3' + <i>16S</i> rRNA | 1677 |
| 7 | konkatenirane nuklearne sekvence: <i>wg</i> + <i>CAD</i> | 1236 |
| 8 | konkatenirane mt i nukl. sekvence: <i>COI</i> 5',3' + <i>16S</i> rRNA + <i>wg</i> + <i>CAD</i> | 2913 |

3.4.2.16. Filogenetsko stablo tulara Hrvatske

Uz pomoć analitičkog alata BOLD baze (eng. workbench) konstruirano je filogenetsko stablo svih DNA barkod sekvenci dobivenih ovih radom. Za konstrukciju stabla unutar BOLD baze korištena je opcija Taxon ID tree, odabran je tip filogenetskog stabla: filogram i kružni filogram, model genetske udaljenosti: Kimura 2 parametar, metoda konstrukcije: susjedno sparivanje, sekvence su usklađene BOLD Aligner (eng. Amino Acid based HMM), genetske udaljenosti izračunate pomoću udvojenih distanci (eng. Pairwise Deletion), uključene su sve

pozicije kodona. Korištene su samo pojedinačne DNA sekvence nastale ovim radom i stoga nisu načinjeni jedinstveni haplotipovi.

3.4.3. Rasprostranjenost i brojnost tulara

Do sada je poznato više od 16 267 vrsta tulara u 632 roda i 63 porodice (Morse 2019), a po brojnosti su sedmi red kukaca. Smatra se da je ova velika raznolikost posljedica proizvodnje svilenih niti iz usnog aparata u ličinačkom stadiju čime su stvorili mogućnost naseljavanja različitih vodenih staništa (Mackay i Wiggins 1979). Tulari su široko rasprostranjeni i nastanjuju gotovo sva slatkovodna staništa: od planinskih potoka do nizinskih rijeka, močvare, jezera, izvore, hidropetrik, pa čak i bočate vode. Prvotna staništa koja su tulari nastanjivali nakon prelaska u vodeni ekosustav su hladne tekućice (Wiggins 1977). Pojedine vrste nastanjuju specifične dijelove slatkovodnih staništa (npr. samo izvorišnu zonu ili samo donje dijelove toka). Među tularima česta je pojava endema, vrsta koje imaju uski areal. Pojedine vrste tulara pojavljuju se samo u određenim mikrostaništima, na različitim podlogama (npr. samo na pješčanoj podlozi ili samo na podlozi obrasloj algama ili krojenjem), hidrologiji (npr. preferiraju središnji tok rijeke gdje su struje jake, ili samo sporotekuće dijelove obrasle makrofitima) (Graf i sur. 2008).

3.4.4. Životni ciklus tulara

U svom životnom ciklusu većina tulara vezana je za vodene ekosustave uz nekoliko iznimaka koje su terestričke. Tipična staništa terestričkih tulara su vlažna tresetišta s mahovinama i tlo s otpalim lišćem bjelogoričnih šuma. U Europi su poznate terestričke vrste koje pripadaju porodici Limnephilidae: *Enoicyla pusilla* Burmeister, 1939 i *Enoicyla reichenbachii* (Kolenati 1848), *Architremma ulachensis* Mart (Hickin 1967), a u Sjevernoj Americi *Philocasca demita* Ross 1941 i *Ironoquia parvula* (Wiggins 1977). Najveći broj vrsta tulara ima jednu generaciju godišnje (univoltne vrste), ali postoje i vrste s dvije ili više generacija u jednoj godini (multivoltne), te vrste s višegodišnjim ciklusom (semivoltne). Mnogim tularima treba jedna godina da završe jednu generaciju, no poznate su i vrste kojima treba tri godine (Holzenthal i sur. 2015). Dominantan utjecaj na trajanje životnog ciklusa ima temperatura, koja je određena prvenstveno nadmorskom visinom, zemljopisnom širinom, te klimom i reljefom područja na kojima vrste obitavaju (Kučinić 2002). Kod najvećeg broja vrsta period pojavljivanja odrasle jedinke traje od proljeća do jeseni (Hickin 1967). Kod vrsta hladne klime kao što je *Chaetopteryx* zabilježena je emergencija i do zime, točnije do siječnja (Kučinić i sur. 2013).

Životni ciklus tulara započinje jajašcem. Ženke polažu jajašca uložena u ljepljivi, želatinuozi, polisaharidni matriks. Jajašca može biti od desetak do 800. Vrijeme polaganja

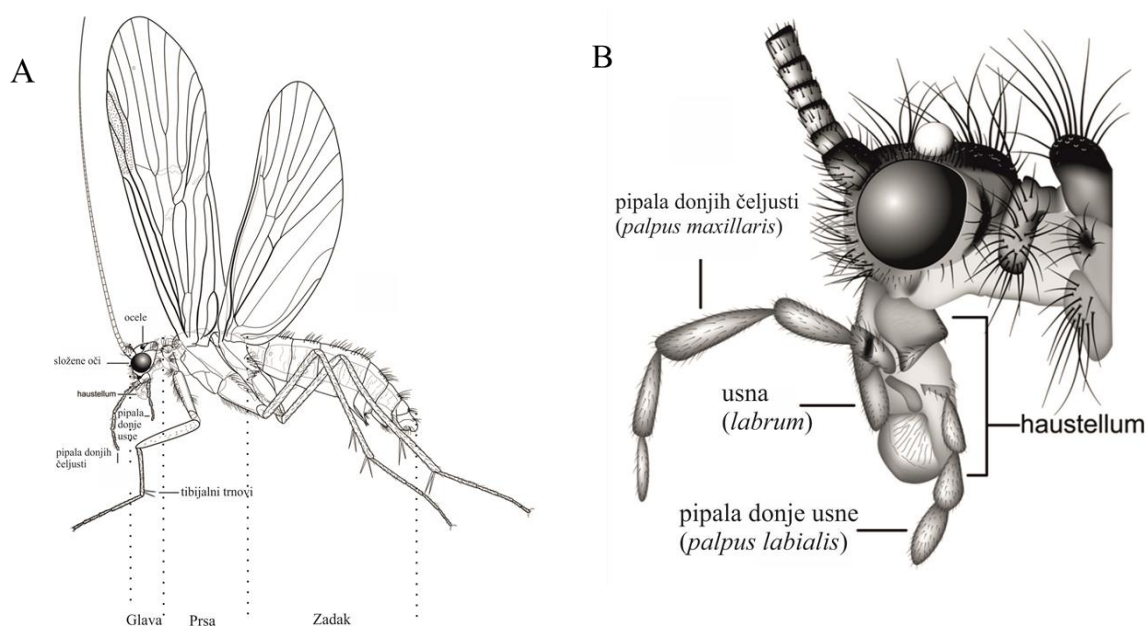
jajašaca određeno je vrstom i klimatskim uvjetima. Poznata su tri modela polaganja jajašaca (Solem i Gullerfors 1996): na površini vode, unutar vode na različitom supstratu (kamenje, dijelove biljaka) i na obalnu vegetaciju ili objekte.

Ličinke se u jajašcima razvijaju dva do tri tjedna. Većina jajašaca razvija se u proljeće i ljeto. Najveći dio životnog ciklusa tulari provode u ličinačkom stadiju. Kreću se po supstratu vodenih staništa ili nošene strujom vode – driftom. Ponekad ličinke prelaze u stanje mirovanja – dijavapauzu, obično zimi kada je temperatura vode niska i zalihe hrane male (Elliot 1968). Nakon što ličinke dosegnu određenu veličinu zakukulje se. Oni koji žive u kućicama zakukulje se u njima, a slobodno živući primjerci naprave si košuljicu od iste tvari od koje rade mrežice - kokon. U stanju kukuljice provode nekoliko mjeseci. Nakon preobrazbe izlaze iz kukuljica kao odrasle jedinke obično po noći i pužući prema površini do obližnje vegetacije (Malicky 2004). Proces prelaska iz vodenog u kopneni ekosustav naziva se emergencija (Daries 1984). Na vrijeme i trajanje emergencije utječu razni ekološki čimbenici (nadmorska visina, temperatura zraka, vlažnost, mjesečeve mijene, geografski položaj, temperatura) (Corbet 1964). Odrasli žive nekoliko dana do nekoliko tjedana uglavnom na zalihama prikupljenim u ličinačkom stadiju uz povremeni unos tekućine. Odrasle jedinke nekih skupina kao što je porodica Limnephilidae imaju dijavapauzu - mirovanje od nekoliko tjedana prije nego razviju jajašaca. Odrasle jedinke najaktivnije su u sumrak. Mužjaci prilaze ženkama privučeni hormonima ili se pare u rojenju. Uglavnom dolazi do rojenja - skupljanja mužjaka i ženki u velikom broju tvoreći oblak za vrijeme parenja. Rojenje traje od 2 do 15 tjedana, a kod nekih vrsta može biti 2 ili više sezona rojenja. Postoje slučajevi kada su ženke slabo pokretne ili nepokretne te feromonima privuku mužjake (npr. kod roda *Chaetopteryx*). Tokom života mužjaci i ženke se pare nekoliko puta s različitim partnerima. Ženke se nakon prvog parenja i polaganja jaja još neko vrijeme hrane i ponavljaju parenje i polaganje jaja (Petersson i Hasselrot 1994). Poznato je ponavljanje „kolonizacijski ciklus“ kada ženke polažu jaja uzvodno od mjesta emergencije do kojeg su se ličinke driftom spustile nizvodno (Statzner 1978). Postoje i slučajevi partenogeneze kod tulara kao što je slučaj kod vrsta roda *Apatania* Kolenati, 1847 kod kojih nisu poznati mužjaci (Malicky 2005).

3.4.5. Morfološke značajke tulara

Veličina tulara je od 1,5-3 mm koliko su velike neke vrste iz porodice Hydroptilidae i Glossosomatidae do 45 mm velikih vrsta iz porodice Phryganeidae. Porodica Hydroptilidae

uključuje najmanje tulara (odrasle jedinke veličine su oko 2-5 mm) i nazivaju se mikrotularima. Tijelo tulara podijeljeno je na glavu (*caput*), prsa (*torax*) i zadak (*abdomen*) (Slika 6 A). Na glavi, koja je u hipognatnom položaju u odnosu na tijelo, nalaze se dobro razvijena ticala sastavljena od većeg broja članaka. Sastavljene oči uvijek su prisutne, dok prisutnost jednostavnih očiju, ocela, ovisi o rodu, odnosno porodici i stoga čini karakteristiku bitnu prilikom određivanja (Malicky 2004). Odrasle jedinke imaju reduciran usni aparat za lizanje tekućine (biljnih sokova, nektara lisnih ušiju). Usni aparat čini strukturu jedinstvenu za ovaj red – *haustelum*. Haustelum je nastao spajanjem vršnog dijela donje usne (*labium*) i podždrijelnog žlijeba (*hypopharynx*) (Holzenthal i sur. 2007). Na usnom aparatu dobro su razvijena pipala donjih čeljusti (*palpus maxillaris*) i pipala donje usne (*palpus labialis*). Za određivanje imaga posebno je bitan broj članaka u gornjočeljusnim pipalima, koji se kreće od 3 do 5 (Malicky 2004) (Slika 6 B).

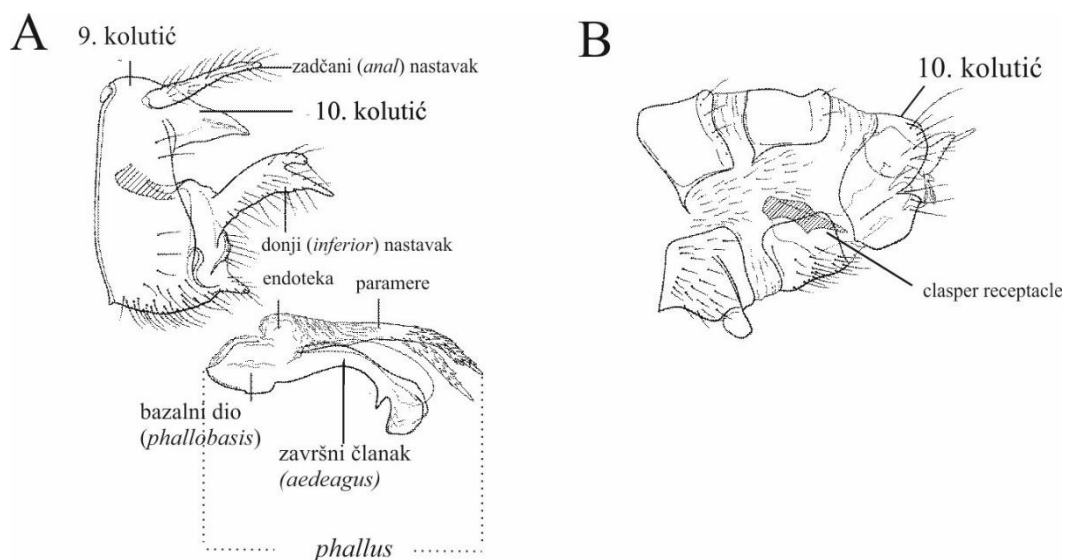


Slika 6. A-B. Vanjski izgled odraslog tulara (A – podjela tijela na osnovne dijelove, B – dijelovi usnog aparata. Preuzeto i prilagođeno iz Holzenthal i sur. (2007).

Odrasle jedinke imaju krila i tijelo prekriveno dlakama te su obično neupadljivih boja (smeđi, sivi, žuti, crni...). Na prsima se nalaze dva para krila i tri para nogu za hodanje. Letenje omogućuje disperziju vrste. Tulari uglavnom lete desetak metara od vodenog staništa (Sode i Wiber-Larsen 1993). Pojedine vrste iz porodice Limnephilidae lete daleko od slatkovodnih tijela u kojima su emergirali i to nekoliko desetaka kilometara uzvodno ili na veće nadmorske

visine (Malicky 1987). Zabilježeno je da se vrsta *Potamophylax cingulatus* Stephens, 1837 širi minimalnom brzinom od 7,3 km godišnje (Gíslason i sur. 2015). Općenito se smatra da je maksimalna udaljenost do koje se tulari mogu širiti 30-40 km (Collier i Smith 1998).

Na nogama tulara nalaze se tibijalni trnovi-ostruge čiji broj može varirati od 0-4. Broj trnova čini formulu po kojoj se mogu odrediti rodovi ili porodice. Zadak se sastoji od 11 kolutića, a zadnja tri sudjeluju u izgradnji muškog i ženskog spolnog aparata. Genitalni aparat mužjaka specifičan je za svaku vrstu i predstavlja najbolji način da se točno utvrdi taksonomska pripadnost. Ženski genitalni aparat je jednostavniji od muškog, stoga je pregledom nekih skupina moguće odrediti jedinke ženki do razine vrste, no kod nekih je određivanje nepouzđano ili gotovo nemoguće. S trbušne strane 9. kolutića zatka mužjaka nalaze se parni gonopodiji (od jednog ili dva članka) i služe za pridržavanje ženke prilikom parenja. Deseti kolutić zadka dosta je kraći i uži od devetog i često može biti različitog oblika. Kod porodice Rhyacophilidae, koja je filogenetski najstarija porodica, jače su izraženi gonopodiji, a kod ostalih su slabije izraženi, dok su kod porodice Psychomyiidae potpuno reducirani. Ispod 10. kolutića nalazi se muški kopulacijski organ (*phallus*) (Slika 7 A), a smješten je u posteriornom dijelu 9 kolutića. *Phallus* se sastoji od pokretnog bazalnog dijela (*phallobasis*) i završnog članka (*aedeagus*), na čijem se vršnom dijelu nalazi otvor sjemenovoda (*ductus ejaculatoris*). Unutrašnja struktura genitalnog aparata kod ženki koja prima *phallus* tijekom kopulacije zajedno sa spermalnim sadržajem može biti kompleksna i specifična za vrstu (Slika 7 B).



Slika 7. A-B. Slika kopulacijski organa odraslog tulara: A - muški genitalni aparat, B – ženski genitalni aparat. Preuzeto i prilagođeno iz Holzenthal i sur. (2007).

Ličinke imaju hitiniziranu glavu na kojoj razlučujemo: gornje i donje čeljusti, gornja i donja usna, glaveni štitić (*clypeus*), ticala odnosno njihovi začeci, čelo, tjeme, zatiljak, obraze (*genae*). Oblik glavenog štitića koristi se za razlikovanje pojedinih vrsta. Ticala su kratka i sastavljena od jednog segmenta, često degradirana u zrelijim stadijima. Jednostavne oči su prisutne na obrazima, ali ne predstavljaju važno osjetilo s obzirom da ličinke život provode skrivajući se u supstratu. Položaj očiju ovisi o načinu prehrane: predatorske ličinke imaju oči smještene na prednjem rubu obraza, a biljojedne na stražnjem. Ličinke imaju dobro razvijene organe za grizenje. Najviše se ističu gornje čeljusti (*mandibule*) koje su jako hitinizirane i prilagođene načinu prehrane ličinke. Tako u vrsta porodica Rhyacophilidae, Philopotamidae, Polycentropidae na rubu imaju zubiće u obliku noža ili srpa, a kod vrsta iz porodice Limnephilidae zubići su uvijek tupi, a u određenim slučajevima mogu i nedostajati, npr. u nekih vrsta roda *Drusus* (Kučinić i sur. 2015a, 2016, Waringer i sur. 2013). Na tri prsna kolutića smještene su dobro razvijene noge za hodanje. Raznolika je hitiniziranost prsnih kolutića. Tako kod vrsta porodice Hydroptilidae i Hydropsychidae sva tri kolutića su hitinizirana, kod vrsta porodica Phryganidae, Polycentropidae samo je prvi kolutić hitiniziran, kod porodice Limnephilidae, Odontoceridae, Sericostomatidae prva dva kolutića su hitinizirana, a treći je prekriven membranom. Ličinke koje imaju kućice na prvom kolutiću sa strane prsa imaju opnastu izraslinu – posteralni trn. Zadak se sastoji od devet opnastih kolutića, a kod nekih vrsta na zadnjem kolutiću prisutne su hitinizirane pločice. Zadak kod svih ličinki završava analnom pandžicom. Analna pandžica koristi kao kuka kojom se slobodnoplivajuće ličinke hvataju za mrežu ili za unutrašnje niti u kućici. Na abdomenu od drugog do osmog kolutića prisutne su uzdušničke škrge (rijetka je pojava škrge na toraksu ili nedostatak škrge). Škrge oblikom mogu biti nitaste, sastavljene i busenaste. Smještene su u nizu na bočnim, donjoj i gornjoj strani zadka. Njihov oblik, raspored i smještaj važno su svojstvo za određivanje ličinki (Hickin 1967). S obzirom na tip hrane tulari se u ličinačkom stadiju dijele na: herbivore, detritivore i karnivore, dok se po načinu uzimanja hrane dijele na: strugače (eng. *scrapers* ili *grazers*), sakupljače (engl. *collectors*), usitnjivače (eng. *shredders*), procjeđivače (eng. *filter feeders*), predatore i bušače (eng. *pierces*) (Mackay 1979). Prehrana algama, gljivama i bakterijama vjerojatno je bio prvotni način prehrane tulara, a nakon pojave angiospermnih biljaka pojavili su se i biljojedi (Wiggins 2004).

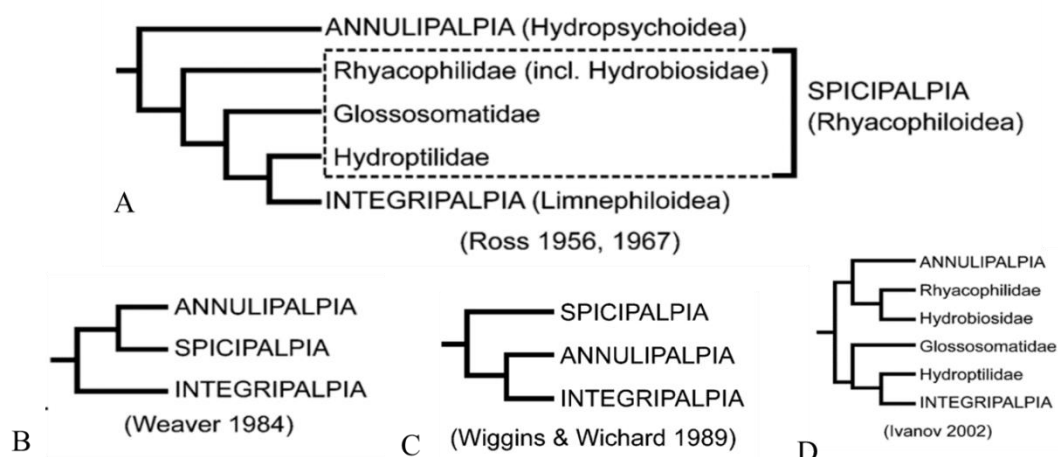
Uz pomoć donjousnih žlijezda tulari stvaraju ljepljive niti, svilu. Svilenkaste niti omogućuju većini ličinki gradnju kućice – tuljca. Ličinke koje grade prenosne tuljce pripadaju skupini

Integripalpia te manji dio skupini „Spicpalpia“. Neke skupine uz pomoć ljepljivih niti grade mreže kojima sabiru hranu (Hydropsychidae, Polycentropodidae, Ecnomidae, Philopotamidae). Ove porodice koje grade mreže - skloništa pripadaju skupini Annulipalpia. Ovakva strategija posljedica je uštede energije na traženje hrane, a time i povećanu izloženost predatorima (Wiggins 1973). Pojedine ličinke grade meandrirajuće galerije na površini kamenja (Psyscomyiidae) ili se slobodno kreću (npr. predatorske vrste iz porodice Rhyacophilidae) (Edington i Hildrew 1995). Velika je raznolikost oblika tuljca (u presjeku okrugli, kvadratasti...) i materijala od kojeg su izgrađeni (sitni pijesak, različite veličine stijena, ljuštura puževa, organske tvari – korijenja, lišća). Poznato je da ličinke grade tuljce već 160-70 milijuna godina a obzirom na najstariji nalaz datira iz sedimenta geološkog razdoblja srednje jure. Najvjerojatniji je razlog izrade kućica zaštita od predatora (kamuflažom) i efikasnije disanje (dokazana je veća apsorpcija kisika iz vode ako se ličinka nalazi unutar kućice u odnosu na ličinke bez kućica) (Wiggins 2004). Većinom kućica prati rast ličinke, a neke nadograđuju novu na staroj kućici (Glossosomatidae). Zanimljivo je kako ličinke porodice Hydroptilidae žive kao slobodne prva četiri razvojna stadija, a kućicu grade na početku 5. stadija. U stadiju kukuljice ličinke ulaze nakon više presvlačenja (najmanje pet puta), a neke vrste mogu se presvlačiti i više od pet puta. Kukuljice tulara pripadaju skupini slobodnih kukuljica jer su im ticala, noge i krila u razvoju odvojene od tijela. Noge na toraksu mogu ostati nepromijenjene sa plivajućim dlakama, na abdomenu ostaju ličinačke škrge. Gornje čeljusti kukuljice dobro su razvijene (Holzenthall i sur. 2007).

3.4.6. Filogenija i sistematika tulara

Trichoptera zajedno sa sestrinskim redom Lepidoptera (leptiri) čine nadred Amphiesmenoptera (grč. *amphiesma*, što znači odjeća referirajući na dlake i ljuske kojima su prekriveni ovi kukci). Smatra se da se odvajanje tulara i leptira od zajedničkog pretka dogodilo prije 234 milijuna godina (mil. god.) (Malm i sur. 2013). Unutar monofiletskog reda Trichoptera odvajaju se dva monofiletska podreda: Annulipalpia i Integripalpia (Holzenthall i sur. 2007, 2011, 2014, Kjer i sur. 2001, 2002, 2016). Recentna podjela na podredove Annulipalpia i Integripalpia temelji se na načinu na koji ličinke koriste ljepljive niti, svilu, odnosno izrađuju li tuljce ili mreže ili žive slobodno. Podred Annulipalpia uključuje 10 recentnih porodica (prema Holzenthall i sur. 2011) čije ličinke grade mreže od svilenkastih niti koje im služe za prikupljanje hrane i kao sklonište. Ličinke ovog podreda preferiraju tekućice, a samo nekoliko predstavnika je zabilježeno u stajaćicama. Mrežama filtriraju organske

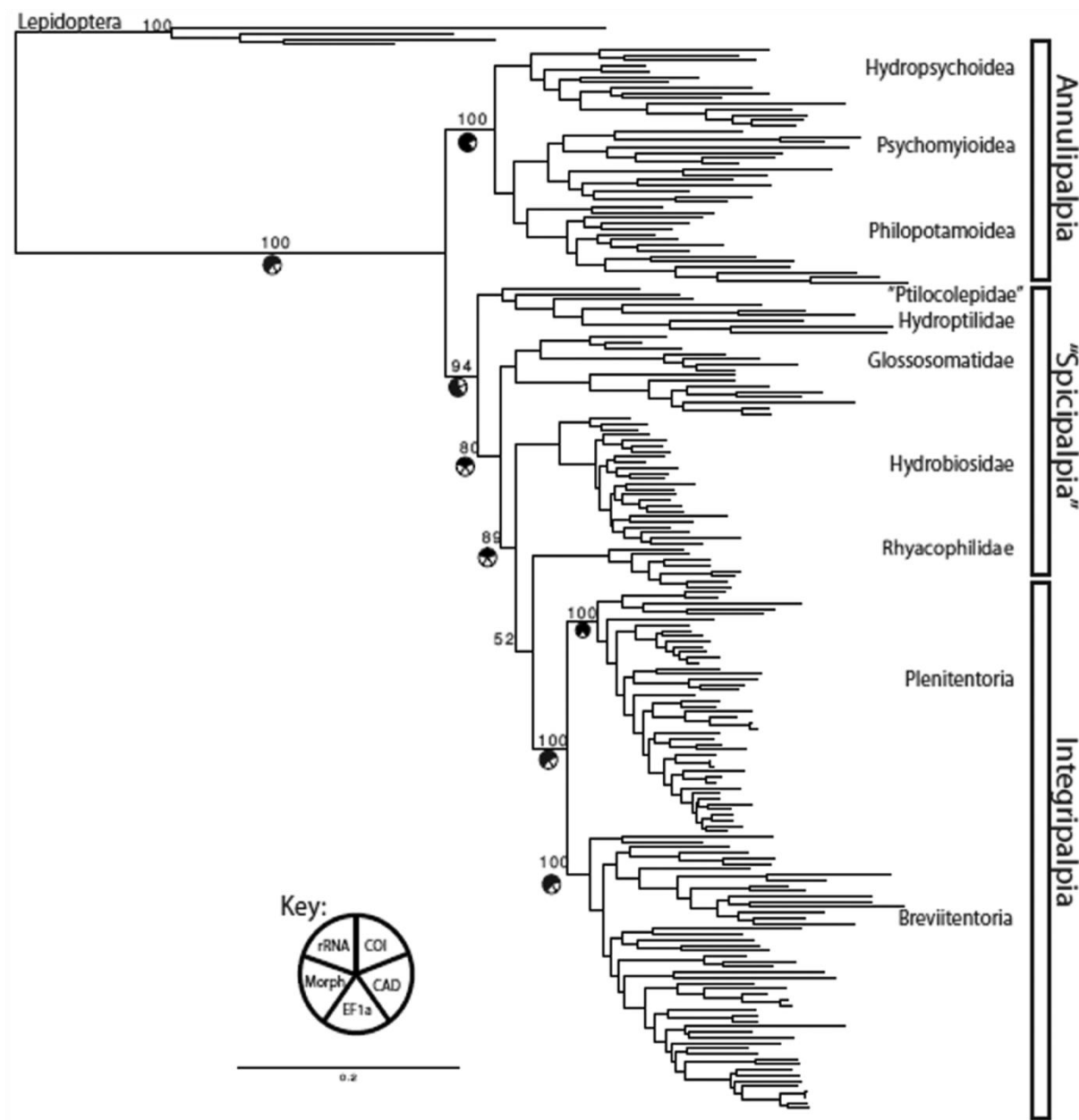
čestice različite veličine (ovisno o veličini mreže koje može biti od nekoliko do 100 mikrometara). Neke vrste grade cijevi od svile te se hrane perifitonom ili nanosima na podlozi. Kod ovog podreda neke ličinke žive unutar mreže i hrane se beskralješnjacima koji se uhvate na niti slično paucima na kopnu. Ponašanje kukuljica je raznoliko. „Spicipalpia“ uključuje porodice raznolikog ponašanja ličinki. Predatorne vrste porodica Rhyacophilidae i Hydrobiosidae žive slobodno, a svilu koriste samo da se pričvrste u slučaju jačih struja koje bi ih mogle odnijeti. Ličinke iz porodica Hydroptilidae tek u zadnjem, petom stadiju grade prozirne kućice. Vrste porodica Glossosomatidae grade nove tuljce svakim presvlačenjem, a oblikom podsjećaju na kornjačin oklop. Ličinke podreda Integripalpia koji uključuje 39 recentnih porodica (prema Holzenthal i sur. 2011) grade tuljce od različitog materijala, ovisno o vrsti. Morfološke značajke svih vrsta u ovom podredu su: nepostojanje poprečnog rebra na krilu, stražnja krila šira od prednjih u području analnih rebara, ženke nemaju začane privjeske, leđna strana srednjeg prsnog kolutića (mezonotum) ličinke potpuno je hitinizirana, na prvom začanom kolutiću postoje leđna i bočna zadebljanja i kratke i jake analne pandžice. Ovakva podjela na dva podreda nije oduvijek zastupljena, odnosno postojale su različite hipoteze o filogenetskim odnosima unutar roda Trichoptera koje su autori temeljili na značajkama ličinki, kukuljica i imaga (Weaver i Morse 1986, Frania i Wiggins 1997, Ivanov 1997). Postojanje trećeg podreda „Spicipalpia“ je diskutabilno i često neodređenog filogenetskog odnosa unutar reda tulara, a odnosi se na četiri porodice: Rhyacophilidae, Hydrobiosidae, Hydroptilidae i Glossosomatidae. Ross (1956, 1967) je koristio ponašanje ličinki prilikom gradnje tuljaca i tulara smjestio u dva podreda: Annulipalpia i Integripalpia, smještajući „Spicipalpia“ unutar nadporodice Rhyacophiloidea (Holzenthal i sur. 2007) (Slika 8 A). Weaver (1984, 1992a, 1992b) te Weaver i Morse (1986) su zaključili na temelju više morfološki značajki (ličinki, kukuljica i odraslih) da je skupina „Spicipalpia“ monofiletska i unutar podreda Annulipalpia (Holzenthal i sur. 2007) (Slika 8 B). Wiggins i Wichard (1989) su evolucijske odnose temeljili na kokonu pupe pretpostavljajući zatvoreni, polupropustan, tanki kokon kakav grade porodice koje pripadaju skupini „Spicipalpia“ izvorišnim iz kojeg su se razvili propusni kokoni s ventilacijskim otvorima kakve nalazimo kod Annulipalpia i Integripalpia (Slika 8 C). Ivanov (2002) predlaže porodice Hydroptilidae i Glossosomatidae („Spicipalpia“) kao sestrinske Integripalpia dok su porodice Rhyacophilidae i Hydrobiosidae („Spicipalpia“) sestrinske sa Annulipalpia (Holzenthal i sur. 2007) (Slika 8 D).



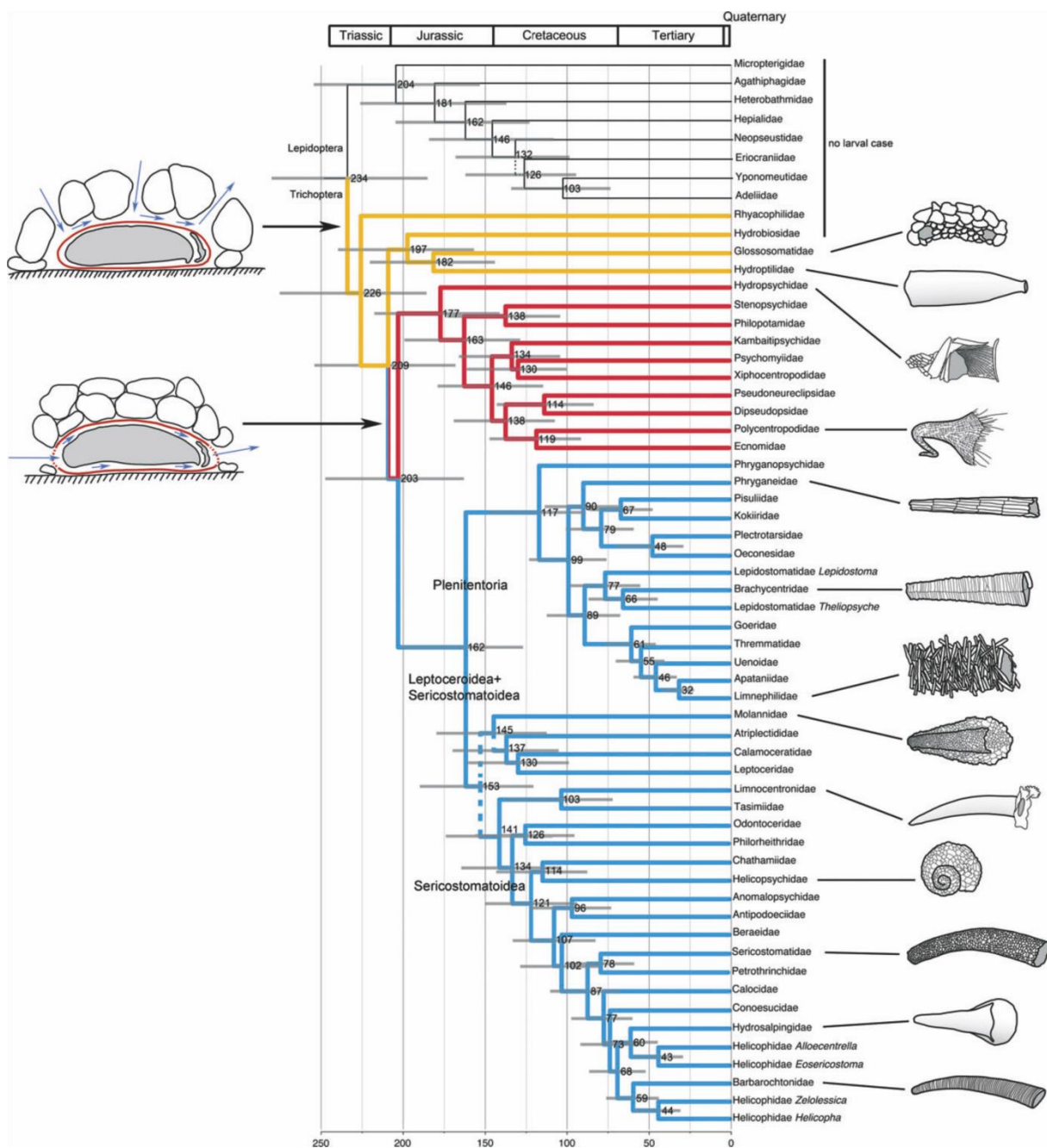
Slika 8. A-D. Hipoteze o filogenetskim odnosima između podredova tulara prema različitim autorima A – Ross, B – Weaver, C – Wiggins i Wichard, D – Ivanov. Slika preuzeta iz Holzenthal i sur. 2007.

U zadnjih godina provode se i molekularna istraživanja filogenetskih odnosa unutar reda Trichoptera. Kjer i suradnici (2001) su prvi počeli koristiti molekularne podatke u kombinaciji s morfološkim pri čemu su koristili jezgrine i mitohondrijske molekularne biljege: sekvence nekoliko fragmenata male i velike podjedinice nuklearne ribosomske rRNA (*D1*, *D3*, *V4-5*), *EF-1 α* i *COI*. Prilikom svog zadnjeg istraživanja filogenije tulara, Kjer i sur. (2016) koriste i dodatni nuklearni biljeg, gen *CAD*. Filogenetski odnosi rekonstruirani su upotrebom filogenetske metode Randomized Axelerated Maximum Likelihood – RaxML koja omogućuje rad s velikim brojem podataka. Bolja podržanost (52 – 89%) dobivena je za odnose između porodica unutar skupine „Spicipalpia“. Nadporodica Hydropsychoidea (Hydropsychidae) predstavlja sestrinsku svojtu svim ostalim svojutama Annulipalpia. Autori naglašavaju da poziciju skupine „Spicipalpia“ u filogenetskom stablu treba uzeti s oprezom. Kjer i sur. (2016) prvi put pokazuju visoko podržano grupiranje (94% *bootstrap* podrška) skupine "Spicipalpia" sa skupinom Integripalpia (Slika 9). Idalje „Spicipalpia“ nije monofiletska skupina (Kjer i sur. 2016). Unutar podreda Annulipalpia, Hydropsychoidea (= Hydropsychidae) je sestrinska grupa svim ostalima s 94% *bootstrap* podrškom, a podred Integripalpia se dijeli na Brevitentoria i Plenitentoria (Kjer i sur. 2016). Malm i sur. (2013) koriste tri nuklearna biljega: *CPSase*, *CAD*, *IDH*, *POL* te mitohondrijski *COI* (DNA barkod regiju) kako bi otkrili filogenetske odnose unutar tulara. Ovi autori dobili su da porodice Rhyacophilidae i Hydrobiosidae imaju bazalni položaj, te da su porodice Glossosomatidae i Hydroptilidae monofiletske i tvore sestrinsku grupu s Annulipalpia. Porodica Hydropsychidae

smjestila se unutar podreda Annulipalpia kao sestrinska ostalima (Slika 10) (Malm i sur. 2013).



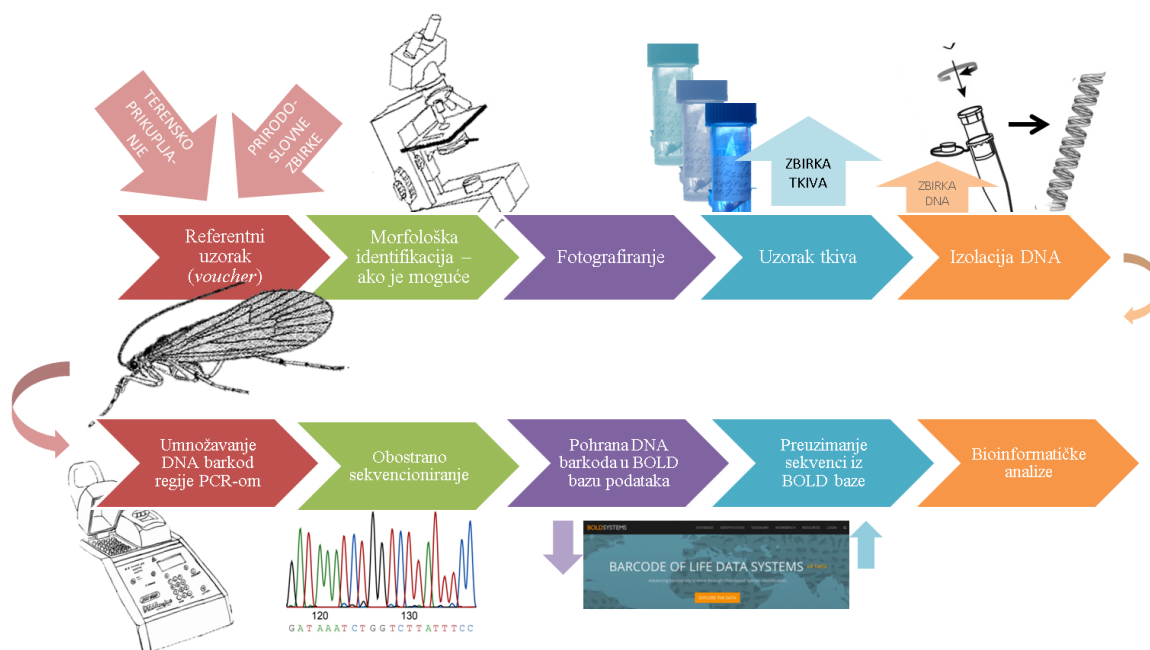
Slika 9. Filogram dobiven RaxML analizom na temelju jezgrinih i mitohondrijskih molekularnih biljega. Grafikon u obliku pite pokazuje koji su podatci neovisno potvrdili svaki čvor (obojeni crno). Slika preuzeta iz Kjer i sur. (2016).



Slika 10. Filogenetsko stablo tulara. Čvorovi predstavljaju srednje vrijednosti vremena razdvajanja porodica, a sive linije predstavljaju 95% interval pouzdanosti. Obojene grane predstavljaju tri podreda: „Spicipalpia“ (žuta), Annulipalpia (crvena) i Integripalpia (plava). Crtež u lijevom gornjem kutu predstavlja hipotetski kokon pupe, a plave strelice predstavljaju smjer strujanja vode. S desne strane prikazane su tipične kućice predstavnika porodica. Preuzeto iz Malm i sur. (2013).

3.5. Metoda DNA barkodiranja

Metoda DNA barkodiranja predložena je 2003. godine kao brz i pouzdan način određivanja vrsta korištenjem kratke, standardizirane regije određenih gena (Hebert i sur. 2003a). Za životinje je predložen mitohondrijski fragment gena za podjedinicu 1 citokrom c oksidaze (*COI*) dug oko 650 parova baza (Hebert i sur. 2003a). Konzorcij za barkodiranje živog svijeta (eng. Consortium for the Barcode of Life – CBOL) predložio je priznate i uobičajene standarde i protokole za DNA barkodiranje (Slika 11).



Slika 11. Shematski prikaz standarda i protokola za DNA barkodiranje.

Mitohondrijska DNA smještena je unutar organela mitohondrija koje nalazimo u svim stanicama životinjskih tkiva. Mitohondrijska DNA (mtDNA) je dvolančana kružna molekula veličine između 15 000 i 20 000 pb (parova baza). Sadrži nekodirajuću kontrolnu regiju (D-petlja) i kodirajući dio. D-petlja sadrži repetitivne sljedove i važna je za inicijaciju transkripcije i replikacije. U kodirajućem dijelu se nalazi 37 gena različite funkcije i brzine evoluiranja: 22 gena za transfer RNA – tRNA (transfer ribonukleinska kiselina), 2 gena za ribosomske RNA – rRNA (ribosomska ribonukleinska kiselina) i 13 gena koji kodiraju za proteine uključene u transport elektrona i oksidativnu fosforilaciju (Wolstenholme 1992). Protein citokrom oksidaza podjedinica 1 (*COI*) dobro je očuvan kod svih aerobnih organizama i biokemijski dobro istražen. Važan je u procesu oksidativne fosforilacije jer

sudjeluje u transportu elektrona i protona na unutarnjoj membrani mitohondrija (Lunt i sur. 1996). Pogodnosti *COI* gena mitohondrijske DNA je što nema introne (za razliku od jezgrine DNA) te insercije i delecije (za razliku od gena za ribosomske *12 S*, *12 S* rRNA). Upotrebom univerzalnih robusnih početnica moguće ga je umnožiti kod gotovo svih životinjskih koljena. Brzina molekularne evolucije ovog gena je i do tri puta veća u odnosu na gene za rRNA te omogućuje razlikovanje ne samo vrsta nego i divergentnih linija unutar vrsta (Hebert i sur. 2003a).

Novi pristupi su potakli nastanak udruženja udruženja, kao što je Konzorcij za barkodiranje života (CBOL - Consortium for the Barcoding of Life, osnovan 2004. godine) i Projekt međunarodnog barkodiranja života (iBOL - International Barcode of Life Project, osnovan 2007. godine) koji okuplja znanstvenike iz preko 150 zemalja (Valentini i sur. 2009). Navedena udruženja populariziraju metodu DNA barkodiranja. Kako bi određivanje nepoznatih DNA barkodova funkcioniralo, za usporedbu je potrebna opsežna baza DNA barkodova poznatih vrsta s pridruženim morfološkim određenim primjercima. Ratnasingham i Hebert (2007) uspostavljaju BOLD bazu (BOLD - The Barcode of Life Data System). BOLD predstavlja bazu DNA barkodova (za carstva Animalia, Plantae, Fungi i Protista) i bioinformatičku platformu koja omogućuje korisnicima određivanje svojti, upravljanje podacima, analizu sekvenci i upotrebu statističkih metoda za rekonstrukciju filogenetskih stabala. BOLD baza komunicira između postojećih genetičkih repozitorija kao što je National Center for Biotechnology Information – NCBI i Global Biodiversity Information Facility - GBIF, odnosno povučene su i postojeće *COI* sekvence iz Banke gena – GenBank (Ratnasingham i Hebert 2007). U cilju stvaranja nacionalnih baza DNA barkod sekvenci pojedine države pokreću inicijative za barkodiranje života (npr. ABOL – Austrija, GBOL – Njemačka, FinBol – Finska itd.). Razvijaju se i kampanje s ciljem prikupljanja DNA barkodova svih vrsta unutar specifičnih taksonomskih grupa (npr. za mrave Formicidae barcode of life, za ptice All Birds Barcoding Initiative, za tulare Trichoptera Barcode of Life itd.) (www.ibol.org). Cilj je stvoriti opsežnu referentnu bazu podataka sa DNA barkodovima čitavog živog svijeta. Razlog za uvođenjem ovakvog pristupa dolazi iz potrebe da se što prije odredi postojeći živi svijet. Usljed dominantno antropogenog utjecaja ubrzano se povećava broj svojti koje nestaju sa Zemlje, dominantno antropogeno uvjetovano, te se smatra da se događa šesta kriza bioraznolikosti – globalni nestanak živog svijeta. Klasična taksonomija ne uspijeva opisati postojeće vrste tolikom brzinom kojom one nestaju. Četiri su glavna

ograničenja u klasičnoj, morfološkoj determinaciji vrsta: fenotipska i genetička plastičnost, problem kriptičnih vrsta, morfološka svojstva karakteristična za samo jedan životni stadij jedinice te stručnost taksonoma (Waterton i sur. 2013). Razumljiva je potreba za određivanjem pojedinih vrsta s obzirom da je vrsta temeljna jedinica svim poljima biologije (anatomije, ponašanja, ekologije, evolucije, genetike, paleontologije, molekularne biologije, paleontologije, fiziologije, taksonomije (De Queiroz 2005).

Osim u taksonomiji metoda DNA barkodiranja našla je primjenu i u:

- a) kontroli poljoprivrednih štetnika – određivanje štetnika u bilo kojem razvojnom stadiju omogućava bolju kontrolu i smanjuje troškove;
- b) određivanje vektora zaraze – omogućava stručnjacima koji nisu biolozi da prepoznaju vektore patogena kao što su pojedine vrste komaraca;
- c) kontroli ilegalne trgovine – omogućava određivanje bioloških materijala i tako omogućuje sprječavanje unosa nedozvoljenih proizvoda ili živih primjeraka skupina čija trgovina je zabranjena;
- d) zaštiti rijetkih životinja – omogućava kontrolu podrijetla hrane i proizvoda od ugroženih životinja koji se mogu naći na tržištu,
- e) prehrambenoj i kozmetičkoj industriji – omogućava određivanje sadržaja proizvoda i time kontrolu točnosti podataka navedenih na deklaraciji (Kaur 2015).

3.5.1. Operativne taksonomske jedinice i definiranje genetske udaljenost za DNA barkod regiju

Za standardni opis vrste na temelju morfologije potrebno je mnogo vremena, pa su se znanstvenici suočili s potrebom definiranja pojma koja će ubrzati procjenu biološke raznolikosti. Tako je nastao pojam operativne taksonomske jedinice (eng. operational taxonomic units – OTU). OTU nepoznate uzorke životinja razdvaja u vrste na temelju definiranih morfoloških ili molekularnih udaljenosti (ili kombinacije). U posljednje vrijeme uobičajeno je koristiti taksonomiju potpomognutu molekularnim metodama. U takvim istraživanjima koristi se pojam molekularne operativne taksonomske jedinice (eng. molecular operational taxonomic units – MOTU). Iz razloga sve češćeg pridruživanja metode DNA barkodiranja klasičnoj taksonomiji nastojalo se definirati kriterij za imenovanje operativne taksonomske jedinice putem genske udaljenosti DNA barkodova između taksona. Razni znanstvenici nude rješenja preko analitičkih programa s algoritmima koje Ratnasingham i

Hebert (2013) testiraju na točnost i brzinu pri definiranju granica između životinjskih vrsta. Odabiru analizu „Refined Single Linkage – RESL“ koja generira životinjske operativne taksonomske jedinice za DNA barkod sekvence. Takve operativne taksonomske jedinice nazivaju „Barcode indeks number – BIN“. Sistem za grupiranje DNA barkod sekvenci u „BINove“ javno je dostupan na BOLD (Barcode of Life Data System) platformi (Ratnasingham i Hebert 2007).

Jedan od kriterija za postavljanje razlike između životinjskih svojti, pa tako i kod tulara, je postotak genetske udaljenosti između promatranih DNA sekvenci. Hebert i sur. (2003b) su ustanovili da većina vrsta pokazuje vrijednosti nekorrigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između vrsta veću od 2%. S obzirom da postoji veliki broj istraživanja tulara koja koriste genetsku udaljenost na temelju DNA barkod regije potkrepljenju drugim molekularnim biljezima i morfološkim kriterijima, ovim radom je moguće definirati takvu granicu (Tablica 20). Popularan način među znanstvenicima u postavljanju granica među svojta su genetska stabla rekonstruirana različitim metodama kao i brojni alati za analizu (npr. analiza ABGD - Automatic Barcode Gap Discovery objašnjena u podpoglavlju 3.4.1. Bioinformatičke analize ovog rada; strana 20) (Meier 2008). U ovom radu je korišteno više različitih kriterija za definiranje granica između svojti tulara na temelju DNA barkod regije.

Tablica 20. Genetske udaljenosti kod različitih sistematskih kategorija unutar reda Trichoptera na temelju DNA barkod regije iz različitih istraživanja. Kratice označavaju taksonomske kategorije: por.=porodica, podpor.=podporodica. Crtica označava da nije utvrđena vrijednost. Zadebljanim slovima označene su intraspecifične vrijednosti.

| Svojta | Tip genetske udaljenosti | Min (%) | Max (%) | Autori |
|---------------------------|--------------------------|-------------|-------------|---------------------|
| Trichoptera | Intraspecifična | 0 | 3,19 | Johanson 2007 |
| Trichoptera | Interspecifična | 8,06 | 15,65 | Johanson 2007 |
| Trichoptera (Kalifornija) | Intraspecifična | - | 2 | Jackson i sur. 2014 |
| Trichoptera | Intraspecifična | - | 0,8 | Geraci i sur. 2011 |
| Trichoptera | Interspecifična | 1,9 | 31 | Geraci i sur. 2011 |
| Trichoptera (Novi Zeland) | Intraspecifična | 0 | 8,50 | Hogg i sur. 2009 |
| Trichoptera (Novi Zeland) | Interspecifična | - | 19,50 | Hogg i sur. 2009 |
| por. Glossosomatidae | Intraspecifična | 0,51 | 1,54 | Zhou i sur. 2010 |
| por. Glossosomatidae | Interspecifična | 11,47 | 25,79 | Zhou i sur. 2010 |
| por. Hydropsychidae | Intraspecifična | 0 | 5,25 | Zhou i sur. 2010 |
| por. Hydropsychidae | Interspecifična | 11,47 | 21,82 | Zhou i sur. 2010 |

Tablica 20. Genetske udaljenosti kod različitih sistematskih kategorija unutar reda Trichoptera na temelju DNA barkod regije iz različitih istraživanja. Kratice označavaju taksonomske kategorije: por.=porodica, podpor.=podporodica. Crtica označava da nije utvrđena vrijednost. Zadebljanim slovima označene su intraspecifične vrijednosti.

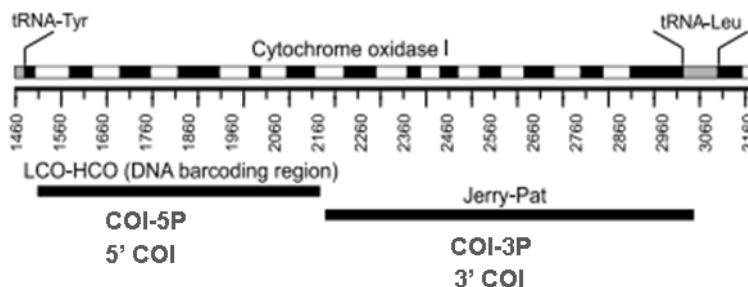
| Svojta | Tip genetske udaljenosti | Min (%) | Max (%) | Autori |
|--|--------------------------|-------------|-------------|----------------------------|
| por. Hydroptilidae | Intraspecifična | 0,85 | 2,7 | Zhou i sur. 2010 |
| por. Hydroptilidae | Interspecifična | - | 20,12 | Zhou i sur. 2010 |
| por. Limnephilidae | Intraspecifična | 0 | 4,01 | Zhou i sur. 2010 |
| por. Limnephilidae | Interspecifična | 3,46 | 12,66 | Zhou i sur. 2010 |
| por. Philopotamidae | Interspecifična | - | 25,76 | Zhou i sur. 2010 |
| por. Phryganeidae | Intraspecifična | 0 | 1,54 | Zhou i sur. 2010 |
| por. Phryganeidae | Interspecifična | 3,45 | 13,36 | Zhou i sur. 2010 |
| por. Polycentropodidae | Intraspecifična | 0 | 0 | Zhou i sur. 2010 |
| por. Polycentropodidae | Interspecifična | - | 19,9 | Zhou i sur. 2010 |
| rod Hydropsyche | Intraspecifična | 0 | 9,04 | Zhou i sur. 2007 |
| rod Hydropsyche | Interspecifična | 11,61 | 19,69 | Zhou i sur. 2007 |
| rod <i>Smicridea</i> McLachlan, 1871 | Intraspecifična | - | 5,9 | Pauls i sur. 2010 |
| rod <i>Smicridea</i> | Interspecifična | 8,05 | 21,7 | Pauls i sur. 2010 |
| rod <i>Metrichia</i> Ross, 1938 | Intraspecifična | - | 4,8 | Santos i sur. 2016b |
| rod <i>Metrichia</i> | Interspecifična | 12,6 | | Santos i sur. 2016b |
| rod <i>Synoestropsis</i> Ulmer, 1905 | Intraspecifična | 0 | 7,0 | Barcelos-Silva i sur. 2018 |
| rod <i>Synoestropsis</i> | Interspecifična | 7,8 | 30,9 | Barcelos-Silva i sur. 2018 |
| rod <i>Apatania</i> Kolenati, 1848 | Intraspecifična | 0,1 | 1,1 | Salokannel i sur. 2010. |
| rod <i>Apatania</i> | Interspecifična | 1,4 | 12,8 | Salokannel i sur. 2010. |
| <i>Anisogamus waringeri</i> Graf & Vitecek, 2015 | Intraspecifična | - | 0,2 | Graf i sur. 2015 |
| <i>Anisogamus waringeri</i> | Interspecifična | 8,2 | | Graf i sur. 2015 |
| <i>Anisogamus difformis</i> (McLachlan, 1867) | Intraspecifična | - | 8,2 | Graf i sur. 2015 |
| nadpor. <i>Drusinae</i> | Intraspecifična | - | 1,4 | Waringer i sur. 2011 |
| <i>Drusus melanchaete</i> McLachlan, 1876 | Intraspecifična | 0,2 | 0,4 | Waringer i sur. 2008 |
| <i>Drusus melanchaete</i> | Interspecifična | 6,4 | | Waringer i sur. 2008 |
| <i>Drusus franzressli</i> Malicky, 1974 | Intraspecifična | - | 1,4 | Waringer i sur. 2013 |
| <i>Drusus spelaeus</i> (Ulmer, 1920) | Intraspecifična | - | 1,4 | Waringer i sur. 2013 |
| rod <i>Chaetopteryx</i> | Intraspecifična | - | 2 | Kučinić i sur. 2013 |
| <i>Chaetopteryx buhari</i> Kučinić, Szivák & Delić, 2013 | Intraspecifična | 0,13 | 0,17 | Kučinić i sur. 2013 |
| <i>Chaetopteryx buhari</i> | Interspecifična | 1,61 | 2,2 | Kučinić i sur. 2013 |
| <i>Silo pallipes</i> Fabricius, 1781 | Intraspecifična | - | 3,81 | Morinière i sur. 2017 |
| <i>Cheumatopsyche lepida</i> Pictet, 1834 | Intraspecifična | - | 1,26 | Morinière i sur. 2017 |
| <i>Hydropsyche instabilis</i> Curtis, 1834 | Intraspecifična | - | 6,42 | Morinière i sur. 2017 |
| <i>Halesus tessellatus</i> Rambur, 1842 | Intraspecifična | - | 2,14 | Morinière i sur. 2017 |
| <i>Limnephilus rhombicus</i> Linnaeus, 1758 | Intraspecifična | - | 3,32 | Morinière i sur. 2017 |

Tablica 20. Genetske udaljenosti kod različitih sistematskih kategorija unutar reda Trichoptera na temelju DNA barkod regije iz različitih istraživanja. Kratice označavaju taksonomske kategorije: por.=porodica, podpor.=podporodica. Crtica označava da nije utvrđena vrijednost. Zadebljanim slovima označene su intraspecifične vrijednosti.

| Svojta | Tip genetske udaljenosti | Min (%) | Max (%) | Autori |
|---|--------------------------|---------|-------------|-----------------------|
| <i>Potamophylax nigricornis</i> Pictet, 1834 | Intraspecifična | - | 1,71 | Morinière i sur. 2017 |
| <i>Odontocerum albicorne</i> Scopoli, 1763 | Intraspecifična | - | 2,83 | Morinière i sur. 2017 |
| <i>Rhyacophila fasciata</i> Hagen, 1859 | Intraspecifična | - | 3,86 | Morinière i sur. 2017 |
| <i>Rhyacophila obliterata</i> McLachlan, 1863 | Intraspecifična | - | 3,64 | Morinière i sur. 2017 |
| <i>Rhyacophila vulgaris</i> Pictet, 1834 | Intraspecifična | - | 3,15 | Morinière i sur. 2017 |

3.6. DNA barkodiranje komplementira filogenetska i taksonomska istraživanja – primjeri na istraživanju tulara

U filogenetskim i taksonomskim istraživanjima tulara korištene su različite regije *COI* gena, između ostalog i barkod regija. Za DNA barkod regiju u radovima na temu tulara koriste se i pojmovi 5' kraj mitohondrijskog *COI* gena, 5' *COI*, *COI*-5P, mt*COI*-5P, *COI* barkod, mtDNA *COI*. Pri istraživanju tulara kao molekularni biljeg upočetku se koristi 3' kraj mitohondrijskog *COI* gena (npr. Smith i sur. 2006). Za ovu regiju *COI* gena Simon i sur. 1994. godine dizajnirali su početnice Jerry i Pat, često korištene u istraživanjima tulara (Roe i Sperling, 2007) (Slika 12). Veći broj istraživanja tulara na području Europe koristi 3' regiju gena *COI* umnoženu početnicama Jerry i S20, nazvanu i *COI*-3P ili *S20-Jerry region* (Pauls i sur. 2003., Pauls i sur. 2006, 2008, 2009).



Slika 12. Pregled *COI* gena s početnicama za 3' kraj regije *COI* gena i naznačenom DNA barkod regijom (prilagođeno i preuzeto iz Roe i Sperling, 2007).

U početku istraživanja na rodu *Drusus* Stephens, 1833 koristi se 3' regija gena *COI*. Pauls i sur. (2006) koriste 3' regiju gena *COI* (uz druge molekularne biljege) kod istraživanja filogenije vrste *Drusus discolor* (Rambur, 1842), za razrješavanje evolucije prehrane kod Drusinae te 2009. godine za istraživanje populacijske strukture simpatrijskih vrsta tulara istočne Europe (Pauls i sur. 2009). Lehrian i sur. (2009, 2010) istražuju populacijsku genetiku i filogeografiju zimskih vrsta *D. discolor* i *Hydropsyche tenuis* Navás 1932, koristeći između ostalih biljega i 3' regiju gena *COI*. Previšić i sur. (2009) koriste 3' regiju gena *COI* uz 16S rRNA kako bi objasnili rasprostiranje endemskih vrsta roda *Drusus* na području Balkanskog poluotoka, a potom 2014. godine kako bi utvrdili lokalnu i regionalnu genetičku strukturu populacija i divergenciju navedenog roda u razdoblju pliocena/pleistocena (Previšić i sur. 2014b). Iste godine Previšić i sur. opisuju kriptične vrste *Ecclisopteryx keroveci* Previšić, Graf i Vitecek, 2014 i *E. ivkae* Previšić, Graf i Vitecek, 2014 koristeći potvrdu molekularnim biljezima (među njima i 3' regijom gena *COI*) (Previšić i sur. 2014a). Kučinić i sur. koriste isti mitohondrijski biljeg za opis ličinki vrsta: *D. ramae* Marinkovic-Gospodnetić, 1971 i *D. medianus* Marinkovic-Gospodnetić, 1976 (Kučinić i sur. 2010) te *D. bosnicus* Klapalek, 1899 i ličinke *D. plicatus* Radovanović, 1942 (Kučinić i sur. 2015a), za povezivanje ličinki i odrasle jedinke podvrste *D. radovanovici radovanovici* Marinković-Gospodnetić, 1971 (Kučinić i sur. 2011). Vitecek i sur. (2015a) pri opisu novih vrsta roda *Wormaldia* sa Sardinije i roda *Drusus* s Balkana odabiru 3' kraj gena *COI* uz druge biljege kao molekularnu potvrdu morfološki određenim vrstama. Morfološki opis ličinki vrsta *D. krusniki* Malicky 1981, *D. vernonensis* Malicky 1989, i *D. vespertinus* Marinković 1976, Waringer i sur. (2016) upotpunjuju isključivo 3' regijom gena *COI*. Kubow i sur. (2010) pridodaju popularnosti korištenja 3' regiju gena *COI* kod europskih planinskih vrsta tulara te u radu upotpunjavaju nove spoznaje na području filogeografije kod vrste *Allogamus uncatatus* (Brauer, 1857).

DNA barkodiranje u istraživanju tulara započinje Kjer i sur. 2001. i 2002. godine koristeći 5' regiju gena *COI* kao jedan od biljega u otkrivanju filogenetskih odnosa ovog reda. Prijašnja istraživanja koja koriste ovaj mitohondrijski biljeg uključuju razne pripadnike skupine kukaca (Insecta), pa tako i tulara, no ne bave se isključivo problematikom ove skupine (Liu 1993, Roehbdanz i Degrugillier 1998, Herbeck i Novembre 2003). DNA barkod regiju, uz druge biljege, koriste Leese, Wagner i Schmidt (2004) u doktorskoj disertaciji kojom objašnjavaju filogeografiju i filogeniju unutar porodice Sericostomatidae. Prilikom proučavanja genetske strukture populacije u odnosu na prostorni raspored kod vrste *Tasimia palpata* Mosely, 1936

uz druge molekularne biljege koristi se DNA barkod regija (Schultheis i Hughes 2005, Schultheis i sur. 2008). Baker i sur. (2003) koriste DNA barkod regiju za otkrivanje nove vrste *Cheumatopsyche* sp. AV1 u Australiji.

Česta upotreba DNA barkod regije vidljiva je u revizijama taksona kao što je slučaj kod revizije endemskog roda Nove Kaledonije *Gracilipsodes* Sykora, 1967 (Malm i Johanson 2008) uz jezgrine gene *CAD*, *EF-1 α* , *IDH*, *POL*. DNA barkod regija komplementira nuklearni gen *28S* pri reviziji vrste *Diplectrona modesta* Banks 1908, pokazujući da se ne radi o jednoj vrsti, nego o kompleksu vrsta (Harvey 2010). Reviziju potporodice Protoptilinae osim na morfologiji Robertson i Holzenthal (2013) temelje isključivo na DNA barkod regiji. DNA barkod regija koristi se kao jedan od biljega uz pet fragmenata gena za *CAD*, *EF-1 α* na temelju kojeg su Johanson i sur. (2017) napravili reviziju nadporodice Sericostomatoidea, smještajući 58 rodova u 14 porodica od kojih su tri novoformirane. Uz morfološke opise novih vrsta sve češće znanstvenici koriste DNA barkod regiju kao potvrdu distinkcije između postojećih vrsta (npr. vrste roda *Symphitoneuria* Ulmer, 1906 u Malm i Johanson 2007). DNA barkodiranjem uz 3 jezgrina biljega: *EF-1 α* , *CAD*, *RP2* omogućeno je otkrivanje 47 novih vrsta tulara u Novoj Kaledoniji te je tako podržana ideja o ovom otoku kao vrućoj točki bioraznolikosti (Espeland i Johanson 2010a). Metoda DNA barkodiranja najčešći je alat koji pomaže taksonomima koji na temelju morfološki značajki određuju potencijalno novu vrstu. Ova metoda daje im dodatnu sigurnost prilikom opisa novih vrsta obično odbacujući da se radi o morfološkim varijacijama u populaciji postojeće vrste. Opisi novih vrsta upotpunjeni su metodom DNA barkodiranja u slijedećim radovima: potvrđivanje novih vrsta roda *Hydropsyche* Pictet, 1834 na rijeci Tigris u Iraku (uz nuklearni gen *28S* rRNA- Geraci i sur. 2010), opise nove vrste roda *Neophylax* McLachlan, 1871 (uz morfologiju - Flint i Kjer 2011), te 4 nove vrste roda *Oecetis* McLachlan, 1877 za Koreju (uz morfologiju - Lee i sur. 2011), potom dvije nove vrste roda *Calocoides* Neboiss 1984 iz Australije (Shackleton i Webb 2014), novu vrstu tulara *Neophylax splendens* Denning, 1948 za Cypress Hills i Saskatchewan u Kanadi (Hoemsen i sur. 2015), nove vrste iz Australije *Caenota hackleton* Shackleton i Webb 2015 i *C. equustagna* Shackleton i Webb 2015 (uz morfologiju - Shackleton i Webb 2015). Metoda DNA barkodiranja koristi se u potvrđivanju novih nalaza tulara za Britansku kolumbiju (Erasmus i sur. 2018). Santos i sur. (2016b) prilikom morfološkog opisa dvadeset novih vrsta roda *Metrichia* Ross, 1938 iz Brazila koriste DNA barkod regiju. Macher i sur. (2016) smatraju da grananja filogenetskog stabla *COI* gena

unutar porodice Sericostomatidae mogu ukazivati na nove vrste na području planine Montseny. Mitohondrijski biljeg *COI* (DNA barkod regija) poslužio je Salokannel i sur. (2012) kao dodatni argument morfološkom određivanju za dokazivanje sinonimizacije vrste *Oxyethira boreella* Svensson i Tjeder, 1975 s *O. falcata* Morton, 1893. Hoppeler i sur. (2016) koriste termin operativne molekularne taksonomske jedinice (MOTU) kako bi opisali molekularnim metodama izdvojene primjerke porodice Hydropsychidae s Himalaja pri tom koristeći 5' i 3' kraj *COI* gena i ribosomalni biljeg 28S rRNA. Kod istraživanja roda *Drusus* počinje se uz biljege za 3' kraj *COI* gena koristiti i DNA barkod regija. Tako se DNA barkod regija koristi uz druge biljege: nuklearni biljeg *wg*, *CAD*, *D2* regiju 28S rRNA kod opisa nove vrste s Kosova *Drusus dardanicus* Ibrahim, Kučinić i Vitecek 2015 (Ibrahim i sur. 2015) te *D. sharrensis* Ibrahim, Vitecek i Previšić 2016 (Ibrahim i sur. 2016a). Nastavlja se korištenje DNA barkod regije za rasvjetljivanje filogenije vrsta *Drusus balcanicus* Kumanski, 1973, *D. botosaneanui* Kumanski, 1968, *D. serbicus* Marinkovic-Gospodnetić, 1971, *D. tenellus* (Klapalek, 1898) uz biljege 16S rRNA, *wg*, *CAD* (Waringer i sur. 2015). Kako bi se otkrili filogenetski odnosi mesojednih pripadnika nadreda Drusinae koristi se DNA barkod regija uz opsežan broj morfoloških karakteristika, 3' kraj *COI* gena, 16S rRNA, *wg*, *CAD*, 28S rRNA (Vitecek i sur. 2015b). DNA barkod regija glavni je biljeg u istraživanju mobilnosti vrste *Neothremma alicia* Dodds i Hisaw, 1925 na temelju razmjene gena između populacija u različitim vodotocima (Jiang 2010). Povijesna biogeografija roda *Apsilochorema* Ulmer, 1907 otkrivena je korištenjem DNA barkod regije i *CAD* gena (Striberg i Johanson 2011). Uobičajeno se DNA barkod regija koristi kao jedan od molekularnih biljega u istraživanju filogenije pojedinih taksona pa tako ga se uz 28S rRNA koristi Geraci (2007) kod porodice Hydropsychidae. Johanson i Keijsner (2008) uz 70 morfoloških karakteristika, biljege 16S rRNA i *EF-1 α* koriste i DNA barkod regiju kod razjašnjavanja filogenije porodice Helicophidae. Hogg i sur. (2009) pak za određivanje i filogeniju tulara Novog Zelanda koriste isključivo DNA barkod regiju. Uz biljege *CAD*, *EF-1 α* , *RP2* Espeland i Johanson (2010b) koriste DNA barkod regiju kako bi utvrdili raznolikost vrsta unutar roda *Agmina* u Novoj Kaledoniji. Za testiranje monofilije porodice Calocidae s Novog Zelanda i Australije Johanson i Malm (2010) uz 16S rRNA, *EF-1 α* , *CAD*, *POL-II* biljege koriste i DNA barkod regiju. Statzner i sur. (2010) metodom DNA barkodiranja uz gen 16S rRNA istražuju filogenetske odnose unutar roda *Hydropsyche* Pictet, 1834 u rijeci Loire, a Robertson-Thompson (2010) potporodice Protoptilinae porodice Glossosomatidae. Lecaudey (2013) koristi DNA barkod regiju uz jezgrine biljege *CAD*, *POL*, *IDH* za filogeniju islandske vrste

Apatania zonella (Zetterstedt, 1840). Santos i sur. (2016a) koriste DNA barkod regiju u analizi filogenije potporodice Leucotrichiinae koja pripada mikrotularima Novog svijeta. Triboy i sur. (2017) koriste DNA barkod regiju za razumijevanje filogenetskih odnosa 9 vrsta s Bajkalskog jezera. Saito i sur. (2018) proučavaju filogenetske odnose 21 vrste roda *Stenopsyche* McLachlan, 1866 u Japanu, na temelju morfologije te na temelju DNA barkod regije i nuklearnog biljega *EF-1 α* . Kod istraživanja filogenija porodice Leptoceridae Malm i Johanson (2011) uz DNA barkod regiju uspješno koriste nuklearne gene i to neke po prvi puta za istraživanje filogenije tulara kao što je *IDH*. Johanson i Malm (2010) testiraju monofiliju Novozelandske i Australske porodice Calocidae pri čemu uz četiri različita molekularna biljega (*16S rRNA*, *EF-1 α* , *CAD*) koriste i *COI* gen (5' regija). Johanson i sur. (2012) koristeći *COI* gen (DNA barkod regija) uz *CAD*, *IDH* dokazuju monofiliju porodice Calocidae. Sanz Muñoz (2010) proučavajući razlike dviju ekološki različitih vrsta tulara *Apatania zonella* (Zetterstedt, 1840) i *Potamophylax cingulatus* (Stephens, 1837) koristi dvije regije *COI* gena (3' kraj i DNA barkod regiju) te ponovno Gíslason i sur. (2015) s istim setom *COI* biljega proučavaju filogeografiju vrste *P. cingulatus* (Stephens, 1837). Kjer i sur. (2014) dokazuju kako je DNA barkod regija uz rRNA (*28S rRNA* regiju D2) dovoljan da potkrijepi morfološki određene vrste i stvori brzu sliku filogenije kozmopolitskog roda *Chimarra* Leach, 1815. Na istom rodu *Chimarra* Wahlberg i Johanson (2014) prikazuju filogeografiju i dokazuju monofiliju roda, pri tom koristeći biljege *COI* (DNA barkod regiju), *CAD* i *POL-II*. Vidljiva je upotreba DNA barkod regije i u filogeografskim istraživanjima tulara npr. vrsta roda *Xanthochorema* Kimmins, 1953 uz biljege citokrom oksidazu 2 *COII*, *16S rRNA*, *EF-1 α* (Espeland i sur. 2008). Kako bi utvrdili podrijetlo islandske populacije vrste *Apatania zonella* Pálsson i sur. (2016) koriste DNA barkod regiju uz varijacije tri nuklearna gena: *POL II*, *CAD*, *IDH*.

DNA barkod regija nije predviđena za određivanje filogenetskih odnosa na višim taksonomskim razinama, ali se koristi uz druge molekularne biljege. Nastavljaju se istraživanja filogenije reda tulara koja između ostalih molekularnih biljega uključuju DNA barkod regiju (Holzenthal i sur. 2011, Kjer i sur. 2014, 2016., Frandsen i sur. 2016). Zhou i sur. (2016) su svjesni da se filogenija tulara ne može temeljiti samo na jednom biljegu, stoga radom žele usmjeriti taksonomska istraživanja na zanimljive rezultate koji odskakuju od poznatog. Navedeni autori prihvaćaju termin Barcode Index Number – BIN kao pojam sličan, ali ne istovjetan taksonomskom značenju vrste.

Zhou i sur. (2009a, 2010) prikupili su opsežnu bazu sekvenci s DNA barkod regijom skupine EPT u Kanadi. Jedan od primjera je regionalna DNA barkod baza tulara Nacionalnog parka Great Smoky Mountains (Zhou i sur. 2011). Njemačku bazu DNA barkod sekvenci EPT skupine Morinière i sur. (2017) upotpunili su s 2 613 jedinke koje pripadaju 363 vrstama, što predstavlja 86% glavnih bioindikatorskih vrsta prisutnih u Njemačkoj. Testiranje metode DNA barkodiranja iz formalinskih primjeraka i pokušaj stvaranja DNA barkod baze slatkovodnih makrobeskralješnjaka pokazalo se neuspješnim (Baird i sur. 2011). Pilgrim i sur. (2011) testiraju metodu DNA barkodiranja kao alat u biološkim indikatorima kvalitete slatkovodnih sustava odabirući EPT skupinu. Najbolje rezultate za DNA barkod regiju prilikom određivanja bioloških indikatora kvalitete slatkovodnih ekosustava dobili su Sweeney i sur. (2011) uspoređujući rezultate određivanja amatera do razine porodice, stručnjaka entomologa do razine roda, stručnjaka entomologa do razine vrste/roda i metode DNA barkodiranja. Korisnost metode DNA barkodiranja u određivanju EPT skupine pokazali su i Gill i sur. (2013) koji su DNA barkod regijom uspjeli odrediti 69 različitih linija koje najvjerojatnije predstavljaju vrste dok je morfološko određivanje izdvojilo 49 morfovvrsta. Slične rezultate dobili su Jackson i sur. (2014) koji su metodom DNA barkodiranja odredili 104 vrste vodenih makrobeskralješnjaka, odnosno značajno više nego morfološkim određivanjem. Gibson i sur. (2015) te Cordero i sur. (2017) nastavljaju s potvrdom uspješnosti korištenja molekularnih metoda (mitohondrijski biljeg *COI* 3' kraj i 5' kraj) uz morfološke metode za kvalitetan biomonitoring slatkovodnih ekosustava. Pri određivanju i analizi makrobeskralješnjaka slatkovodnih ekosustava sve više se koristi nova generacija sekvencioniranja koja omogućuje istodobnu analizu izuzetno velikog broja sekvenci, zvana metabarkodiranje. Navedena metoda uvrštena je biološkog monitoringa slatkovodnih beskralješnjaka (Hajibabaei i sur. 2011, Elbrecht i Leese 2015). Leese i sur. (2016) postavljaju DNA metabarkoding kao metodu koja će zadovoljiti kriterije potrebne za ispunjavanje Direktive o vodama. U toj metodologiji biomonitoringa slatkovodnih i morskih ekosustava uključena je metoda DNA barkodiranja, a projekt nastao tom idejom *DNAqua-Net* služi kao platforma za edukaciju istraživača u mnogim europskim zemljama.

DNA barkodiranje omogućilo je rješavanje jednog od većih problema u određivanju tulara - povezivanje morfološki različitih stadija, odnosno ličinke i odrasle jedinke. Ovi životni stadiji kod tulara, kao holometabolnih kukaca, imaju značajne morfološke razlike i stoga potrebu za zasebnim ključevima za određivanje. Postoji određeni broj vrsta za koje je jedan od stadija

neopisan i nepoznat (najčešće stadij ličinke). Među prvima koji koriste metodu DNA barkodiranja u rješavanju ovog problema kod vrsta porodice Hydropsychidae su Zhou i sur. (2007) i potom Zhou i sur. (2009b), nakon čega izrađuju morfološke ključeve za određivanje. Nekoliko ličinki roda *Cheumatopsyche* Wallengren, 1891 Sjeverne Amerike pridruženo je odraslom obliku (Burlington 2011). Ruiter i sur. (2013) uspjeli su uz DNA barkod regije povezati nekoliko ličinki u kanadskoj regiji Churchill s odraslim stadijem. Shackleton i Webb (2013) opisuju do tada nepoznate ličinke vrste *Pliocaloca fidesria* Shackleton 2013 iz Australije na temelju DNA barkod regije i poznatog odraslog stadija. Graf i sur. (2015) potvrđuju morfološki određene nove vrste *Anisogamus waringeri* Graf i Vitecek, 2015 s oba kraja *COI* gena (5' i 3' kraj *COI*) te joj pridružuju neodređenu ličinku s istog lokaliteta. Torii i Nakamura (2016) su zahvaljujući DNA barkod metodi uspjeli opisati nepoznate ličinke vrste *Eoneureclipsis montanus* Torii i Nishimoto, 2011 iz Japana. Molina i sur. (2017) posežu za metodom DNA barkodiranja kao točnim i brzim alatom kojim povezuju različite životne stadije EPT koji nastanjuju rijeku La Paz u Boliviji. Mali broj taksonomskih radova otežava morfološko određivanje vrsta iz planina Hengduan Mountains i Himalaje (Kina i Nepal) stoga Hjalmarsson i sur. (2018) koriste DNA barkod regiju, *CAD* i *28S rRNA* gen kako bi opisane ličinke roda *Himalopsyche* Banks, 1940 povezali s odraslim oblikom. Hjalmarsson i sur. (2018) koriste osim vrsta i termin operativne taksonomske jedinice-OTUs koje predstavljaju konsenzus morfologije, statističkih analiza i molekularnih biljega. Stroil i sur. (2018) uspjeli su povezati odrasle jedinice vrste *Rhyacophila bosnica* Schmid, 1970 iz Bosne i Hercegovine s do tada nepoznatim ličinačkim stadijem zahvaljujući DNA barkod metodi. Drugi veći problem s kojim se susreću taksonomi koji proučavaju tulare jest otežana određivanje morfološki nediferenciranih ženki. Postojeći morfološkim ključevi ne omogućuju određivanje određenih ženki do razine vrste. Prilikom rješavanja i ovog problema metoda DNA barkodiranja se pokazala uspješnom. Tako u radu Johanson (2007) DNA barkod metodom povezuje mužjaka, ženku i ličinku dvije vrste roda *Xanthochorema* Kimmins, 1953 iz Nove Kaledonije. Ženke roda *Apatania* Kolenati, 1847 teško je morfološki odrediti, a k tome dio vrsta ima mali broj mužjaka u populaciji, a dio vrsta se razmnožava partenogenetski zbog čega Salokannel i sur. (2010) koriste DNA barkod metodu pri određivanju. Navedeni autori su uz pomoć DNA barkoda odredili primjerke do razine vrste i potom napravili novi morfološki ključ za određivanje ženki vrste *Apatania* prisutnih u Finskoj.

Metodom DNA barkodiranja omogućeno je uočavanje i otkrivanje kriptičnih vrsta kao što je slučaj kod vrsta čileanskog roda tulara *Smicridea* McLachlan, 1871 (Pauls i sur. 2010). Istraživanje Harvey i sur. (2012) primjer je potrebe za integralnim pristupom morfoloških i molekularnih istraživanja kriptičnih vrsta. Istraživanje je rezultiralo sa sedam genetski divergentnih grupa na temelju DNA barkod regije koje su u skladu s morfološkim razlikama ličinki, ali ne i odraslih oblika vrsta *Diplectrona* Westwood, 1839 Sjeverne Amerike. Istraživanjem populacijske genetike široko rasprostranjenog australskog tulara *Lectrides varians* Mosely, 1953, Wickson i sur. (2014) otkrili su dva različita haplotipa na temelju DNA barkod regije koji ukazuju na kriptičnu vrstu.

Vitecek i sur. (2017) dokazuju kako je bitan integrativni pristup u opisu vrste i određivanju filogenetskih odnosa te u istraživanju koriste uz DNA barkod regiju, 14 morfoloških karakteristika i 5 molekularnih biljega (3' kraj *COI*, *16S* rRNA, *wg*, *CAD*, *28S* rRNA). Zanimljivo je korištenje DNA barkod regije (uz druge biljege) tulara (uz druge redove kukaca) u ispitivanju povezanosti gubitka mogućnosti leta i brzine molekularne evolucije kod insekata (Mitterboeck i Adamowicz 2013). Godoy i sur. (2018) koriste DNA barkod regiju uz nuklearne (rRNA *D1*, *D3*, *V4-5*, *EF-1 α*) kako bi testirali utječu li filogenetske informacije na kvalitetu modela rasprostiranja tulara u području Cerrado u Brazilu ovisno o utjecaju okolišnih faktora. Modeli koji su koristili filogenetske informacije pokazali su se točnijim te su tako autori pokazali korisnost filogenije u ekološkim istraživanjima.

Postoje i pokušaji kritike 5' regije mitohondrijskog *COI* gena kao DNA barkod regije za životinje. Marcus (2018) kritizira korištenje *COI* gena u metodi DNA barkodiranja i pritom za primjer uzima nekoliko vrsta tulara (6 vrsta porodice Hydropsychidae, 1 vrsta porodice Limnephilidae i jedna porodice Leptoceridae). Rezultati grananja nisu imali dobru podršku niti je topologija filogenetskog stabla odgovarala dosadašnjim taksonomskim spoznajama, stoga Marcus (2018) predlaže da nova generacija DNA barkod regije bude čitav mitohondrijski genom i nuklearna ribosomalna RNA. Do sada ovaj prijedlog nije prihvaćen u smislu proširivanja DNA barkod regije, iako veliki broj istraživanja uz DNA barkod regiju uključuje i druge molekularne biljege.

Prva primjena metode DNA barkodiranja u istraživanju tulara u Hrvatskoj započinje 2013. godine kada se morfološki opis nove vrste *Chaetopteryx buchari* Kučinić, Szivák i Delić, 2013

potvrđuju filogenetskom analizom na temelju DNA barkod regije (Kučinić i sur. 2013). Szivák i sur. (2017) istražuju koji su klimatski, geološki i biogeografski procesi uvjetovali rasprostranjene pojedinih vrsta unutar roda *Chaetopteryx* Stephens, 1829 na području zapadnog Balkana i pri tom koriste DNA barkod regiju uz jezgrin biljeg.

4. REZULTATI

Metodom DNA barkodiranja uspješno je dobiven DNA barkod od 441 primjerka tulara iz Hrvatske, u punoj dužini od 658 parova baza. Navedeni primjerci čine 172 operativne taksonomske jedinice – OTU, odnosno 177 BINova u koje ih je razdvojila BOLD platforma za analizu. Navedeni primjerci prema kombiniranoj morfološkoj i DNA barkod identifikaciji broje 172 vrste. Prvo su svi primjerci morfološki određeni, a potom je rezultat uspoređen s onima određenima prema BOLD bazi (BOLD Identification Engine). Kod primjeraka kojima se nije podudarala morfološki određena svojta s određivanjem prema BOLD bazi provjereno je radi li se o grešci u morfolološkom određivanju ili u BOLD bazi (npr. primjerak TGDIS_1 BOLD Identification Engine odredio je kao *Glossosoma neretvae*, no nakon morfološke provjere utvrđeno je da pripada vrsti *G. discophorum*). Primjerci koji nisu mogli biti morfološki određeni do razine vrste, određeni su metodom DNA barkodiranja i pod tim imenom navedeni (npr. primjerak THYD_5 morfološki određena kao *Hydroptila* sp., a s DNA barkodom je određena do razine vrste kao *H. martini*, PRILOG 19). Rezultatima ovog rada dobiven je DNA barkod od 85% poznatih vrsta, odnosno 89% poznatih rodova tulara u fauni Hrvatske iz svih 17 porodica. Od navedenih primjeraka, za 20 vrsta unos DNA barkod sekvence i podataka u BOLD bazu predstavlja nove BIN-ove (PRILOG 19). Nadalje, s obzirom da je do sada u BOLD bazi bilo pohranjeno 37 DNA barkodova primjeraka tulara iz Hrvatske koji predstavljaju 9 vrsta, s 441 novim unosom u BOLD bazu, nastalm ovim radom, broj DNA barkodova primjeraka tulara iz Hrvatske je 84 puta veći.

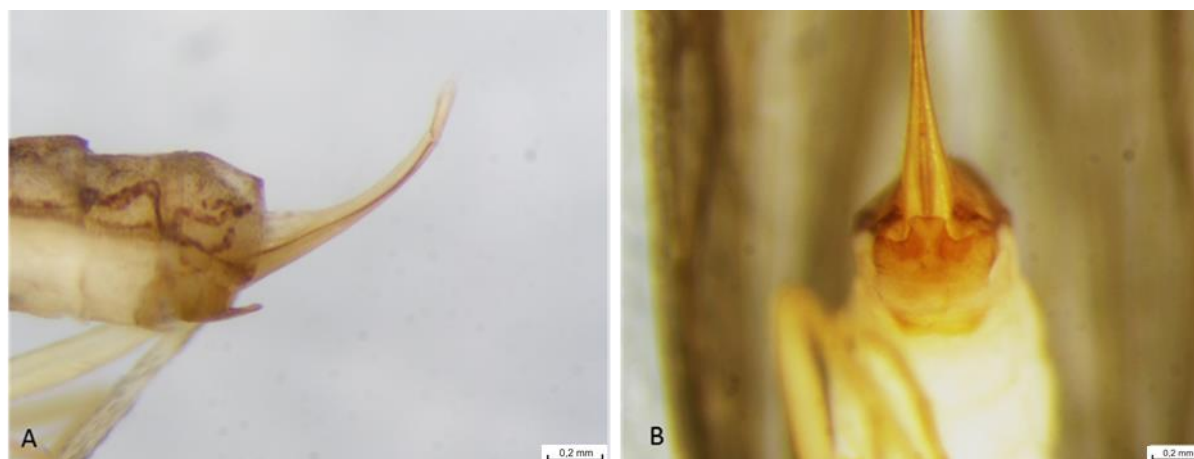
4.1. Nove i taksonomski specifične vrste u fauni tulara Hrvatske

4.1.1. Nova vrsta za Hrvatsku iz roda *Tinodes* Curtis, 1834

Na lokacijama potok Mlini i potok Roč kod mjesta Marušić zabilježen je prvi nalaz vrste *Tinodes antonioi* u fauni Hrvatske. Ove vrste moguća je morfološki odrediti na temelju genitalnog aparata mužjaka (Slika 13) i ženke (Slika 14) koji se dobro razlikuju od drugih vrsta roda *Tinodes*.



Slika 13. A-B. Vanjski izgled odraslog mužjaka vrste *T. antonioi* (A) i lateralni izgled genitalnog aparata (B) (Foto: Mladen Kučinić).



Slika 14. A-B. Morfološki izgled genitalnog aparata ženke vrste *T. antonioi* lateralni izgled (A) i ventralni izgled (B) (Foto: Mladen Kučinić).

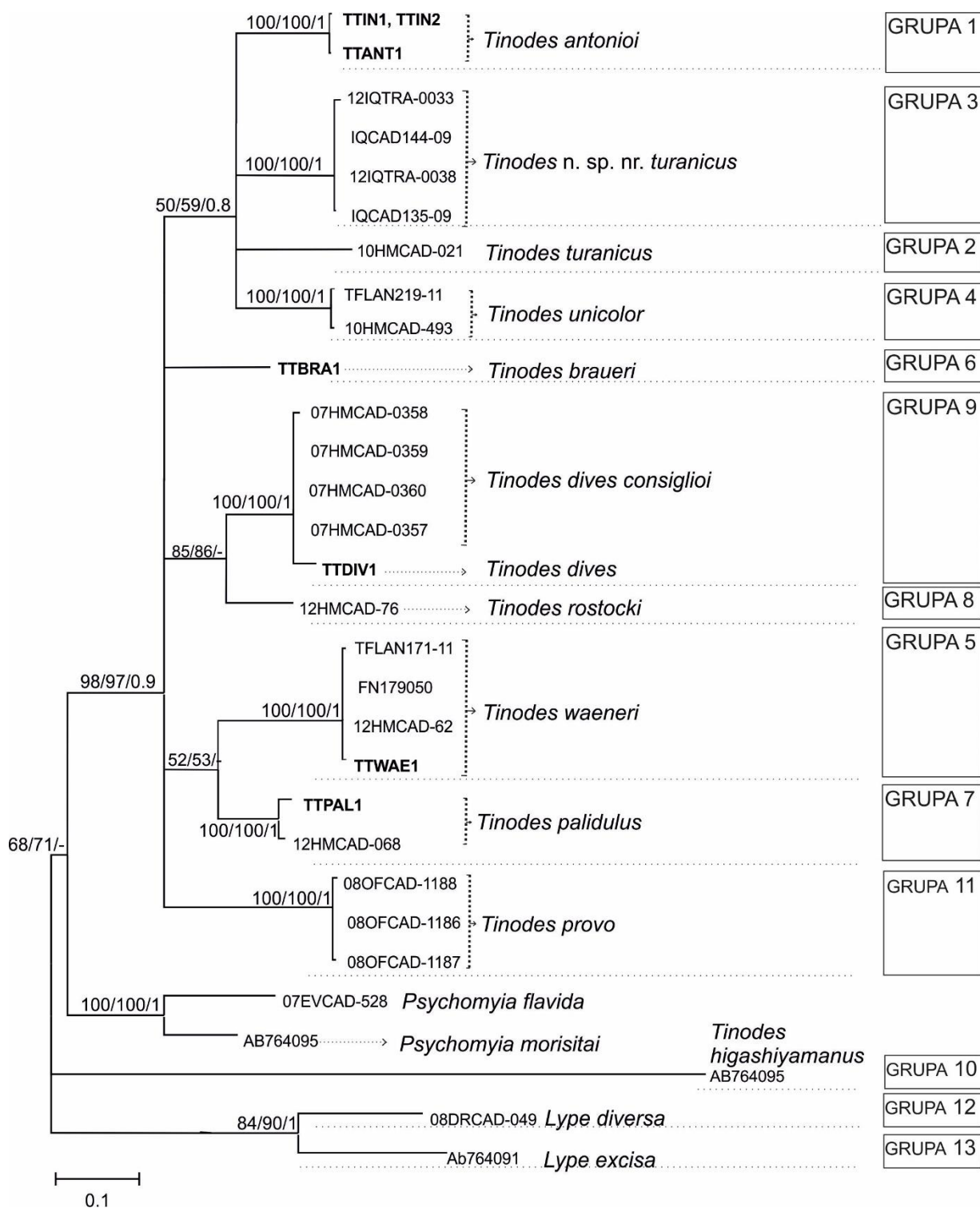
Metoda DNA barkodiranja korištena je kao potpora morfološkom određivanju vrste *T. antonioi*. Tri primjerka *T. antonioi* iz Hrvatske (oznaka TTANT_1, TTIN_1, TTIN_2) uspoređeno je s vrstama roda *Tinodes* koje su zabilježene u Hrvatskoj. BOLD Identification Engine nije uspio odrediti sekvence *T. antonioi* iz Hrvatske do razine vrste s obzirom da sekvence ove vrste nisu do sada bile unesene u bazu (PRILOG 19). Primjerci *T. antonioi* iz Hrvatske predstavljaju prvi unos sekvenci *COI* gena (DNA barkod regije) i podataka za vrstu *T. antonioi* u BOLD bazu. Unesena je još jedna vrsta nova za BOLD bazu iz roda *Tinodes*: DNA barkod vrste i podatci za *T. braueri* iz Hrvatske. Sve tri korištene metode filogenetske analize (NJ, ML BA) rezultirale su grupiranjem jedinki vrste *T. antonioi* unutar visoko podržane monofiletske skupine (Slika 15).

Rasponi nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između vrsta roda *Tinodes* iznosi od 10–27%, dok je razlika unutar pojedinih vrsta od 0-3%. Najniža interspecifična udvojena genetska udaljenost je između *T. antonioi* i *T. n. sp. nr. turanicus* (10%), a najviša između *T. antonioi* i *T. higashiyamanus* (24%) (Tablica 21).

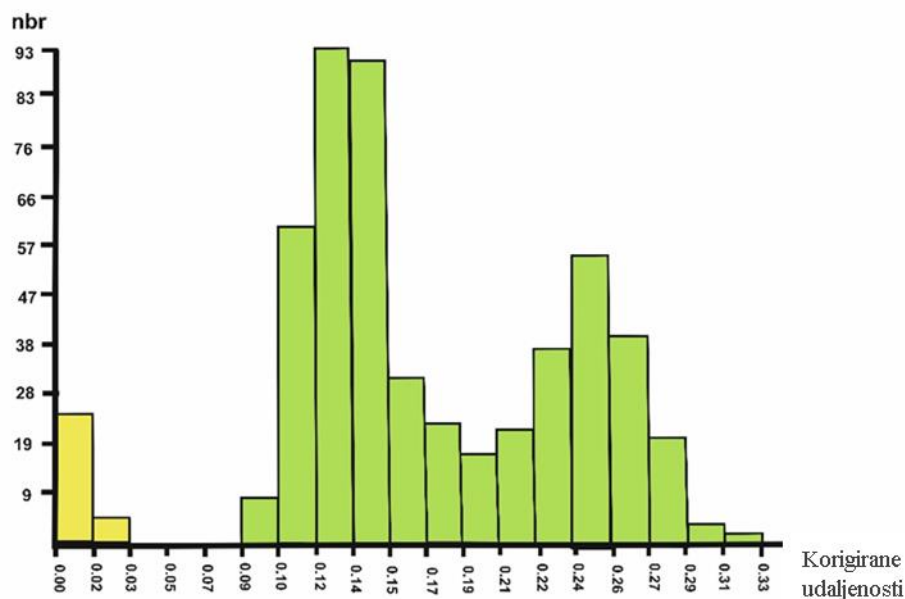
ABGD analiza grupirala je haplotipove u 13 grupa (Slika 15). Sekvence vrste *T. antonioi* odvajaju se od drugih vrsta roda *Tinodes*. Svaka od nastalih grupa formirana je suglasno važećoj taksonomiji. ABGD analiza detektirala je praznine u distribuciji vrijednosti udvojenih genetičkih udaljenosti, tzv. „barkod praznine“ od 0,003 do 0,09 (Slika 16).

Tablica 21. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) DNA barkod regije (mitohondrijski *COI* gen) izražene u postotcima za vrste roda *Tinodes* i *Psychomyia flavida* (vanjska grupa). Zadebljanim brojevima su označene intraspecifične vrijednosti.

| | <i>T. antonioi</i> | <i>T. turanicus</i> | <i>Ti- n. sp. nr. turanicus</i> | <i>T. unicolor</i> | <i>T. waeneri</i> | <i>T. braueri</i> | <i>T. pallidulus</i> | <i>T. rostocki</i> | <i>T. dives</i> | <i>T. dives consiglioi</i> | <i>T. higashiyamanus</i> | <i>T. provo</i> |
|-----------------------------|--------------------|---------------------|---------------------------------|--------------------|-------------------|-------------------|----------------------|--------------------|-----------------|----------------------------|--------------------------|-----------------|
| <i>T. antonioi</i> | 0-0,1 | | | | | | | | | | | |
| <i>T. turanicus</i> | 10,9 | 0 | | | | | | | | | | |
| <i>T. sp. nr. turanicus</i> | 9,7-10,3 | 9,6-9,9 | 0,1-1 | | | | | | | | | |
| <i>T. unicolor</i> | 11,1 | 11,3-11-6 | 10,3-11,3 | 0,3 | | | | | | | | |
| <i>T. waeneri</i> | 13,4-13,8 | 13,5-14,2 | 12-13,2 | 12,6-13,8 | 0,3-0,9 | | | | | | | |
| <i>T. braueri</i> | 10,5 | 12,2 | 10,6-11,1 | 12-12,3 | 12,3-13,2 | 0 | | | | | | |
| <i>T. pallidulus</i> | 11,7-11,9 | 11,7-12,3 | 10,2-10,7 | 11,1-11,7 | 9,7-10,8 | 10,1-10,3 | 0-0,2 | | | | | |
| <i>T. rostocki</i> | 13,5 | 11,4 | 11,4-11,6 | 11,5-11,7 | 12-12,9 | 10,5 | 10,34 | 0 | | | | |
| <i>T. dives</i> | 13,9 | 13,9 | 11,6-11,9 | 14,4-14,7 | 12,5-12,8 | 12,9 | 10,5-10,6 | 9,9 | 0 | | | |
| <i>T. dives consiglioi</i> | 13,1-13,2 | 13,1-13,2 | 10,8-11,1 | 13,2-13,9 | 11,7-12,2 | 11,4-11,9 | 9,9-10,5 | 8,7-9,1 | 2,6-2,8 | 0,1-0,5 | | |
| <i>T. higashiyamanus</i> | 20,4 | 12,2 | 22-22,3 | 20,1-20,4 | 21,2-22,5 | 21,4 | 19,8-20,2 | 20,2 | 20,9 | 20,4 | 0 | |
| <i>T. provo</i> | 13,9-14,1 | 14,1-14,3 | 11,6-12,2 | 13,1-13,4 | 12,8-13,7 | 13,1-13,2 | 11,4-12,2 | 13,7-13,8 | 13-13,3 | 12,6-12,9 | 21,9-22,3 | 0 |
| <i>P. flavida</i> | 18,2 | 17,4 | 16,6-16,7 | 18-18,3 | 16,1-16,8 | 15,5 | 15,8-16,1 | 17,8 | 16,8 | 16,1 | 20,8 | 16,1-16,3 |



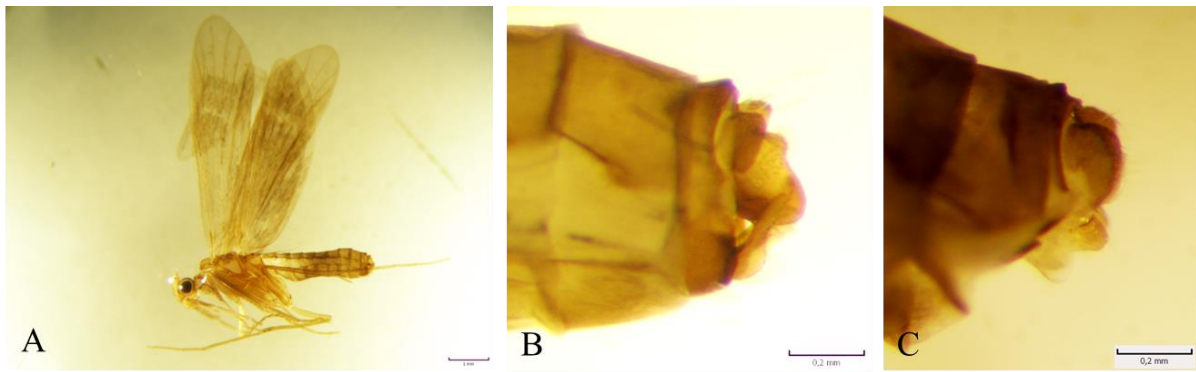
Slika 15. ML filogenetsko stablo vrsta roda *Tinodes* i drugih vrsta i rodova iz porodice Psychomyiidae, temeljeno na fragmentu DNA barkod regije. Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) i posteriorne vjerojatnosti (BPP) redom za analize NJ/ML/BA. BS vrijednosti manje od 50% i BPP vrijednosti manje od 0,9 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale ovim radom. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste.



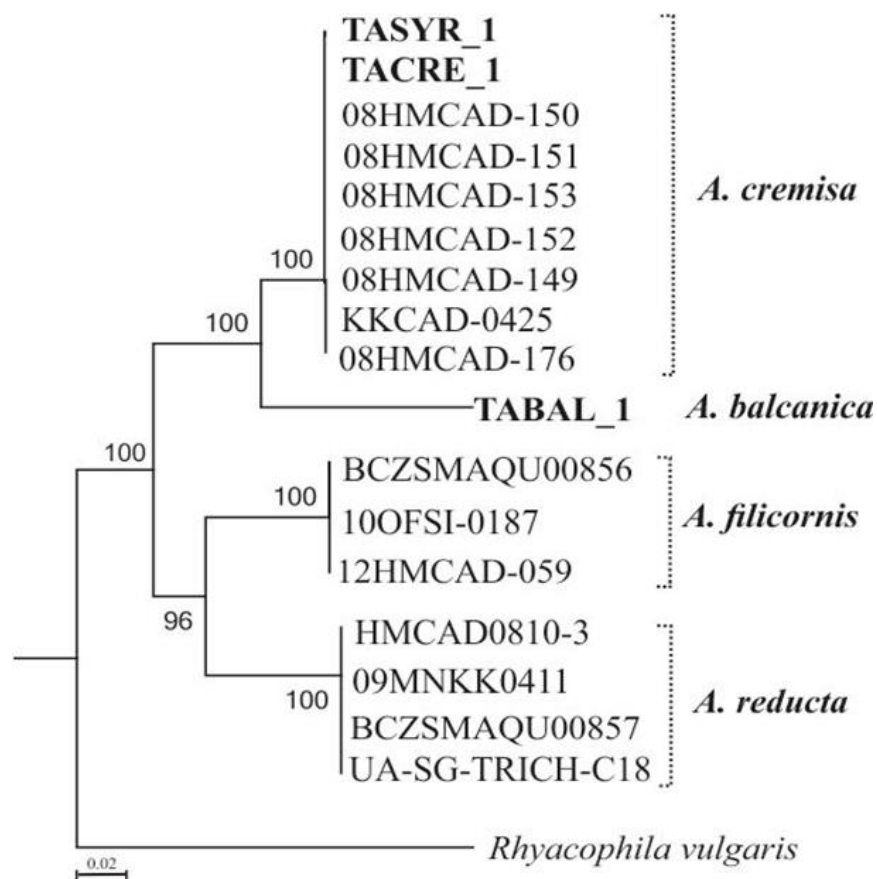
Slika 16. Histogram na temelju ABGD analize nastao koristeći K2P evolucijski model za vrste unutar roda *Tinodes*. Vrijednosti korigiranih (K2P) genetskih udaljenosti nalaze se na horizontalnoj osi, a na vertikalnoj broj udvojenih usporedbi (nbr). Na lijevoj strani histograma (obojeno žutim) prikazana je intraspecifična, a na desnoj strani (obojeno zeleno) interspecifična varijanca vrijednosti.

4.1.2. Nove vrste za Hrvatsku iz roda *Adicella* McLachlan, 1877

Mužjak vrste *Adicella cremisa* prikupljen je na rijeci Krapini pokraj Krapina sela (TASYR_1) te na rijeci Zrmanji kod mjesta Palanka (TACRE_1) (Slika 17). Ženka iz roda *Adicella* (TABAL_1) prikupljena na rijeci Krupi pokraj Manastira, morfološki je određena kao *A. balcanica*. Obje vrste do sada nisu bile zabilježene u fauni Hrvatske. Filogenetski odnosi između svojti u skladu su s onim kako su morfološki određene. Oba primjerka vrste *A. cremisa* (TASYR_1, TACRE_1) su se grupirala s visokom podržanošću u monofiletsku grupu s primjercima vrste *A. cremisa* iz Italije (Slika 18). Nekorigirane udvojene genetske distance između *A. cremisa* i *A. cremisa* iz Italije iznose 0,11% i 0,44% (Tablica 22). Intraspecifična genetska udaljenost između *A. cremisa*, analiziranih ovim radom, iznosi 0,14%. Primjerak TABAL_1 pokazao se kao sestrinska grupa *A. cremisa*. Potvrđena je morfološko određivanje TABAL_1 kao *A. balcanica* s obzirom da se dobro odvaja od svih vrsta roda *Adicella* zabilježenih u Hrvatskoj: *A. filicornis* (Pictet, 1834), *A. reducta* (McLachlan, 1865), *A. syriaca* Ulmer, 1907 i novo zabilježene vrste *A. cremisa* utvrđene u fauni Hrvatske ovim istraživanjima. Vrijednost nekorigirane udvojene distance između *A. balcanica* (TABAL_1) i ostalih vrsta roda *Adicella* iznosi od 11,2% (*A. cremisa*, Italija) do 20,76% (*A. filicornis*) (Tablica 22).



Slika 17. A-C. Vanjski izgled odraslog mužjaka vrste *A. cremisa* (A), lateralni izgled genitalnog aparata mužjaka (B) i ženke (C).



Slika 18. Filogenetsko stablo konstruirano metodom susjednog sparivanja na temelju sekvenci mitohondrijskog gena za *COI* (DNA barkod regija) vrsta roda *Adicella*. Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti. Vrsta *Rhyacophila vulgaris* predstavlja vanjsku vrstu.

Tablica 22. Srednje vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti za vrste roda *Adicella* izražene u postotcima na temelju DNA barkod regije (mitohondrijski *COI* gen). Zadebljanim brojevima su označene intraspecifične vrijednosti.

| | <i>A. cremisa</i> Zrmanja | <i>A. cremisa</i> Krapina | <i>A. cremisa</i> , Italija | <i>A. balcanica</i> Krupa | <i>A. filicornis</i> | <i>A. reducta</i> BOLD |
|-----------------------------|------------------------------|------------------------------|--------------------------------|------------------------------|----------------------|---------------------------|
| <i>A. cremisa</i> , Zrmanja | - | | | | | |
| <i>A. cremisa</i> , Krapina | 0,32 | - | | | | |
| <i>A. cremisa</i> , Italija | 0,11 | 0,44 | 0,14 | | | |
| <i>A. balcanica</i> , Krupa | 13,99 | 14,59 | 11,02 | - | | |
| <i>A. filicornis</i> | 14,07 | 14,27 | 14,41 | 20,76 | 0,11 | |
| <i>A. reducta</i> , BOLD | 13,18 | 13,68 | 15,29 | 20,36 | 11,05 | 0,78 |
| <i>A. syriaca</i> | 12,95 | 12,75 | 12,77 | 19,48 | 14,84 | 15,49 |

4.1.3. Potvrda nalaza rijetke vrste *Trichostegia minor* (Curtis, 1834)

Vrsta *Trichostegia minor* prikupljena je na Majerovom vrilu, izvoru rijeke Gacke (leg. D. Cerjanec). Uzorak *T. minor* iz Hrvatske je odrasli mužjak s oznakom TTMIN_1 (Slika 19). BOLD Identification Engine odredio je sekvencu uzorka TTMIN_1 kao *T. minor* s 98.93% sličnosti s postojećom sekvencom u BOLD bazi (PRILOG 19).



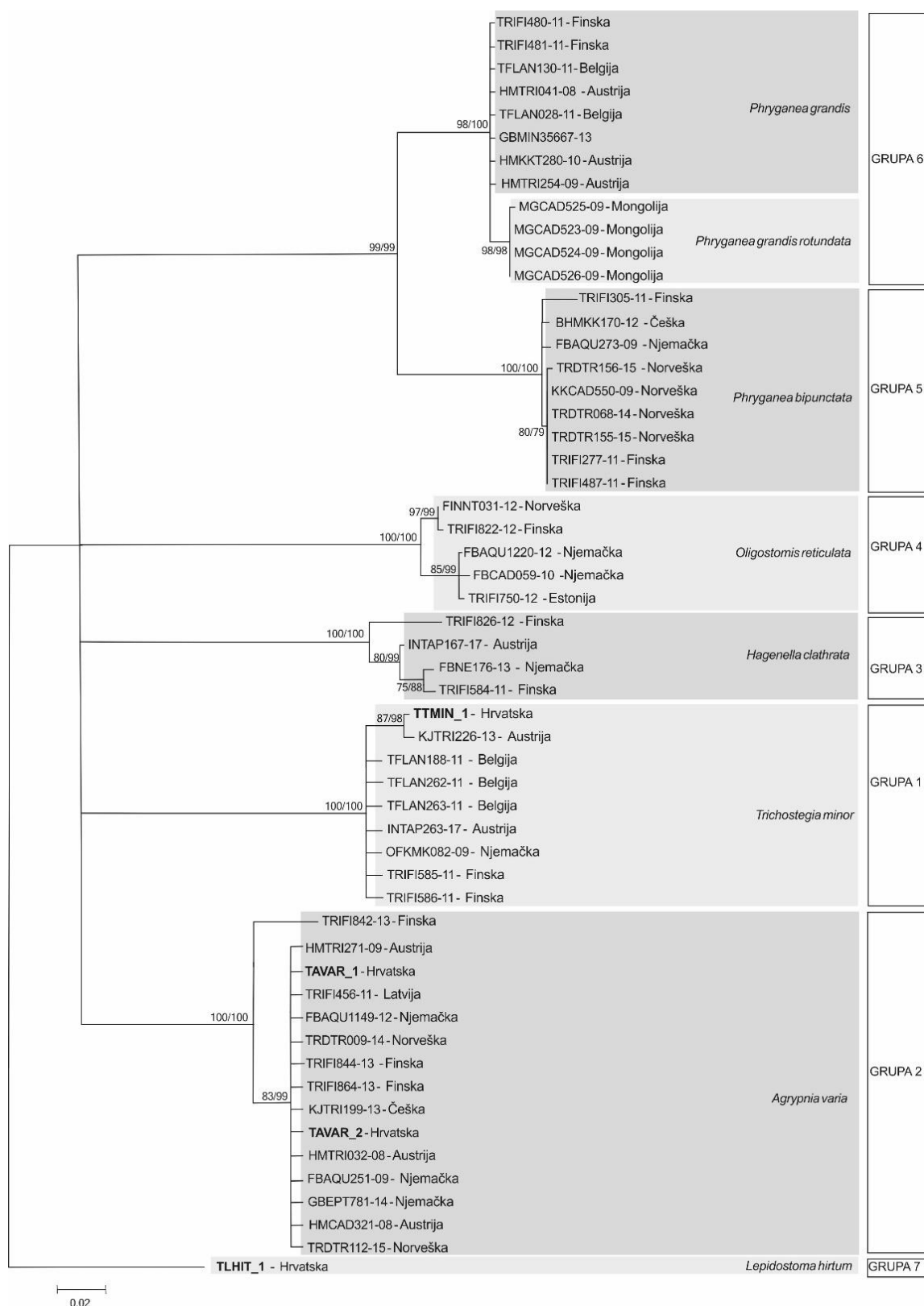
Slika 19. Dorzalni izgled genitalnog aparata mužjaka *T. minor* (Foto: Mladen Kučinić).

Haplotip jedinke vrste *T. minor* iz Hrvatske grupirao se s ostalim haplotipovima vrste *T. minor* iz Europe (Slika 20). Haplotip *T. minor* TTMIN_1 iz Hrvatske i KJTRI226-13 iz Austrije odvojile su se u zasebnu grupu od ostalih *T. minor* iz Europe. ABGD analiza svrstava sve haplotipove *T. minor* pa tako i haplotip iz Hrvatske u jednu grupu (grupa 1). ABGD analiza podijelila je analizirane haplotipove u 7 grupa, hipotetskih vrsta u skladu s onim kako su morfološki određene (Slika 20). Haplotipovi podvrste *P. grandis rotundata* ABGD analiza nije svrstala u zasebnu grupu, već čine jednu grupu s *P. grandis* (grupa 6, Slika 20). Minimalna interspecifična vrijednosti p-udaljenosti između *T. minor* iz Hrvatske i vrsta iz porodice

Phryganeidae je 14% dok ta vrijednost s vanjskom vrstom *Lepidostoma hirtum* iznosi (16%) (Tablica 23). Genetski najbližnji primjerak *T. minor* (TTMIN_1) je KJTTRI226-13 sa samo 0,6% razlike u DNA barkod regiji. Minimalna vrijednost p-udaljenosti s ostalim primjercima *T. minor* iznosi 2% (Tablica 23).

Tablica 23. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) za gen *COI*, DNA barkod regiju izražene u postotcima za vrste porodice Phryganeidae i vrstu *Lepidostoma hirtum* (vanjska grupa). Zadebljanim brojevima su označene intraspecifične vrijednosti.

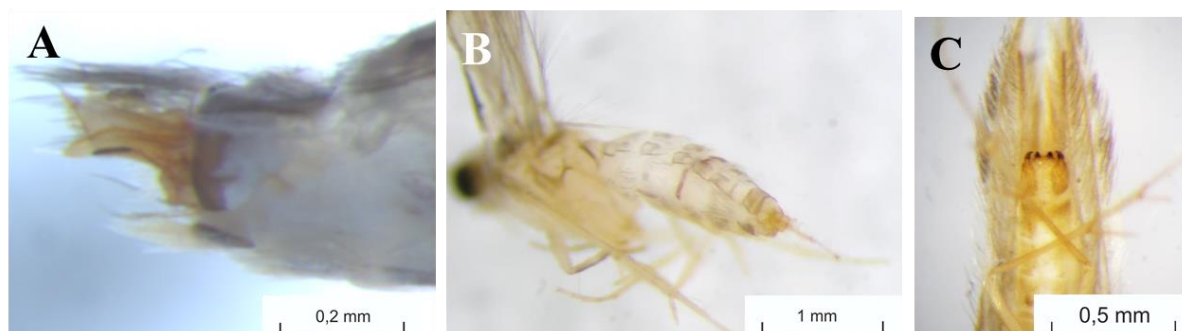
| | <i>T. minor</i> TTMIN_1 i KJTTRI226- 13 | <i>T. minor</i> | <i>Agrypnia</i> <i>varia</i> | <i>Hagenella</i> <i>clathrata</i> | <i>Oligostomi</i> <i>s reticulata</i> | <i>Phryganea</i> <i>bipunctata</i> | <i>P.</i> <i>grandis</i> |
|--|---|-----------------|---------------------------------|--------------------------------------|--|---------------------------------------|-----------------------------|
| <i>T. minor</i> TTMIN_1 i KJTTRI226-13 | 0- 0,5 | | | | | | |
| <i>T. minor</i> | 2-2,8 | 0 – 0,1 | | | | | |
| <i>Agrypnia</i> <i>varia</i> | 16,11-17 | 15,7-17,0 | 0,20- 3,5 | | | | |
| <i>Hagenella</i> <i>clathrata</i> | 15,7-16,5 | 15,3-16,5 | 14,7-16,5 | 0,4-4,5 | | | |
| <i>Oligostomis</i> <i>reticulata</i> | 14,3-15,1 | 13,9-15,3 | 14,1-15,7 | 13,4-14,5 | 0,2-2,8 | | |
| <i>Phryganea</i> <i>bipunctata</i> | 16,3-17,2 | 16,3-17,4 | 16,3-17,1 | 14,3-15,3 | 14,3-15,3 | 0,1-1,8 | |
| <i>Phryganea</i> <i>grandis</i> | 14,5-15,2 | 14,3-15,9 | 15,5-16,7 | 13,9-15,7 | 12,6-13,8 | 8,8-10,2 | 0,2-1,6 |
| <i>Lepidostoma</i> <i>hirtum</i> | 15,9-16,1 | 15,7-16,1 | 15,7-17,1 | 16,7-18,1 | 17,1-17,5 | 18,3-19,1 | 15,7-16,1 |



Slika 20. Filogenetsko stablo vrsta porodice Phryganeidae konstruirano metodom najveće vjerojatnosti temeljeno na genu *COI* (DNA barkod regija). Vrsta *Lepidostoma hirtum* predstavlja vanjsku grupu. Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti veće od 70 (za NJ/ML metode). Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale ovim radom. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste.

4.1.4. Određivanje malih vrsta i potvrda novih vrsta za Hrvatsku iz porodice Hydroptilidae

Ovim je istraživanjem utvrđeno prisustvo 7 vrsta roda *Hydroptila*, koje, iako su široko rasprostranjene, do sada nisu zabilježene u fauni Hrvatske. To su vrste: *Hydroptila simulans*, *H. phaon*, *H. forcipata*, *H. lotensis*, *H. tineoides*, *H. tigurina* i *H. martini* (Slika 21 A). Kao rezultat ovog istraživanja, rod *Orthotrichia* u fauni Hrvatske bogatiji je s novo zabilježenim vrstama *O. angustella* (Slika 21 B) i *O. costalis*. Prisutnost roda *Ithytrichia* u Hrvatskoj potvrđena je pronalaskom jedine vrste unutar roda: *I. lamellaris*. Rod *Oxyethira* bogatiji je za jednu vrstu *O. flavicornis* (Slika 21 C). Ostala dva roda iz porodice Hydroptilidae, rodovi *Agraylea* Curtis, 1834 i *Allotrichia* McLachlan, 1880 zastupljeni su s po jednom vrstom u fauni Hrvatske. Obje navedene vrste, *Agraylea sexmaculata* Curtis, 1834 (uzorci broj 56-58, PRILOG 19) i *Allotrichia pallicornis* (Eaton, 1873) (uzorci broj 59 i 60, PRILOG 19) su ovim radom potvrđene u fauni Hrvatske. Neke od navedenih vrsta morfološki su određene do razine vrste u prijašnjim istraživanjima što je ovim radom potvrđeno na temelju metode DNA barkodiranja.



Slika 21. Lateralni izgled genitalnog aparata mužjaka vrste: A - *Hydroptila martini*, B - *Orthotrichia angustella*, C - *Oxyethira flavicornis* (Foto: Mladen Kučinić).

Svaka od novozabilježenih vrsta roda *Hydroptila* grupirala se s primjercima iste vrste iz Europe (Slika 23). Vrsta *H. simulans* s visokom podržanošću grupira s vrstom *H. simulans* iz Finske, Njemačke i Austrije (Slika 23). ABGD analiza svrstava sve sekvence vrste *H. simulans* u jednu grupu (grupa 6), potencijalnu vrstu (Slika 23).

Četiri primjerka iz Hrvatske (THANG_2, THANG_1, THLOT_1, THYD_13) se s visokom podržanošću grupiraju s primjerkom iz Finske (Slika 23). Primjerci THANG_2, THANG_1 iz Hrvatske morfološki su određeni kao vrsta *H. angulata*, no jasno odvajanje ovih primjeraka od haplotipova vrste *H. angulata* iz Italije i Njemačke rezultira ispravljanjem taksonomskog

imenovanja. Temeljem filogenetskog stabla i vrijednosti p-udaljenosti između THANG_2, THANG_1 i vrste *H. angulata* (Slika 23) utvrđeno je da se radi o vrsti *H. lotensis*. Primjerak THYD_13 iz Hrvatske nije bilo moguće morfološki odrediti do razine vrste, no metodom DNA barkodiranja taksonomski je određen kao *H. lotensis* što je podržano i filogenetskim analizama (Slika 23). ABGD analiza svrstava sve sekvence vrste *H. lotensis* u jednu grupu (grupa 3), potencijalnu vrstu (Slika 23).

Dva primjerka vrste *H. phaon* iz Hrvatske međusobno su grupirana s visokom podržanošću (Slika 23). Morfološke značajke tih primjeraka govore da se radi o vrsti *H. phaon*, dok molekularna analiza isključuje mogućnost da se radi o nekoj drugoj vrsti koja je bila uključena u analizu. Sekvence *COI* gena vrste *H. phaon* predstavljaju prvi unos sekvenci *COI* gena (DNA barkod regije) ove vrste u BOLD bazu (Slika 23). ABGD analiza sekvence vrste *H. phaon* u jednu grupu (grupa 5), potencijalnu vrstu (Slika 23).

Unutar vrste *H. vectis* dolazi do odvajanja linija u 2 grupe s dobrom podržanošću (Slika 23). Jednu grupu čine primjerci iz Estonije, dok drugu čine primjerci iz Austrije, Italije i Hrvatske (THVEC_1, THVEC_2, THYD_3,). ABGD analiza je svrstala sve sekvence vrste *H. vectis* u jednu grupu, potencijalnu vrstu (grupa 10, Slika 23). Primjerak THYD_3 iz Hrvatske nije bilo moguće morfološki odrediti do razine vrste, no metodom DNA barkodiranja dodjeljen je taksonomski status vrste *H. vectis*. Navedeno je vidljivo na filogenetskom stablu u kojem se primjerak THYD_3 s visokom podržanošću grupira s ostalim sekvencama vrste *H. vectis* iz Europe.

Pet primjeraka vrste *H. forcipata* iz Hrvatske (THFOR_1-5) grupirali su se s ostalim primjercima iz Europe i zajedno tvore dobro podržanu monofiletsku grupu (Slika 23). ABGD analiza je svrstala sve sekvence vrste *H. forcipata* u jednu grupu, potencijalnu vrstu (grupa 2, Slika 23).

Primjerci vrste *H. tigurina* iz Hrvatske (THTIG_1 i THTIG_3) se međusobno grupiraju s visokom podržanošću (Slika 23). ABGD analiza grupira primjerke u jednu grupu (grupa 8). Sekvence *COI* gena vrste *H. tigurina* predstavljaju prvi unos sekvenci *COI* gena (DNA barkod regije) ove vrste u BOLD bazu (Slika 23).

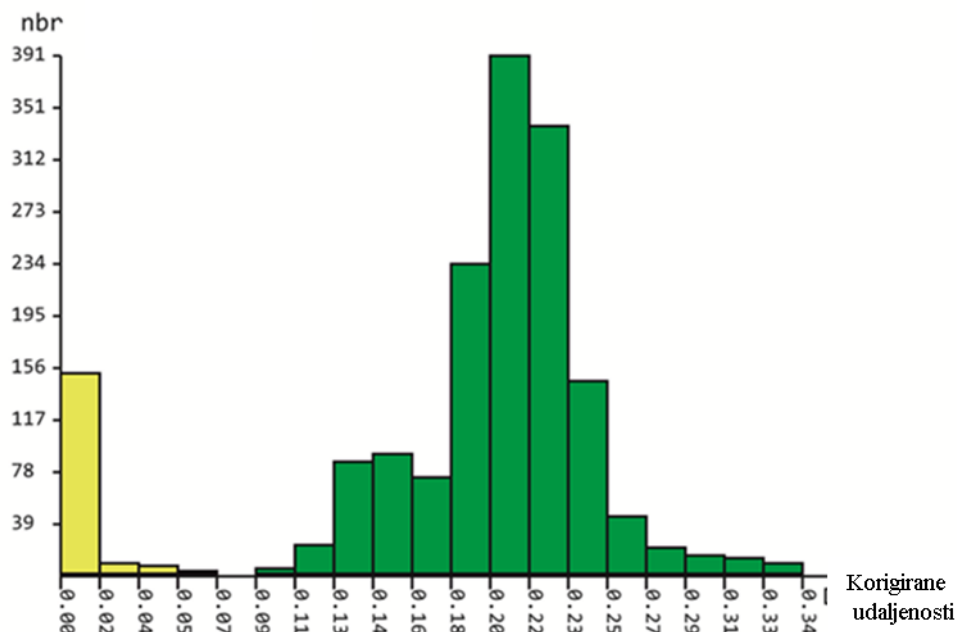
Primjerci THTIN_1, THTIN_2, THID_3 i THYD_6 iz Hrvatske čine monofiletsku grupu s primjercima vrste *H. tineoides* s visokom podržanošću (Slika 23). Primjerci THID_3 i

THYD_6 nisu se mogli biti morfološki odrediti, no filogenetska analiza ih jasno svrstala u vrstu *H. tineoides* (Slika 21). ABGD analiza svrstava navedene primjerke u grupu 9 zajedno s ostalim primjercima vrste *H. tineoides* (Slika 23).

Primjerci vrste *H. sparsa* iz Hrvatske grupiraju se unutar relativno dobro podržane grupe haplotipova vrste *H. sparsa* (Slika 23). ABGD analiza sve primjerke svrstava u jednu grupu (grupa 7). Primjerci THYP_6 i THYD_12 su uspješno određeni kao *H. sparsa* metodom DNA barkodiranja s obzirom da taksonomsku pripadnost nije bilo moguće odrediti na temelju morfologije (Slika 23).

Primjerci vrste *H. martini* su grupirani s ostalim primjercima iz Europe s visokom podržanošću (Slika 23). Od primjeraka vrste *H. martini* odvajaju se dvije podgrupe s primjercima iz Austrije i Crne Gore (Slika 23). ABGD analiza svrstava sve primjerke vrste *H. martini* u jednu grupu (grupa 4, Slika 23).

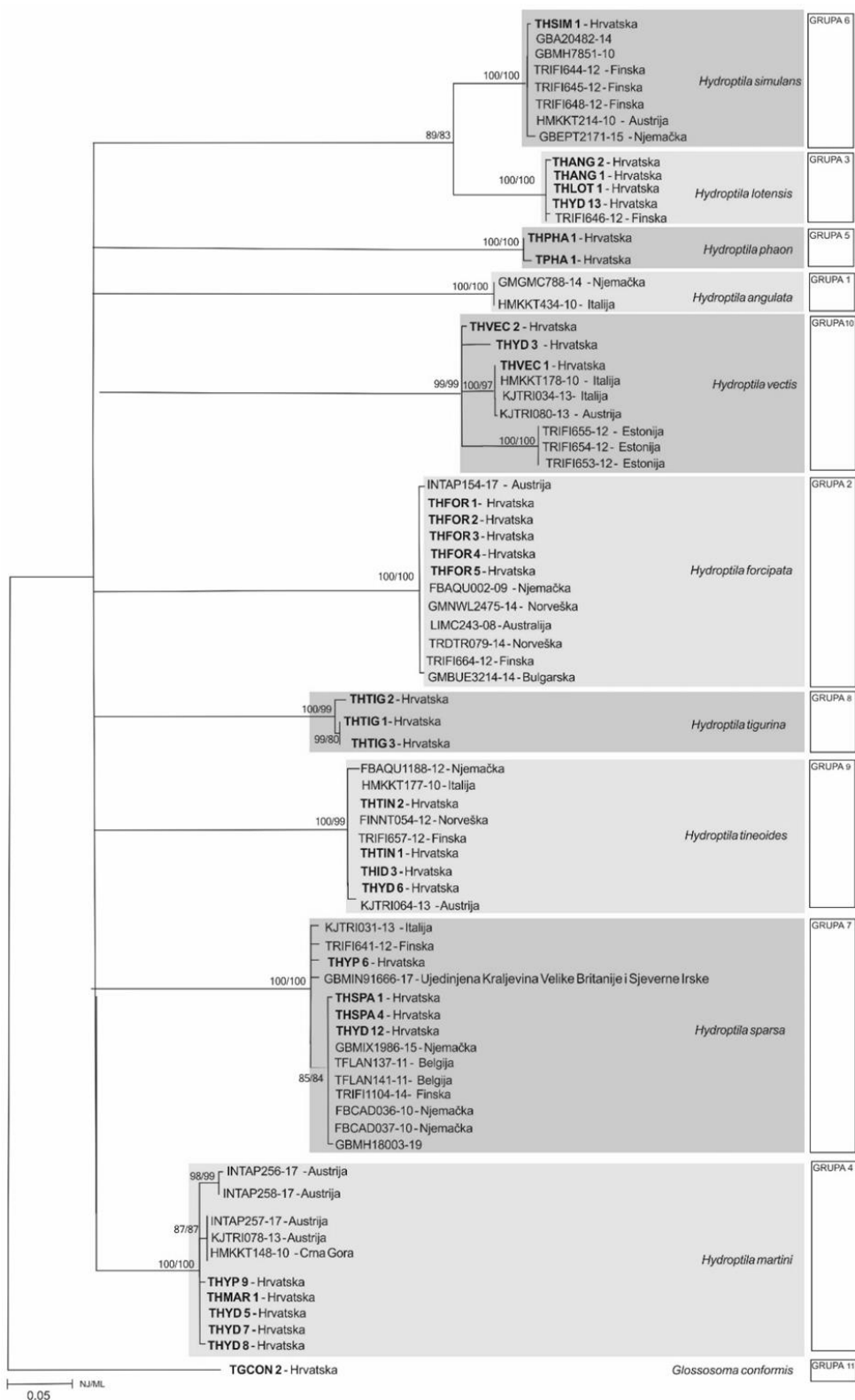
U raspodjeli učestalosti p-udaljenosti nalazi se barkod praznina između vrijednosti od 0,07-0,09 (Slika 23). Najveća intraspecifična p-udaljenost zabilježena je unutar vrste *H. vectis* (6,1%, Tablica 24), dok je najmanja interspecifična p-udaljenost zabilježena između vrsta *H. simulans* i *H. lotensis* (11,9%-12,5%, Tablica 24). Najveća interspecifična p-udaljenost između analiziranih primjeraka roda *Hydroptila* zabilježena je između vrsta *H. martini* i *H. forcipata* te *H. tineoides* i *H. phaon* (25,6%; Tablica 24). Promatrane vrste roda *Hydroptila* imaju raspon interspecifična genetska udaljenosti s vanjskom vrstom *G. conformis* od 25,3% (*H. martini*) do 30,8% (*H. vectis*; Tablica 24).



Slika 22. Histogram na temelju ABGD analize nastao koristeći K2P evolucijski model unutar vrsta roda *Hydroptila*. Vrijednosti korigiranih (K2P) genetskih udaljenosti nalaze se na horizontalnoj osi, a na vertikalnoj broj udvojenih usporedbi (nbr). Na lijevoj strani histograma (obojeno žutim) prikazana je intraspecifična, a na desnoj strani (obojeno zeleno) interspecifična varijanca vrijednosti.

Tablica 24. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) DNA barkod regije (mitohondrijski *COI* gen) izražene u postotcima za vrste roda *Hydroptila* te vrste *Glossosoma conformis* (vanjska vrsta). Intraspecifične vrijednosti označene su zadebljanim brojevima.

| | <i>H. angulata</i> | <i>H. forcipata</i> | <i>H. lotensis</i> | <i>H. martini</i> | <i>H. phaon</i> | <i>H. simulans</i> | <i>H. sparsa</i> | <i>H. tigurina</i> | <i>H. tineoides</i> | <i>H. vectis</i> |
|-----------------------------|--------------------|---------------------|--------------------|-------------------|-----------------|--------------------|------------------|--------------------|---------------------|------------------|
| <i>H. angulata</i> | 0 | | | | | | | | | |
| <i>H. forcipata</i> | 18,6 | 0,1 | | | | | | | | |
| <i>H. lotensis</i> | 19,2 | 17,4 | 0 | | | | | | | |
| <i>H. martini</i> | 19,2 | 25,6 | 19,8-20,4 | 0,9 | | | | | | |
| <i>H. phaon</i> | 19,2-20,1 | 20,6 | 16,8 | 19,6 | 0,6 | | | | | |
| <i>H. simulans</i> | 17,7-18 | 17,8 | 11,9-12,5 | 21,6-22,6 | 16,2-17,4 | 0-1,2 | | | | |
| <i>H. sparsa</i> | 21-21,6 | 21,9 | 19,5-19,8 | 19,8-21,6 | 20,4-21,6 | 18,9-19,8 | 0-1,5 | | | |
| <i>H. tigurina</i> | 19,9 | 16,9 | 18,9 | 20-21,6 | 18,3-19,2 | 19,5-20,4 | 18,9-19,5 | 0-1,2 | | |
| <i>H. tineoides</i> | 22,9-24,1 | 19,2-20,1 | 21-22,3 | 20-21,6 | 23,5-25,6 | 22,6-23,5 | 19,5-20,7 | 16,8-18 | 0-2,1 | |
| <i>H. vectis</i> | 17,4-20,4 | 19,5-22 | 19,5-22 | 19,8-22,6 | 20,1-23,2 | 19,8-23,5 | 22,3-25 | 17,4-19,2 | 22-24,4 | 0-6,1 |
| <i>Glossosoma conformis</i> | 27,1 | 29,3 | 26,5 | 25,3-25,9 | 27,4-28 | 26,8-27,4 | 29,9-30,2 | 25,6-26,2 | 25,6-26,5 | 30,8-21,7 |



Slika 23. Filogenetsko stablo konstruirano metodom najveće vjerojatnosti temeljeno na *COI* genu (DNA barkod regiji) na kojem su vidljivi odnosi između vrsta roda *Hydroptila* te *Glossosoma conformis* (vanjska grupa). Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 80 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence dobivene u ovom radu. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste.

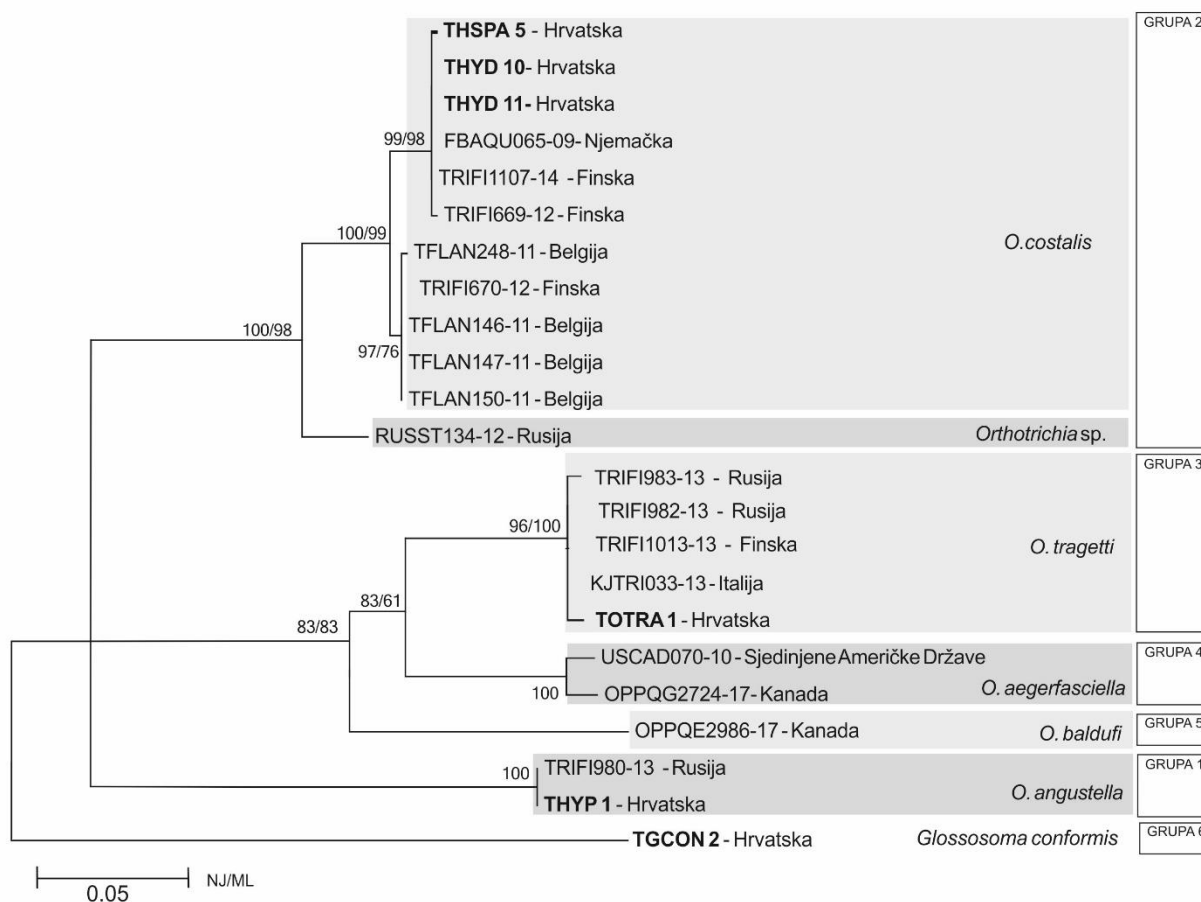
Svaki od analiziranih primjeraka iz roda *Orthotrichia* iz Hrvatske se grupirao s primjercima svoje vrste (Slika 24). Nedeterminirana linija RUSST134-12 iz Rusije sadržana je unutar *O. costalis* grupe (grupa 2), prema ABGD analizi, ali u filogenetskom stablu čini zasebnu, visokopodržanu granu (Slika 24). Preostali uzorci grupiraju se u dvije dobro podržane linije, ali sa plitkim filogenetskim grananjem. Genetske udaljenosti između primjeraka *O. costalis* koji čine primjerci iz Finske, Njemačke i Hrvatske te primjeraka iz Belgije i Finske iznosi 1,9% (Tablica 25).

Primjerci unutar vrste *O. tragetti* čine monofiletsku grupu s visokom podržanošću, te su prema ABGD analizi svrstani u jednu grupu (grupa 3, Slika 24). Vrsta *O. aegerfasciella* Chambers, 1873 sestrinska je vrsti *O. tragetti*, a njima dvjema vrsta *O. baldufi* Kingsolver & Ross, 1961 iz Sjeverne Amerike. Filogenetski odnosi između tri navedene vrste su tek umjereno podržani *bootstrap* vrijednostima. ABGD analiza svrstava navedene vrste u zasebne grupe (grupa 3, 4 i 5, Slika 24). Prosječne vrijednost p-udaljenosti između vrsta roda *Orthotrichia* iz Europe i Američke, sličnih su vrijednosti, tj. u rasponu od 10,3% do 13,7% (Tablica 25).

Primjerak THYP_1 nije bilo moguće morfološki točno odrediti, no s obzirom da ima identičan haplotip kao i primjerak vrste *O. angustella* (TRIFI980-13) iz Rusije, filogenetske analize, kao i ABGD analiza grupirale su ga s vrstom *O. angustella* s visokom podržanošću (Tablica 25, Slika 24). Suhodno tome dodijeljen mu je pripadajući taksonomski status – pripadnost vrsti *O. angustella*.

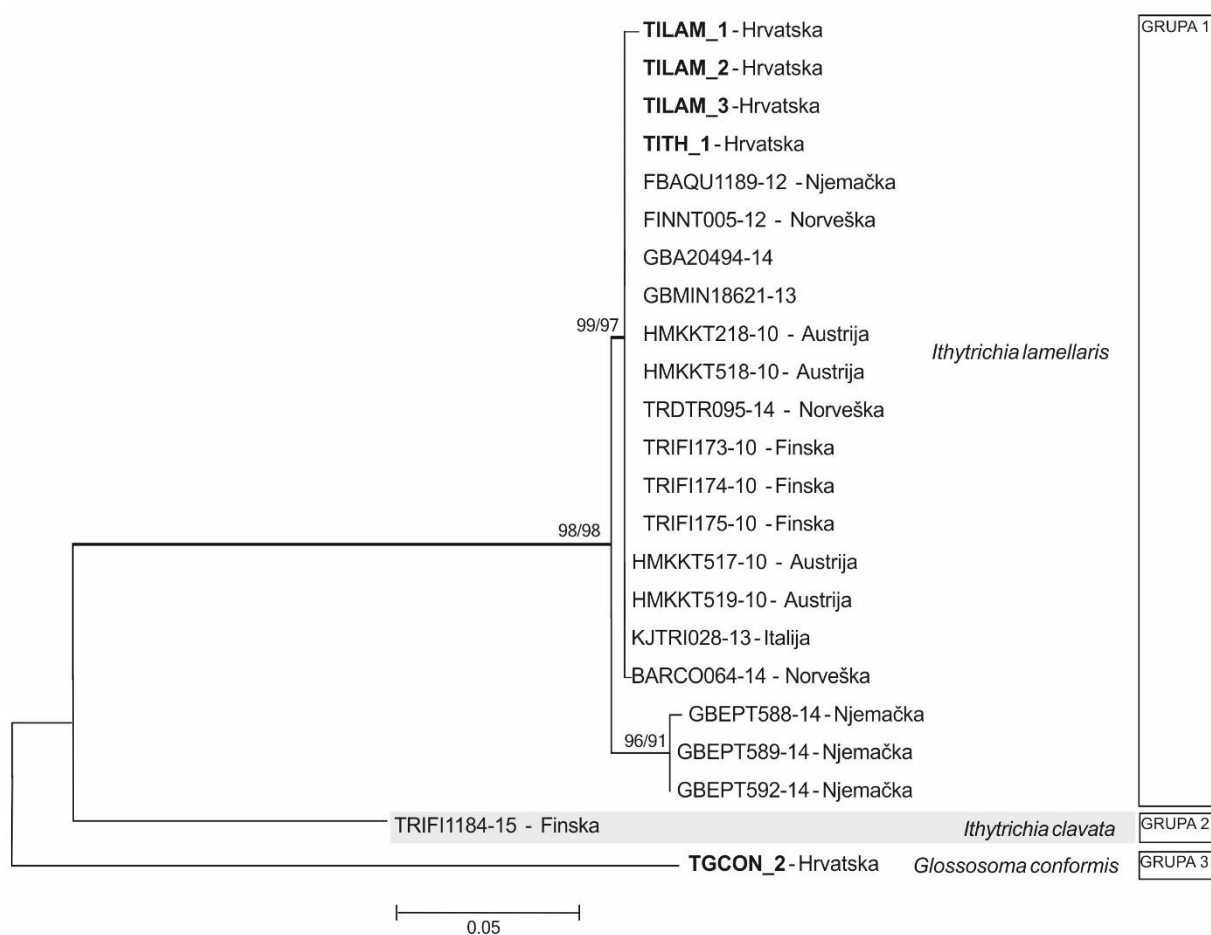
Tablica 25. Srednje vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) DNA barkod regije izražene u postotcima za vrste roda *Orthotrichia* te vrste *Glossosoma conformis* (vanjska vrsta). Intraspecifične vrijednosti su označene zadebljanim brojevima. Značenje kratica u tablici: Njem. - Njemačka, Fin. – Finska, Bel. – Belgija, Hr. – Hrvatska.

| | <i>O. angustella</i> | <i>O. costalis</i> (Njem., Fin., Hr) | <i>O. costalis</i> (Bel., Fin.) | <i>O. tragetti</i> | RUSST 134-12 | <i>O. aegerfasciella</i> | <i>O. baldufi</i> |
|---------------------------------------|----------------------|---|------------------------------------|--------------------|--------------|--------------------------|-------------------|
| <i>O. angustella</i> | 0 | | | | | | |
| <i>O. costalis</i> (Njem., Fin., Hr.) | 13,4 | 0,3 | | | | | |
| <i>O. costalis</i> (Bel., Fin.) | 13,8 | 1,9 | 0,3 | | | | |
| <i>O. tragetti</i> | 13,7 | 12,6 | 12,8 | 0,5 | | | |
| RUSST134-12 | 13,3 | 6 | 5,3 | 12 | - | | |
| <i>O. aegerfasciella</i> | 14,6 | 13,5 | 13,2 | 10,3 | 12,7 | 1,9 | |
| <i>O. baldufi</i> | 15,9 | 14,2 | 14,4 | 13 | 14 | 13,5 | - |
| <i>G. conformis</i> | 24,9 | 23,6 | 23,9 | 25,5 | 24,5 | 24,7 | 25 |



Slika 24. Filogenetsko stablo konstruirano metodom najveće vjerojatnosti temeljeno na *COI* genu (DNA barkod regiji) na kojem su vidljivi odnosi između vrsta roda *Orthotrichia* te *Glossosoma conformis* (vanjska grupa). Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 80 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale ovim radom. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste.

Filogenetsko svrstava primjerke *I. lamellaris* iz Hrvatske u grupu s ostalim primjercima ove vrste iz Europe s visokom podržanošću (Slika 25). Unutar grupe *I. lamellaris* odvajaju se dvije linije: jedna linija s primjercima iz Njemačke i druga s primjercima iz ostalih europskih zemalja. ABGD analiza svrstala je primjerke u istu grupu (grupa 1, Slika 25). Najveća vrijednost nekorrigirane genetske udaljenosti unutar vrste *I. lamellaris* iznosi 2,5%, dok je interspecifična iznosi 20,3% (Tablica 26).



Slika 25. Filogenetsko stablo konstruirano metodom najveće vjerojatnosti temeljeno na *COI* genu (DNA barkod regiji) na kojem su vidljivi odnosi između vrsta roda *Ithytrichia* te *Glossosoma conformis* (vanjska grupa). Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 80 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale ovom radu. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste.

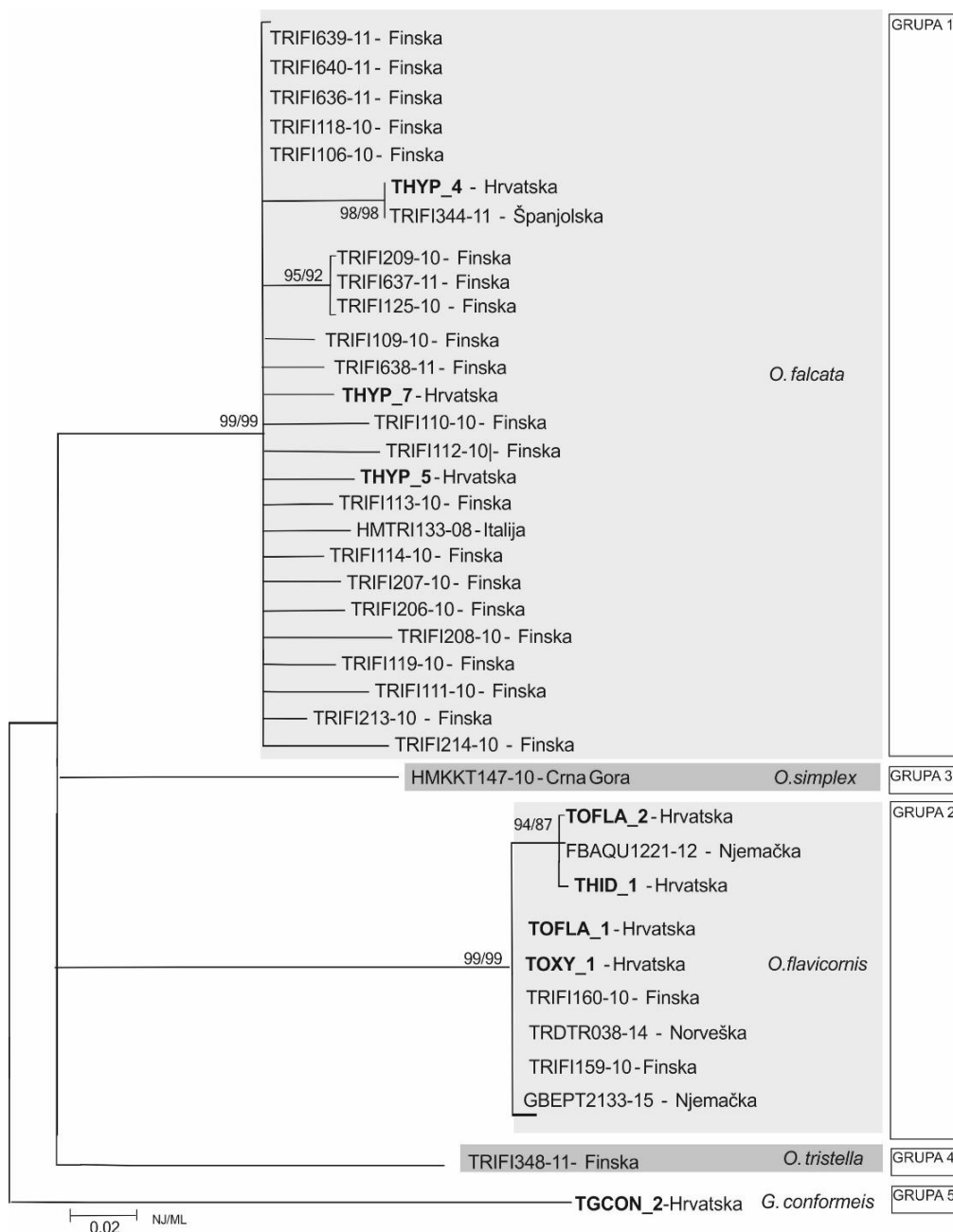
Tablica 26. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) DNA barkod regije (mitohondrijski *COI* gen) izražene u postocima za vrste roda *Ithytrichia*. Zadebljanim brojevima označena je intraspecifična vrijednost

| | <i>I. lamellaris</i> | <i>I. clavata</i> |
|-----------------------------|----------------------|-------------------|
| <i>I. lamellaris</i> | 0-2,5 | |
| <i>I. clavata</i> | 20-20,3 | - |
| <i>Glossosoma conformis</i> | 24,8 | 28,3 |

Svi primjerci *Oxyethira falcata* iz Hrvatske grupirani su s drugim primjercima ove vrste iz Europe s visokom podržanošću (Slika 26). Unutar grupe *O. falcata* dolazi do odvajanja primjeraka iz Finske u jednu liniju, te Španjolske i jednog primjerka iz Hrvatske u drugu liniju. Sve navedene primjerke vrste *O. falcata* ABGD analiza svrstava u jednu grupu (grupa 1, Slika 26). Svi primjerci *O. flavicornis* iz Hrvatske grupirani su s drugim primjercima ove vrste iz Europe s visokom podržanošću (Slika 26). Unutar grupe *O. flavicornis* dolazi do umjereno podržanog odvajanja dvaju primjeraka iz Hrvatske (TOFLA_2 i THID_1) i jednog iz Njemačke u zasebnu liniju. ABGD analiza svrstava sve primjerke vrste *O. flavicornis* u jednu grupu (grupa 2, Slika 26). Najveća intraspecifična genetska udaljenost zabilježena je unutar vrste *O. falcata* i iznosi 6,7% (Tablica 27). Najveća interspecifična vrijednost unutar roda *Oxyethira* zabilježena je između vrsta *O. flavicornis* i *O. tristella* (21,8%), a najmanja između vrsta *O. simplex* i *O. falcata* (14,4%, Tablica 27).

Tablica 27. Raspon vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) DNA barkod regije (mitohondrijski *COI* gen) za vrste roda *Oxyethira* prikazane u postotcima. Intraspecifične vrijednosti su prikazane zadebljanim brojevima.

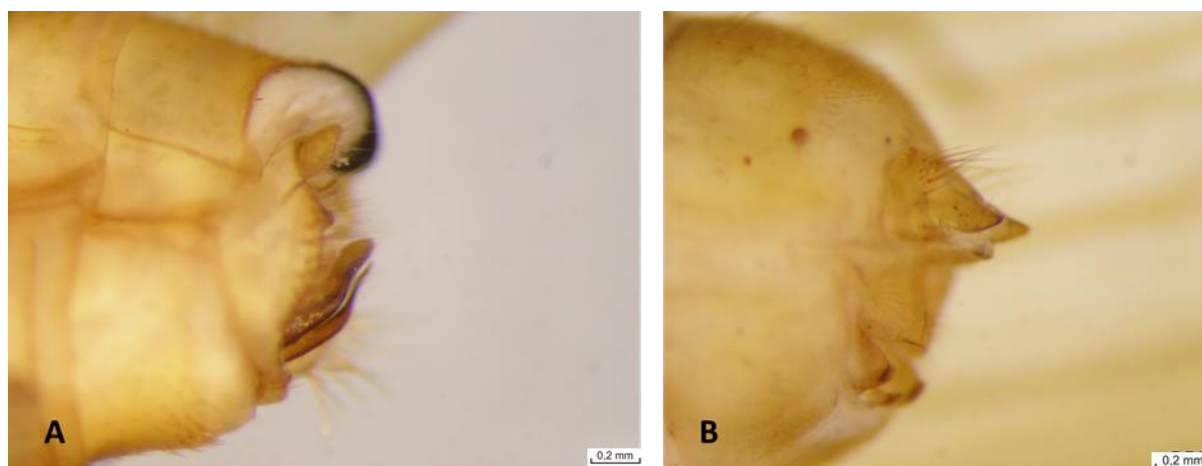
| | <i>O. falcata</i> | <i>O. flavicornis</i> | <i>O. simplex</i> | <i>O. tristella</i> |
|-----------------------|-------------------|-----------------------|-------------------|---------------------|
| <i>O. falcata</i> | 0-6,7 | | | |
| <i>O. flavicornis</i> | 18,3-20,1 | 0-2,8 | | |
| <i>O. simplex</i> | 14,4-16,2 | 18,1-19 | - | |
| <i>O. tristella</i> | 16-17,8 | 21,3-21,8 | 17,1 | - |
| <i>G. conformis</i> | 16-17,8 | 26,4-26,6 | 24,8 | 25,2 |



Slika 26. Filogenetsko stablo konstruirano metodom najveće vjerojatnosti temeljeno na *COI* genu (DNA barkod regiji) na kojem su vidljivi odnosi između vrsta roda *Oxyethira* te *Glossosoma conformis* (vanjska grupa). Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 80 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale u ovom radu. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste.

4.1.5. Taksonomski specifične vrste u fauni Hrvatske *Micropterna wagneri* Malicky, 1971 i *Micropterna fissa* McLachlan, 1875

Ovim radom prikupljena su 2 primjerka vrste *Micropterna wagneri* na potoku Konavočica: na izvoru u selu Vodovođe i srednjem toku kod sela Palje u Konavlima (leg. S. Žalac, M. Kučinić). Primjerci prikupljeni u Konavlima određeni su prema morfološkim značajkama genitalija mužjaka (Slika 27 A) i ženke (Slika 27 B). Osim u Hrvatskoj, vrsta *M. wagneri* prikupljena je u speleološkom objektu Spelaecelicokave u Albaniji (leg. Branko Jalžić).



Slika 27. A-B. Lateralni izgled genitalnog aparata vrste *M. wagneri* A – mužjaka, B – ženke (Foto:Mladen Kučinić).

BOLD Identification Engine nije uspio odrediti sekvence *M. wagneri* iz Hrvatske do razine vrste s obzirom da sekvence ove vrste nisu do sada bile unesene u BOLD bazu. Primjerci *M. wagneri* iz Hrvatske uneseni su u BOLD bazu i predstavljaju prvi unos DNA barkod sekvenci i podataka za vrstu *M. wagneri*.

Vrsta *M. fissa* je široko rasprostranjena, ali je u fauni tulara Hrvatske rijetko zabilježena. Ovim radom prikupljeni su mužjak i ženka vrste *M. fissa* u kopulaciji u jami Mokre noge na Biokovu na dubini oko 700 m. Mužjaka i ženku vrste *M. fissa* BOLD Identification Engine odredio je kao najbližnje primjerku iz Italije (BOLD Id: BHMKK197-12) (PRILOG 19).

Maksimalna vrijednost p-udaljenosti unutar *M. wagneri* iznosi 0,4% što ujedno predstavlja minimalnu intraspecifičnu vrijednost zabilježenu među analiziranim vrstama roda *Micropterna* (Tablica 28). Sličnu maksimalnu vrijednost intraspecifične genetske udaljenosti (0,5%) zabilježena je i kod vrste *M. fissa* (Tablica 28). Vrsta *M. wagneri* pokazuje najmanju genetsku

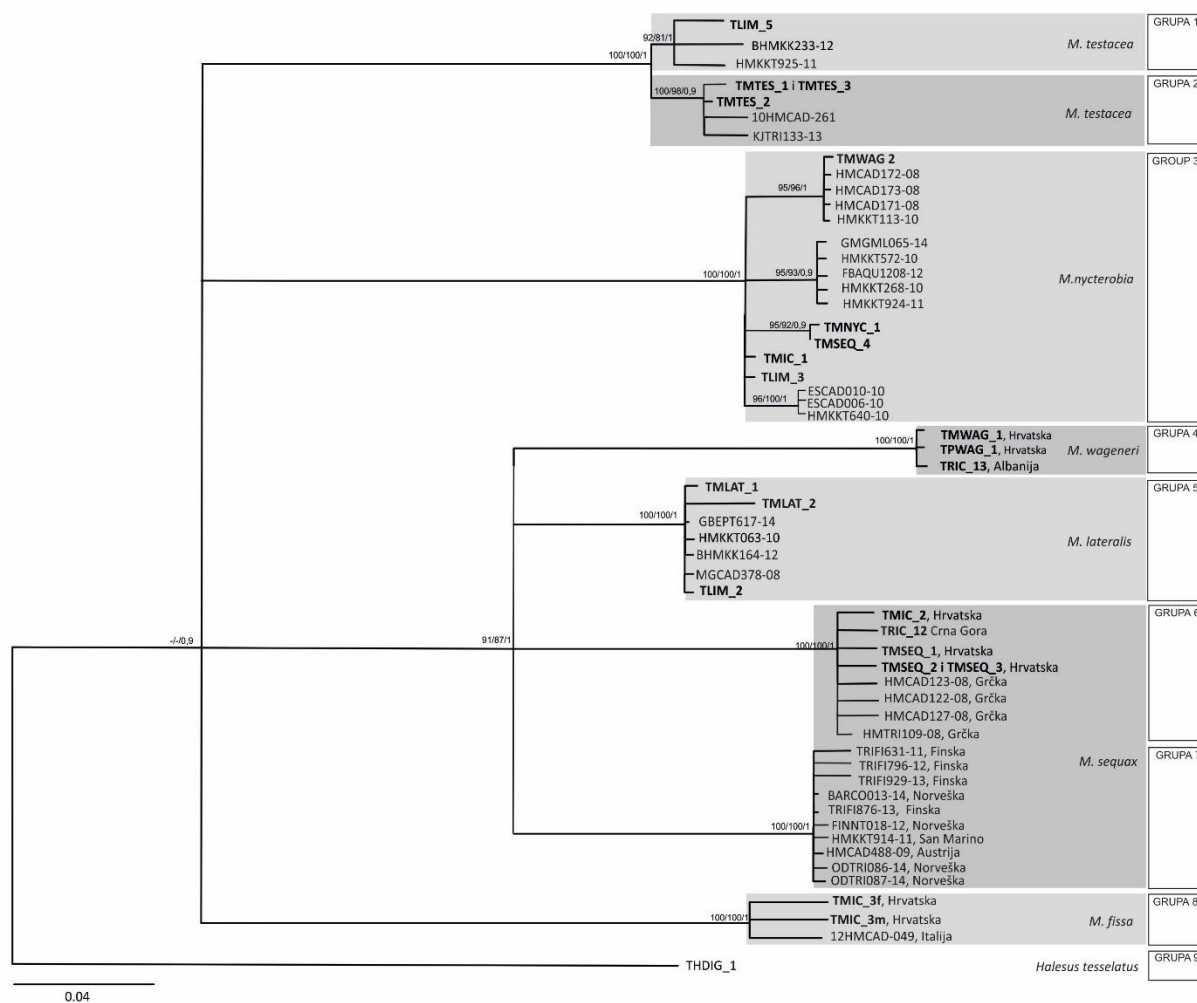
udaljenost s vrstom *M. lateralis* (8,6%), a vrsta *M. fissa* s vrstom *M. nycterobia* (10,6%, Tablica 28).

Filogenetskim metodama svi primjerci vrste *M. wagneri* su s visokom podržanošću formiraju monofiletsku grupu (Slika 28). ABGD analiza ih svrstava u zasebne hipotetske vrste (grupa 4, Slika 28). S visokom vrijednosti podrške grupirani su pripadnici vrste *M. fissa* te ih ABGD analiza svrstava u grupu 8 (Slika 28).

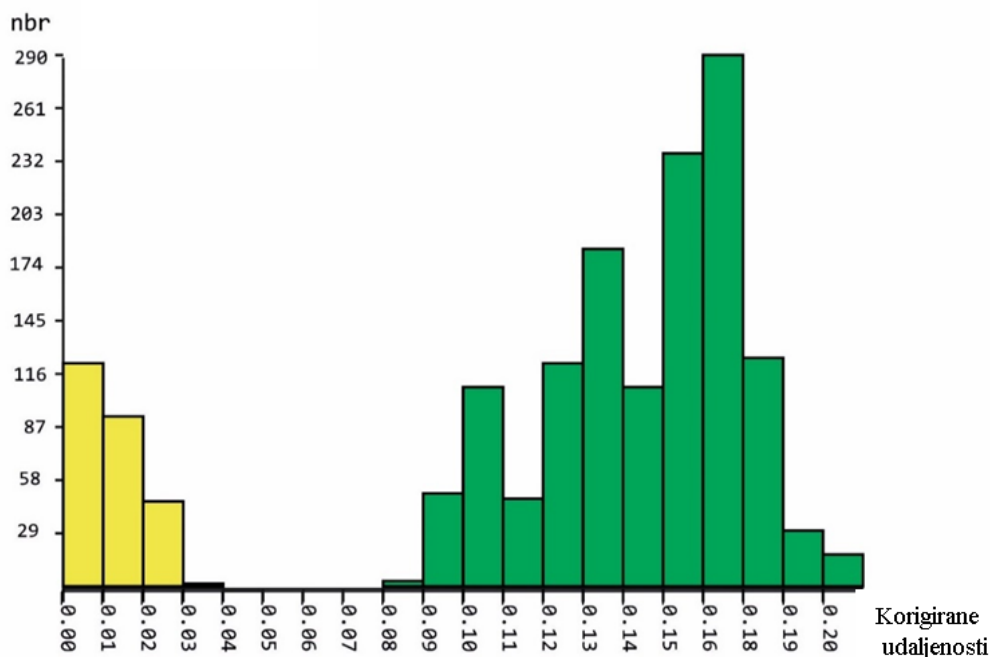
Filogenetsko stablo dobiveno analizom DNA barkod regije s visokom podržanošću prikazuje odvajanje vrste *M. testacea* u dvije zasebne linije unutar visoko podržane monofiletske grupe (Slika 28). ABGD analiza odvajanja vrste *M. testacea* u dvije grupe (grupa 1 i grupa 2, Slika 28).

ABGD analiza svrstava sve primjerke vrste *M. nycterobia* u jednu grupu (grupa 3, Slika 28). Primjerci vrste *M. nycterobia* iz Hrvatske u filogenetskom stablu su s visokom podržanošću grupirani s ostalim primjercima naveden vrste (Slika 28).

Primjerci vrste *M. sequax* grupiraju se u dvije duboko odijeljene genetske linije, koje ne čine monofiletsku grupu nego su u nerazriješenoj tetratomiji s vrstama *M. wagneri* i *M. lateralis* (Slika 28). Minimalna intraspecifična nekorigirana udvojena genetička udaljenosti među njima iznosi 7,2%, a ABGD analiza ih svrstava u zasebne hipotetske vrste (grupa 6 i grupa 7, Tablica 28). Primjerci vrste *M. sequax* iz Hrvatske grupiraju se s primjercima iz Grčke i Crne Gore (ABGD grupa 6, Slika 28). Distribucija učestalosti nekorigiranih udvojenih genetskih distanci prikazana je na histogramu (Slika 29). Između vrijednosti p-distance 0,04-0,08 nalazi se "barkod praznina".



Slika 28. Filogenetsko stablo konstruirano metodom Bayesian analize temeljeno na genu *COI*, DNA barkod regija između vrsta roda *Micropterna* te *Halesus tessellatus* (vanjska grupa). Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) i posteriorne vrijednosti Bayesian metode redom NJ/ML/BA. BS vrijednosti manje od 80 i BPP vrijednosti manje od 0,90 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale ovim radom. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste.



Slika 29. ABGD analize koji prikazuje distribuciju K2P distanci unutar i između vrsta roda *Micropterna*. Vrijednosti korigiranih (K2P) genetskih udaljenosti nalaze se na horizontalnoj osi, a na vertikalnoj je broj udvojenih usporedbi (nbr). Na lijevoj strani histograma (obojeno žutim) prikazane su intraspecifične, a na desnoj strani (obojeno zeleno) interspecifične vrijednosti.

Tablica 28. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) izražene u postocima za vrste roda *Micropterna* i vrstu *Halesus tessellatus* (vanjska grupa). Intraspecifične vrijednosti označene su zadebljanim brojevima. Grupe navedene u tablici odnose se na grupe određene ABGD analizom.

| | <i>M. testacea</i> | <i>M. nycterobia</i> | <i>M. wagneri</i> | <i>M. lateralis</i> | <i>M. sequax</i> (grupa 8) | <i>M. sequax</i> (grupa 7) | <i>M. fissa</i> |
|-------------------------------|--------------------|----------------------|-------------------|---------------------|-------------------------------|-------------------------------|-----------------|
| <i>M. testacea</i> | 0,4-2,3 | | | | | | |
| <i>M. nycterobia</i> | 11,2-13,3 | 0,2-2,5 | | | | | |
| <i>M. wagneri</i> | 10,6-11,7 | 13,3-14,1 | 0,2-0,4 | | | | |
| <i>M. lateralis</i> | 10,6-12,6 | 12,1-14,4 | 8,6-10,1 | 0,2-2,0 | | | |
| <i>M. sequax</i> (grupa 7) | 10,8-12,6 | 12,3-13,7 | 9,5-10,5 | 8,6-10,8 | 0,2-0,7 | | |
| <i>M. sequax</i> (grupa 6) | 10,1-11,2 | 12,1-13,9 | 9,4-9,9 | 7,4-9,4 | 7,2-8,5 | 0,2-0,9 | |
| <i>M. fissa</i> | 10,8-11,2 | 10,6-12,1 | 11,0-11,7 | 11,2-12,3 | 12,8-13,3 | 11,5-11,9 | 0,2-0,5 |
| <i>H. tessellatus</i> | 13,7-14,6 | 12,8-13,5 | 13,9-14,1 | 13,2-14,6 | 13,9-14,4 | 14,2-14,6 | 13,9-14,2 |

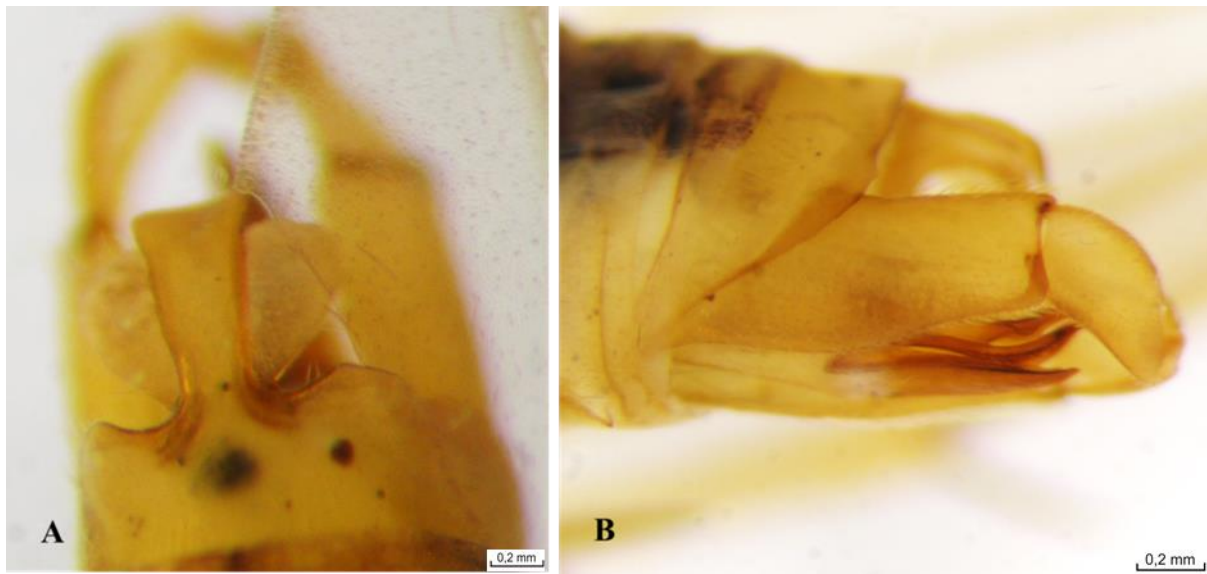
4.1.6. Taksonomski specifične vrste iz roda *Rhyacophila* Pictet, 1834

Na filogenetskom stablu vrsta roda *Rhyacophila* uočavaju se nepodudarnosti s postojećim taksonomskim spoznajama (Slika 34, 1. i 2. dio). Tako se sekvence vrsta *R. dorsalis* i *R. nubila* grupiraju zajedno, vrijednostima umjereno podržane grupe (Slika 34, 1. dio). ABGD analiza grupirala je sekvence vrsta *R. dorsalis* i *R. nubila* u jednu grupu, potencijalnu vrstu (grupa 6) (Slika 34 1. dio). Srednja vrijednost genetičke udaljenosti između sekvenci ovih vrsta je 1,7% (Tablica 29), što je manje nego najveća genetske udaljenost unutar vrste *R. dorsalis* (3%) i *R. nubila* (2,3%). Filogenetska analiza temeljena na *COI* genu ne odvaja primjerke podvrsta *R. dorsalis plitvicensis* (TRDPL_1, TRDPL_3, TRDPL_4, TRDPL_5; Slika 30 A) i *R. dorsalis persimilis* (TRDOP_1, TRDOP_2, TRDOR_2, TRDPL_2, TRHY_2; Slika 30 B) u zasebne genetske linije (Slika 34 1. dio).



Slika 30. A-B. Genitalni aparat mužjaka lateralno s uklonjenom desnom valvom vrste A – *R. dorsalis persimilis*, B – *R. dorsalis plitvicensis* (Foto: Mladen Kučinić).

Svi pripadnici vrste *R. palmeni* sadržani su unutar relativno dobro podržane monofiletkne grupe (Slika 34 1. dio). ABGD analiza sugerira postojanje dvije hipotetske vrste unutar *R. palmeni* pri čemu primjerak iz Hrvatske (TRPAL_7; Slika 36) formira zasebnu grupu (grupa 18, Slika 34 1. dio), dok ostali primjerci formiraju drugu grupu (grupa 19, Slika 34 1. dio). Srednja genetička udaljenost unutar vrste *R. palmeni* iznosi 3% bez primjerka iz Hrvatske (ID uzorka TRPAL_7). Primjerak TRPAL_7 genetski se razlikuje 6,8% od ostalih primjeraka vrste *R. palmeni* (Tablica 29).



Slika 31. A-B. Izgled genitalnog aparata mužjaka vrste *Rhyacophila palmeni* A- dorzalno, B- lateralno.

Pripadnici vrste *R. fasciata* u filogenetskoj analizi svrstani su u 4 neovisne linije koje se ne grupiraju zajedno nego se pojavljuju u nerazriješenoj politomiji s vrstama *R. obliterata* i *R. aurata* (Slika 34 1. dio). Dobro podržano odvajanje imaju primjerci s BOLD sekvenca ID KKUMN428-10 (određena morfološki kao *R. tristis*), KKUMN469-10 iz Španjolske i HMKKT825-11 iz Francuske (Slika 34 1. dio). Također, navedeni primjerci formiraju zasebnu grupu prema ABGD analizi (grupa 10). Primjerci iz Hrvatske (ID uzorka TRFAS_1 i TRFAS_2) se odvajaju u zasebnu liniju unutar *R. fasciata* s podržanošću 95 (NJ) i 92 (ML), kao i u ABGD analizi gdje formiraju zasebnu grupu (grupa 7, Slika 34 1. dio). Treće odvajanje s dobrom podržanošću čini linija s primjercima iz Austrije: BOLD sekvenca ID HMKKT197-10 i HMKKT287-10 te primjerak FBAQU371-09 iz Njemačke. Prema ABGD analizi navedeni primjerci grupiraju se odvojeno od ostalih primjeraka vrste *R. fasciata* (grupa 9, Slika 34 1. dio). Preostali primjerci vrste *R. fasciata* grupirani su s visokom podržanošću 99 za NJ i ML te se i prema ABGD analizi nalaze u zasebnoj grupi (grupa 8, Slika 34, 1. dio). Srednja vrijednost genetske udaljenosti unutar vrste *R. fasciata* je 3%, no razlika između pojedinih izdvojenih linija, koje čine ABGD grupe 7, 9, 10 i sekvenci koje čine ABGD grupu 8 iznosi 5,3% (Tablica 29).

Svi primjerci vrste *R. obliterata* sadržani su unutar monofiletske grupe s visokom podržanošću (Slika 34, 1. dio). Dalje se dio primjeraka iz Finske, Njemačke i Grčke odvađa od primjerka iz Hrvatske (TRLOB_1). Primjerak TRLOB_1 prema ABGD analizi formira zasebnu grupu 16

dok su svi ostali sadržani unutar grupe 17 (Slika 34, 1. dio). Genetska udaljenosti između grupe 16 i grupe 17 iznosi 4,7%, dok je intraspecifična genetska raznolikost vrste *R. obliterata* 3% (Tablica 29).

Prema filogenetskoj analizi *R. aurata* čini monofiletsku vrstu koja je dobro podržana (Slika 34., 2. dio). ABGD analiza izdvaja primjerak iz Hrvatske s Mrežnice (TRAUR_2) u zasebnu grupu (Slika 34, 2. dio). Najveća vrijednost genetičke udaljenost primjerka TRAUR_2 u odnosu na ostale uzorke vrste *R. aurata* je 3% što je u skladu s intraspecifičnim vrijednostima između vrsta *Rhyacophila* u ovom radu (Tablica 29).

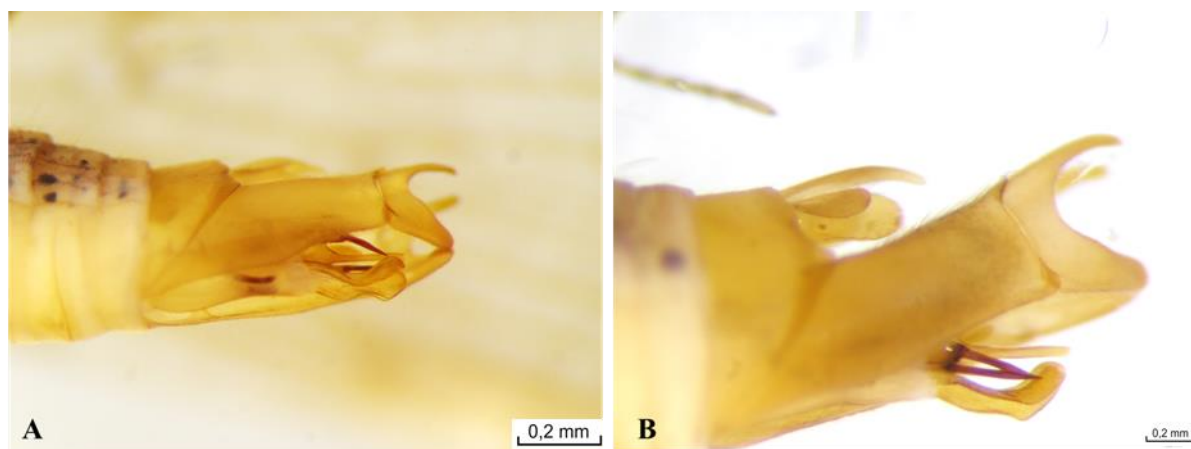
Dva primjerka vrste *R. balcanica* su se grupirali s dobrom podržanošću (Slika 34 2. dio). ABGD analiza razdvojila primjerak s rijeke Une TRBAL_1 u jednu grupu (grupa 3), a primjerak s Krke HMTRI031-08 u drugu grupu (grupa 4, Slika 34 2. dio). Genetska udaljenost između TRBAL_1 i HMTRI031-08 je 3,7% (Tablica 29).

Primjerak vrste *R. praemosa* iz Hrvatske se grupira s ostalim primjercima ove vrste s visokom podržanošću unutar grupe parafiletske s obzirom na vrstu *R. polonica* (Slika 34 2. dio). Grupiranje primjeraka vrste *R. polonica* unutar monofiletske grupe slabo je podržano *bootstrap* vrijednostima. Prema ABGD analizi vrste *R. praemosa* i *R. polonica* pripadaju istoj grupi, odnosno, hipotetskoj vrsti (grupa 20, Slika 34 2. dio). Prosječna vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između vrsta *R. praemosa* i *R. polonica* analiziranih ovim radom iznosi 1,9% (Tablica 29).

Primjerak morfološki određen kao *R. cabrankensis* iz Hrvatske (TRCAB_1; Slika 32 A) odvaja se u zasebnu liniju unutar umjereno podržane grupe koja obuhvaća pripadnike vrste *R. vulgaris*, a koji se grupiraju u dvije slabo, odnosno umjereno podržane duboko odijeljene linije (Slika 34 2. dio). ABGD analiza primjerak TRCAB_1 svrstava u zasebnu grupu (grupa 5) odvojeno od dvije linije vrste *R. vulgaris* (grupe 26 i 27, Slika 34, 2. dio). Genetska udaljenost između vrsta *R. cabrankensis* i *R. vulgaris* iznosi 1,8% (Tablica 29). Primjerak TRCAB_1 predstavlja prvi unos sekvenci *COI* gena (DNA barkod regije) i podataka za ovu vrstu u BOLD bazu.

Primjerak vrste *R. vulgaris* iz Hrvatske (TRVUL_1; Slika 32 B) odvaja se od vrste *R. cabrankensis* i grupira s ostalim primjercima vrste *R. vulgaris* iz Europe, a prema ABGD analizi nalazi se u grupi 26 s primjercima iz Njemačke i Austrije (Slika 34, 2. dio).

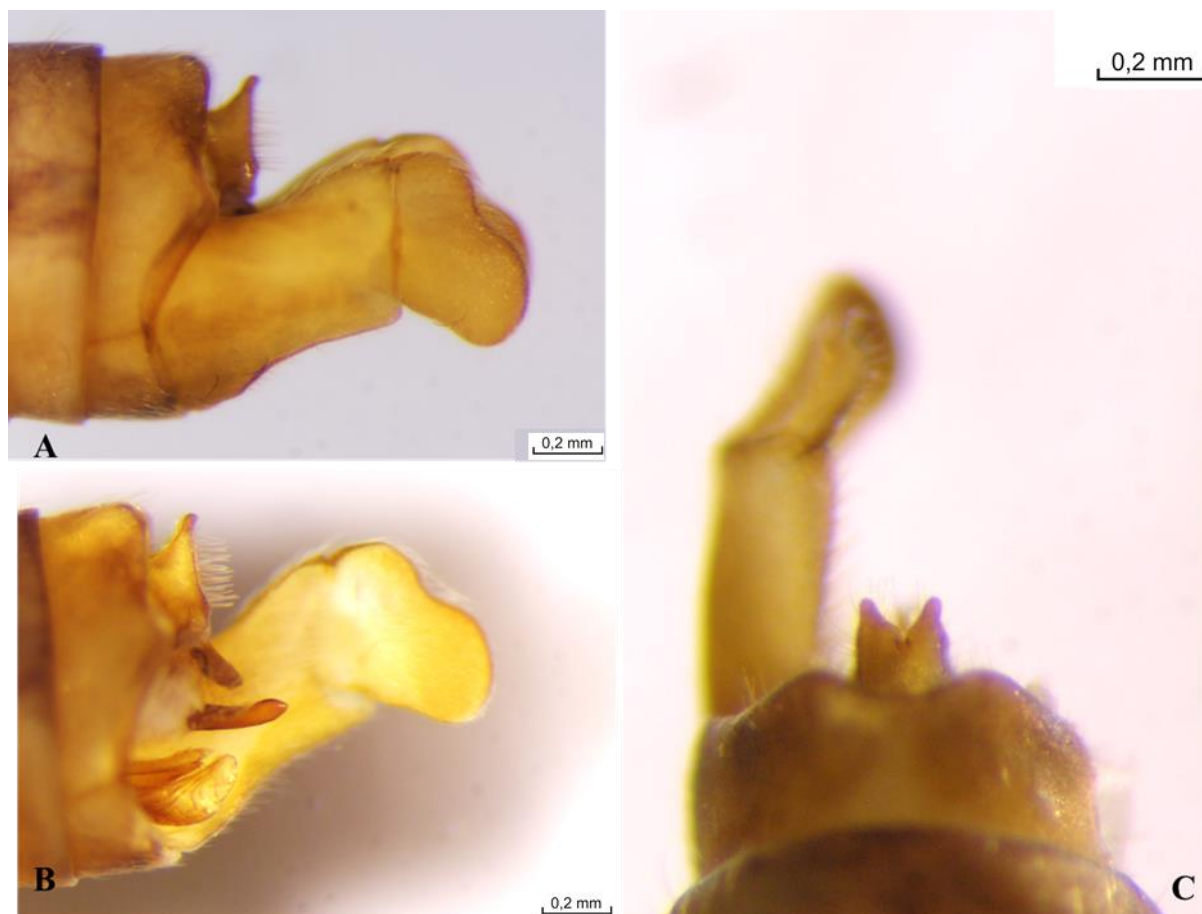
Intraspecifična genetska udaljenost analiziranih primjeraka vrste *R. vulgaris* iznosi od 0 do 2,3% (Tablica 29).



Slika 32. A-B. Genitalni aparat mužjaka lateralno vrste: A – *Rhyacophila cabrankensis* (Foto: Mladen Kučinić), B – *R. vulgaris*.

Primjerak vrste *R. torrentium* iz Hrvatske grupiran je s ostalim primjercima ove vrste prema filogenetskom stablu i prema ABGD analizi (grupa 23, Slika 34, 2. dio).

Primjerci vrsta *R. schmidinarica* i *R. hirticornis* čine sestrinske linije. Primjerci vrste *R. schmidinarica* iz Hrvatske (TRSCH_1, TRSCH_3) grupiraju se međusobno, no ne i s primjerkom vrste *R. schmidinarica* (HMTRI029-08) s lokaliteta Bužim, Velebit, preuzetim iz BOLD baze. Ovaj primjerak zajedno s vrstom *R. hirticornis* s lokaliteta potok Šumi (TRHIT_1; Slika 33) se odvaja u zasebnu liniju, dok ABGD analiza svrstava ove uzorke u zasebne grupe: HMTRI029-08 u grupu 12, a TRHIT_1 u grupu 11 (Slika 34, 2. dio). Genetska razlika između vrsta *R. hirticornis* i *R. schmidinarica* analiziranih u ovom radu iznosi 3,6%. Genetska razlika između TRHIT_1 i ostalih primjeraka vrste *R. hirticornis* iznosi 4,7%. Genetska razlika između TRHIT_1 i primjeraka vrste *R. schmidinarica* iznosi 4,8%, a između TRHIT_1 i HMTRI029-08 iznosi 3,4% (Tablica 29).



Slika 33. A-C. Izgled genitalnog aparata mužjaka vrste *Rhyacophila hirticornis* iz lokaliteta potok Šumi izvor, lateralno (A), lateralno s uklonjenom desnom valvom (B), i dorzalno (C) (Foto:Mladen Kučinić).

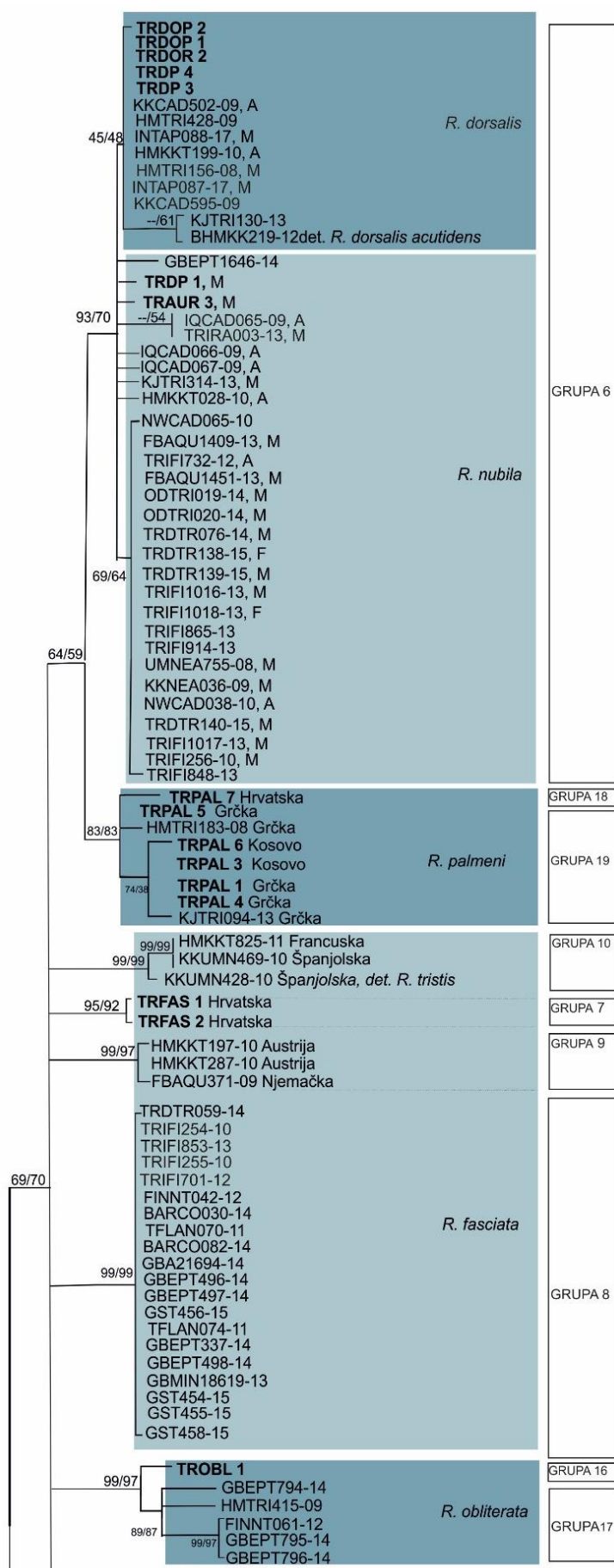
Primjerak vrste *R. laevis* iz Hrvatske grupira se s ostalim primjercima vrste *R. laevis* prema filogenetskom stablu i prema ABGD analizi (grupa 15). Šest primjeraka vrste *R. tristis* iz Hrvatske grupira se s ostalim primjercima *R. tristis* u filogenetskom stablu i prema ABGD analizi (grupa 24, Slika 34 2. dio).

Primjerci vrste *R. loxias* iz Hrvatske grupiraju se s ostalim primjercima *R. loxias* u filogenetskom stablu i prema ABGD analizi (grupa 14, Slika 34 2. dio).

Najveća intraspecifična genetska udaljenost kod analiziranih primjeraka roda *Rhyacophila* zabilježena je unutar vrste *R. hirticornis* (4,7%). Najmanja interspecifična genetska udaljenost zabilježena je između vrsta *R. praemosa* i *R. polonica* (1,9%). Najveća interspecifična genetska udaljenost zabilježena je između vrsta *R. loxias* i *R. hirticornis* (24,6%) (Tablica 29).

Tablica 29. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) za DNA barkod regiju (mitohondrijski *COI* gen) u postotcima, unutar i između analiziranih vrsta roda *Rhyacophila*. Zadebljanim brojevima su označene intraspecifične vrijednosti.

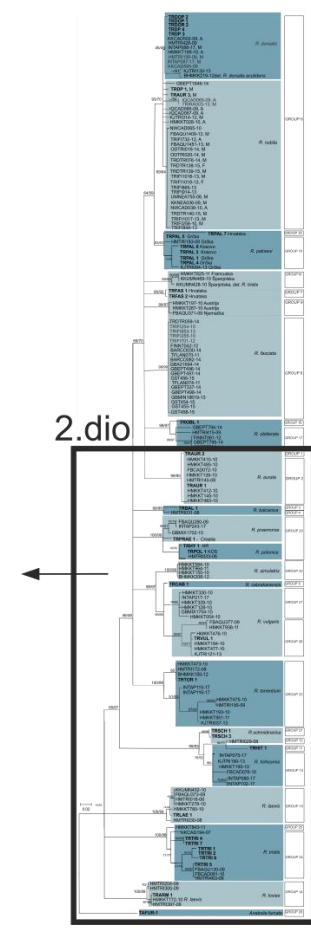
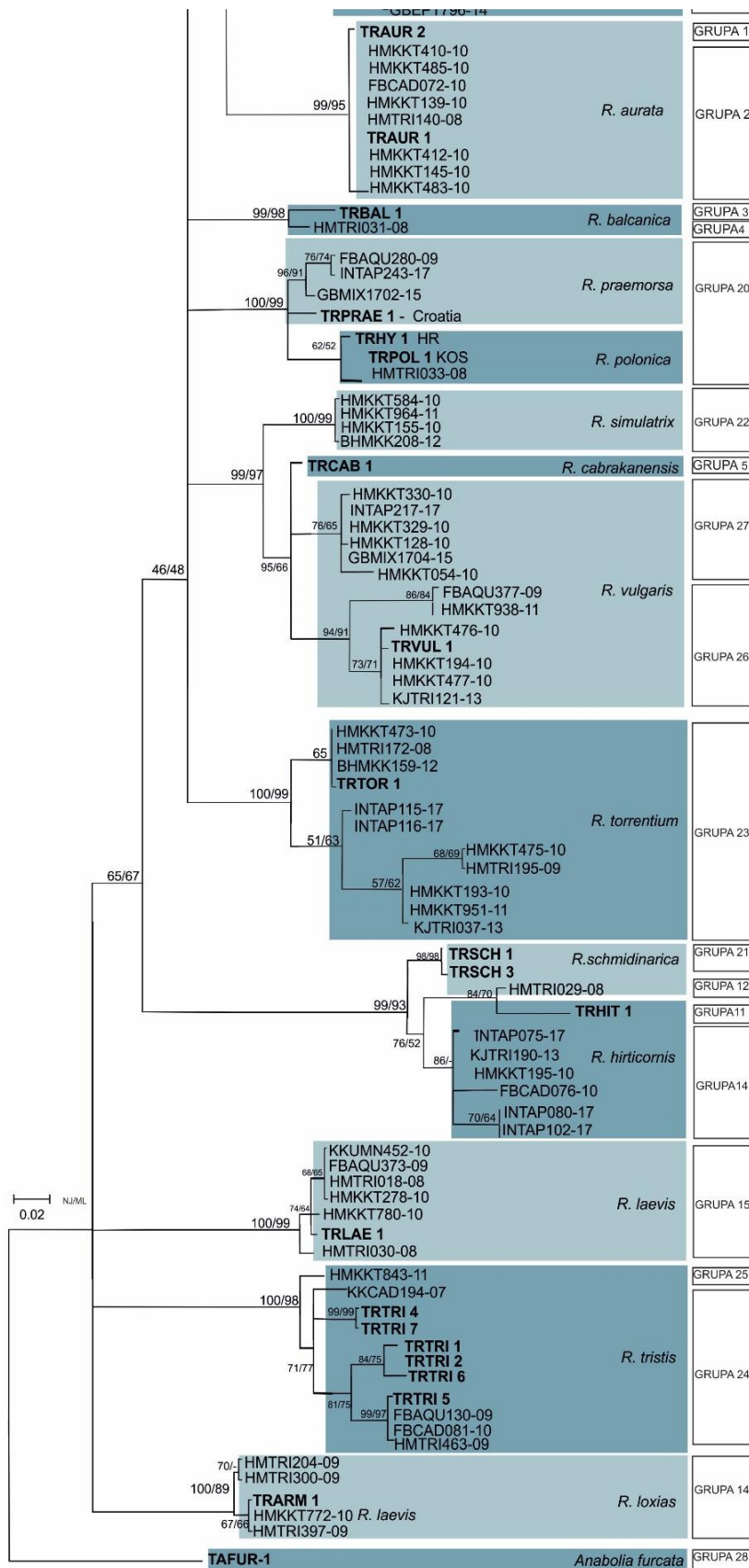
| | <i>R. aurata</i> | <i>R. balcanica</i> | <i>R. cabrankensis</i> | <i>R. dorsalis</i> | <i>R. fasciata</i> | <i>R. hirticornis</i> | <i>R. laevis</i> | <i>R. loxias</i> | <i>R. nubila</i> | <i>R. obliterata</i> | <i>R. palmeni</i> | <i>R. polonica</i> | <i>R. praemosa</i> | <i>R. schmidinari ca</i> | <i>R. simulatrix</i> | <i>R. torrentium</i> | <i>R. tristis</i> | <i>R. vulgaris</i> |
|------------------------------|------------------|---------------------|------------------------|--------------------|--------------------|-----------------------|------------------|------------------|------------------|----------------------|-------------------|--------------------|--------------------|------------------------------|----------------------|----------------------|-------------------|--------------------|
| <i>R. aurata</i> | 0-3 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>R. balcanica</i> | 11 | 3,7 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>R. cabrankensis</i> | 12 | 12 | - | | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>R. dorsalis</i> | 7,3 | 12 | 10,6 | 0-3 | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>R. fasciata</i> | 6,3 | 12,9 | 11,3 | 7,8 | 0-7,4 | | | | | | | | | | | | | |
| <i>R. hirticornis</i> | 20,8 | 23 | 22 | 23,3 | 21,1 | 0-4,7 | | | | | | | | | | | | |
| <i>R. laevis</i> | 14,9 | 16 | 16,5 | 16,6 | 16,9 | 22,9 | 0-2 | | | | | | | | | | | |
| <i>R. loxias</i> | 13,2 | 15,2 | 14,2 | 14,5 | 13,5 | 24,6 | 17,7 | 0-0,7 | | | | | | | | | | |
| <i>R. nubila</i> | 7,4 | 12 | 10,4 | 0,7-3 | 7,8 | 23,4 | 17,8 | 14,4 | 0-2,3 | | | | | | | | | |
| <i>R. obliterata</i> | 9,2 | 13 | 12 | 8,3 | 10 | 21,3 | 17,9 | 13,8 | 8,4 | 0-0,4 | | | | | | | | |
| <i>R. palmeni</i> | 8,1 | 12,8 | 11,8 | 7,1 | 9,1 | 22,7 | 17,8 | 15,9 | 6,8 | 10,5 | 0-6,8 | | | | | | | |
| <i>R. polonica</i> | 13,2 | 9,8 | 11,3 | 10,5 | 12,9 | 22,1 | 18 | 14,9 | 11,1 | 13,9 | 14,3 | 0-1 | | | | | | |
| <i>R. praemosa</i> | 9,4 | 10,5 | 11,6 | 10,3 | 12,5 | 21,4 | 18,2 | 15,2 | 10,9 | 13,9 | 14,4 | 1,9 | 0-2 | | | | | |
| <i>R. schmidinari ca</i> | 21,5 | 22,3 | 20,8 | 22,9 | 21,1 | 3,6 | 22,3 | 23,6 | 22,8 | 21,3 | 22,5 | 22,1 | 21,9 | 0-4 | | | | |
| <i>R. simulatrix</i> | 13 | 14 | 5,9 | 14,9 | 12,8 | 21,9 | 18,1 | 16,2 | 14,4 | 14,8 | 15,5 | 14,2 | 14,1 | 20,9 | 0-0,3 | | | |
| <i>R. torrentium</i> | 9,8 | 12,9 | 11,7 | 11,5 | 11,7 | 22,1 | 16,4 | 13,3 | 11,8 | 10,7 | 11,8 | 12 | 11,6 | 21,2 | 13,2 | 0-1 | | |
| <i>R. tristis</i> | 15,9 | 16,6 | 16,6 | 17,4 | 16,7 | 22,5 | 17 | 18 | 17,1 | 19,9 | 17,7 | 18 | 18 | 21,2 | 16,4 | 14,8 | 0-4 | |
| <i>R. vulgaris</i> | 12,1 | 13 | 1,8 | 11,5 | 12,2 | 22 | 17 | 14,3 | 11,6 | 11,9 | 12,8 | 11,8 | 11,9 | 21,1 | 6,4 | 12 | 17,3 | 0-2,3 |
| <i>Anabolia furcata</i> | 26,7 | 28,5 | 28,5 | 27,5 | 27,3 | 32,4 | 29,5 | 25,4 | 28 | 31,3 | 27,8 | 28,3 | 28,2 | 31,3 | 28,9 | 28,4 | 28,5 | 29,4 |



1.dio



Slika 34. **1. dio** filogenetskog stabla konstruirano metodom najveće vjerojatnosti temeljeno fragmentu *COI* gena (DNA barkod regija) na kojem su vidljivi odnosi između vrsta roda *Rhyacophila* te *Anabolia furcata* (vanjska grupa). Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 50 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale u ovom radu. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste. Na lijevoj strani su uvećani dijelovi stabla (označeni crnim pravokutnikom na desnoj strani). Kratica det. označava morfološki određenu svojtu.



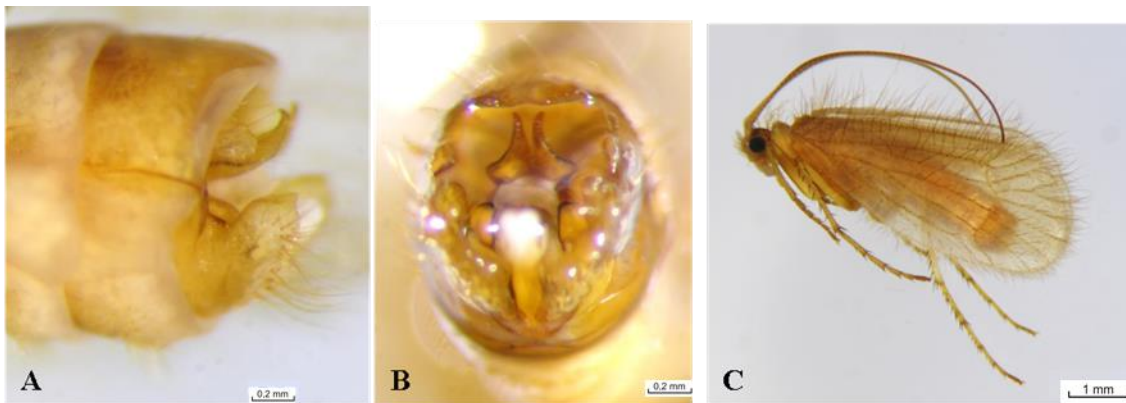
Slika 34. 2. dio filogenetskog stabla konstruirano metodom najveće vjerojatnosti (ML) temeljeno na fragmentu *COI* gena (DNA barkod regija) na kojem su vidljivi odnosi između vrsta roda *Rhyacophila* te *Anabolia furcata* (vanjska grupa). Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 50 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale u ovom radu. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste. Na lijevoj strani su uvećani dijelovi stabla na desnoj strani označeni crnim pravokutnikom.

4.1.1. Filogenetski odnosi vrsta roda *Chaetopteryx* Stephens, 1829 prisutnih u Hrvatskoj

Rezultat filogenetske analize roda *Chaetopteryx* na temelju molekularnog biljega *COI* jest grananje analiziranih primjeraka u veći broj linija (Slika 36). Bazalnu liniju filogenetskog stabla čine primjerci vrste *C. major* te *C. gonospina* Marinković-Gospodnetić, 1966. Primjerak HGCAD052-10 morfološki određen kao *C. buhari* s visokom podržanošću se grupira s *C. gonospina* (Slika 36). ABGD analiza oba primjerka svrstava u jednu grupu (grupa 18 kod inicijalne particije 0,007). Primjerak vrste *C. major* iz Hrvatske (TCMAJ_1) grupiran je s visokom podržanošću s primjercima vrste *C. major* iz Austrije i Mađarske (Slika 36). Sljedeću liniju koja se odvaja čine primjerci vrste *C. aproka* Oláh, 2011 iz Rumunjske. Nadalje dolazi do slabo podržanog grananja dvije linije (A i B) (Slika 36). A liniju čini skupina koja sadrži primjerke vrste *C. gessneri* McLachlan, 1876, *C. villosa* (Fabricius, 1798), *C. fusca* Brauer, 1857, *C. bosniaca* Marinković-Gospodnetić, 1959, *C. moretii* Lodovici & Valle 2000 i *Chaetopterygopsis maclachlani* (Stein, 1874) (Slika 36). B liniju čini bazalna vrsta *C. marinkovicae* Malicky & Krušnik, 1988 te skupina B1 s primjercima vrste: *C. rugulosa* Kolenati, 1848, *C. noricum* Malicky, 1976, *C. mecsekensis* Nogradi, 1986, *C. clara* McLachlan, 1876, *C. goricensis* Malicky & Krušnik, 1986, *C. irinae* Krušnik & Malicky, 1986, *C. buhari*, *C. schmidi* Botosaneanu, 1957 (Slika 36). B1 linija dijeli se na tri grupe: B 1.1, B 1.2. i B 1.3. Grupa B 1.1 sastoji od 6 podgrupa (linije u politomiji). Primjerci TCSCH_1, TCSCH_2, TCPSU_1f i TCPSU_2m, morfološki određeni kao *C. schmidi* (Slika 35), međusobno su grupirali s visokom podržanošću (Slika 36). Zajedno s vrstom *C. rugulosa* iz Slovenije i Hrvatske s lokaliteta na Medvednici čine podgrupu B 1.1.1., dok su primjerci iste vrste s lokaliteta Žumberak i Samoborsko gorje u podgrupi B 1.1.3. Grupa B 1.3. sadrži jedinke morfološki određene kao *C. schmidi* iz Srbije i Rumunjske, *C. papukensis* i *C. mecsekensis* iz Hrvatske (Slika 36).

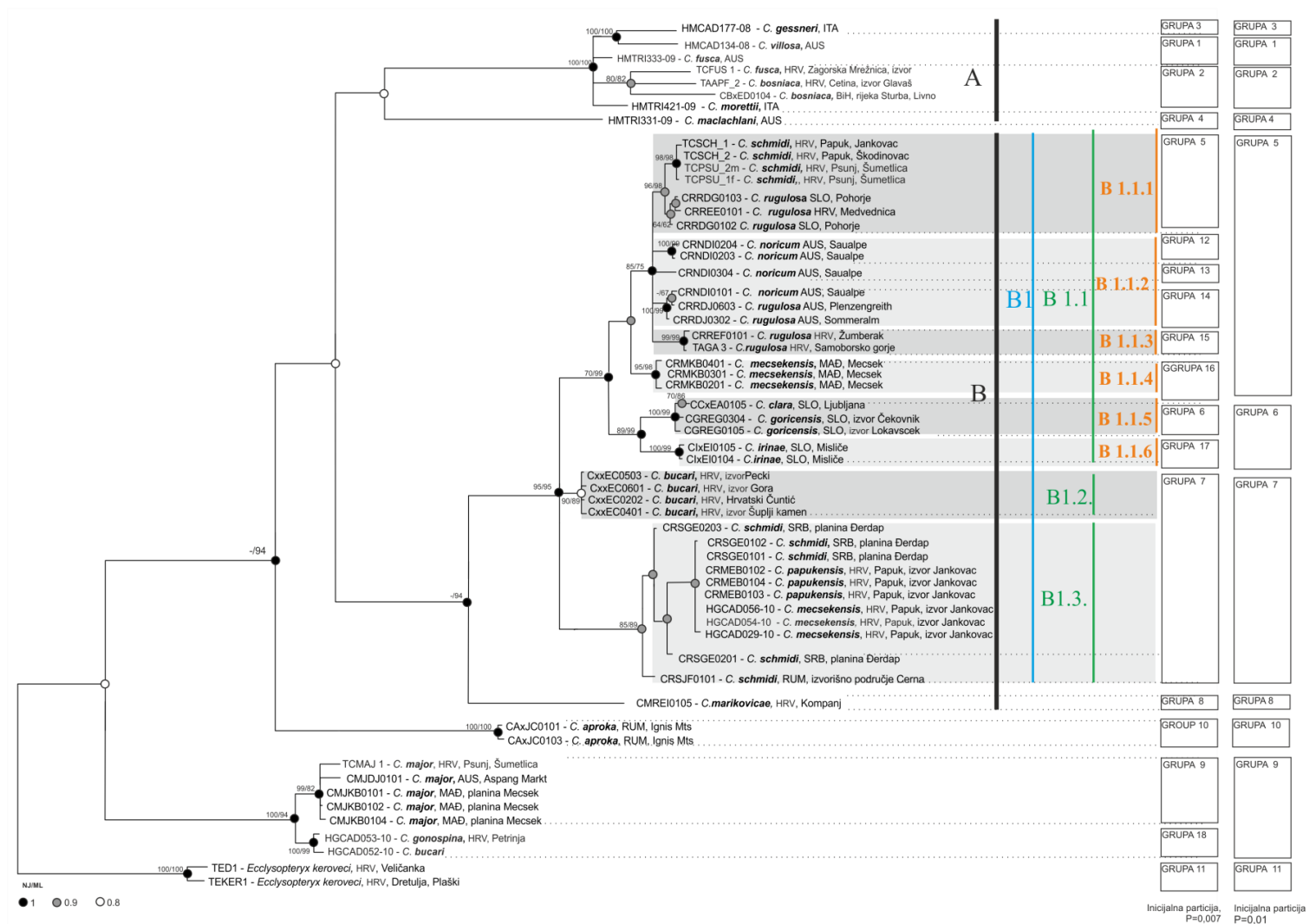
ABGD analiza svrstala je uzorke iz ovog rada u 18 grupa kod inicijalne particije s maksimalnom vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,007 i u 11 grupa kod inicijalne particije s maksimalnom vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,01 (Slika 36). Broj grupa kod inicijalne particije 0,007 više odgovara morfološkoj podjeli analiziranih primjeraka. Kod inicijalne particije 0,01 u jednu grupu (grupa 5) svrstani su primjerci TCSCH_1, TCSCH_2, TCPSU_1f i TCPSU_2m, primjerci određeni kao *C. rugulosa*, *C. noricum*, *C. rugulosa mecsekensis*. Ti isti primjerci su kod particije 0,007 podijeljeni u 6 grupa. Kod obje

vrijednosti particija primjerci TCSCH_1, TCSCH_2, TCPSU_1f i TCPSU_2m grupiraju se s *C. rugulosa* iz Slovenije i Hrvatske (grupa B 1.1.1., ABGD grupa 5). Kod inicijalne particije 0,01 *C. major* i *C. gonospina* svrstani su u jednu grupu (grupa 9). Kod inicijalne particije 0,007 ovi primjerci se odvajaju u dvije grupe: *C. major* (grupa 9) i *C. gonospina* (grupa 18). Prema ABGD analizi bez obzira na vrijednost inicijalne particije vrste roda *Chaetopteryx* prikupljeni na izvoru Jankovac na Papuku se odvajaju u dvije grupe, potencijalne vrste (grupa 5 i grupa 7) (Slika 36).



Slika 35. A-C. Izgled genitalnog aparata mužjaka TCSCH_1, morfološki određeni kao *C. schmidi*: A – lateralni, B – kaudalni izgled, C – izgled cijele životinje (Foto: Mladen Kučinić).

Primjerak TCSCH_1 prikupljen na izvoru Jakovac, Papuk ima identičan haplotip kao i TCPSU_1f, TCPSU_2m koji su prikupljeni na izvoru Šumetlica, Pšunje te kao primjerak TCSCH_2 prikupljen na izvoru Škodinovac, Bastaji. Najmanja genetska udaljenost između navedenih primjeraka zabilježena je s vrstom *C. rugulosa*, grupe B 1.1.1 i B.1.1.3 (1,7%), a najveća između vrsta *C. major* i *C. gonospina* (14,3%) (Tablica 30). Primjerci TCSCH_1, TCSCH_1, TCPSU_1f i TCPSU_2m se od vrste *C. schmidi*, grupa B 1.3, razlikuju 5,7%. Navedena četiri primjerka se od vrste *C. mecsekensis*, grupa B 1.3 (HGCAD056-10, HGCAD055-10, HGCAD054-10, HGCAD029-10) razlikuju 5,9%. Unutar grupe B 1.3 različito morfološki određeni primjerci genetski se razlikuju 1,5% (*C. schmidi* iz Srbije i Rumunjske, *C. mecsekensis* iz Hrvatske, *C. papukensis* iz Hrvatske) (Tablica 30).



Slika 36. Filogenetsko stablo konstruirano Bayesian metodom na temelju DNA barkod regije vrsta roda *Chaetopteryx*. Crni krugovi na čvorovima označavaju BPP>0.95, sivi 0.8 < BPP ≤ 0.95 i bijeli BPP ≤ 0.8. Brojevi na granama označavaju BS vrijednosti metoda NJ/ML. BS vrijednosti manje od 60 nisu prikazane. Na desnoj strani su označene su grupe kao rezultat ABGD analize pri inicijalnoj particiji P=0,007 i P=0,01. Kratice označavaju države ITA =Italija, AUS =Austrija, HRV =Hrvatska, BiH =Bosna i Hercegovina, SRB =Srbija, MAD= Mađarska, SLO= Slovenija, RUM =Rumunjska

Tablica 30. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) DNA barkod regije (mitohondrijski *COI* gen) za vrste roda *Chaetopteryx* i *Ecclisopteryx keroveci* (vanjska vrsta). Zadebljani brojevi predstavljaju intraspecifične vrijednosti. Brojčano numeričke oznake odnose se na filogentske grupe (Slika 36).

| % | <i>C. fusca</i> | <i>C. bosniaca</i> | <i>C. schmidi</i> TCPSU 1, TCPSU 2 | TCSCH 1, TCSCH 2 | <i>C. rugulosa</i> (B 1.1.1) | <i>C. mecsekensis</i> (B 1.1.4., Mađarska) | <i>C. bucari</i> | <i>C. schmidi</i> (B. 1. 3., Srbija, Rumunjska) | <i>C. mecsekensis</i> (B. 1. 3., Papuk) | <i>C. marinkovicae</i> | <i>C. major</i> | <i>C. gonospina</i> |
|--|-----------------|--------------------|--|---------------------|---------------------------------|--|------------------|--|---|------------------------|-----------------|---------------------|
| <i>C. fusca</i> | 0,1 | | | | | | | | | | | |
| <i>C. bosniaca</i> | 1,2 | 1,5 | | | | | | | | | | |
| <i>C. schmidi</i> TCPSU 1, TCPSU 2 | 12,6 | 12,9 | 0 | | | | | | | | | |
| TCSCH 1, TCSCH 2 | 12,6 | 12,9 | 0 | 0 | | | | | | | | |
| <i>C. rugulosa</i> (B 1.1.1) | 12,7 | 13,3 | 1,7 | 1,7 | 1,7 | | | | | | | |
| <i>C. mecsekensis</i> (B 1.1.4. Mađarska) | 11,8 | 11,8 | 3,1 | 3,1 | 3 | 0,2 | | | | | | |
| <i>C. bucari</i> | 12,3 | 12,2 | 5 | 5 | 4,4 | 4,4 | 0,2 | | | | | |
| <i>C. schmidi</i> (B. 1. 3., Srbija, Rumunjska) | 12,4 | 12,2 | 5,7 | 5,7 | 5,4 | 4,7 | 2,1 | 0,5 | | | | |
| <i>C. mecsekensis</i> (B. 1. 3., Papuk) | 12,3 | 12,3 | 5,9 | 5,9 | 5,4 | 5,4 | 2,4 | 1,5 | 0,3 | | | |
| <i>C. marinkovicae</i> | 11,7 | 11,6 | 9 | 9 | 9,3 | 8,8 | 8,8 | 8,6 | 8,6 | - | | |
| <i>C. major</i> | 15,3 | 15,4 | 14,2 | 14,2 | 14,2 | 13,8 | 14 | 11,4 | 14,6 | 12,8 | 1,7 | |
| <i>C. gonospina</i> | 14,6 | 14,7 | 14,3 | 14,3 | 14,1 | 13,8 | 13,4 | 14,4 | 14,5 | 13,5 | 3,4 | 0,5 |
| <i>E. keroveci</i> | 14,4 | 14 | 16 | 16 | 16 | 15,7 | 15,2 | 15,3 | 15,3 | 15,1 | 15,2 | 15,5 |

4.1.2. Osvrt na vrste iz roda *Potamophylax* Wallengren, 1891 u Hrvatskoj

Vrsta *P. cingulatus* (TPCIN_1) iz Hrvatske grupira se s ostalim primjercima iz Europe s visokom podržanošću (Slika 39 1. dio). Ova se haplotip grupira s primjercima iz Austrije, Češke i Njemačke. Filogenetska analiza ukazuje da unutar ove vrste postoji nekoliko linija/grupa koje odgovaraju geografskim cjelinama. Tako se odvaja prva grupa haplotipova Sjeverne Europe i Sjeverne Amerike sa Španjolskom, tzv. sjeverna grupa kojoj pripadaju primjerci iz Finske, Norveške, Belgije, Njemačke, Sjedinjenih Američkih Država, Španjolske, a unutar ove grupe izdvaja se linija primjeraka s Islanda (Slika 39, 1. dio). Ovoj sjevernoj grupi sestrinska je grupa haplotipova iz središnje Europe, tzv. srednjeeuropska grupa kojoj pripadaju primjerci iz Austrije, Njemačke, Češke i Hrvatske (Slika 39, 1. dio). Treću grupu čine primjerci iz Južne Europe, tzv. južna grupa kojoj pripadaju primjerci iz Francuske, Italije (Slika 39, 1. dio). Filogenetsko stablo nije podržalo postojanje morfološki određene podvrste *P. cingulatus alpinus*, već je smještena unutar vrste *P. cingulatus* srednjeeuropske grupe (Slika 39, 1. dio). Raspon genetske udaljenosti između uzoraka vrste *P. cingulatus* iz Hrvatske i iz Europe iznosu 1,6%-9,3% (Tablica 31).

Primjerci TPLAT_1, TPLAT_2, TPLAT_3, TPLAT_4, TPROT_2 iz Hrvatske morfološki određeni kao *P. latipennis* (Slika 37) grupirali su se unutar vrste *P. cingulatus*, a ne s primjercima vrste *P. latipennis* iz Europe (Slika 39, 1. dio). Ovih 5 primjerka čine zasebnu genetsku liniju unutar vrste *P. cingulatus*. Raspon vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih između *P. latipennis* iz Hrvatske i *P. latipennis* iz Europe (5,8-11,2%) veća je nego između *P. latipennis* iz Hrvatske i *P. cingulatus* (5,4-9,7%) (Tablica 31). Raspon vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih distanci između *P. latipennis* i *P. cingulatus* iz Hrvatske je 6,6-7,8 %, što je u jednakom rasponu genetskih distanci *P. latipennis* iz Hrvatske i *P. cingulatus* iz Europe (5,4-9,7%) te *P. latipennis* iz Hrvatske s *P. latipennis* iz Europe (5,8-11,2%) (Tablica 31). ABGD analiza svrstala je primjerke obje morfološki određene vrste *P. latipennis* i *P. cingulatus* u jednu grupu, hipotetsku vrstu (grupa 1, Slika 39, 1. dio).

Uzorak vrste *P. nigricornis* iz Hrvatske grupira se s visokom podržanošću (NJ 99 i ML 96) s primjercima iz Austrije (HMTRI167-08 i BHMKK198-12) (Slika 39, 2. dio). Na filogenetskom stablu jasno je da se *P. nigricornis* iz Hrvatske grupira s visokom podrškom zajedno s primjercima iz Austrije (Slika 39, 2. dio). Maksimalna intraspecifična vrijednosti između (primjeraka iz Austrije i Hrvatske) i ostalih sekvenci *P. nigricornis* iznosi 6,6%

(Tablica 31). ABGD analiza svrstava sve primjerke *P. nigricornis* u jednu grupu, hipotetsku vrstu (grupa 4) (Slika 39, 2. dio).



Slika 37. A-F. Lateralni izgled muškog genitalnog aparata vrsta roda *Potamophylax*: A - *P. latipennis*, TPLAT_2, B - lateralni izgled *P. cingulatus*, TPCIN_1, C - *P. latipennis* primjerak TPLAT_3, rijeka Zrmanja, izvor, D - *P. latipennis*, primjerak TPLAT_4, rijeka Rječina, izvor, E - *P. latipennis*, primjerak TPLAT_1, rijeka Una, Srb, F - *P. latipennis*, primjerak TPLAT_7, rijeka Gacka, izvor Tonkovića vrilo (Foto: Mladen Kučinić).



Slika 38. Ventralni izgled genitalnog aparata ženke: A – *P. latipennis*, TPROT_2 (Foto: Mladen Kučinić).

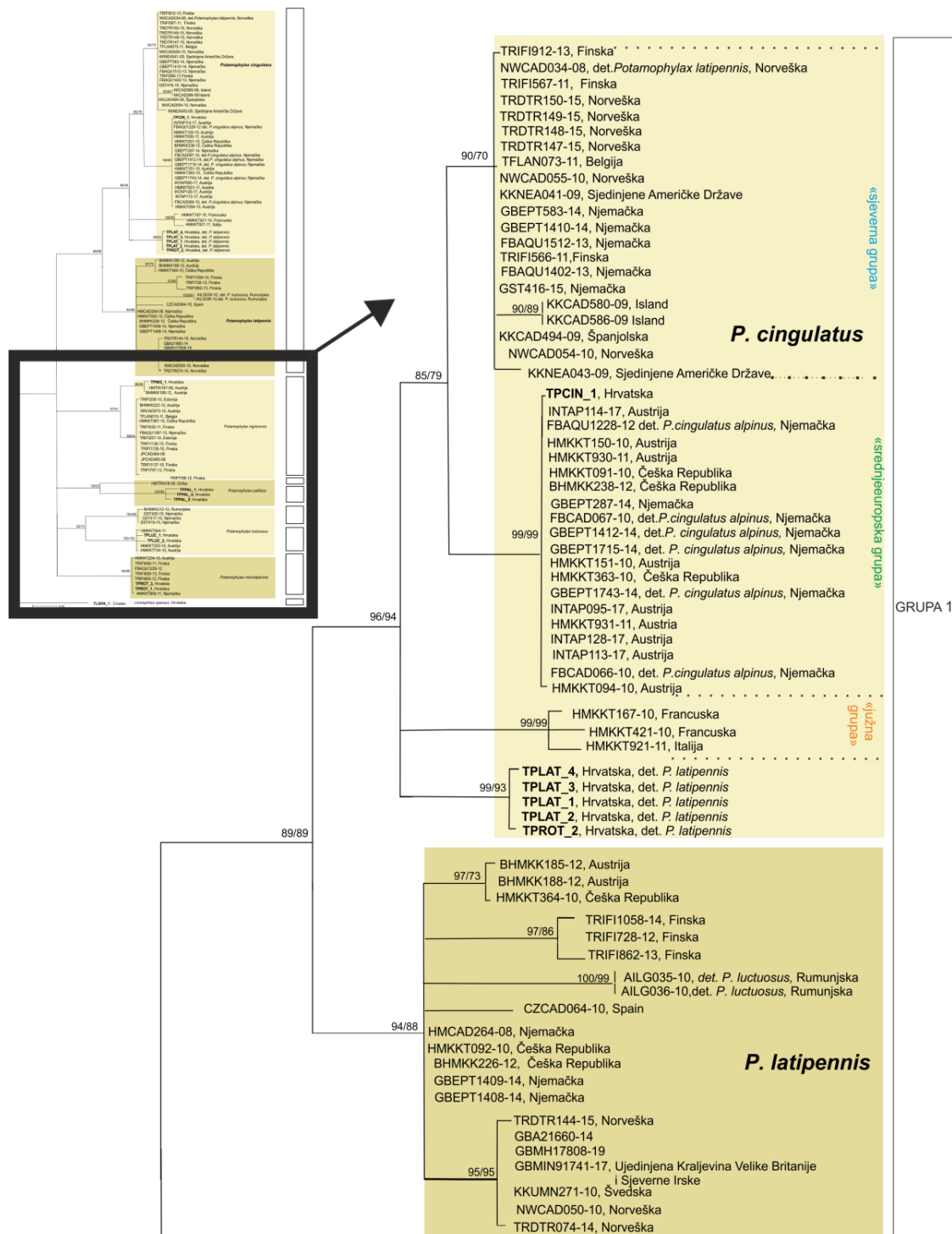
Primjerci TPPAL_1, TPPAL_4, TPPAL_5 vrste *P. pallidus* iz Hrvatske grupirani su unutar dobro podržane grupe (Slika 39, 2. dio). Haplotip iz Grčke HMTRI418-09 izdvaja se u zasebnu liniju (Slika 39, 2. dio). Visoka vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih distanci između *P. pallidus* iz Hrvatske i Grčke ukazuje na mogućnost da se radi o duboko divergentim linijama (10,5-10,9%, Tablica 31). Također, ABGD analiza svrstala je primjerke *P. pallidus* u dvije grupe: *P. pallidus* iz Hrvatske u grupu 5, a *P. pallidus* iz Grčke u grupu 6 (Slika 39, 2. dio).

Na filogenetskom stablu dobro podržano razdvajanje dvije duboko odijeljene linije unutar vrste *P. luctuosus* (Slika 39, 2. dio). Primjerci vrste *P. luctuosus* iz Hrvatske grupirani su s primjercima iz Austrije, a odvojeni od primjeraka iz Njemačke i Rumunjske (Slika 39, 2. dio). ABGD analiza svrstala je primjerke vrste *P. luctuosus* u dvije grupe, potencijalne vrste: *P. luctuosus* iz Hrvatske i Austrije u grupu 2, a primjerke iz Grčke i Njemačke u grupu 3 (Slika 39, 2. dio). Raspon nekorigiranih udvojenih genetskih distanci između *P. luctuosus* iz Hrvatske i *P. luctuosus* iz Austrije (ABGD grupa 2) iznosi 0,8-1,2%, dok je ta vrijednost između *P. luctuosus* iz Hrvatske (ABGD grupa 2) te *P. luctuosus* iz Njemačke i Rumunjske (ABGD grupa 3) 13,2% što ukazuje na mogućnost da se radi o duboko divergentim linijama (Tablica 31).

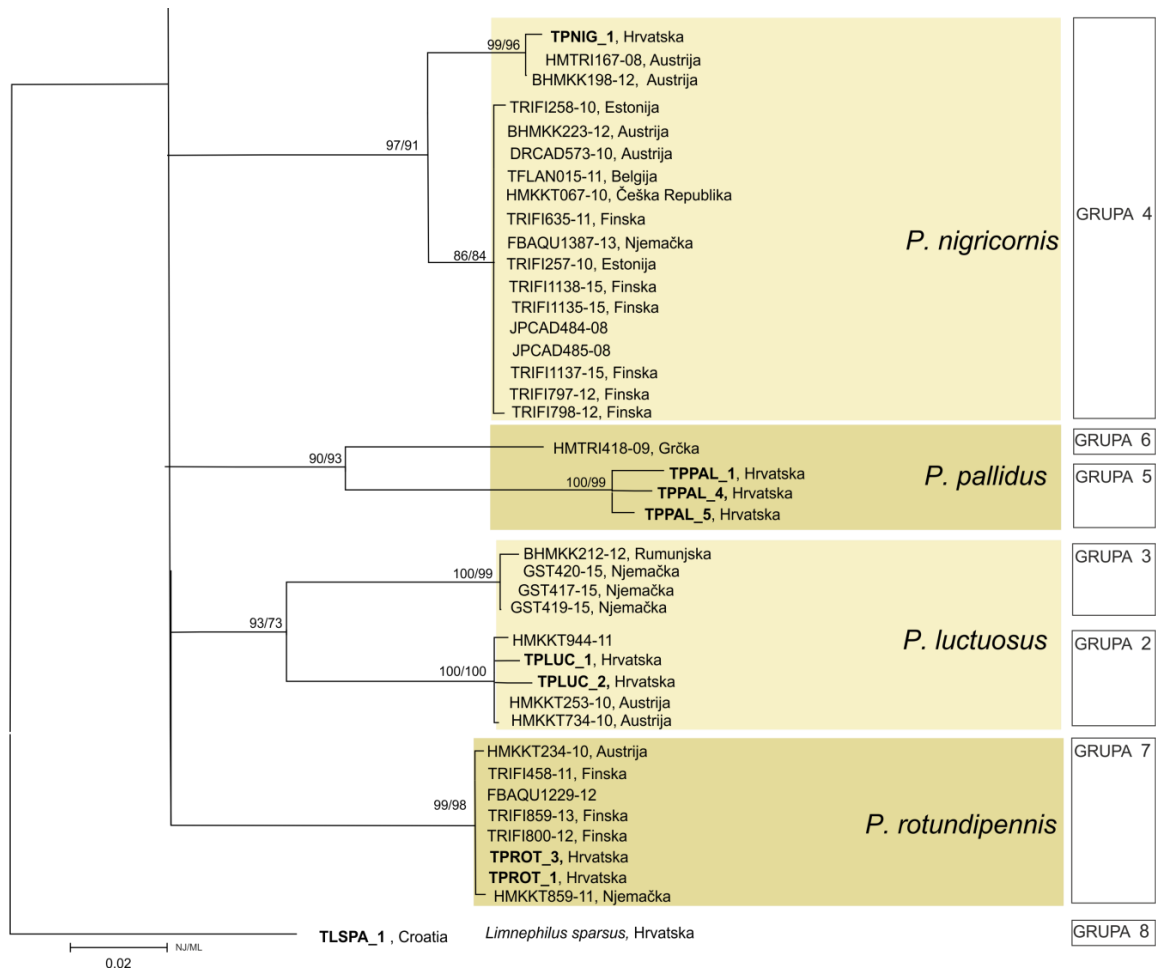
Svi primjerci vrste *P. rotundipennis* grupiraju se s visokom podržanošću u jednu monofiletsku grupu (Slika 39, 2. dio). ABGD analiza također svrstava sve primjerke *P. rotundipennis* u jednu grupu (grupa 7, Slika 39, 2. dio). Raspon vrijednost p-distanci između *P. rotundipennis* iz Hrvatske i drugih dijelova Europe iznosi od 0,4% do 4,7% (Tablica 31).

Tablica 31. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) za DNA barkod regiju (mitohondrijski *COI* gen) izražene u postotcima za vrste roda *Potamophylax* i vrstu *Limnephilus sparsus* koja je uzeta kao vanjska grupa. Zadebljanim brojevima su označene intraspecifične vrijednosti.

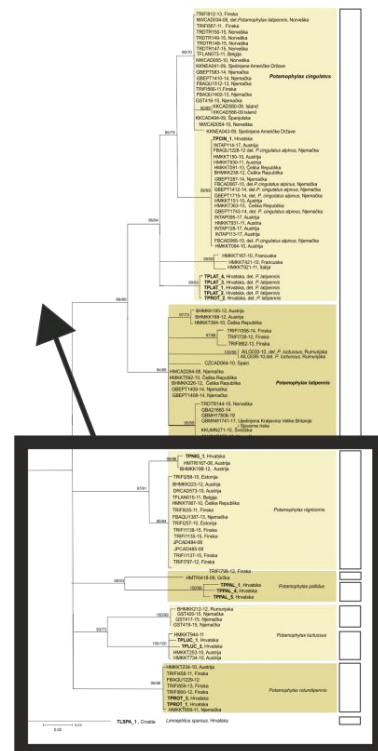
| | <i>P. cingulatus</i> , Hrvatska | <i>P. cingulatus</i> , Europa | <i>P. latipennis</i> , Hrvatska | <i>P. latipennis</i> , Europa | <i>P. luctuosus</i> , Hrvatska | <i>P. luctuosus</i> , Europa | <i>P. nigricornis</i> | <i>P. pallidus</i> , Hrvatska | <i>P. pallidus</i> , Europa | <i>P. rotundipennis</i> |
|---------------------------------|---------------------------------|-------------------------------|---------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|------------------------------|-----------------------|-------------------------------|-----------------------------|-------------------------|
| <i>P. cingulatus</i> , Hrvatska | - | | | | | | | | | |
| <i>P. cingulatus</i> , Europa | 1,6-9,3 | 0-10,5 | | | | | | | | |
| <i>P. latipennis</i> , Hrvatska | 6,6-7,8 | 5,4-9,7 | 0,4-1,2 | | | | | | | |
| <i>P. latipennis</i> , Europa | 5,8-13,2 | 8,9-14,7 | 5,8-11,2 | 0-5,8 | | | | | | |
| <i>P. luctuosus</i> Hrvatska | 15,1-15,9 | 15,1-17,4 | 14,7-15,1 | 13,6-15,9 | 0,8 | | | | | |
| <i>P. luctuosus</i> , Europa | 14-15,9 | 12,8-17,4 | 12-14,7 | 5-15,1 | 0,8-13,2 | 0-12,8 | | | | |
| <i>P. nigricornis</i> | 14-14,7 | 13,2-17,4 | 13,6-15,5 | 12-14,3 | 13,6-14,7 | 11,6-17,1 | 0-6,6 | | | |
| <i>P. pallidus</i> , Hrvatska | 17,8-18,2 | 15,1-19,8 | 14,3-15,1 | 15,5-19 | 15,1-16,3 | 14,7-17,4 | 14,7-17,4 | 0,8-2,3 | | |
| <i>P. pallidus</i> , Europa | 15,5 | 13,6-17,1 | 10,9-11,6 | 13,2-15,1 | 13,6-14 | 13,2-14,3 | 12-13,2 | 10,5-10,9 | - | |
| <i>P. rotundipennis</i> | 13,6-17,1 | 13,2-18,6 | 12-14,7 | 13,2-17,1 | 10,9-13,6 | 10,1-14,3 | 10,5-15,5 | 17,4-19 | 14-14,7 | 0-5,4 |
| <i>Limnephilus sparsus</i> | 17,1 | 17,1-19,8 | 17,4-18,2 | 16,3-17,4 | 16,3 | 14,7-15,9 | 15,1-16,3 | 17 | 16,3 | 13,6-15,5 |



Slika 39. **1. dio** filogenetskog stabla konstruiranog metodom najveće vjerojatnosti temeljeno na DNA barkod regiji na kojem su vidljivi odnosi između vrsta roda *Potamophylax* i *Limnephilus sparsus* (vanjska grupa). Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 80 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale u ovom radu. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste. Bojama su naznačene filogenetske grupe unutar vrste *P. cingulatus*. Kratica det. označava morfološki određenu svojtu.



Slika 39. **2. dio** filogenetskog stabla konstruiranog metodom najveće vjerojatnosti temeljeno na DNA barkod regiji na kojem su vidljivi odnosi između vrsta roda *Potamophylax* i *Limnephilus sparsus* (vanjska grupa). Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 80 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale u ovom radu. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste. Kratica det. označava morfološki određenu svojtu.

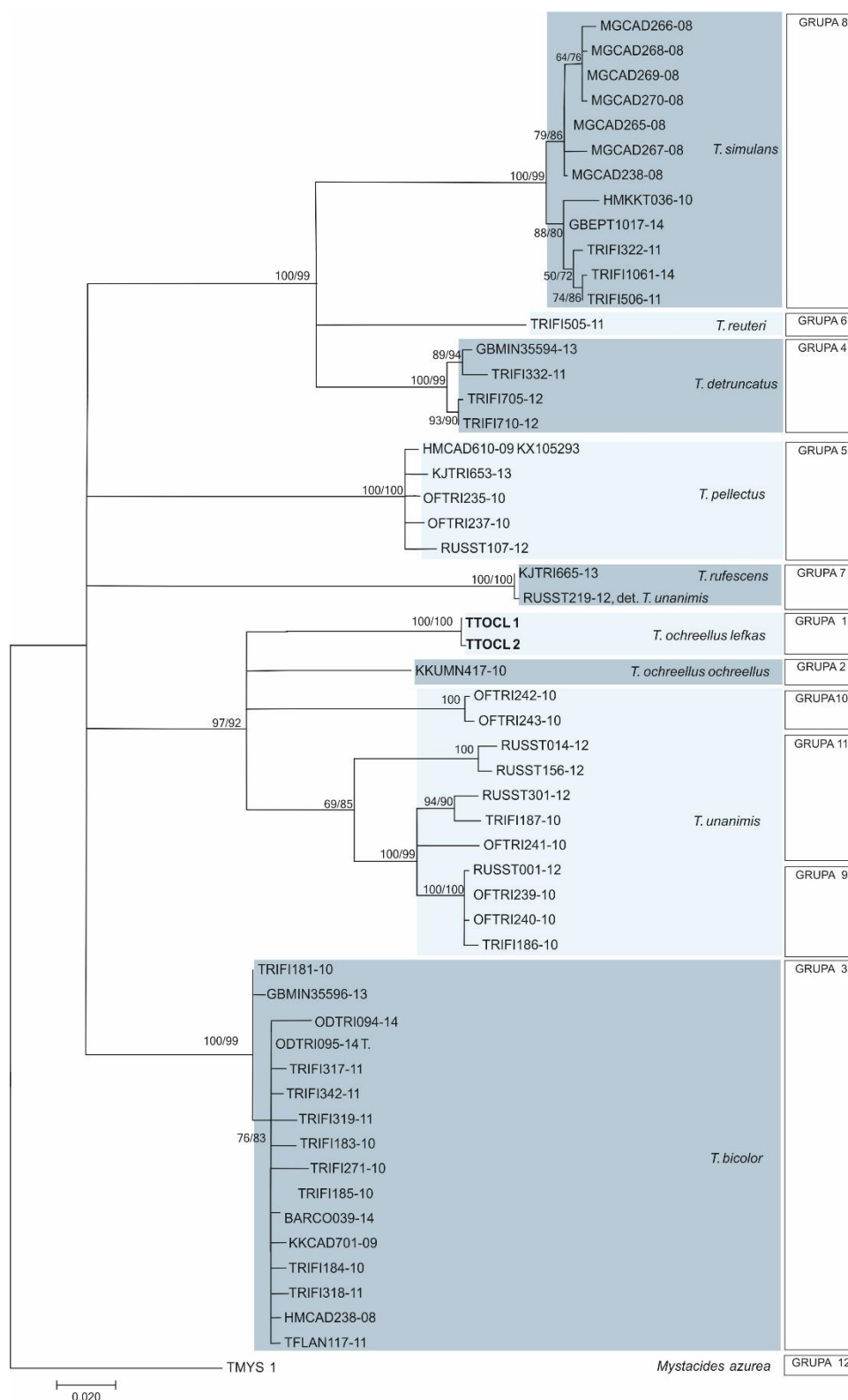


4.1.3. Taksonomski status podvrste *Triaenodes ochreellus lefkas*, Malicky 1974

BOLD Identification Engine odredio je DNA barkod sekvence *T. ochreellus lefkas* iz Hrvatske: TTOCL_1 (Slika 40) s 90,48% sličnosti, a TTLOC_2 s 90,63% sličnosti s postojećom sekvencom *T. ochreellus ochreellus* iz Španjolske (ID uzorka 09MNKK0409, ID sekvence KKUMN417-10) (PRILOG 19). Filogenetsko stablo rezultiralo je visoko podržanim grupiranjem uzoraka TTOCL_1 i TTOCL_2 u zasebnu grupu od ostalih vrsta roda *Triaenodes* (Slika 41). ABGD analiza svrstala je primjerke *T. ochreellus lefkas* u zasebnu grupu 1 dok su primjerci druge podvrste *T. ochreellus ochreellus* odvojeni u grupu 2 (Slika 41). Vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između TTOCL_1 i KKUMN417-10 iznosi 10,2% (Tablica 32). Prosječna intraspecifična genetska udaljenost između vrsta roda *Triaenodes* korištenih u ovoj analizi iznosi 1,7%, od koje odskaču maksimalne vrijednosti unutar vrste *T. ochreellus* (10,2%) te maksimalne vrijednosti unutar vrste *T. unanimis* (18,7%). Najmanja interspecifična vrijednost između vrsta roda *Triaenodes* korištenih u ovoj analizi iznosi 10,6% između *T. reuteri* i *T. detruncatus*, a najveća vrijednost iznosi 20,4% između *T. unanimis* te *T. ochreellus* i *T. simulans* (Tablica 32).



Slika 40. A-B. Izgled vrste *T. ochreellus lefkas*: A - primjerak TTOCL_1 prikupljen na lokaciji rijeka Neretva, Opuzen, B – lateralni izgled genitalnog aparata mužjaka. (Foto: Mladen Kučinić).



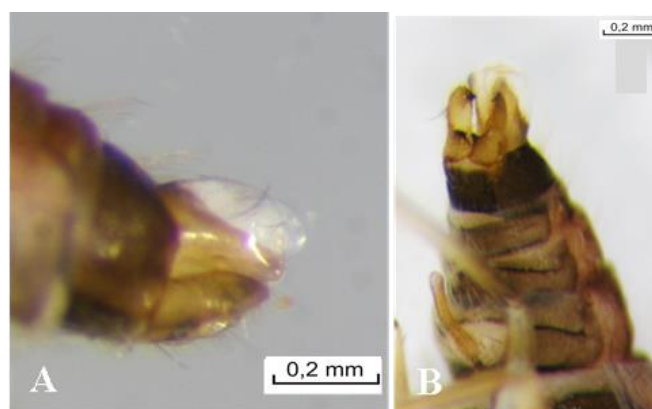
Slika 41. Filogenetsko stablo konstruirano metodom najveće vjerojatnosti temeljeno na fragmentu *COI* (DNA barkod regija) na kojem su vidljivi odnosi između vrsta roda *Triadenodes* te *Mystacides azurea* (vanjska vrsta). Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 70 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale u ovom radu. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste.

Tablica 32. Rasponi nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) za DNA barkod regiju (mitohondrijski *COI* gen), između vrsta roda *Triaenodes* te *Mystacides azurea* (vanjske grupa). Zadebljanim brojevima označene su intraspecifične vrijednosti.

| | <i>T. ochreellus</i> | <i>T. bicolor</i> | <i>T. detruncatus</i> | <i>T. pellectus</i> | <i>T. reuteri</i> | <i>T. rufescens</i> | <i>T. simulans</i> | <i>T. unanimis</i> |
|--------------------------|----------------------|-------------------|-----------------------|---------------------|-------------------|---------------------|--------------------|--------------------|
| <i>T. ochreellus</i> | 0-10,2 | | | | | | | |
| <i>T. bicolor</i> | 14,6-16,5 | 0,2-1,7 | | | | | | |
| <i>T. detruncatus</i> | 15,4-18,1 | 14-16,7 | 0,2-1,7 | | | | | |
| <i>T. pellectus</i> | 14,2-15,9 | 12,7-14,9 | 13,7-16,1 | 0,2-1,7 | | | | |
| <i>T. reuteri</i> | 15,7-17,4 | 14,5-15,8 | 10,6-12,1 | 14,7-15,3 | 0 | | | |
| <i>T. rufescens</i> | 15,9-18,6 | 16,1-19,7 | 19,2-19,7 | 18,2-18,9 | 19,4 | 0 | | |
| <i>T. simulans</i> | 16,5- 20,4 | 15,7- 18,4 | 11,0- 13,4 | 14,9-16,5 | 11,4-12,4 | 18,7-20,6 | 0,2-3,3 | |
| <i>T. unanimis</i> | 10,6-18,6 | 13,3-17,7 | 15,6-19,5 | 13,8-18,9 | 15,1-19,6 | 0,2-18,7 | 16,1-20,4 | 0,2-18,7 |
| <i>Mystacides azurea</i> | 17,4-18,2 | 15,2-16,7 | 18,5-0,19,4 | 17,6-18,2 | 17,8 | 20,8 | 19,2-20,6 | 16,2-20,8 |

4.1.4. Potencijalno nova vrsta za znanost *Agapetus* cf. *fuscipes*

Na izvoru Ljute u Konavlima prikupljen je mužjak roda *Agapetus* Curtis, 1834 morfološki najbližiji vrsti *A. fuscipes* Curtis, 1834 (Slika 42). BOLD Identification Engine nije uspio odrediti sekvence *Agapetus* cf. *fuscipes* iz Hrvatske (TAFUS_1, TAFUS_2, TAFUS_3, TAFUS_4) do razine vrste te je naveo vrstu *A. slavorum* kao najbližiju s 87% sličnosti (PRILOG 19).

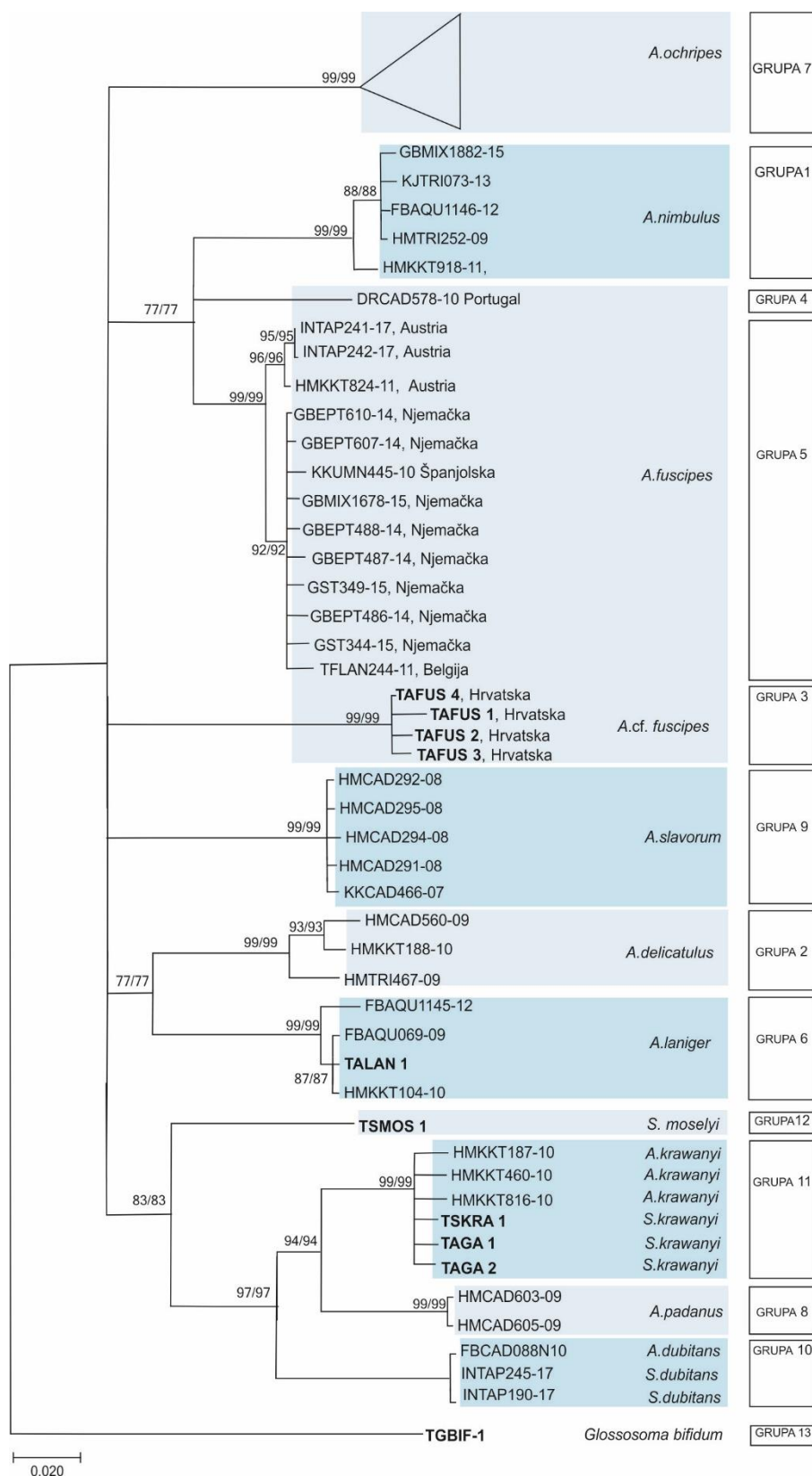


Slika 42. A-C. Morfološki izgled genitalnog aparata mužjaka vrste *Agapetus* cf. *fuscipes* lateralni izgled (A) i ventralni izgled (B) (Foto:Mladen Kučinić).

Filogenetsko stablo konstruirano metodom najveće vjerojatnosti rezultiralo je grupiranjem svih primjeraka *A. cf. fuscipes* (TAFUS_1, TAFUS_2, TAFUS_3, TAFUS_4) u zasebnu grupu (Slika 43). Rezultat ABGD analize ide u prilog mogućnosti da se radi novoj vrsti i odvajaju navedene primjerke u zasebnu grupu 3, dok su primjerci *A. fuscipes* iz ostalih dijelova Europe u grupi 4 i 5. Haplotip DRCAD578-10 iz Portugala ABGD analiza svrstava u zasebnu grupu 4 dok su ostali haplotipovi vrste *A. fuscipes* su u grupi 5 (Slika 43).

Na filogenetskom stablu sekvence iz BOLD baze određene kao *Agapetus* (*A. krawanyi*, *A. padanus*, *A. dubitans*) grupirale sa vrstama iz roda *Synagapetus* (Slika 43). Vrsta *S. moselyi* (uzorak TSMOS_1) je duboko odijeljena linija koju ABGD analiza svrstava u zasebnu grupu (grupa 12, Slika 43). DNA barkod sekvencija primjeraka TSMOS_1 vrste *S. moselyi* predstavlja prvi unos ove vrste i podataka u BOLD bazu.

Genetske udaljenosti između linija *A. cf. fuscipes* i linije *A. fuscipes* iznosi 13,6% (Tablica 33). Minimalna interspecifična genetska udaljenost kod roda *Agapetus* zabilježena je između *A. laniger* i *A. delicatulus* te *A. nimbulus* i *A. fuscipes* (7,4%, Tablica 33). Maksimalna interspecifična genetska udaljenost zabilježena je između *A. padanus* i *A. ochripes* (18,6%, Tablica 33). Intraspecifična genetska udaljenost unutar *A. cf. fuscipes* iznosi 1%, a unutar *A. fuscipes* iz Europe 1,5% što je ujedno i maksimalna vrijednost kod roda *Agapetus*. Kod analiziranih primjeraka minimalna interspecifična genetska udaljenost između roda *Agapetus* i *Synagapetus* je u rangu minimalne vrijednosti unutar roda *Agapetus* (od 8,6% između *S. krawanyi* i *A. padanus*). Kod analiziranih primjeraka maksimalna interspecifična genetska udaljenost između roda *Agapetus* i *Synagapetus* je u rangu minimalne vrijednosti roda *Agapetus* i vanjske grupe *G. bifidum* (od 19,6% između *S. krawanyi* i *A. ochripes*, Tablica 33).



Slika 43. Filogenetsko stablo konstruirano metodom najveće vjerojatnosti temeljeno na fragmentu mt DNA na kojem su vidljivi odnosi između vrsta roda *Agapetus*, *Synagapetus* te *Glossosoma bifidum* (vanjska grupa). Na granama su označene bootstrap vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 70 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale u ovom radu. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste. Zbog velikog broja kolabirane sekvence *A. ochripes*, prikazane su trokutom.

Tablica 33. Srednja vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) za DNA barkod regiju (mitohondrijski *COI* gen), između vrsta roda *Agapetus*, *Synagapetus* i *Glossosoma bifidum* kao vanjske vrste. Zadebljanim brojevima su označene intraspecifične genetske udaljenosti.

| | <i>A. delicatulus</i> | <i>A. cf. fuscipes</i> | <i>A. fuscipes</i> | <i>A. laniger</i> | <i>A. nimbulus</i> | <i>A. ochripes</i> | <i>A. padanus</i> | <i>A. slavorum</i> | <i>S. moselyi</i> | <i>S. dubitans</i> | <i>S. krawanyi</i> | <i>Glossosoma</i> |
|------------------------|-----------------------|------------------------|--------------------|-------------------|--------------------|--------------------|-------------------|--------------------|-------------------|--------------------|--------------------|-------------------|
| <i>A. delicatulus</i> | 2,2 | | | | | | | | | | | |
| <i>A. cf. fuscipes</i> | 16,8 | 1,0 | | | | | | | | | | |
| <i>A. fuscipes</i> | 10,5 | 13,6 | 1,5 | | | | | | | | | |
| <i>A. laniger</i> | 7,4 | 18,5 | 9,1 | 1,3 | | | | | | | | |
| <i>A. nimbulus</i> | 11,8 | 14,6 | 7,4 | 10,9 | 1,0 | | | | | | | |
| <i>A. ochripes</i> | 13,9 | 15,9 | 10,4 | 11,8 | 14,1 | 0,1 | | | | | | |
| <i>A. padanus</i> | 15,2 | 17,7 | 15,2 | 11,9 | 17,1 | 18,6 | 0 | | | | | |
| <i>A. slavorum</i> | 12,6 | 12,4 | 10,1 | 10,4 | 12,4 | 13,5 | 16,1 | 0,6 | | | | |
| <i>S. moselyi</i> | 13,3 | 15,4 | 11,6 | 10,2 | 17,0 | 17,9 | 10,8 | 16,0 | 0 | | | |
| <i>S. dubitans</i> | 16,7 | 15,7 | 17,9 | 14,1 | 17,7 | 22,4 | 11,9 | 15,3 | 14,6 | 0 | | |
| <i>S. krawanyi</i> | 16,7 | 18,5 | 17,2 | 15,0 | 18,7 | 19,6 | 8,6 | 14,9 | 12,1 | 11 | 1,2 | |
| <i>Glossosoma</i> | 19,4 | 23,8 | 18,6 | 16,1 | 20,3 | 21,6 | 22,9 | 19,6 | 23,1 | 24 | 23,7 | 0 |

4.2. Povezivanje mužjaka i ženki metodom DNA barkodiranja

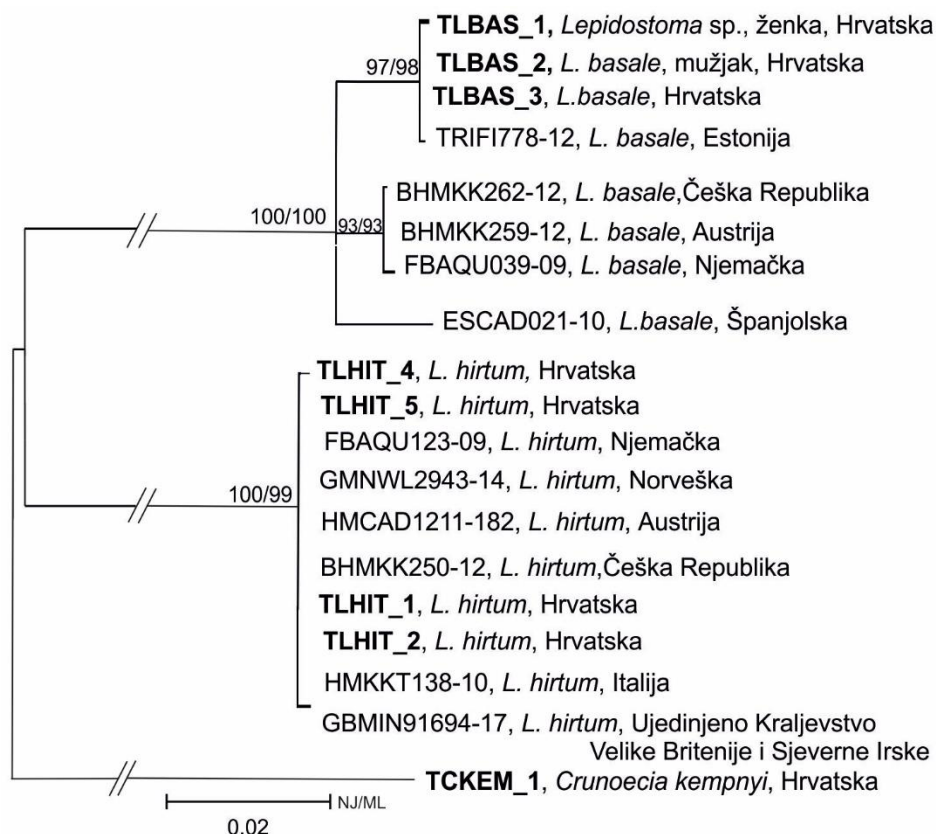
4.2.1. Povezivanje mužjaka i ženki vrste *Lepidostoma basale* Kolenati 1848

Na lokalitetu Pašina vrela kod sela Mečenčani prikupljen je mužjak koji je morfološki određen kao *L. basale*, TLBAS_2. Na istom lokalitetu prikupljena je ženka roda *Lepidostoma* koja najviše nalikuje vrsti *L. basale*, TLBAS_1 (Slika 44).



Slika 44. A-C. Genitalni aparat ženke vrste *Lepidostoma* sp. lateralna (A), ventralna (B) i dorzalna (C) strana.

Konstruirano filogenetsko stablo na temelju molekularnog biljega *COI* rezultiralo je grupiranjem ženke TLBAS_1 s mužjakom *L. basale* (TLBAS_2) s istog lokaliteta (Slika 45). Oba primjerka (TLBAS_1, TLBAS_2) grupirala su se s primjerkom iz Hrvatske (izvora Grab, TLBAS_3) i Estonije (TRIFI778-12). Ženke TLBAS_1 s visokom podržanošću grupira s ostalim primjercima vrste *L. basale* (Slika 45). Vrsta *L. hirtum* grupira se u zasebnu grupu s visokom pouzdanošću (Slika 45). Dodatnu sigurnost rezultatu da ženka TLBAS_1 pripada vrsti *L. basale* daje vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između ženke TLBAS_1 i mužjaka *L. basale* (TLBAS_2, TLBAS_3) koja iznosi 0,2% (Tablica 34). Vrijednost intraspecifične *p*-udaljenosti unutar *L. basale* u Europi iznosi od 0,1% do 2,4%. Vrijednost interspecifične *p*-udaljenosti između *L. basale* i *L. hirtum* iznosi od 15,1% do 16,3% (Tablica 34).



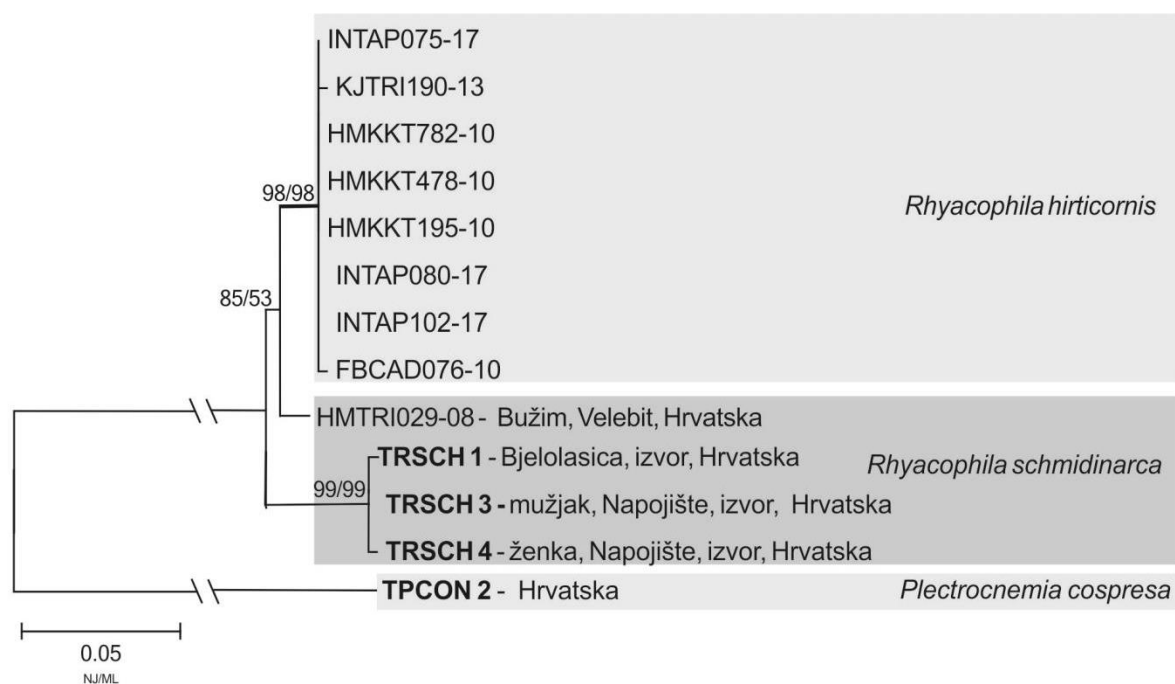
Slika 45. Filogenetsko stablo konstruirano metodom najveće vjerojatnosti temeljeno na fragmentu *COI* na kojem su vidljivi odnosi između ženke *Lepidostoma* sp. i drugih vrsta iz roda *Lepidostoma*. Za ukorjenjivanje stabala korištena je vrsta *Crunoecia kempnyi*. Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 80 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale u ovom radu.

Tablica 34. Rasponi nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) za DNA barkod regiju (mitohondrijski *COI* gen) u postotcima, unutar i između vrsta *Lepidostoma* i vanjske vrste *Crunoecia kempnyi*. Zadebljanim brojevima su označene intraspecifične vrijednosti.

| | <i>Lepidostoma</i> sp. ženka, Hrvatska | <i>L. basale</i> , Hrvatska | <i>L. basale</i> , Europa | <i>L. hirtum</i> | <i>Crunoecia</i> <i>kempnyi</i> |
|---|--|--------------------------------|------------------------------|------------------|------------------------------------|
| <i>Lepidostoma</i> sp. ženka, Hrvatska | - | | | | |
| <i>L. basale</i> , Hrvatska | 0-0,2 | 0,2 | | | |
| <i>L. basale</i> , Europa | 0,2-2,2 | 0,2-2,4 | 0,1-2,4 | | |
| <i>L. hirtum</i> | 15,6-16,2 | 15,6-16,2 | 15,1-16,3 | 0-0,9 | |
| <i>Crunoecia</i> <i>kempnyi</i> | 18,9 | 18,9-19,1 | 18,3-18,9 | 16,7-17,1 | - |

4.2.2. Povezivanje mužjaka i ženki vrste *Rhyacophila schmidinaria* Urbanič, Krušnik & Malicky 2000

Filogenetska analiza na temelju molekularnog biljega *COI* je dobro podržala grupiranje ženke TRSCH_4 s mužjakom vrste *R. schmidinaria*, TRSCH_3 (Slika 46). Svi primjerci vrste *R. schmidinaria* iz ovog rada grupiraju se u odijeljenu dobro podržanu grupu. Primjerak HMTRI029-08 vrste *R. schmidinaria* iz lokaliteta Bužim, Velebit svrstan je kao sestrinski vrsti *R. hirticornis*, ali to grupiranje nije dobro podržano *bootstrap* vrijednostima. Ženka TRSCH_4 ima identičan DNA barkod mužjaku vrste *R. schmidinaria*, TRSCH_3 (vrijednost p-distance je 0, Tablica 35). Raspon intraspecifične vrijednosti unutar *R. hirticornis* iznosi od 3,9% do 4,1%. Raspon interspecifična udvojena genetska udaljenost između vrsta *R. schmidinaria* i *R. hirticornis* iznosi 3,6% do 3,9 (Tablica 35).



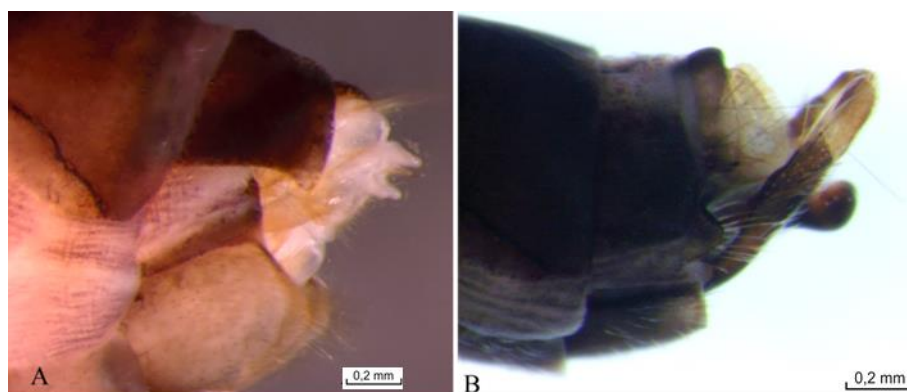
Slika 46. Filogenetsko stablo konstruirano metodom najveće vjerojatnosti temeljeno na DNA barkod regiji vrste *R. schmidinarica*. Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 50 nisu prikazane.

Tablica 35. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) izražene u postocima za vrste *R. schmidinarica* i *R. hirticornis* te vrstu *Plectrocnemia conspersa* koja je uzeta kao vanjska grupa. Zadebljanim brojevima su označene intraspecifične vrijednosti.

| | <i>R. schmidinarica</i> HMTRI029-08 | <i>R. schmidinarica</i> a TRSCH_1 | <i>R. schmidinarica</i> a TRSCH_3, m | <i>R. schmidinarica</i> a TRSCH_4, f | <i>R. hirticornis</i> | <i>Plectrocnemia conspersa</i> |
|--|--|---|--|--|-----------------------|--------------------------------|
| <i>R. schmidinarica</i> HMTRI029-08 | - | | | | | |
| <i>R. schmidinarica</i> TRSCH_1 | 3,6 | - | | | | |
| <i>R. schmidinarica</i> TRSCH_3, m | 3,9 | 0,3 | - | | | |
| <i>R. schmidinarica</i> TRSCH_4, f | 3,9 | 0,3 | 0 | - | | |
| <i>R. hirticornis</i> | 1,6-1,8 | 3,6-3,9 | 3,9-4,1 | 3,9-4,1 | 0-0,5 | - |
| <i>Plectrocnemia conspersa</i> | 33,9 | 34,1 | 34,1 | 34,1 | 33,9-34,4 | - |

4.2.3. Povezivanje mužjaka i ženki *Hydropsyche angustipennis* Curtis 1834 i potvrda nove vrste *Hydropsyche bulbifera* McLachlan, 1878 u fauni Hrvatske

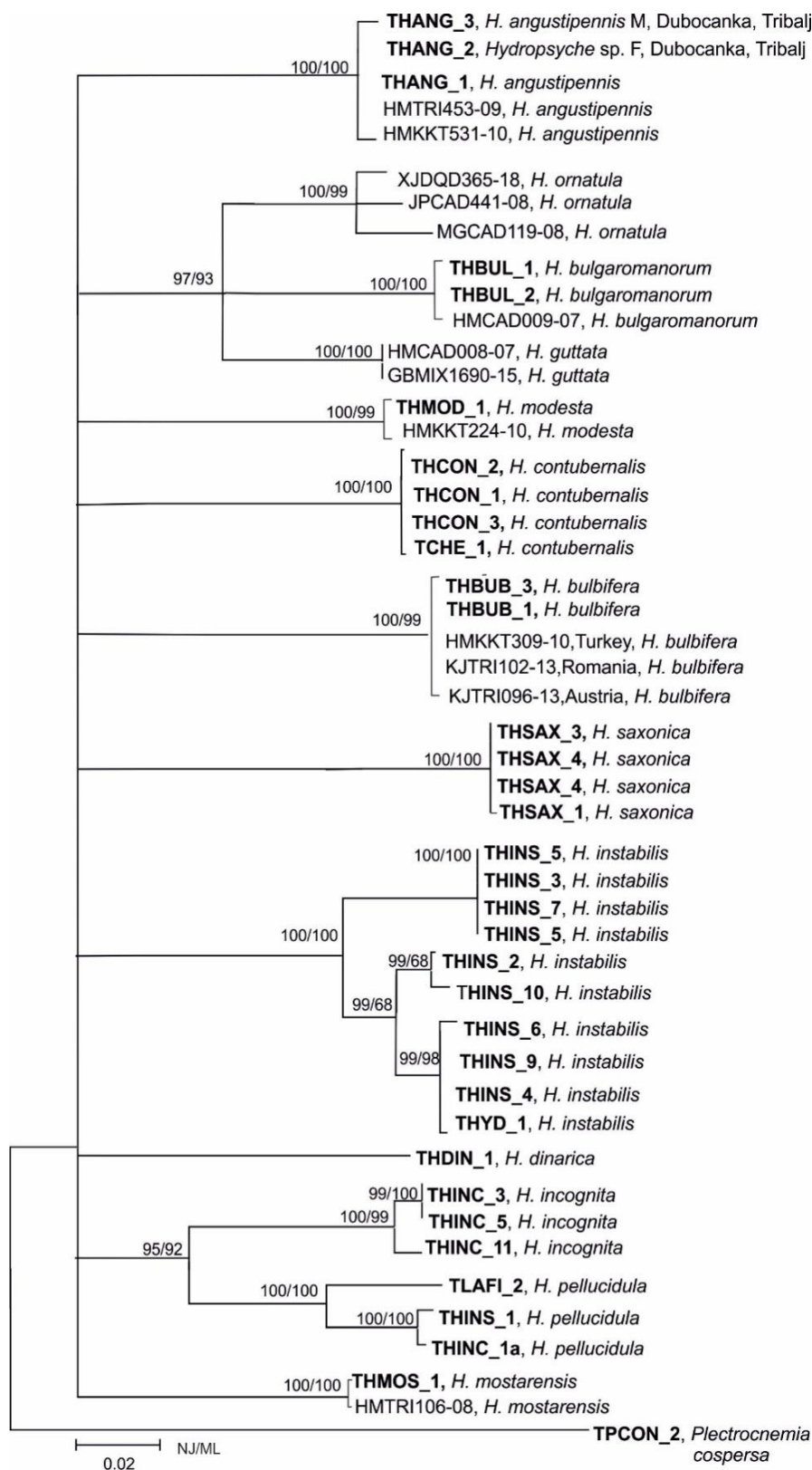
Na potoku Dubočanka blizu mjesta Tribalj prikupljen je mužjak koji je morfološki određen kao *H. angustipennis*, THANG_3 (Slika 47 B). Na istom lokalitetu prikupljena je ženka iz roda *Hydropsyche*, THANG_2 (Slika 47 A).



Slika 47. A-B. Lateralni izgled genitalnog aparata A –ženke *Hydropsyche* sp. i B – mužjaka vrste *H. angustipennis*.

Mužjak THANG_3 i ženka THANG_2 s istog lokaliteta grupirani su s visokom podržanošću unutar vrste *H. angustipennis* (Slika 48). Maksimalna vrijednost p-udaljnosti između ženke THANG_2 i vrste *H. angustipennis* je 1,7% što je u rangu intraspecifičnih genetskih udaljenosti unutar promatranih vrsta roda *Hydropsyche*. Raspon genetskih udaljenosti unutar promatranih vrsta roda *Hydropsyche* je od 0 do 5,9% (maksimalna vrijednost zabilježena je unutar vrste *H. instabilis*) (Tablica 36).

Ostale vrste iz roda *Hydropsyche* zabilježene u Hrvatskoj grupirane su sukladno onom kako su morfološki određene. Svaka od zabilježenih vrsta roda *Hydropsyche* u Hrvatskoj se grupirala s primjercima iste vrste s visokom podržanošću (Slika 48). Vrste *H. ornatula*, *H. bulgaromanorum* i *H. guttata* pokazale su se srodnima i svrstane su u dobro podržanu grupu (Slika 48). Vrste *H. incognita* i *H. pellucidula* su se pokazale sestrijskima. DNA barkod metodom potvrđena je morfološki određena vrsta *H. bulbifera*, koja do sada nije zabilježena u Hrvatskoj. Primjerci iz Hrvatske grupirali su se s visokom podržanošću u monofiletskoj grupi s ostalim primjercima *H. bulbifera* iz Turske, Rumunjske i Austrije (Slika 48).



Slika 48. Filogenetsko stablo konstruirano metodom najveće vjerojatnosti temeljeno na fragmentu *COI* (DNA barkod regija) koje prikazuje srodstvene odnose roda *Hydropsyche*. *Plectrocnemia conspersa* korištena je kao vanjska vrsta. Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 90 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale ovim radom.

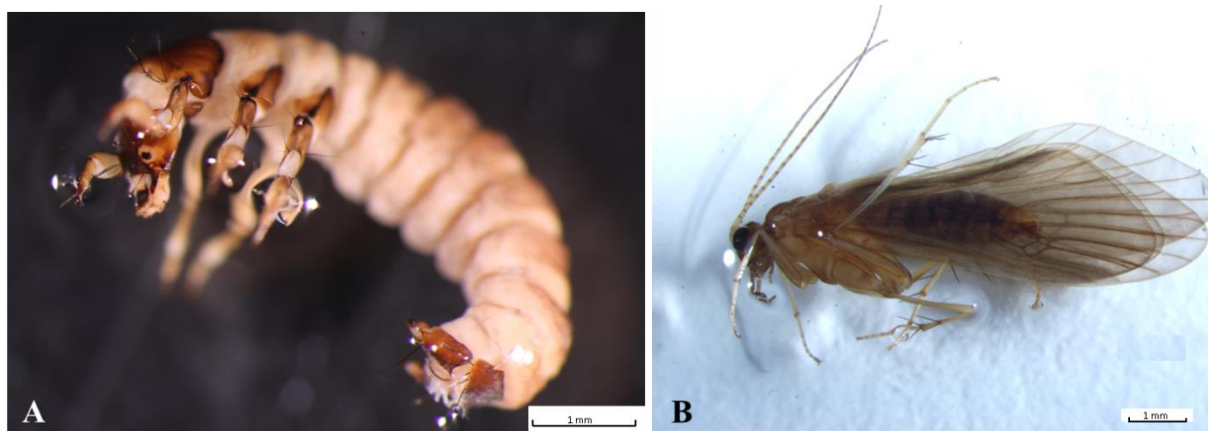
Tablica 36. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) za DNA barkod regiju (mitohondrijski *COI* gen) izražene u postotcima za vrste roda *Hydropsyche*.

| Vrsta | Vrsta | Vrijednost p-udaljenosti | Vrsta | Vrijednost p-udaljenosti |
|--|-------------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|
| <i>Hydropsyche</i> sp. F, Hrvatska | <i>H. angustipennis</i> | 0-1.7 | <i>H. angustipennis</i> | 0.8-1.7 |
| | <i>H. bulbifera</i> | 14.3-15.1 | <i>H. bulbifera</i> | 1.5 |
| | <i>H. bulgaromanorum</i> | 11.7-11.9 | <i>H. bulgaromanorum</i> | 0-0.2 |
| | <i>H. contubernalis</i> | 13.6-14.3 | <i>H. contubernalis</i> | 0-0.8 |
| | <i>H. dinarica</i> | 14 | <i>H. guttata</i> | 0 |
| | <i>H. guttata</i> | 12.4 | <i>H. incognita</i> | 0-1.3 |
| | <i>H. incognita</i> | 14.7-15.1 | <i>H. instabilis</i> | 0-5.9 |
| | <i>H. instabilis</i> | 13.4-14.5 | <i>H. modesta</i> | 0.4 |
| | <i>H. modesta</i> | 12 | <i>H. mostarensis</i> | 0.4 |
| | <i>H. mostarensis</i> | 12.7 | <i>H. pellucidula</i> | 0-5 |
| | <i>H. pellucidula</i> | 13.4-14.1 | <i>H. ornatula</i> | 1.9-2.9 |
| | <i>H. ornatula</i> | 11.9-13 | <i>H. saxonica</i> | 0 |
| | <i>H. saxonica</i> | 15 | - | - |
| | <i>Plectrocnemia cospresa</i> | 22.9 | - | - |

4.3. Povezivanje odraslog i ličinačkog stadija metodom DNA barkodiranja

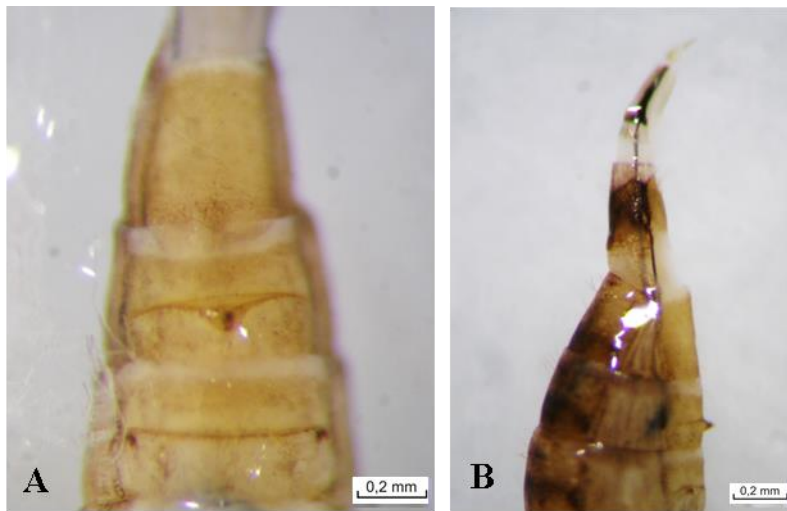
4.3.1. Povezivanje odraslog i ličinačkog stadija vrste *Glossosoma discophorum* Klapalek, 1902

Na izvoru Mali Rumin, pritoku rijeke Cetine, prikupljena je ličinka iz roda *Glossosoma* (TGDIS_5) koja nije mogla biti određena do razine vrste (Slika 49 A). Na istom lokalitetu prikupljen je mužjak vrste *G. discophorum* (TGDIS_7, Slika 49 B).



Slika 49. A-B. Ličinka *Glossosoma* sp. (A) (Foto:Renata Ćuk) i odrali mužjak vrste *G. discophorum* (B) s lokaliteta Mali Rumin.

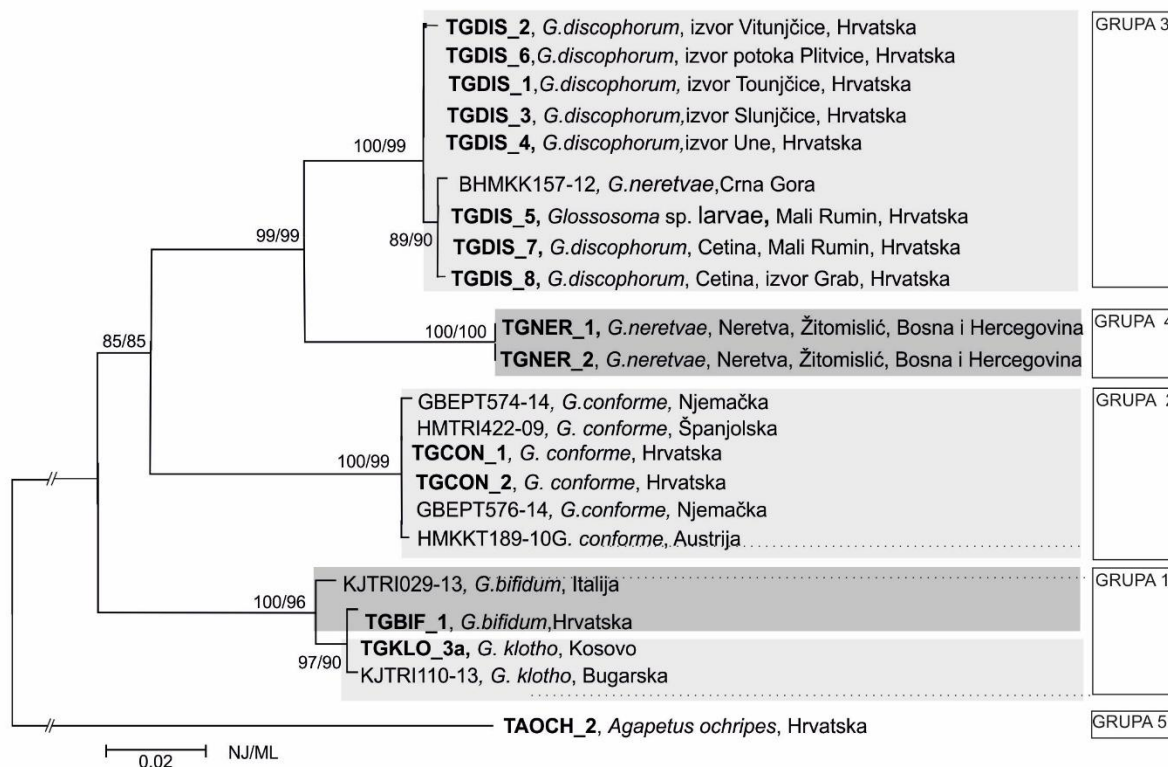
Ličinka TGDIS_5 se grupira visokom s mužjakom TGDIS_7 prikupljenim na istom lokalitetu što znači da pripada vrsti *G. discophorum* (Slika 52). Mužjak TGDIS_7 i ličinka TGDIS_5, zajedno s primjerkom *G. discophorum* TGDIS_8 s izvora Grab te primjerkom BHMKK157-12 morfološki određenim kao *G. neretvae*, se odvajaju u zasebnu podliniju vrste *G. discophorum* (Slika 52). Zajedno s mužjakom vrste *G. discophorum* na izvoru Tounjčice prikupljena je i ženka TGDIS_1 za koju se pretpostavilo da pripada istoj vrsti. Uspješno je dobiven DNA barkod samo ženke TGDIS_1 (Slika 50) za koju je potvrđeno da se radi o vrsti *G. discophorum* s obzirom na visoko podržano grupiranje s drugim primjercima vrste *G. discophorum* (Slika 52). Također, svi ostali primjerci morfološki određeni kao *G. discophorum* (Slika 51 A-C) grupiraju se zajedno s visokom podržanošću (Slika 52). Primjerak BHMKK157-12 iz Crne Gore, morfološki određen *G. neretvae*, čija je DNA sekvenca preuzeta iz BOLD baze, se grupirao s vrstom *G. discophorum* (Slika 52). ABGD analiza svrstava primjerke *G. discophorum* (uključujući ličinku TGDIS_5 i primjerak BHMKK157-12 iz Crne Gore) u jednu grupu (grupa 3) (Slika 52). Vrsta *G. neretvae* iz Bosne i Hercegovine ABGD analiza svrstava u grupu 4. Vrsta *G. neretvae* pokazala se sestrinskom vrstom *G. discophorum*, a *G. conformis* tim dvjema vrstama (Slika 52). Vrsta *G. klotho* Malicky, 2003 grupirala se s vrstom *G. bifidum* visokom vrijednosti *bootstrap* podrške (Slika 52). ABGD analiza rezultira svrstavanjem svih primjeraka dvije morfološki različite vrste *G. klotho* i *G. bifidum* (Slika 51 D) u jednu grupu (grupa 1, Slika 52). Maksimalna vrijednost nekorigirane udvojene distance između ličinke TGDIS_5 i vrste *G. discophorum* iznosi 0,6% (Tablica 37). Slična maksimalnu vrijednost genetske udaljenosti zabilježena je unutar vrste *G. discophorum* kod primjeraka uvrštenih u ovu analizu i iznosi 0,8%. Intraspecifična genetska raznolikost u tom rasponu zabilježena je i kod vrste *G. conformis* (0-0,5%). Primjerak BHMKK157-12 morfološki određen kao vrsta *G. neretvae* iz Crne Gore prema p-distanci razlikuje se od vrste *G. discophorum* od 0,5% do 1,1% dok se od *G. neretvae* iz Bosne i Hercegovine razlikuje 7,2%. Primjerci vrste *G. neretvae* korišteni u ovim radu se od *G. discophorum* razlikuju od 6,4% do 6,7%. Primjerak KJTRI029-13 *G. bifidum* iz Italije se genetski razlikuje od primjerka TGBIF_1 *G. bifidum* iz Hrvatske 1,4%, a od vrste *G. klotho* 1,1%. Primjerci *G. bifidum* iz Hrvatske i *G. klotho* se genetski razlikuju 0,5% (Tablica 37).



Slika 50. A-B. Izgled genitalnog aparata ženke vrste *G. discophorum*, TGDIS_1 s izvora Tounjčice: A – ventralni izgled, B – lateralni izgled.



Slika 51. A-D. Lateralni izgled genitalnog aparata mužjaka vrste: A - *G. discophorum* s izvora Rumin, TGDIS_5; B – *G. discophorum* izvora Grab, TGDIS_8; C – *G. discophorum* s izvora Slunjšice, TGDIS_3; D- *G. bifidum*, TGBIF_1, Kupčina, izvor (Foto: Mladen Kučinić).



Slika 52. Filogenetsko stablo konstruirano metodom najveće vjerojatnosti temeljeno na fragmentu *COI* (DNA barkod regija) koje prikazuje srodstvene odnose ličinke *Glossosoma* s ostalim vrstama roda *Glossosoma*. Vrsta *Agapetus ochripes* korištena je kao vanjska vrsta. Na granama su označene *bootstrap* vrijednosti (BS) redom NJ/ML. BS vrijednosti manje od 80 nisu prikazane. Zadebljanim slovima označene su sekvence nastale u ovom radu. Na desnoj strani označene su grupe kao rezultat ABGD analize i predstavljaju hipotetske vrste.

Tablica 37. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) izražene u postocima za vrste roda *Glossosoma* te vrstu *Agapetus ochripes* koja je uzeta kao vanjska grupa. Zadebljanim brojevima su označene intraspecifične vrijednosti.

| | <i>G. conformis</i> | <i>G. discophorum</i> | <i>Glossosoma</i> sp. larvae | <i>G. neretvae</i> , Crna Gora | <i>G. neretvae</i> , BiH | <i>G. bifidum</i> , Italija | <i>G. bifidum</i> Hrvatska | <i>G. klotho</i> |
|--------------------------------|---------------------|-----------------------|------------------------------|--------------------------------|--------------------------|-----------------------------|----------------------------|------------------|
| <i>G. conformis</i> | 0-0,5 | | | | | | | |
| <i>G. discophorum</i> | 11-11,4 | 0,2-0,8 | | | | | | |
| <i>Glossosoma</i> sp. larvae | 11-11,3 | 0-0,6 | - | | | | | |
| <i>G. neretvae</i> , Crna Gora | 11,3 | 0,5-1,1 | 0,5 | - | | | | |
| <i>G. neretvae</i> , BiH | 11,6 | 6,4-6,7 | 6,7 | 7,2 | - | | | |
| <i>G. bifidum</i> , Italija | 11 | 11,4-11,6 | 11,4 | 11,8 | 13,8 | - | | |
| <i>G. bifidum</i> , Hrvatska | 11,6 | 12,1 | 11,9 | 12,2 | 14 | 1,4 | - | |
| <i>G. klotho</i> | 11,8 | 12 | 11,9 | 12,2 | 14 | 1,1 | 0,5 | 0 |
| <i>A. ochripes</i> | 23,4 | 24 | 24 | 24 | 25,4 | 22,3 | 21,9 | 21,9 |

4.4. Otkrivanje kriptičnih vrsta metodom DNA barkodiranja

4.4.1. Otkrivanje kriptičnih vrsta roda *Diplectrona* Westwood, 1839

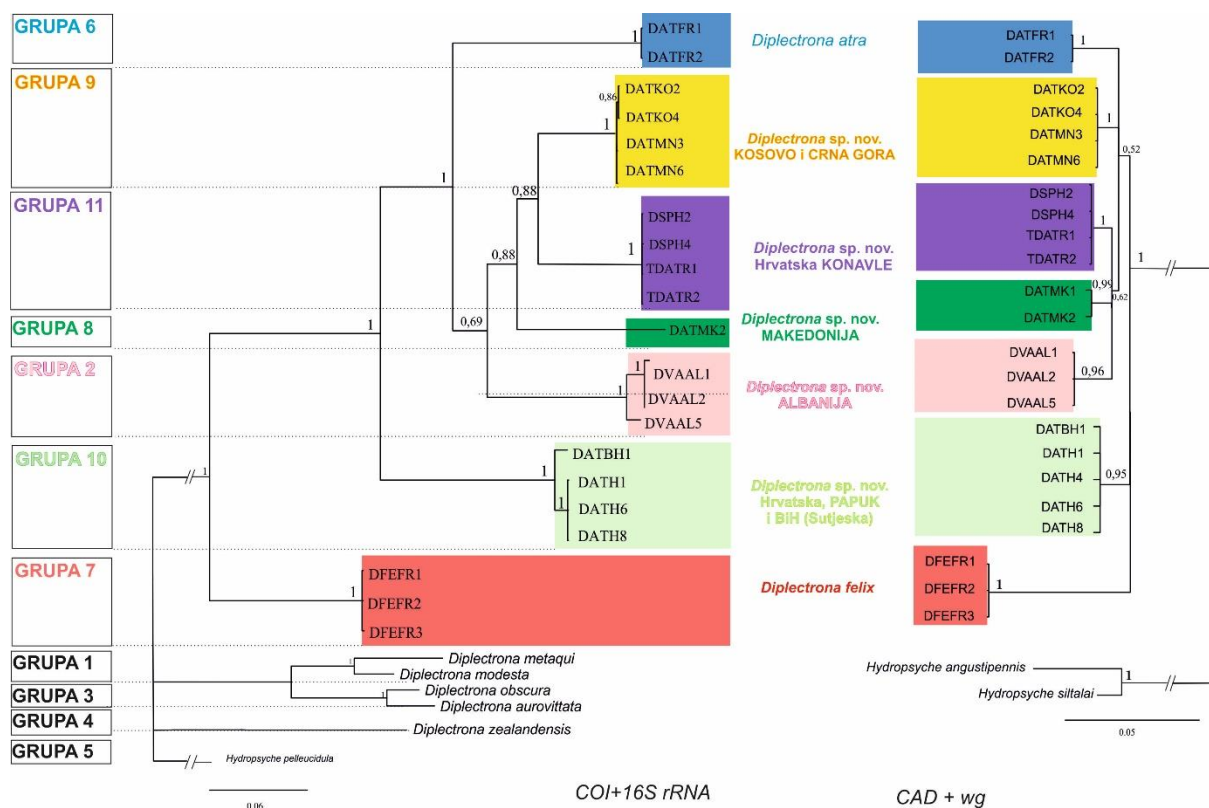
BOLD Identification Engine uspio je odrediti osam haplotipova koji pripadaju vrstama *D. atra* i *D. felix* iz Francuske (Tablica 38).

Tablica 38. Rezultati određivanja putem BOLD Identification Engine na temelju *COI* haplotipova (DNA barkod regija).

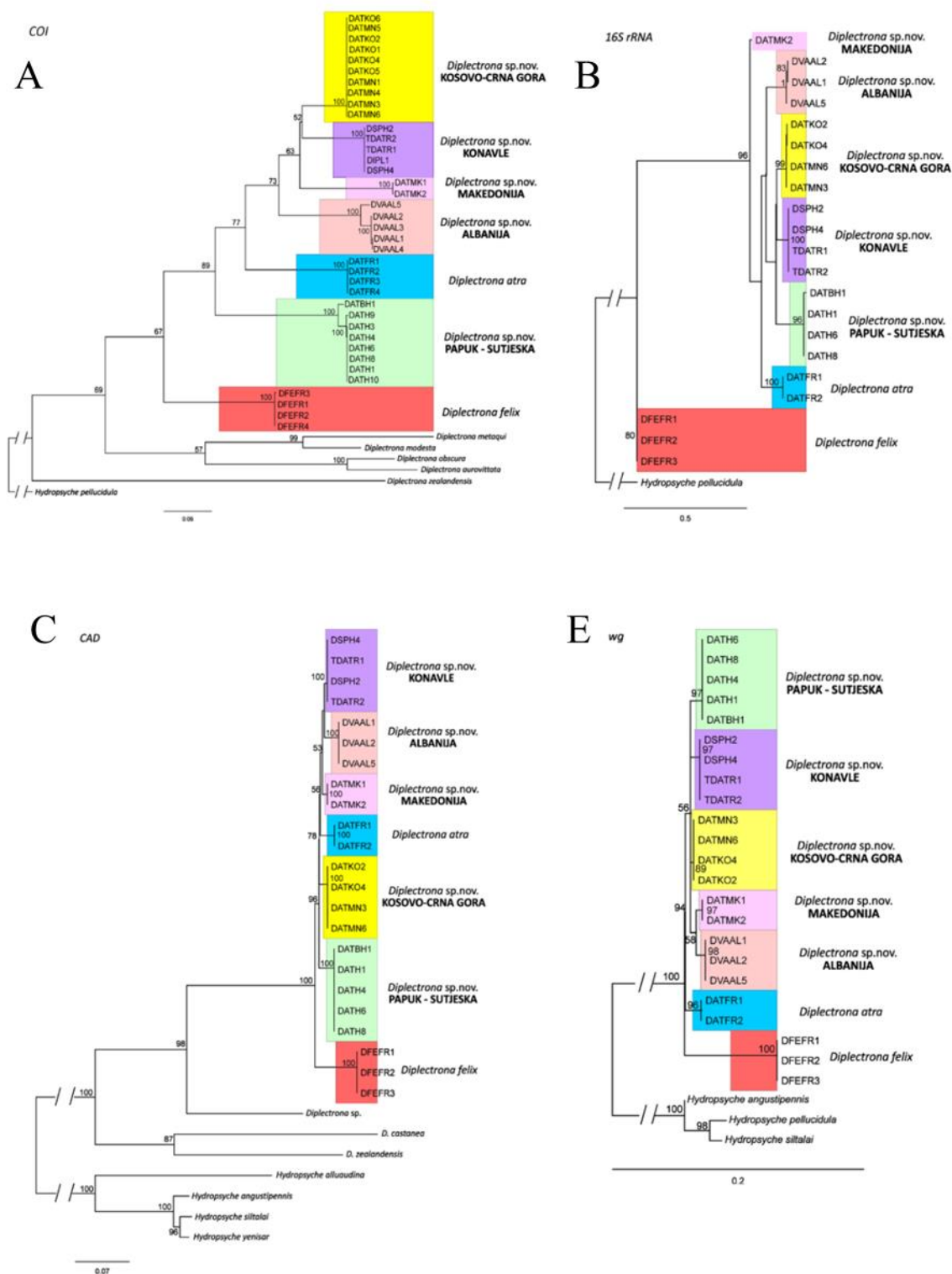
| <i>COI</i> haplotip | Geografska rasprostranjenost DNA kod analiziranih jedinki | Taksonomsko određivanje i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi. |
|---------------------|--|--|
| 1 | Hrvatska, Papuk: DATH1, DATH3, DATH4, DATH6, DATH8 i DATH10 | Vrsno podudaranje: nema Najsličnija sekvenca: <i>Diplectrona atra</i> : 88.76% |
| 2 | Hrvatska, Papuk: DATH9 | Vrsno podudaranje: nema Najsličnija sekvenca: <i>Diplectrona atra</i> : 88.56% |
| 3 | Albanija: DVAAL1, DVAAL4 | Vrsno podudaranje: nema Najsličnija sekvenca: <i>Diplectrona atra</i> : 87.86% |
| 4 | Albanija: DVAAL2, DVAAL3 | Vrsno podudaranje: nema Najsličnija sekvenca: <i>Diplectrona atra</i> : 88.02% |
| 5 | Albanija: DVAAL5 | Vrsno podudaranje: nema Najsličnija sekvenca: <i>Diplectrona atra</i> : 88.02% |
| 6 | Kosovo i Crna Gora: DATKO4, DATKO5, DATKO6, DATMN1, DATMN3, DATMN4, DATMN5, DATMN6 | Vrsno podudaranje: nema Najsličnija sekvenca: <i>Diplectrona atra</i> : 91.4% |
| 7 | Republika Sjeverna Makedonija, nadalje Makedonija: DATMK1 | Vrsno podudaranje: nema Najsličnija sekvenca: <i>Diplectrona atra</i> : 90.17% |
| 8 | Makedonija: DATMK2 | Vrsno podudaranje: nema Najsličnija sekvenca: <i>Diplectrona atra</i> : 90.23% |
| 9 | Francuska: DFEFR1, DFEFR2, DFEFR4 | Vrsno podudaranje: pronađeno <i>Diplectrona felix</i> (sličnost: 99.69%) |
| 10 | Francuska: DFEFR3 | Vrsno podudaranje: pronađeno <i>Diplectrona felix</i> (sličnost: 99.54%) |
| 11 | Francuska: DATFR1, DATFR2, DATFR3, DATFR4 | Vrsno podudaranje: pronađeno <i>Diplectrona atra</i> (sličnost: 100%) |
| 12 | Hrvatska, Konavle: DIPL1, DSPH2, DSPH4, TDATR2, TDATR1 | Vrsno podudaranje: nema Najsličnija sekvenca: <i>Diplectrona atra</i> : 90.98 % |
| 13 | Bosna i Hercegovina, Sutjeska: DATBH1 | Vrsno podudaranje: nema Najsličnija sekvenca: <i>Diplectrona atra</i> : 88.76 % |

Sve četiri metode (NJ, MP, ML i BA) rekonstrukcije evolucijskih odnosa na temelju molekularnih biljega, mitohondrijskog *COI* i *16S* rRNA te nuklearnih *CAD* i *wg*, rezultirale su filogenetskim stablima sa sličnom topologijom, podržanošću i duljinom grana. Prikazana su dva filogenetska stabla: jedno temeljeno na konkateniranim mitohondrijskim sekvencama i drugo na konkateniranim nuklearnim sekvencama (Slika 53). Sve metode i svi setovi

podataka pokazali su da se uzorci iz ove studije grupiraju s visokom podržanošću (na temelju *bootstrap* vrijednosti i Bayesian posteriornih vjerojatnosti) u sedam duboko odijeljenih monofiletskih grupa: 1. *Diplectrona felix* (Francuska), 2. *Diplectrona atra* (Francuska), 3. *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Papuk-BiH, Sutjeska, 4. *Diplectrona* sp. nov. Makedonija, 5. *Diplectrona* sp. nov. Albanija, 6. *Diplectrona* sp. nov. Kosovo-Crna Gora, 7. *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle. Filogenetsko stablo temeljeno na mitohondrijskim biljezima pokazalo je postojanje dvije dobro podržane podgrupe unutar *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Papuk-BiH, Sutjeska i *Diplectrona* sp. nov. Albanija grupe. U prvom slučaju haplotipovi populacija s Papuka svrstavaju se u jednu, a haplotip sa Sutjeske u drugu podgrupu dok su u slučaju *Diplectrona* sp. nov. Albanija grupe, haplotipovi obje podgrupe zabilježeni u istoj populaciji. Analiza pojedinačnih mitohondrijskih i nuklearnih sekvenci, kao i konkateniranih sekvenci mitohondrijskih i nuklearnih biljega daje rezultat koji s visokom podržanošću razlučuju odvajanje u zasebne grupe (Slika 53, Slika 54). Srodstveni odnosi između pojedinih grupa nerazriješenim ukoliko promatramo rezultate navedenih analiza, no odnose razlučuje stablo vrsta derivirano Bayesian analizom (Slika 55). Svojta *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Papuk-BiH, Sutjeska predstavlja sestrinsku grupu skupini koja sadrži preostalih pet grupa roda *Diplectrona* iz ovog rada. Vrsta *D. felix* iz Francuske se pokazala kao sestrinska grupa dobro podržanoj grupi koja uključuje ostale primjerke roda *Diplectrona* iz ovog rada. Navedeni rezultati upućuju da na arealu vrste *D. atra* (jugoistočni dio Europe) zapravo dolazi kompleks od 5 vrsta koje smo do sada zabilježili na područjima Hrvatske, Bosne i Hercegovine, Kosova, Albanije i Makedonije. Na području Hrvatske dolaze dvije vrste, jedna na području Papuka kao regionalni endem (jer obuhvaća i područje Bosne i Hercegovine), i druga kao mikroendem jer naseljava samo područje Konavala. ABGD analiza svrstala je uzorke vrsta roda *Diplectrona* iz ovog rada u 7 grupa, hipotetskih vrsta kod maksimalne vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,0492 neovisno o relativnoj širini DNA barcode praznine ($X=1$ do 5) (Slika 53). Tako su haplotipovi *D. felix* (Francuska) svrstani u grupu 7, *D. atra* (Francuska) u grupu 6, *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Papuk-BiH, Sutjeska u grupu 10, *Diplectrona* sp. nov. Makedonija u grupu 8, *Diplectrona* sp. nov. Albanija u grupu 2, *Diplectrona* sp. nov. Kosovo-Crna Gora u grupu 9 i *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle u grupu 11. U okviru ovih vrijednosti DNA barkod praznine niti neke postojeće, općeprihvaćene vrste iz drugih dijelova Europe ne razdvajaju u zasebne grupe, pa tako npr. *D. obscura* i *D. aurovittata* formiraju grupu 3, a *D. modesta* i *D. metaqui* grupu 1 (Slika 53).

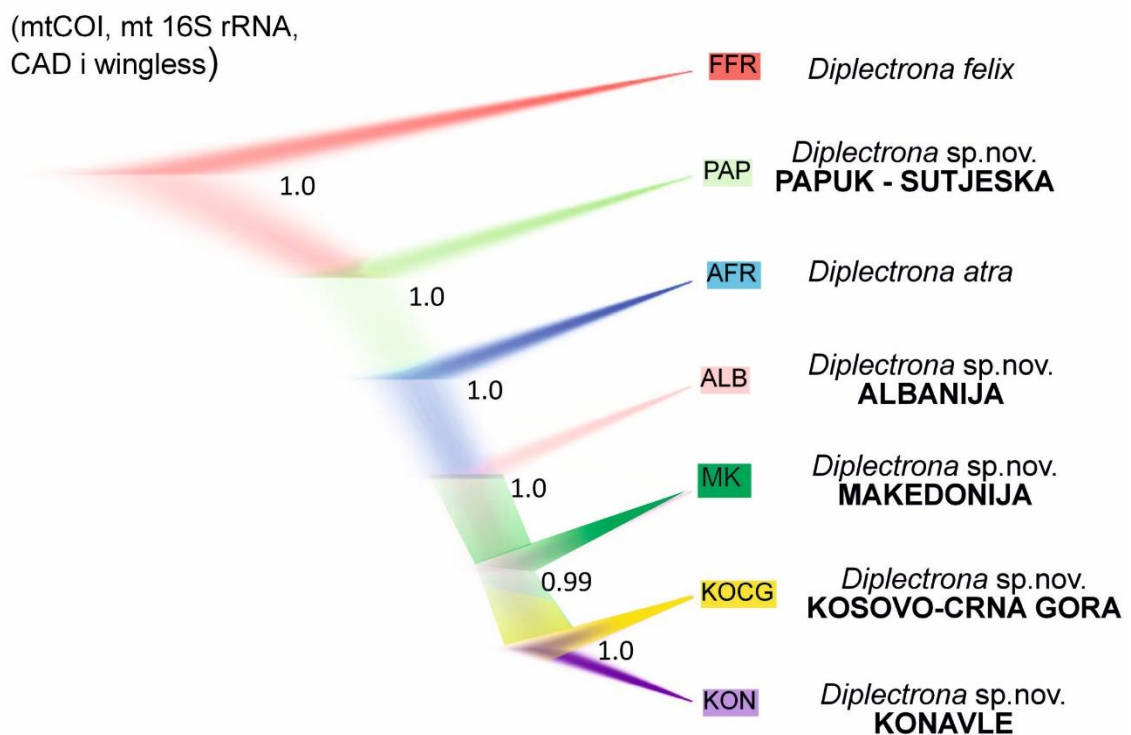


Slika 53. Filogenetska stabla prikazuju odnose unutar vrsta roda *Diplectrona*, konstruirana su Bayesian metodom uz primjenu odgovarajućih evolucijskih modela na temelju konkateniranih sekvenci, lijevo: mitohondrijskih biljega (*COI* i *16S* rRNA, duljine 1677 pb) i desno: nuklearnih biljega (*CAD* i *wg*, duljine 1236 pb). Brojevi uz čvorove predstavljaju podršku u vidu posteriornih vjerojatnosti (BPP). Na lijevoj strani navedene su grupe ABGD analize DNA barkod regije (duljine 658 pb) gdje svaka grupa predstavlja hipotetske vrste. Vrste iz roda *Hydropsyche* korištene su za ukorjenjivanje stabala.



Slika 54. A-E. Filogenetska stabla prikazuju odnose unutar vrsta roda *Diplectrona* konstruirana metodom najveće vjerojatnosti uz primjenu odgovarajućeg evolucijskog modela na temelju pojedinačnih genetskih biljega: A - mitohondrijskog biljega *COI* (*COI* 5' i *COI* 3', duljine 1168 pb), B - mitohondrijskog biljega *16S rRNA* (duljine 509 pb), C - nuklearnog biljega *CAD* (duljine 818 pb) i D - nuklearnog biljega *wg* (duljine 418pb). Brojevi uz čvorove predstavljaju *bootstrap* podršku grananjima. Vrste iz roda *Hydropsyche* korištene su za ukorjenjivanje stabala.

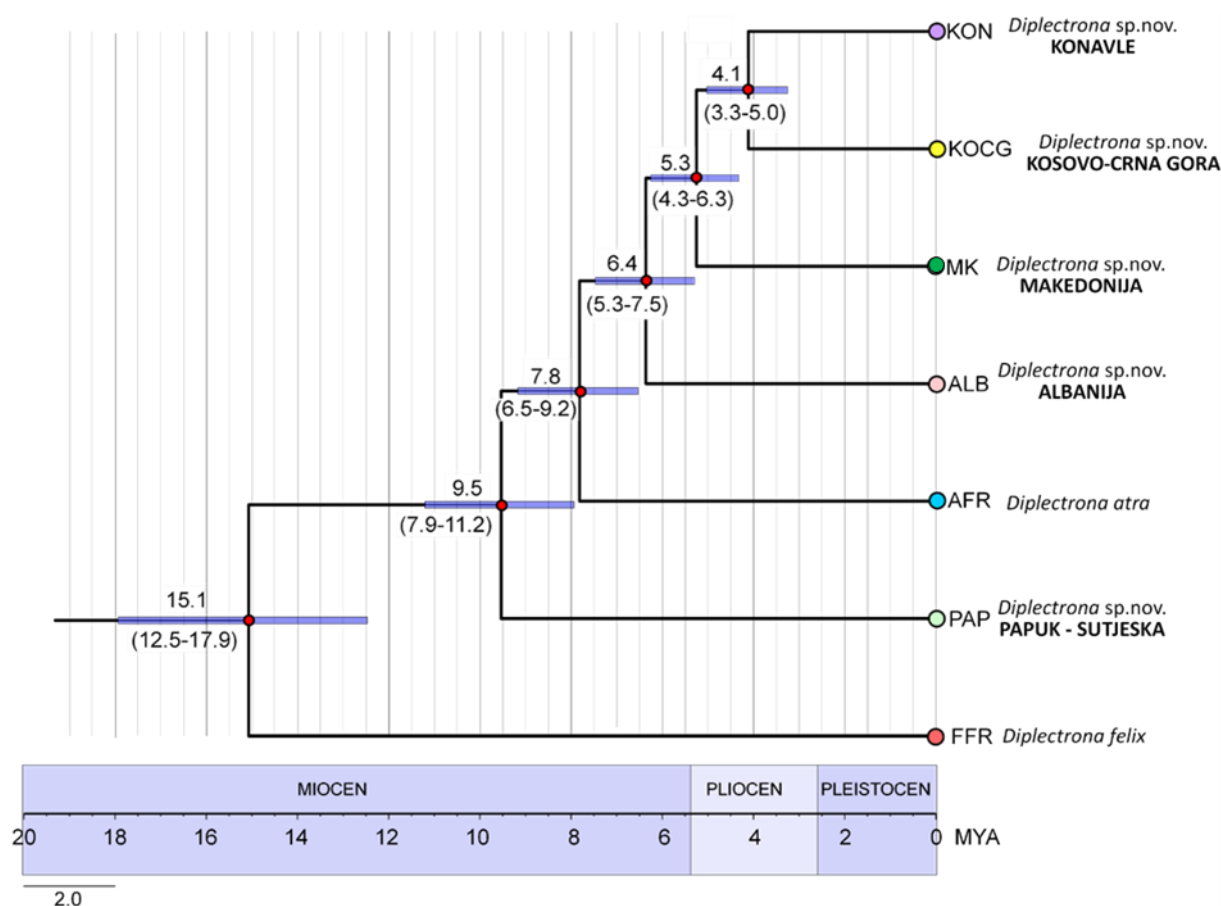
Bayesianski pristup rekonstrukcije stabla vrsta temeljen na teoriji koalescencije i multiplim genskim lokusima (Bayesian analiza sekvenci dva mitohondrijska, *COI* i *16S* rRNA i 2 nuklearna molekularna biljega, *CAD* i *wg*, korištenjem *BEAST metode) rezultirao je visoko podržanim grananjima i razlučenim srodstvenim odnosima između svih 7 hipotetskih vrsta (Slika 55). Odnosno, sve hipotetske vrste u stablu vrsta su razlučene kao zasebne, jasno odvojene linije. Vrsta *D. felix* iz Francuske pri tome predstavlja najdivergentniju liniju. Prva se odvaja *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Papuk-BiH, Sutjeska koja čini sestrinsku grupu skupini u kojoj se sukcesivno odvajaju *D. atra* (Francuska), zatim *Diplectrona* sp. nov. Albanija te *Diplectrona* sp. nov. Makedonija koja predstavlja sestrinsku grupa najrodnijim linijama *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle i *Diplectrona* sp. nov. Kosovo-Crna Gora (Slika 55).



Slika 55. Stablo vrsta roda *Diplectrona* dobiveno Bayesian analizom sekvenci dva mitohondrijska (*COI* i *16S* rRNA) i 2 nuklearna molekularna biljega (*CAD* i *wg*) korištenjem *BEAST metode. Brojevi na čvorovima predstavljaju podršku u vidu posteriornih vjerojatnosti (BPP).

Procijenjena vremena razdvajanja pojedinih linija prikazana su na stablu vrsta (Slika 56). Vrsta *D. felix* razdvojila se od ostalih linija već u prvoj polovici miocena, prije otprilike 15 milijuna godina (mil. god.). U drugoj polovici miocena razdvojile su se redom *Diplectrona*

sp. nov. Hrvatska, Papuk-BiH, Sutjeska (prije otprilike 9,5 mil. god.), zatim *D. atra* (prije otprilike 7,8 mil. god.) te *Diplectrona* sp. nov. Albanija (prije otprilike 6,4 mil. god.). Preostale tri linije diversificirale su u pliocenu i to najprije *Diplectrona* sp. nov. Makedonija (prije otprilike 5,3 mil. god.), dok su se *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle i *Diplectrona* sp. nov. Kosovo-Crna Gora razdvojile prije otprilike 4,1 mil. god. (Slika 56).



Slika 56. *BEAST stablo vrsta temeljeno na 4 molekularna markera koje prikazuje vremenski okvir divergencije (u milijunima godina) pojedinih linija vrsta roda *Diplectrona* analiziranih u ovom radu. Za svako grananje prikazana je srednja vrijednost procijenjenog vremena odvajanja te interval 95% pouzdanosti (u zagradi).

Rasponi nekorrigiranih udvojenih genetskih udaljenosti u postotcima, unutar i između uočenih genetskih linija za sva 4 genetska biljega prikazani su u slijedećim tablicama: mitohondrijskog biljega *COI* (Tablica 39), mitohondrijskog biljega *16S rRNA* (

Tablica 40), nuklearnog biljega *CAD* (Tablica 41) i nuklearnog biljega *wg* (Tablica 42). Za razliku od visokih vrijednosti p-udaljenosti između genetskih linija zabilježenih u ovom radu, s izuzetkom linija *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Papuk-BiH, Sutjeska i *Diplectrona* sp. nov.

Albanija genetska raznolikost unutar linija ili nije zabilježena ili je izrazito niska za mitohondrijske molekularne biljege (rasponi udvojenih genetskih udaljenosti od 0 – 0,2%). No, ove vrijednosti udvojenih genetskih udaljenosti su višestruko manje nego genetska udaljenosti između različitih linija. Raspon p-udaljenosti za *COI* između pojedinih linija je u rasponu od 9% (između *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle i *Diplectrona* sp. nov. Kosovo-Crna Gora) do 15,7% (između *Diplectrona* sp. nov. Albanija i *D. felix*, Francuska; Tablica 39). Raspon p-udaljenosti za *16S* rRNA između pojedinih linija je u rasponu od 5,9% (između *Diplectrona* sp. nov. Albanija i *D. felix*, Francuska). Raspon udvojenih genetskih udaljenosti za *16S* rRNA između pojedinih linija je od 5,9% (između *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle i *Diplectrona* sp. nov. Kosovo-Crna Gora) do 15,4% (između *Diplectrona* sp. nov. Albanija i *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Papuk-BiH, Sutjeska;

Tablica 40). U nuklearnim markerima (*wg* i *CAD*) nije zabilježena genetska varijabilnost unutar linija. Udvojene genetske udaljenosti između linija za *CAD* nalaze u rasponu od 1,2% (između *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle i *Diplectrona* sp. nov. Kosovo-Crna Gora) do 6,2% (između *Diplectrona* sp. nov. Albanija i *D. felix*; Tablica 41). Udvojene genetske udaljenosti između linija za *wg* nalaze u rasponu od 1% (između *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle i *Diplectrona* sp. nov. Kosovo-Crna Gora) do 7,2% (između *Diplectrona* sp. nov. Albanija i *D. felix*; Tablica 42).

Tablica 39. Rasponi nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) za DNA barkod regija (gen *COI*) u postotcima, unutar (zadebljanim brojevima) i između uočenih genetskih linija *Diplectrona* sp. nov. te *D. atra* i *D. felix*. Kratice označavaju države: HR-Hrvatska, BiH- Bosna i Hercegovina, CG-Crna Gora.

| | <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR,Papuk- BiH. | <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR, Konavle | <i>Diplectrona</i> sp. nov. Kosovo-CG | <i>Diplectrona</i> sp. nov. Makedonija | <i>Diplectrona</i> sp. nov. Albanija | <i>D. atra</i> | <i>D. felix</i> |
|--|---|--|---|--|--|----------------|---------------------|
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR, Papuk - BiH. | 0,0-1,7 | | | | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR, Konavle | 15,3-15,5 | 0,0 | | | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov Kosovo-CG | 13,5-13,8 | 9,0 | 0,0 | | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. Makedonija | 15,0-15,3 | 10,8 | 10,2 | 0,2 | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov Albanija | 15,0-15,7 | 11,2-11,4 | 10,2-10,3 | 11,6-12,5 | 0,0-2,0 | | |
| <i>D. atra</i> | 13,8-14,9 | 11,7 | 11,2 | 13,1 | 13,5-14,0 | 0,0 | |
| <i>D. felix</i> | 14,3-15,0 | 14,3-14,4 | 14,4-14,6 | 15,0-15,2 | 14,6-14,9 | 14,9- 15,0 | 0,0- 0,2 |

Tablica 40. Rasponi nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) za mitohondrijski gen za *16S* rRNA u postotcima, unutar (zadebljanim slovima) i između uočenih genetskih linija *Diplectrona* sp. nov. te *D. atra* i *D. felix*. Kratice označavaju države: HR-Hrvatska, BiH- Bosna i Hercegovina, CG-Crna Gora.

| | <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR,Papuk- BiH. | <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR, Konavle | <i>Diplectrona</i> sp. nov. Kosovo-CG | <i>Diplectrona</i> sp. nov. Makedonija | <i>Diplectrona</i> sp. nov. Albanija | <i>D. atra</i> | <i>D. felix</i> |
|--|---|--|---|--|--|----------------|-----------------|
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR,Papuk - BiH. | 0,0-0,8 | | | | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. no.v HR, Konavle | 8,4-9,0 | 0,0 | | | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. Kosovo-CG | 8,6 | 5,9 | 0,0-0,2 | | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. Makedonija | 10-10,6 | 9,0 | 7,6-7,8 | - | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. Albanija | 9,8-10,2 | 7,9-8,1 | 8,7-8,9 | 7,8 | 0,0-0,6 | | |
| <i>D. atra</i> | 10,6-11,2 | 9,3 | 9,3 | 7,6 | 9,7 | 0,0 | |
| <i>D. felix</i> | 13,2 | 13,6 | 13,6-13,8 | 12,4 | 15,0-15,4 | 14,7 | 0,0 |

Tablica 41. Rasponi nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) za nuklearni gen *CAD* u postotcima, unutar (zadebljanim slovima) i između uočenih genetskih linija *Diplectrona* sp. nov. te *D. atra* i *D. felix*. Kratice označavaju države: HR-Hrvatska, BiH- Bosna i Hercegovina, CG-Crna Gora.

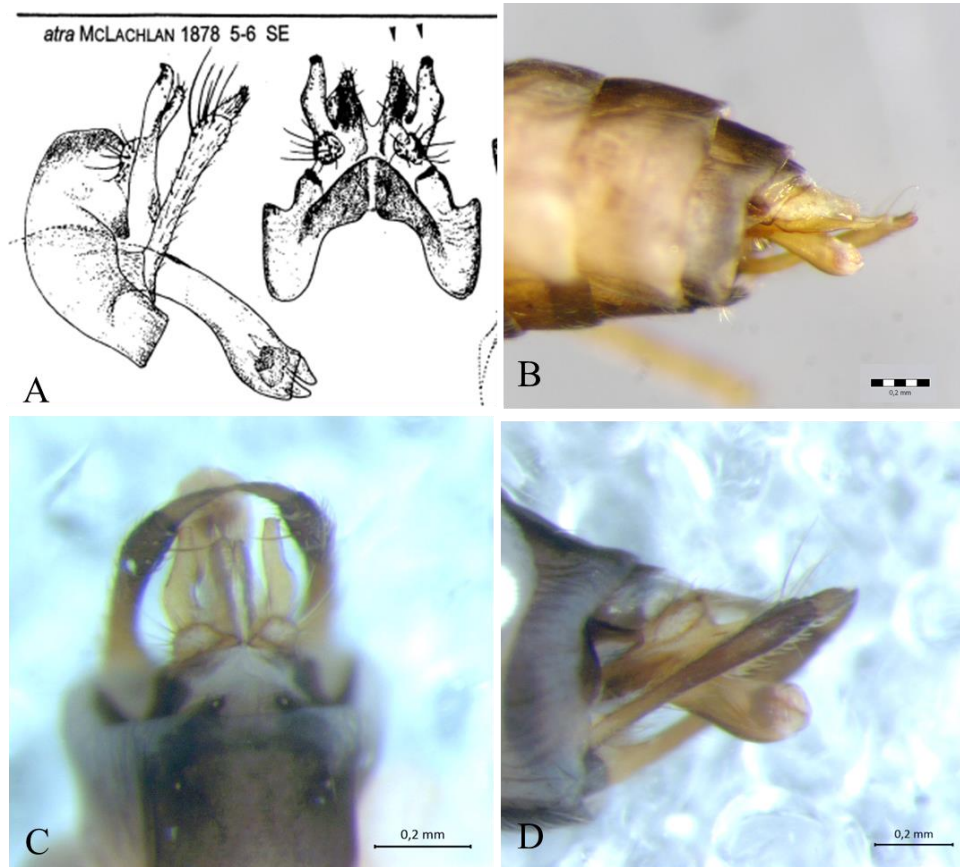
| | <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR,Papuk- BiH. | <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR, Konavle | <i>Diplectrona</i> sp. nov. Kosovo-CG | <i>Diplectrona</i> sp. nov. Makedonija | <i>Diplectrona</i> sp. nov. Albanija | <i>D. atra</i> | <i>D. felix</i> |
|--|---|--|---|--|--|----------------|-----------------|
| <i>Diplectrona</i> sp. nov HR,Papuk - BiH. | 0,0 | | | | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR, Konavle | 2,8 | 0,0 | | | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. Kosovo-CG | 2,6 | 2,0 | 0,0 | | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. Makedonija | 2,8 | 1,2 | 2,0 | 0,0 | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. Albanija | 3,7 | 2,1 | 3,1 | 2,6 | 0,0 | | |
| <i>D. atra</i> | 3,4 | 2,3 | 2,8 | 2,6 | 3,2 | 0,0 | |
| <i>D. felix</i> | 5,7 | 5,6 | 5,9 | 5,4 | 6,2 | 6,2 | 0,0 |

Tablica 42. Rasponi nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (p-udaljenosti) za nuklearni gen *wg* u postotcima, unutar (zadebljanim slovima) i između uočenih genetskih linija *Diplectrona* sp. nov. te *D. atra* i *D. felix*. Imena država u tablici se odnose na države iz kojih je prikupljena određena vrsta *Diplectrona* sp. nov. Kratice označavaju države: HR- Hrvatska, BiH- Bosna i Hercegovina, CG-Crna Gora.

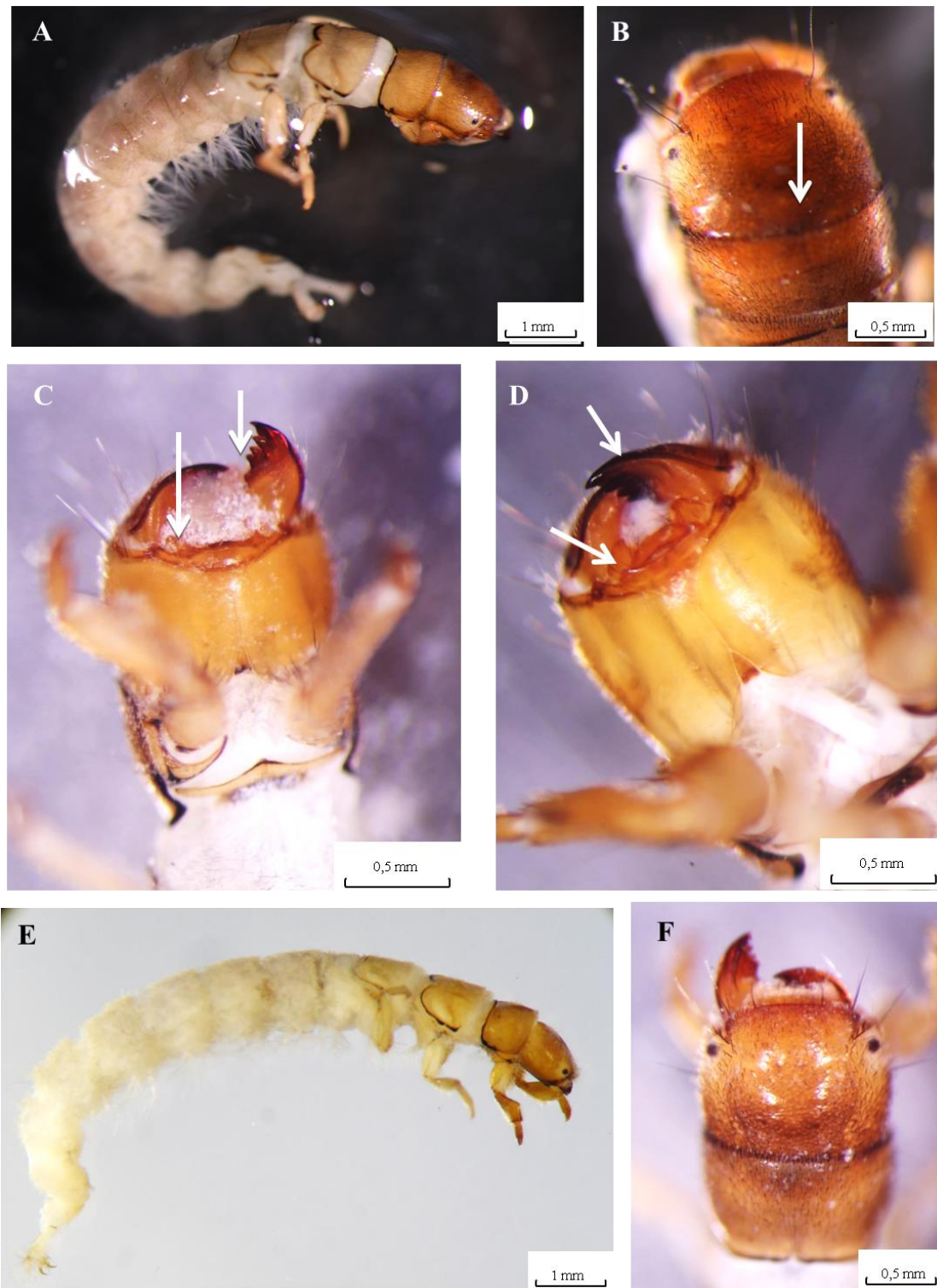
| | <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR,Papuk- BiH. | <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR, Konavle | <i>Diplectrona</i> sp. nov. Kosovo-CG | <i>Diplectrona</i> sp. nov. Makedonija | <i>Diplectrona</i> sp. nov. Albanija | <i>D.</i> <i>atra</i> | <i>D.</i> <i>felix</i> |
|--|---|---|---|---|--|--------------------------|---------------------------|
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR,Papuk - BiH. | 0,0 | | | | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. HR, Konavle | 1,4 | 0,0 | | | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov Kosovo-CG | 1,2 | 1,0 | 0,0 | | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. Makedonija | 1,4 | 1,7 | 1,2 | 0,0 | | | |
| <i>Diplectrona</i> sp. nov. Albanija | 1,7 | 1,9 | 1,4 | 1,2 | 0,0 | | |
| <i>D. atra</i> | 2,6 | 2,4 | 1,9 | 2,6 | 2,9 | 0,0 | |
| <i>D. felix</i> | 6,2 | 6,7 | 6,9 | 7,2 | 6,9 | 7,2 | 0,0 |

Analiza morfološki značajki genitalnog aparata mužjaka uočenih genetskih linija nije pokazala značajne razlike. Uočene su određene razlike u pojedinim dijelovima genitalnog aparata mužjaka (*aedeagus*, *apendages superiores*, *apendages inferiores*), ali nedovoljno konstantne i značajne da se u ovom trenutku smatraju karakteristikama specifičnim za pojedinu novu vrstu roda *Diplectrona* analiziranu ovim radom (Slika 57). Za razliku od odraslih jedinki, kod ličinki u petom razvojnom stadiju (iz populacija u Hrvatskoj (*Diplectrona* sp. nov. Konavle i *Diplectrona* sp. nov. Papuk) našli smo određene morfološke razlike, dovoljne za razlikovanje tih dviju kriptičkih vrsta, ali ne i dovoljno značajne morfološke razlike u odnosu na ličinke vrsta *D. atra* i *D. felix* rasprostranjene u zapadnoj i dijelovima srednje Europe (Slika 58). Nadalje, između petog stadija ličinki *Diplectrona* sp. nov. Papuk i populacija iz Konavala postoje određene manje morfološke razlike. Te razlike očituju se u sljedećim značajkama: 1. ličinke *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Papuk su manje za oko 30% u odnosu na ličinke *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle, 2. fina granulacija površine glave uključujući i frontoklipeus (dorzalno) petom razvojnog stadija izražena je samo kod populacije *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Pauk, ali ne i kod *Diplectrona*

sp. nov. Hrvatska, Konavle (Slika 58 B i F), 3. lateralni segmenti submentuma šiljatog su oblika kod ličinki populacije *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Papuk, a zaobljenog oblika kod ličinki posljednjeg petog razvojnog stadija populacija *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle (Slika 58 C i D), 4. manje razlike u morfologiji zubića na terminalnom rubu gornjih čeljusti kod ovih dviju populacija (Slika 58 C i D),



Slika 57. A-D. Izgled genitalnog aparata mužjaka *Diplectrona*: A – *D. atra* iz morfološkog ključa (Malicky 2004), B - *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle, lateralni izgled (Foto:Mladen Kučinić), C - *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Papuk, dorzalni izgled i D – lateralni izgled.



Slika 58. A-F. Ličinke *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska: A – C s lokacije Papuk; A-izgled cijele ličinke dorzolateralno, B- izgled glave dorzalno s vidljivim fino granuliranome površinome uključujući i područje frontoklipeusa, C- ventralni izgled glave, gornja strelica označava zubiće na čeljustima, a donja šiljasto izbočenje na submentumu, D - F s lokacije Konavle; D-ventralni izgled glave, donja bijela strelica označava lateralne, zaobljene dijelove submentuma, gornja strelica označava zubiće na čeljustima, E- izgled cijele ličinke dorzolateralno, dorzalni izgled glave, strelica označava niz kratkih, tamnih dlačica na prednjem rubu pronotuma) (Foto: Renata Ćuk).

4.5. Filogenetski odnosi tulara u Hrvatskoj na temelju DNA barkoda

Metodom susjednog sparivanja na temelju molekularnog biljega *COI* (DNA barkod regije) konstruirano je filogenetsko stablo tulara iz Hrvatske (Slika 59. 1. dio, 2. dio, 3. dio, 4. dio, 5. dio, Slika 60). Filogenetski odnosi svih primjeraka tulara iz Hrvatske analiziranih u ovom radu rekonstruirani su korištenjem alata BOLD platforme (alat Taxon ID tree). Rezultati filogenetske analize odgovaraju važećoj taksonomiji. DNA barkod sekvence analiziranih primjeraka dijele se na podred Annulipalpia i Integripalpia, te Integripalpia dalje na Brevitentoria i Plenitentoria (Slika 60). Parafiletičke porodice „Spicipalpia“ se grupiraju s Integripalpia. U „Spicipalpia“ grupiraju se porodice Glossosomatidae, Hydroptilidae i Rhyacophilidae. U Brevitentoria grupiraju se porodice Odontoceridae, Beraeidae, Leptoceridae, Sericostomatidae. U Plenitentoria grupiraju se porodice Limnephilidae, Goeridae, Lepidostomatidae, Phryganidae, Brachycentridae. Annulipalpia se dijele na monofiletske nadporodice: Psychomyioidea (porodica Psychomyiidae), Philopotamoidea (porodice Polycentropodidae, Ecnomidae) i Hydropsychoidea (porodica Hydropsychidae) (Slika 60).

Rodovi *Agapetus* i *Synagapetus* odvajaju se u dvije zasebne linije unutar porodice Glossosomatidae (Slika 59 1. dio). Rodovi *Agapetus* i *Synagapetus* čine sestrinsku grupu rodu *Glossosoma* i porodici Hydroptilidae. Porodica Hydroptilidae se dijeli na dvije genetske linije: jednu u koju se grupiraju rodovi *Orthotrichia*, *Allotrichia*, *Oxyethira*, a u drugu se grupiraju: *Agraylea*, *Ithytrichia* i *Hydroptila*. Svaki od navedenih rodova porodice Hydroptilidae pokazuje monofiliju. Vrsta *Glossosoma bifidum* se postavila kao sestrinska vrstama *G. discophorum* i *D. neretvae* (Slika 59 1. dio).

Rod *Ecclisopteryx* grupirao se s rodом *Drusus* kao najsirodniji vrstama *D. chrysotus* i *D. discolor* (Slika 59 1. dio). Rod *Drusus* se nije pokazao monofiletskim. Rod *Rhadicoleptus* pokazao se sestrinski grupi koja sadrži vrste roda *Drusus* i *Ecclisopteryx*. Dva sestrinska roda *Grammotaulius* Kolenati, 1848 i *Glyphotaelius* Stephens, 1833 pokazali su se sestrinskim skupini koja obuhvaća određene vrste roda *Limnephilus* Leach, 1815 (*L. lunatus* Curtis, 1834, *L. graecus* Schmid, 1965, *L. marmoratus* Curtis, 1834, *L. flavicornis* (Fabricius, 1787)). Navedene vrste roda *Limnephilus* te *Grammotaulius* i *Glyphotaelius* čine zasebnu grupu unutar roda *Limnephilus*. Unutar roda *Limnephilus* najsirodniji parovi vrsta su: *L. auricula* Curtis, 1834-*L. ingavus* MacLachlan, 1865, *L. lunatus*-*L. graecus*, *L. marmoratus*-*L.*

flavicornis, *L. griseus* (Linnaeus, 1758)-*L. vittatus* (Fabricius, 1798), *L. affinis* Curtis, 1834-*L. hirsutus* (Pictet, 1834). Primjerak (TGNIG_1) vrste *L. marmoratus* s rijeke Mirne odvaja se od ostalih primjeraka vrste *L. marmoratus* čineći vanjsku vrstu grupi koja sadrži primjerke vrsta *L. marmoratus*, *L. flavicornis*, *L. rhombicus* (Slika 59 2. dio).

Rod *Chaetopteryx* se nije pokazao monofiletskim s obzirom da se vrsta *Allogamus auricollis* (Pictet, 1834) grupira s vrstom *Chaetopteryx major*. Vrsta *Annitella apfelbecki* (Klapalek, 1899) se pokazala sestrinska vrstama roda *Chaetopteryx* (*C. fusca*, *C. bosniaca*, *C. rugulosa*, *C. schmidi*) (Slika 59 2.dio).

Vrsta *Anabolia furcata* postavlja se vanjska grupi koju čine *Allogamus auricollis*, vrste roda *Chaetopteryx*, vrste roda *Potamophylax* i vrsta *Annitella apfelbecki* (Slika 59 2.dio).

Primjerci morfološki određeni kao *Halesus tessellatus* (Rambur, 1842) (THTES_4, THTES_3, THTES_1) nalaze se unutar grupe s vrstom *H. digitatus* (Schrank, 1781) (Slika 59. 2. dio). Rod *Halesus* Walker, 1860 je monofiletski i postavlja se kao sestrinski grupi koja koja se sastoji od vrste *Allogamus auricollis*, vrsta roda *Chaetopteryx*, vrsta roda *Potamophylax* i vrste *Annitella aphelfecki* (Slika 59 2.dio).

Rod *Potamophylax* nije monofiletski (Slika 59 2.dio). Vrste *P. rotundipennis*, *P. luctuosus* i *P. nigricornis* grupiraju s vrstama rodova *Halesus*, *Chaetopteryx*, *Annitella* i *Allogamus*. Ostale vrste roda *Potamophylax* (*P. latipennis*, *P. cingulatus*, *P. pallidus*) grupiraju s vrstom *Micropterna nycterobia* (Slika 59 2.dio).

Rod *Micropterna* nije monofiletski (Slika 59 3.dio). Vrsta *M. nycterobia* se grupira s određenim vrstama roda *Potamophylax*. Ostale vrste roda *Micropterna* (*M. fissa*, *M. testacea*, *M. wagneri*, *M. lateralis*, *M. sequax*) čine sestrinsku grupu s vrstama roda *Stenophylax* i vrstom *Mesophylax asperus*. Rod *Stenophylax* je monofiletski: vrste *S. permistus*, *S. vibex*, *S. mitis* se grupiraju zajedno (Slika 59 3.dio).

Porodica Goeridae se pokazala monofiletskom s dva monofiletska roda *Silo* Curtis, 1833 i *Goera* Stephens, 1829 (Slika 59 3. dio). Filogenetsko stablo temeljeno na DNA barkod regiji ukazalo je na divergentnu genetsku liniju unutar roda *Silo*. Primjerak TSIL_1, morfološki određen kao *Silo pallipes* (Fabricius, 1781) iz izvora Vrelo u Konavlima izdvaja se u zasebnu liniju od ostalih primjeraka vrste *S. pallipes*. Navedeni primjerak odvaja se i od primjeraka

vrste *S. piceus* (Brauer, 1857) i postavlja se kao vanjska grupa ovim dvjema vrstama. BOLD Identification Engine je odredio primjerak kao *Lithax obscurus* (Hagen, 1859) s 90,48% sličnosti (PRILOG 19). BOLD Identification Engine nije našao sličnosti s trećom vrstom iz roda *Silo* koja je prisutna u fauni Hrvatske i čiji DNA barkod postoji u BOLD bazi, *S. nigricornis* kao ni vrstama roda *Lithax* McLachlan, 1876 zabilježenim u Hrvatskoj fauni (Slika 59 3. dio).

Porodica Brachycentridae se pokazala monofiletskom odvajajući se u dvije genetske linije roda *Brachycentrus* Curtis, 1834 i *Micrasema* McLachlan, 1876 (Slika 59 3. dio).

Porodica Phryganeidae se pokazala sestrijskom porodici Lepidostomatidae. Porodica Phryganeidae se dijeli na monofiletske rodove *Phryganea* Linnaeus, 1758, *Trichostegia* Kolenati, 1848, *Agrypnia* Curtis, 1835. Porodica Lepidostomatidae se dijeli na monofiletske rodove *Crunoecia* McLachlan, 1876 i *Lepidostoma* (Slika 59 3. dio).

Porodica Sericostomatidae zastupljena s jednom vrstom u ovoj analizi, *Sericostoma flavicorne* Schneider, 1845 dobro se odvajaju od svih drugih porodica (Slika 59 3. dio).

Porodica Leptoceridae je monofiletska (Slika 59 3. dio). Vrsta *Leptocerus tineiformis* Curtis, 1834 se postavlja kao vanjska grupa ostalim rodovima i vrstama porodice Leptoceridae. Rod *Athripsodes* Billberg, 1820 je parafiletski s obzirom na rod *Ceraclea* Stephens, 1829 (Slika 59 3. dio). Rod *Setodes* Rambur, 1842 je parafiletski s obzirom na monofiletski rod *Mystacides* Berthold, 1827. Monofiletski rod *Oecetis* McLachlan, 1877 je sestrijska grupa monofiletskim rodovima *Triaenodes* i *Adicella*. (Slika 59 4. dio).

Porodice Beraeidae i Odontoceridae su se pokazale sestrijskima (Slika 59 4. dio).

Porodica Rhyacophilidae je monofiletska (Slika 59 4. dio).

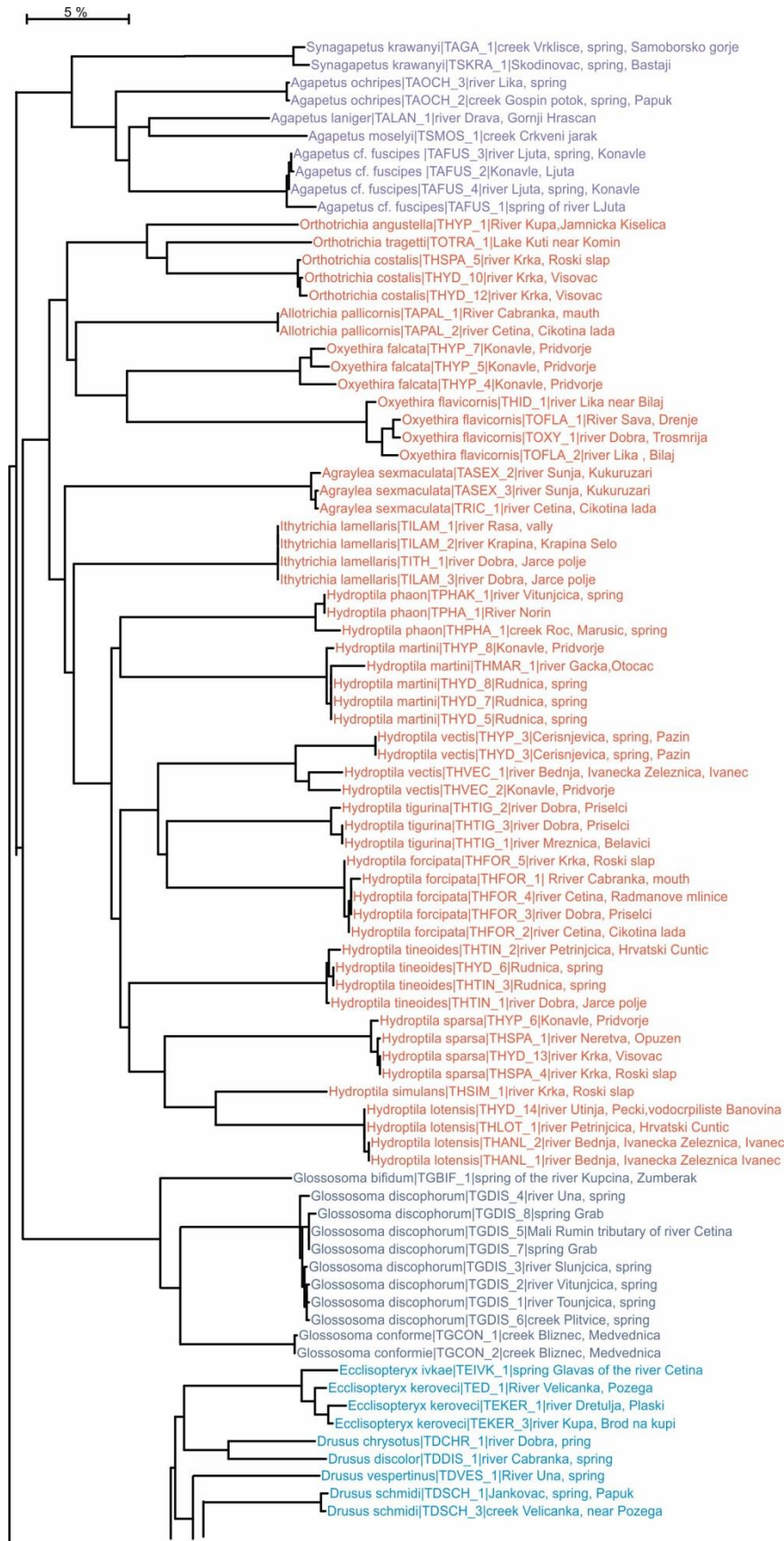
Porodica Hydropsichidae je monofiletska (Slika 59 4. dio i 5. dio). Monofiletski rod *Diplectrona* sestrijski je ostalim rodovima (*Hydropsyche* i *Cheumatopsyche* Wallengren, 1891) porodice Hydropsichidae (Slika 59 4. dio). Vrsta *Cheumatopsyche lepida* (Pictet, 1834) se izdvojila kao vanjska vrsta rodu *Hydropsyche*. Unutar roda *Hydropsyche* prva se odvajaju vrsta *H. mostarensis*. Ostale vrste roda *Hydropsyche* obuhvaćene su u tri podgrupe. Jednu podgrupu čine vrste *H. modesta*, *H. bulgaromanorum*, *H. angustipennis*, *H. conturbenalis*

(Slika 59 4. dio). Drugu podgrupu čine *H. saxonica*, *H. dinarica*, *H. pellucidula*, *H. incognita*. Treću podgrupu čine *H. fulvipes*, *H. bulbifera*, *H. instabilis* (Slika 59 5. dio).

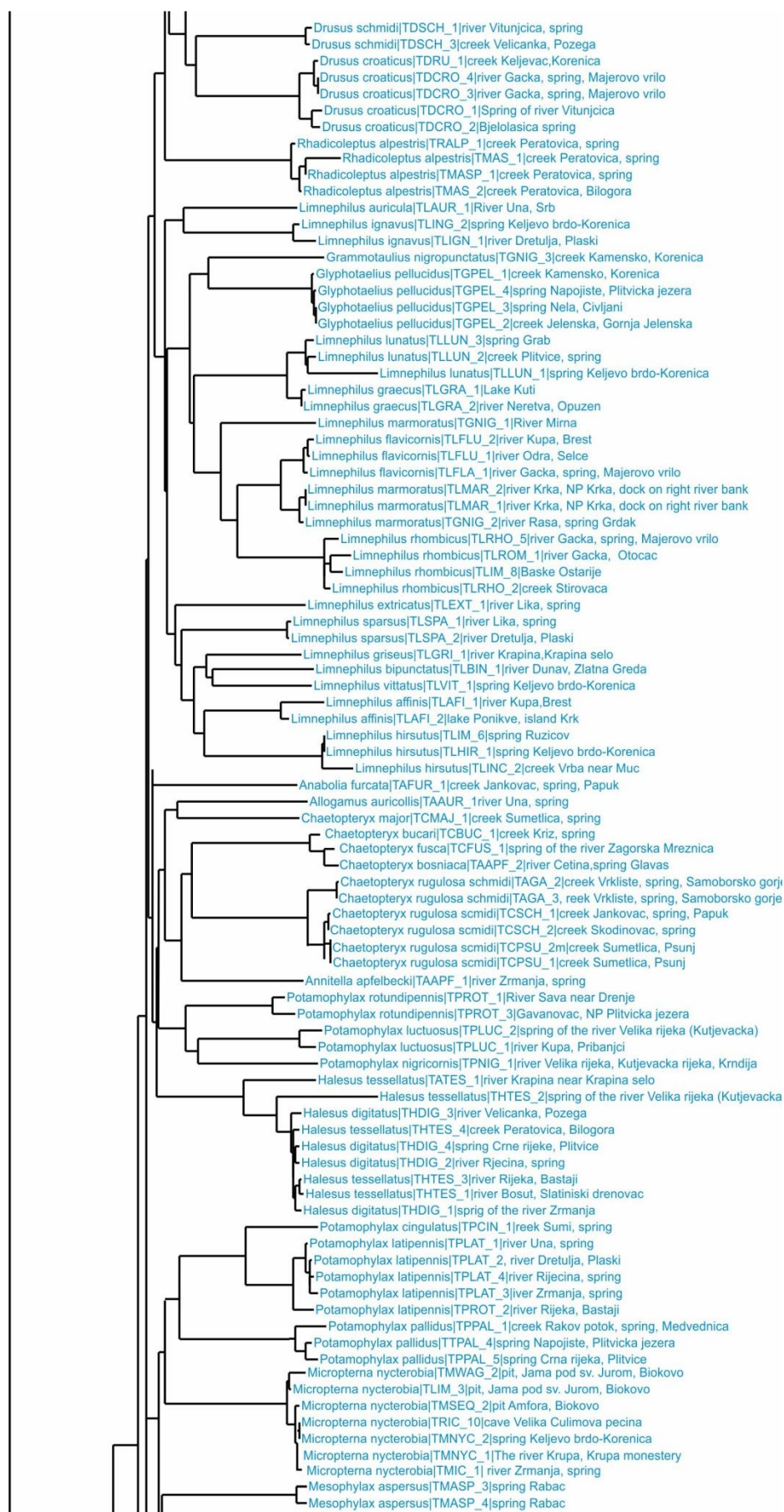
Porodica Philopotamidae je monofiletska. Rod *Wormaldia* McLachlan, 1865 nije monofiletski jer se vrste *W. pulla* (McLachlan, 1878) i *W. copiosa* (McLachlan, 1868) grupiraju s vrstama roda *Philopotamus* Stephens, 1829 (*P. montanus* (Donovan, 1813) i *P. varriegatus*) (Scopoli, 1763). Vrste *W. subterranea* Radovanović, 1932, *W. subnigra* McLachlan, 1865 i *W. occipitalis* (Pictet, 1834) se grupiraju zajedno (Slika 59 5. dio).

Porodica Ecnomidae se grupira s porodicom Polycentropodidae. Vrsta *Neuroclepsis bimaculata* (Linnaeus, 1758) prva se odvaja unutar porodice Polycentropodida čineći vanjsku vrstu rodovima *Cyrnus* Stephens, 1836, *Plectrocnemia* Stephens, 1836 i *Polycentropus* Curtis, 1835. Rodovi *Cyrnus*, *Plectrocnemia*, *Polycentropus* su monofiletski. Rod *Polycentropus* se dijeli u četiri podgrupe koje predstavljaju vrste sukladno onome kako su morfološki određene: *P. schmidi* Novak & Botosaneanu, 1965, *P. excisus* Klapalek, 1894, *P. irroratus* Curtis, 1835 i *P. flavomaculatus* (Pictet, 1834) (Slika 59 5. dio).

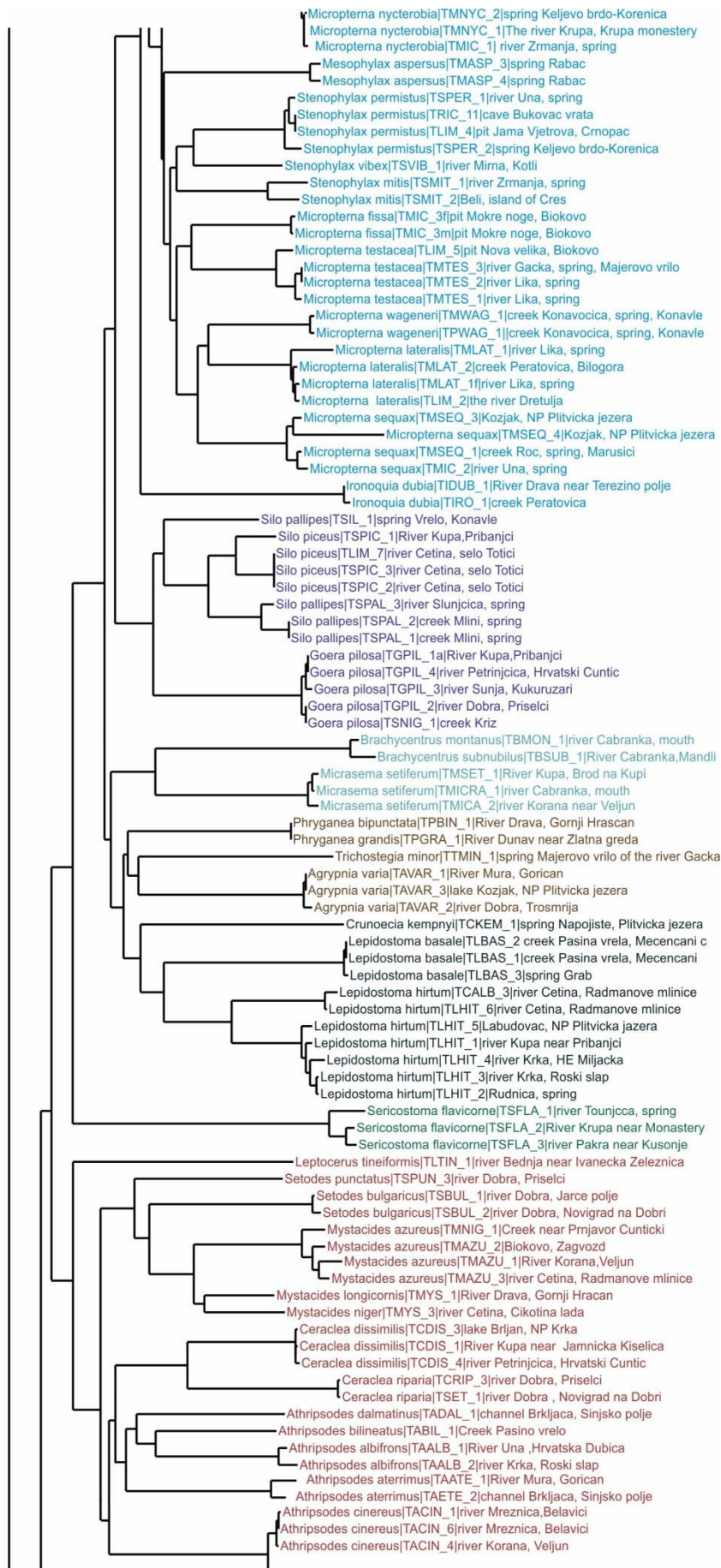
Porodica Psychomyiidae je monofiletska i dijeli se na dvije podgrupe: jednu čine rodovi *Lype* McLachlan, 1878 i *Psychomyia* Latreille, 1829, a drugu monofiletski rod *Tinodes*. Unutar roda *Psychomyia* prva se odvaja vrsta *P. klapaleki* Malicky, 1995. Vrsta *P. pusilla* (Fabricius, 1781) djeli se na tri genetske linije (Slika 59 5. dio).



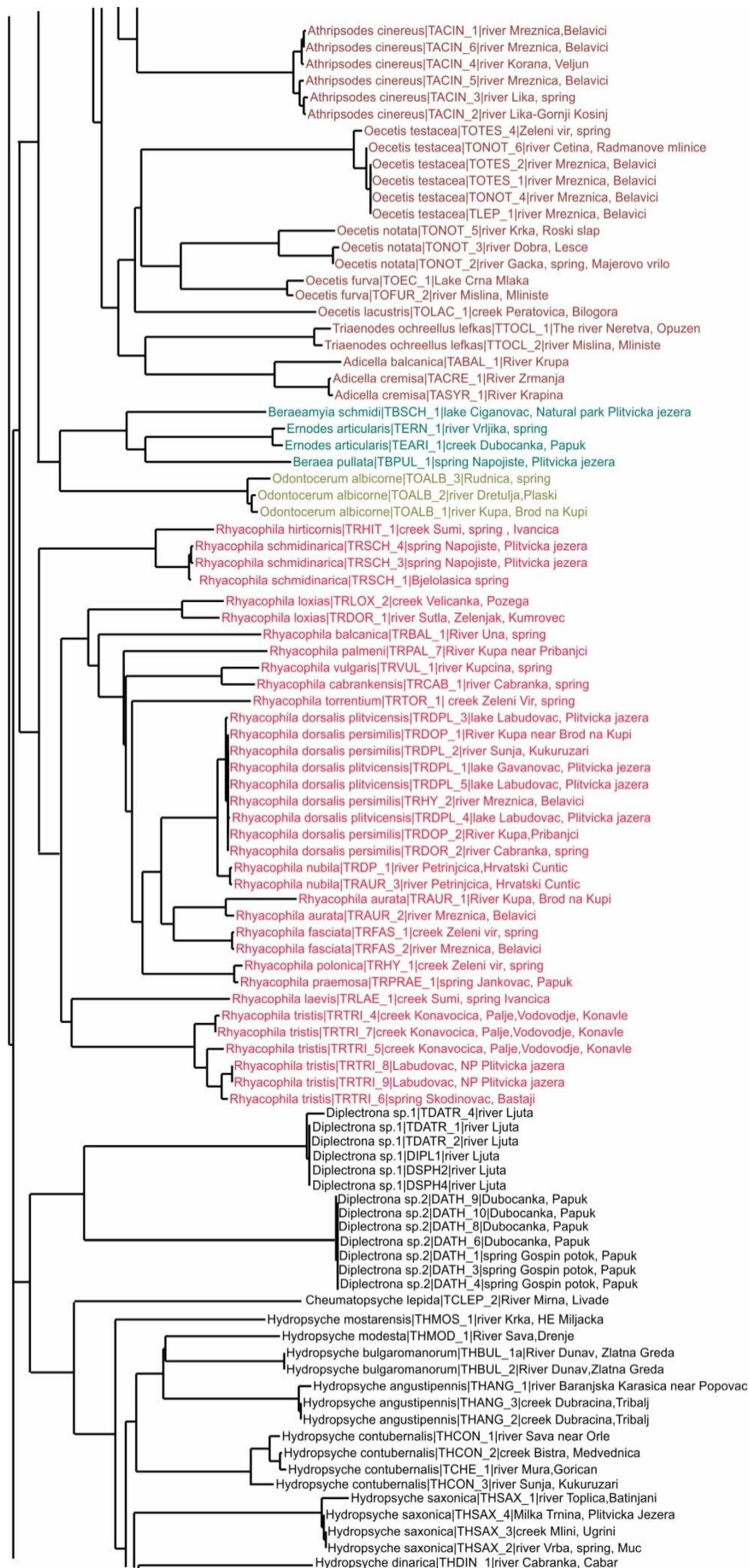
Slika 59. **1. dio**
 Filogenetsko stablo
 konstruirano
 metodom
 susjednog
 sparivanja na
 temelju
 mitohondrijskog
 biljega *COI* (DNA
 barkod regija)
 korištenjem
 analitičkog alata
 Taxon ID tree
 dostupnog na
 BOLD bazi
 (<http://www.boldsystems.org>).
 Različite boje na
 kraju grana
 označavaju
 različite porodice.
 Ljubičasta slova
 predstavljaju
 porodicu
 Glossosomatidae,
 crvena
 Hydroptilidae,
 plava
 Limnephilidae.



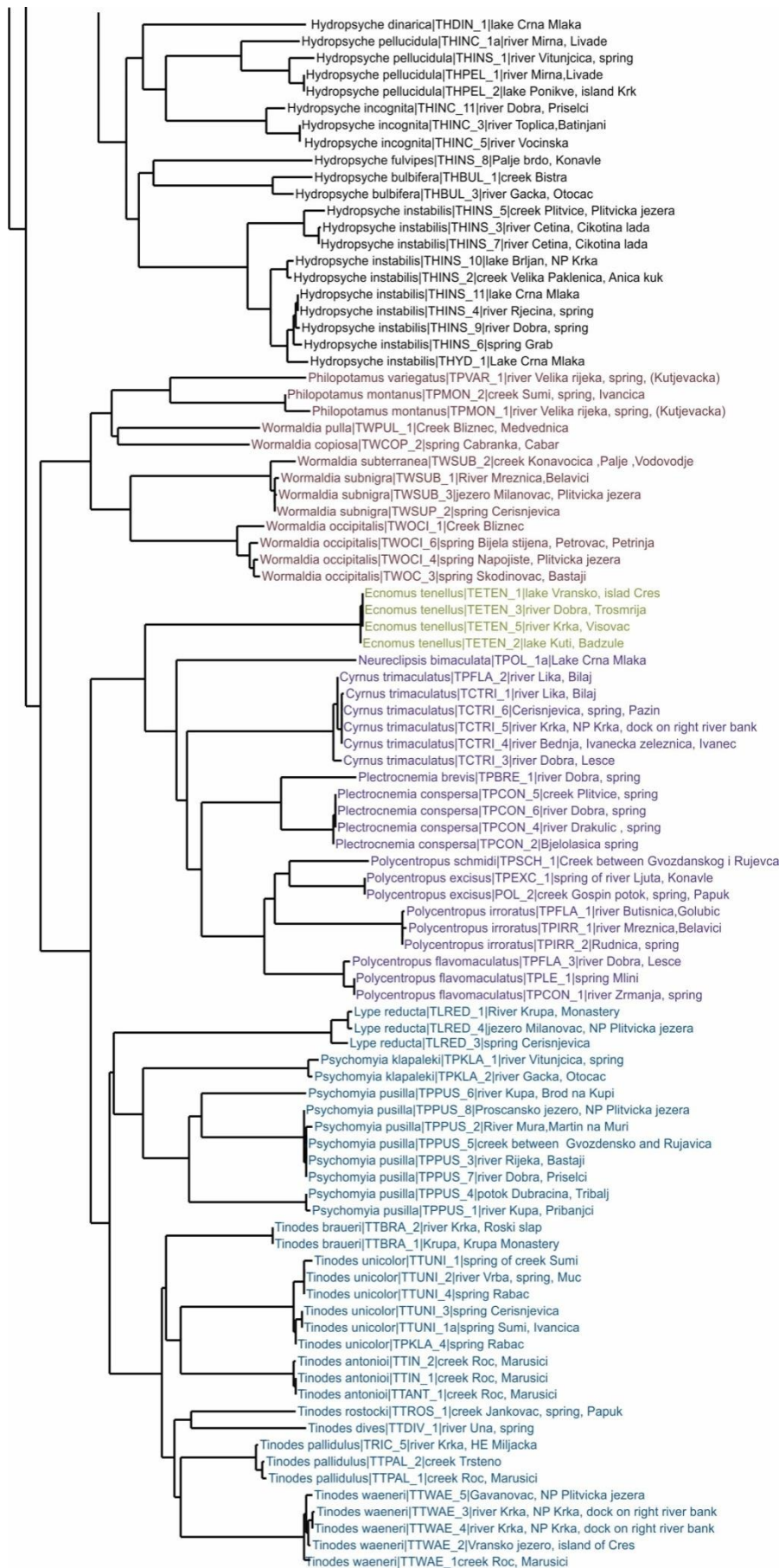
Slika 59. **2. dio**
 Filogenetsko stablo
 konstruirano
 metodom
 susjednog
 sparivanja na
 temelju
 mitohondrijskog
 biljega *COI* (DNA
 barkod regija)
 korištenjem
 analitičkog alata
 Taxon ID tree
 dostupnog na
 BOLD bazi
 (<http://www.boldsystems.org>).
 Različite boje na
 kraju grana
 označavaju
 različite porodice.
 Plava slova
 predstavljaju
 porodicu
 Limnephilidae.



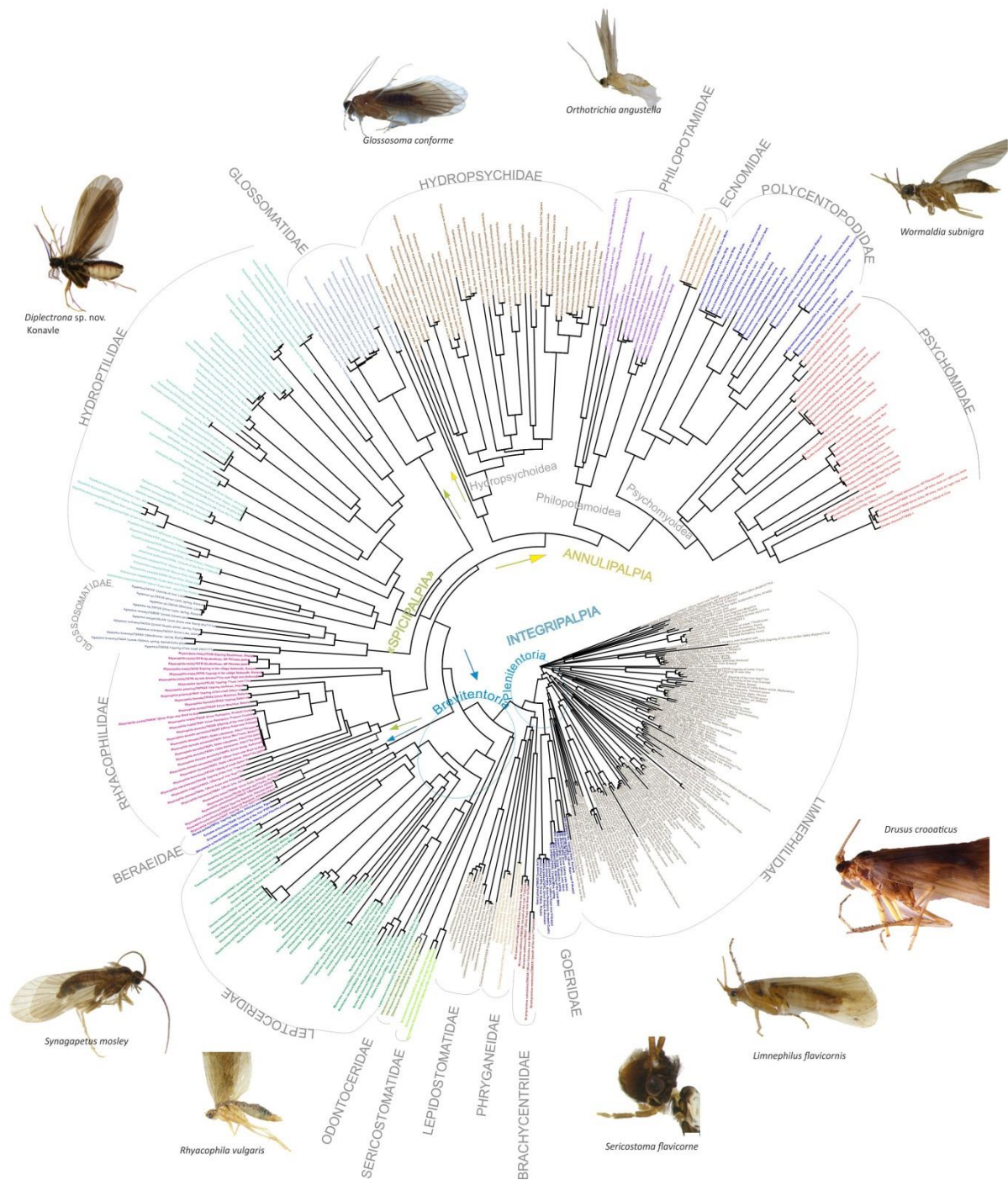
Slika 59. **3. dio**
 Filogenetsko stablo
 konstruirano
 metodom
 susjednog
 sparivanja na
 temelju
 mitohondrijskog
 biljega *COI* (DNA
 barkod regija)
 korištenjem
 analitičkog alata
 Taxon ID tree
 dostupnog na
 BOLD bazi
 (<http://www.boldsystems.org>).
 Različite boje na
 kraju grana
 označavaju
 različite porodice.
 Plava slova
 predstavljaju
 porodicu
 Limnephilidae,
 ljubičasta
 Goeridae, svjetlo
 plava
 Brachycentridae,
 smeđa
 Phryganeidae, crna
 Lepidostomatidae,
 zelena
 Sericostomatidae,
 tamno crvena
 Leptoceridae.



Slika 59. 4. dio
 Filogenetsko stablo
 konstruirano
 metodom
 susjednog
 sparivanja na
 temelju
 mitohondrijskog
 biljega *COI* (DNA
 barkod regija)
 korištenjem
 analitičkog alata
 Taxon ID tree
 dostupnog na
 BOLD bazi
 (<http://www.boldsystem.org>).
 Različite boje na
 kraju grana
 označavaju
 različite porodice.
 Tamno crvena boja
 označava porodicu
 Leptoceridae,
 tamno zelena
 Beraeidae, svjetlo
 zelena
 Odontoceridae,
 crvena
 Rhyacophilidae,
 crna
 Hydropsichidae.



Slika 59. 5. dio
Filogenetsko stablo
konstruirano
metodom
susjednog
sparivanja na
temelju
mitohondrijskog
biljega *COI* (DNA
barkod regija)
korištenjem
analitičkog alata
Taxon ID tree
dostupnog na
BOLD bazi
(<http://www.boldsystem.org>).
Različite boje na
kraju grana
označavaju
različite porodice.
Crna boja
označava porodicu
Hydropsychidae,
smeđa
Philopotamidae,
zelena Ecnomidae,
ljubičasta
Polycentropodidae,
plava
Psychomyiidae.



Slika 60. Filogenetsko stablo konstruirano metodom susjednog sparivanja (NJ) na temelju mitohondrijskog biljega *COI* (DNA barkod regija) korištenjem analitičkog alata Taxon ID tree dostupnog na BOLD bazi uz fotografije tulara, predstavnika pojedinih porodica. Različite boje na kraju grana označavaju različite porodice naznačene na slici. Označena podjela na Annulipalpia – žuta slova i Integripalpia – plava slova (na Brevitentoria i Plenitentoria) te „Spicipalpia“ – zelena slova. Kod Annulipalpia sivim slovima naznačena je podjela na nadporodice.

5. RASPRAVA

Kako bi metoda DNA barkodiranja omogućila određivanje nepoznatog uzorka potrebna je referentna baza DNA barkod sekvenci, stoga su brojne države pokrenule nacionalne inicijative DNA barkodiranja živog svijeta (npr. 2009. godine *Barcoding Fauna Bavarica*, 2011. godine *FINBOL – Finnish Barcode of Life* itd.). Ovim radom započeti su prvi koraci u stvaranju nacionalne baze DNA barkoda tulara Hrvatske. Uspoređujući s drugim nacionalnim bazama, udio od 85% DNA barkodova poznatih vrsta tulara iz Hrvatske dobiven u okviru ovog istraživanja je dobar početak sustavnog DNA barkodiranja faune. Za usporedbu u Njemačkoj je DNA barkodirano 63% poznatih vrsta tulara (Morinière i sur. 2017), u Kanadi 84% vrsta tulara područja rijeke Churchill (Zhou i sur. 2010). Ovim radom je povećan broj DNA barkod sekvenci tulara iz Hrvatske u BOLD bazi i time olakšan nastavak korištenja DNA barkod metode u biomonitoringu slatkovodnih ekosustava s naglaskom na endemičnu faunu (za koju ne postoje DNA barkod sekvence). Također, baza DNA barkod sekvenci olakšavat će primjenu nove generacije biološkog monitoringa slatkovodnih beskralješnjaka, tzv. okolišni DNA barkoding (Hajibabaei i sur. 2011, Leese i sur. 2016). Velik broj DNA barkod sekvenci nastao ovim radom omogućit će da se u Hrvatskoj, kao i u drugim europskim zemljama uvede rutinsko određivanje tulara metodom DNA barkodiranja, dok se (ionako mali broj) taksonoma može fokusirati na zahtjevnije taksonomske zadatke (Weigand i sur. 2019). Preko podataka unesenih u BOLD bazu rezultati ovog rada su uvršteni u istraživanje Weigand i sur. (2019) koja analizira stanje u pojedinim europskim državama. Istraživanje Weigand i sur. (2019) analizira broj svojiti koje se koriste za biomonitoring slatkovodnih ekosustava i broja DNA barkod sekvenci u BOLD bazi za iste svojite.

Svi tulari od kojih je dobivena DNA barkod sekvenca te njihova DNA nastali ovim radom su pohranjeni u tri zbirke. Cijela životinja (bez nekoliko nogu), kao dokazni muzejski primjerak, vaučer, pohranjena je u zbirku tkiva za DNA analize BCZ ili entomološku zbirku „Trichoptera NIP“. DNA tulara koja je izolirana ovim radom je pohranjena u DNA barkod zbirku izolirane DNA BCD. Pohrana uzoraka je važna za znanstvenu zajednicu. Astrin i sur. (2013) naglašavaju važnost dokaznih muzejskih primjeraka te posebno njihovu pohranu u muzejima, mjestima tradicionalne pohrane prirodoslovne građe. Dokazni muzejski primjerak,

osim što omogućava provjeru točnosti rezultata nastalih ovom studijom, omogućuje nastavak rada drugih stručnjaka (npr. taksonomi mogu morfološki opisati ličinku koja nije do sada opisana, a određena je metodom DNA barkodiranja) te je omogućen nastavak istraživanja. Za primjerke čiji PCR produkt nije dobiven ovim radom preostaje mogućnost da je se dobije drugim metodama (npr. primjenom početnica specifičnijih za pojedinu svojtu, umnožavanjem manjih segmenta DNA, promjenom uvjeta PCR reakcije).

DNA barkod svakog primjerka iz ovog rada uspoređen je s postojećim DNA barkodovima tulara u BOLD bazi podataka koristeći alat BOLD Identification Engine. Iako je BOLD baza podataka najopsežnija baza DNA barkod sekvenci, ne treba zanemariti mogućnost pogrešne određivanja upotrebom ovog alata. Naime, s obzirom da je teško provjeriti točnost velikog broja sekvenci javnih baza, moguće je da se u BOLD bazi nađu DNA sekvence krivo određenih uzoraka (Slika 61). Na takve pogreške upozoravaju autori Jinbo i sur. (2011) i Meier (2008) s obzirom na greške zabilježene u Banci gena (eng. NCBI Gen Bank), javno dostupnoj bazi svih DNA sekvenci. Stoga navedeni autori pozivaju na oprez kod donošenja zaključaka u istraživanjima.

Top 20 Matches

Display option: Top 20 ▾

| Phylum | Class | Order | Family | Genus | Species | Subspecies | Similarity (%) | Status |
|------------|---------|-------------|---------------|--------------------|------------------|------------|----------------|-----------------------------|
| Arthropoda | Insecta | Trichoptera | Limnephilidae | <i>Stenophylax</i> | <i>sequax</i> | | 100 | Published ↗ |
| Arthropoda | Insecta | Trichoptera | Limnephilidae | <i>Stenophylax</i> | <i>lateralis</i> | | 100 | Private |
| Arthropoda | Insecta | Trichoptera | Limnephilidae | <i>Stenophylax</i> | <i>lateralis</i> | | 100 | Published ↗ |
| Arthropoda | Insecta | Trichoptera | Limnephilidae | <i>Stenophylax</i> | <i>lateralis</i> | | 100 | Published ↗ |
| Arthropoda | Insecta | Trichoptera | Limnephilidae | <i>Stenophylax</i> | <i>sequax</i> | | 100 | Published ↗ |
| Arthropoda | Insecta | Trichoptera | Limnephilidae | <i>Stenophylax</i> | <i>sequax</i> | | 100 | Published ↗ |
| Arthropoda | Insecta | Trichoptera | Limnephilidae | <i>Stenophylax</i> | <i>sequax</i> | | 100 | Published ↗ |
| Arthropoda | Insecta | Trichoptera | Limnephilidae | <i>Micropterna</i> | <i>lateralis</i> | | 100 | Published ↗ |
| Arthropoda | Insecta | Trichoptera | Limnephilidae | <i>Stenophylax</i> | <i>sequax</i> | | 100 | Published ↗ |
| Arthropoda | Insecta | Trichoptera | Limnephilidae | <i>Micropterna</i> | <i>lateralis</i> | | 100 | Published ↗ |
| Arthropoda | Insecta | Trichoptera | Limnephilidae | <i>Micropterna</i> | <i>lateralis</i> | | 100 | Published ↗ |

Slika 61. Prikaz mogućih rezultata BOLD Identification Engine usporedbe *COI* DNA barkod sekvenci prilikom čega su dostupne sekvence s krivim taksonomskim oznakama. Nejasno je o kojoj vrsti se radi između 3 različite ponuđene identične sekvence (*Stenophylax sequax*, *Stenophylax lateralis*, *Micropterna lateralis*).

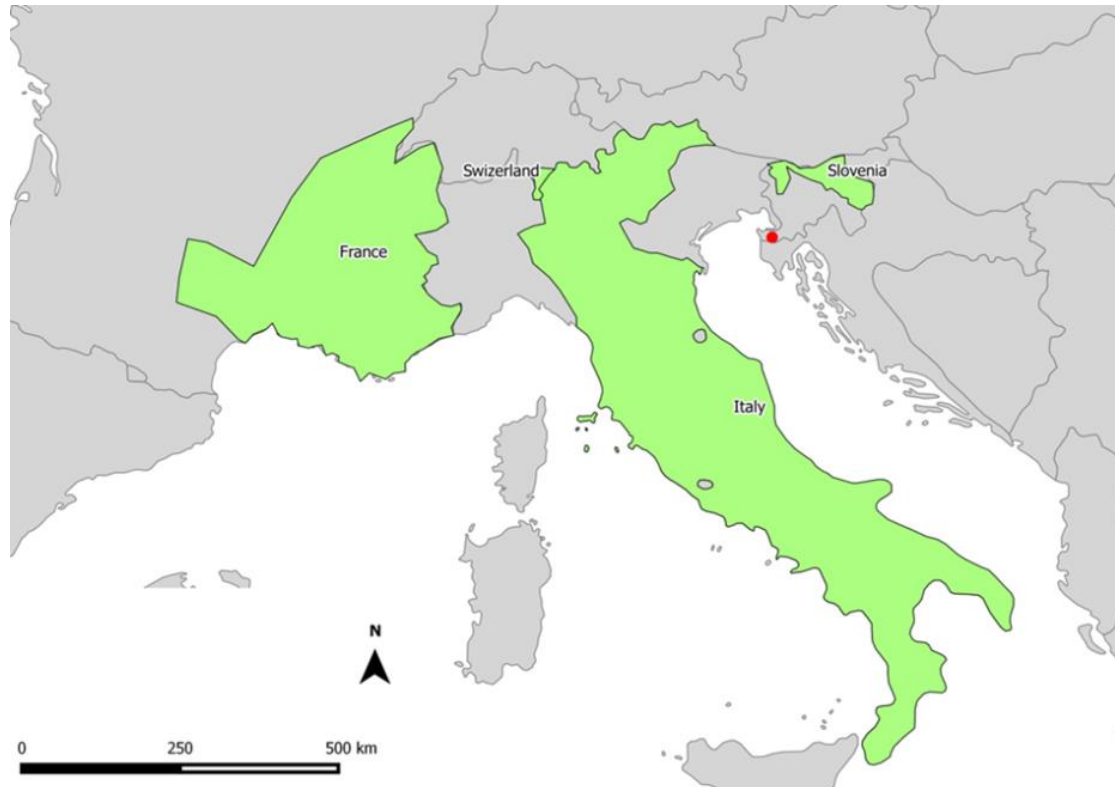
5.1. Nove i taksonomski specifične vrste u fauni tulara Hrvatske

5.1.1. Nove vrste za Hrvatsku iz roda *Tinodes* Curtis, 1834

Metoda DNA barkodiranja se pokazala u slučaju vrste *T. antonioi* kao brz i pouzdan alat u potvrđivanju morfološkog određivanja kao što je i u drugim radovima (Pauls i sur. 2010, Jackson i sur. 2014, Zhou i sur. 2007; 2009). S obzirom da u BOLD bazi nije bila dostupna DNA sekvenca vrste *T. antonioi*, molekularno određivanje u kombinaciji s morfološkom rezultirala je dokazom da se ne radi ni o jednoj drugoj vrsti roda *Tinodes* zabilježenoj u Hrvatskoj. U analizu nije uvrštena DNA barkod regija za vrstu *T. andras* koja je zabilježena u fauni Hrvatske. Kako je vrsta *T. andrasi* zabilježena u Konavlima i predstavlja endem južne Dalmacije možemo odbaciti da se radi o vrsti *T. andrasi*. „Barkod praznina“ pokazuje da su genetske razlike između vrsta roda *Tinodes*, pa tako i *T. antonioi* koji pripadaju istoj vrsti manje nego što su genetske razlike svojiti koje pripadaju različitim vrstama. Minimalna vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između *T. antonioi* i drugih vrsta roda *Tinodes* (9,7%) je veća od minimalnih interspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod tulara (8% Pauls i sur. 2010, 8,2% Graf i sur. 2015). Najveće intraspecifična vrijednost (3%) zabilježena je između *T. dives* iz Hrvatske i *T. dives consiglioi* iz Italije ukazujući da se radi o evolucijski duboko razdvojenim linijama unutar vrste.

DNA barkod *T. antonioi* vrste po prvi put je unesen u BOLD bazu na temelju rezultata ovog rada što predstavlja veliku vrijednost s obzirom da se radi o rijetkoj vrsti. Vrsta *T. antonioi* rasprostranjena je na europskom kontinentu i do sada zabilježena u Italiji, Francuskoj, Švicarskoj i Sloveniji (Cianficconi 2002, Krušnik i Urbanič 2002, Botosaneanu i Giudicelli 2004) (Slika 62). Vrsta *T. antonioi* predstavlja Alpsko-Apeninski endem koji je rijetko zabilježen i u malom broju na navedenom području usprkos velikom broju istraživanja. Cianficconi i sur. (1987) objavljuju da su u šest godina istraživanja na 33 mjesta za uzorkovanje samo jedne godine našli 11 primjeraka, Botosaneanu i Giudicelli (2004) bilježe da su sveukupno prikupili jednog mužjaka i jednu ženku na četiri posjeće lokacije u južnoistočnoj Francuskoj, Cianficconi i Corallini (2010) su tijekom istraživanja pokrajine Molise u Italiji od 1962 do 2005 prikupili su samo jednu ženku i jednog mužjaka. U ovom istraživanju, vrsta *T. antonioi* prikupljena je u gornjim tokovima dva potoka u Istri (potok Roč, Marušići i potok Mlini) i nije zabilježena u većim tekućicama ili stajaćicama na kojima je provedeno istraživanje, stoga možemo zaključiti da ova vrsta preferira manje tekućice. Veći broj jedinki (ukupno sedam) prikupljen je na potoku Roč, Marušić koji je pod manjim

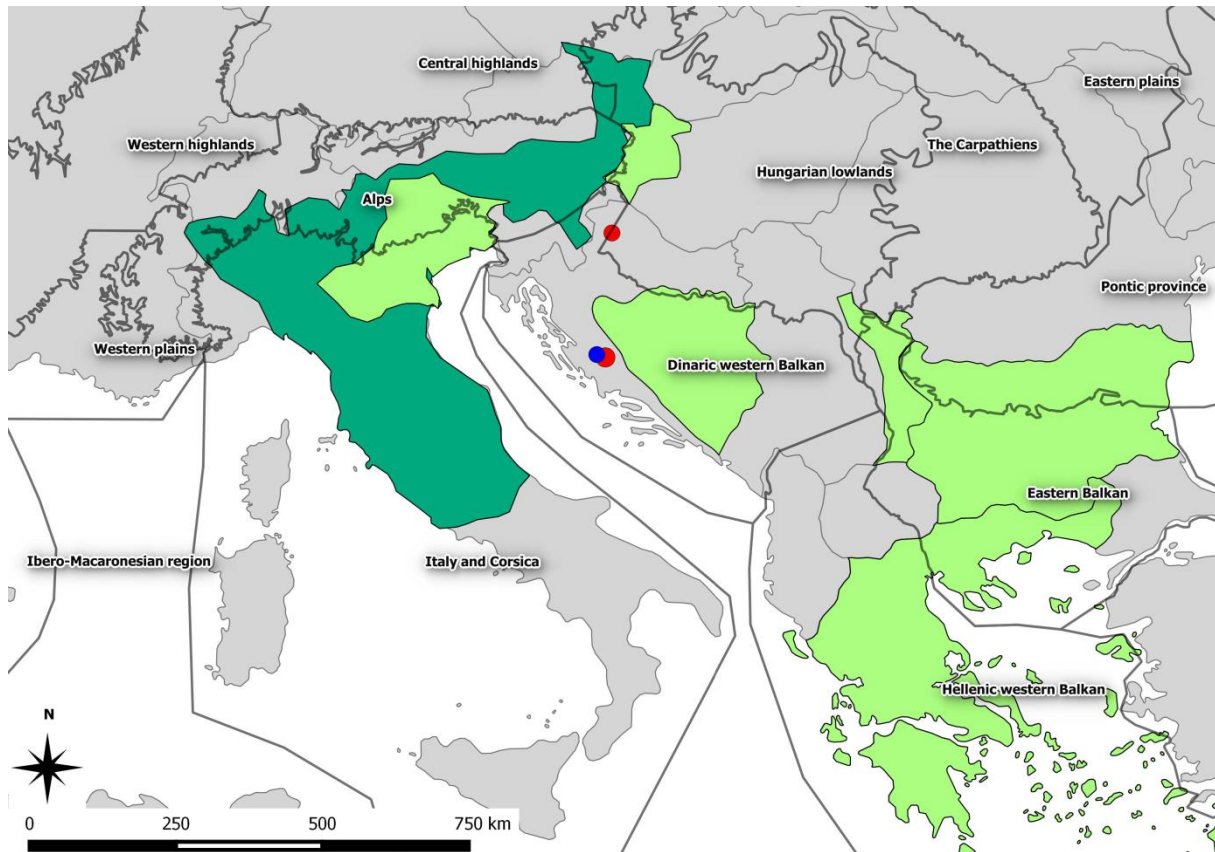
antropogenim utjecajem nego potok Mlini (prikupljeno 3 primjerka). Izvor potoka Mlini koristi se za crpljenje vode i stoga su hidrološke karakteristike tekućice promijenjene, no ne i kemijski sastav (Biondić i sur. 2009). Prikupljeni podaci s istraživanih tekućica govore nam da je vrsta *T. antonioi* osjetljiva na antropogeni utjecaj, no da je ipak u mogućnosti tolerirati određene hidrološke promjene u staništu.



Slika 62. Mjesto novog nalaza vrste *T. antonioi* u Hrvatskoj (crvena točka) s prikazom rasprostranjenosti vrste u Europi (zeleno polje) prema Graf i sur. (2019).

5.1.2. Nove vrste za Hrvatsku iz roda *Adicella* McLachlan, 1877

U ovom radu metoda DNA barkodiranja se pokazala pouzdanom u razdvajanju bliskih vrsta, kao i u prijašnjim radovima (npr. Pauls i sur. 2010, Jackson i sur. 2014). Prema Graf i sur. (2008, 2019) u Europi je prisutno 14 vrsta roda *Adicella*, od kojih su dvije široko rasprostranjene: *A. filicornis* (Pictet 1834) i *A. reducta* (McLachlan 1865), prisutne i u Hrvatskoj (Kučinić i sur. 2012, Previšić i sur. 2013b). Uz spomenute vrste *A. filicornis* i *A. reducta* u Hrvatskoje je zabilježena i treća vrsta roda *Adicella*, *A. syriaca* Ulmer, 1907 (Kučinić i sur. 2012). S ovim istraživanjem je po prvi put utvrđeno prisustvo vrsta *A. cremisa* i *A. balcanica* te one predstavljaju nove vrste za faunu Hrvatske (Ćukušić i sur. 2017) (Slika 63). Za buduća istraživanja je bitno prikupiti mužjaka vrste *A. balcanica* s obzirom da su mužjaci morfološki informativniji.



Slika 63. Mjesto novog nalaza vrste *A. cremisa* u Hrvatskoj (crvene točke) i *A. balcanica* (plava točka) s prikazom rasprostranjenosti vrsta u Europi. Tamno zeleno polje predstavlja rasprostranjene *A. cremisa*, a svijetlo zeleno polje *A. balcanica* prema Graf i sur. (2019) i Malicky (2013).

Do sada ni jedno istraživanje nije proučavalo genetsku udaljenost vrsta roda *Adicella* temeljenu na *COI* genu. No genetska udaljenost unutar roda *Adicella* dobivena ovim radom slična je vrijednostima zabilježenim kod roda *Smicridea*, Hydropsychidae, također za DNA barkod regiju (20%, Pauls i sur. 2010). Rezultati DNA barkodiranja potvrđuju morfološku određivanje dvije nove vrste roda *Adicella* za Hrvatsku. Velika genetska sličnost između populacija *A. cremisa* u Italiji i Hrvatskoj (*A. cremisa* iz lokacije Zrnmnja 0,11%, Krapina 0,44%) ukazuje na postojanje protoka gena kod disjunktne populacije rasprostranjenih na širem geografskom području što je zabilježeno kod drugih slatkovodnih svojiti makrozoobentosa, npr. kod obalčara vrste *Dinocras cephalotes* (Elbrecht i sur. 2014).

5.1.3. Potvrda nalaza rijetke vrste *Trichostegia minor* (Curtis, 1834)

Vrsta *T. minor* rijetko je zabilježena iako široko rasprostranjena i zabilježena u 16 ekoregija prema Illies 1967, 1978. Također i na području Hrvatske usprkos intenzivnijem terenskim

obilascima slatkovodnih staništa u Hrvatskoj u posljednjih nekoliko godina. Vrsta *T. minor* zabilježena je u Hrvatskoj u Varaždinu (Malicky 2009), na izvoru rijeke Cetine (Vučković i sur. 2011) te ovim istraživanjem na izvoru Gacke, Mejerovo vrilo. Baza podataka Fauna Europaea ne navodi areal vrste za područje Hrvatske (Malicky 2013) (Slika 64). Da se radi o široko rasprostranjenoj i rijetkoj vrsti i u fauni Bugarske navodi Kumanski (2007), odnosno u fauni Italije navodi Wolf i sur. (2013). Rezultati filogenetske analize nedvojbeno pokazuju da primjerci DNA barkodirani u ovom istraživanju pripadaju vrsti *T. minor* što daje dodatnu sigurnost u točnost morfološkog određivanja (Slika 19). Na temelju prijašnjih istraživanja i ovog rada, možemo zaključiti da je utvrđena prisutnost *T. minor* u svim geografskim i biogeografskim regijama u Hrvatskoj. Analizirani primjerci iz Hrvatske izdvajaju se s primjerkom iz Austrije u zasebnu genetsku liniju od ostalih primjeraka *T. minor*. No navedeno odvajanje ne možemo smatrati značajnom divergentnom linijom s obzirom da genetska udaljenost od 2% između odvojene genetske linije (Hrvatska i Austrija) i ostalih primjeraka vrste *T. minor* u rangu s zabilježenim intraspecifičnim udaljenostima kod tulara (0-1,54% Phryganeidae Zhou i sur. 2010, 3,19% Johanson 2007). Također, na temelju analiziranih vrsta porodice Phryganeidae može se zaključiti da su intraspecifične razlike unutar vrste *T. minor* među najnižim zabilježenim (najniža 0,1%, najviša 4,5%). Mala genetska razlika između populacija rasprostranjenih na geografski velikim područjima upućuje na konstantan protok gena. Jedan od razloga široke rasprostranjenosti *T. minor* je vjerojatno što vrsta preferira spore tekućice i stajaćice te ima veliku moć prilagodbe jaja i ličinki na promjene u okolišu. Jaja i ličinke ove vrste mogu podnijeti sušu, smrzavanje, veliku fluktuaciju pH, razine alkaliniteta i duže periode bez kisika (Van der Hoek i sur. 1989).



Slika 64. Prikaz nalaza vrste *T. minor* (crvene točke) na području te rasprostranjenosti vrste u Europi prema Malicky (2013) - zeleno polje i Graf i sur. (2019) – crni rub sa označenim geografskim regijama prema Illiesu (1967, 1978). Slika B predstavlja uvećani dio slike A u lijevom donjem kutu.

5.1.4. Određivanje malih vrsta i potvrda novih vrsta za Hrvatsku iz porodice Hydroptilidae

DNA barkodiranje se pokazalo kao izuzetno korisno za problematično određivanje mikrotulara. Zbog svoje male veličine, iako široko rasprostranjeni, često se ne zabilježe terenskim istraživanjem. Kako se posljednjih godina intenziviraju terenska istraživanja, tako bilježimo veći broj novih vrsta porodice Hydroptilidae za fauni Hrvatske (Previšić i sur. 2007, 2013b, Cerjanec 2012, Kučinić i sur. 2015b). Ovim radom je na temelju metode DNA barkodiranja potvrđena prisutnost novih vrsta za faunu Hrvatske iz porodice Hydroptilidae (*Hydroptila simulans*, *H. phaon*, *H. forcipata*, *H. lotensis*, *H. martini*, *H. tigurina*, *H. tineoides*, *O. angustella*, *O. costalis*, *I. lamellaris*, *O. flavicornis*). Iako su neke od navedenih vrsta morfološki određeni do razine vrste u prijašnjim istraživanjima (Cerjanec 2012) i radovima (Kučinić i sur. 2015b) primjerke THYD_13, THYD_3, THID_3, THYD_6, THYP_6, THYD-12, THYP_9, THYD_5, THYD_7, THYD_8 nije bilo moguće morfološki

odrediti do razine vrste bez upotrebe binokularne lupe veće moći razlučivanja. U ovom slučaju DNA barkod metodom određeni su navedeni primjerci koji su se s viskom pouzdanošću grupirali s haplotipovima morfološki određenih primjeraka iz Hrvatske i primjeraka iz BOLD baze.

Vrsta *H. simulans* do sada nije zabilježena u fauni Hrvatske, a ovim radom je bez sumnje potvrđena njena prisutnost u Hrvatskoj. S obzirom da je zabilježena u ekoregijama ER 5 i ER 11, kojima pripada Hrvatska, razumljivo je bilo očekivati prisutnost *H. simulans* u fauni Hrvatske (Graf i sur. 2008; Slika 65 A). Prema filogenetskoj analizi na temelju *COI* gena, DNA barkod regije, potvrđeno je monofiletsko grupiranje s drugim primjercima *H. simulans* iz Europe. Kao dodatna potpora su rezultati ABGD analize koji su svrstali sve primjerke vrste *H. simulans* u jednu grupu, teoretsku vrstu. Intraspecifična genetska udaljenost unutar široko rasprostranjene vrste *H. simulans* je mala (0-1,2%), no u rangu intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod roda *Hydroptila* (0,85-2,7% Zhou i sur. 2010) i tulara (0-3,19% Johanson 2007).

Vrstu *H. lotensis* u fauni tulara Hrvatske navodi Cerjanec (2012) u doktorskoj disertaciji što je potvrđeno i metodom DNA barkodiranja. Prisutnost vrste *H. lotensis* u Hrvatskoj bila je očekivana s obzirom da je zabilježena u ekoregijama kojima pripada Hrvatska (ER 5 i ER 11) (Graf i sur. 2008; 2019; Slika 65 D). Svi primjerci vrste *H. lotensis* iz ovog rada monofiletski se grupiraju s primjerkom iz Finske.

Vrsta *H. phaon* nije prethodno zabilježena u fauni Hrvatske i u BOLD bazi ne postoji DNA barkod sekvenca navedene vrste. Ovo je ujedno i prvi nalaz vrste u ekoregiji ER 5 s obzirom da je do sada zabilježena u ekoregijama: ER 3 Italija, Korzika i Malta, ER 4 Alpe, ER 6 Helenski zapadni Balkan (Graf i sur. 2008, 2019; Slika 65 B). Morfološki određeni primjerci *H. phaon* su se odvojili od svih ostalih vrsta roda *Hydroptila* analiziranih ovim radom. Primjerke THPHA_1 i TPHA_1 vrste *H. phaon* i ABGD analiza je svrstala u zasebnu grupu, hipotetsku vrstu. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između haplotipova THPHA_1 i TPHA_1 je u rangu intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod vrsta porodice Hydroptilidae (0,85-2,7% Zhou i sur. 2010), a vrijednosti genetske udaljenosti između THPHA_1, TPHA_1 i ostalih analiziranih primjeraka roda *Hydroptila* također su u rangu interspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod vrsta porodice Hydroptilidae (20,12% Zhou i sur. 2010).

Vrsta *H. vectis*, poznata od prije u fauni Hrvatske (Previšić i sur. 2007). Primjerci naveden vrste analizirani ovim radom svrstali su se sukladno taksonomiji. Kod vrste *H. vectis* dolazi do podjele u genetske grupe koje se podudaraju s geografskim podrijetlom. Jednu grupu čine primjerci *H. vectis* iz Estonije (ER 15). U grupu s primjercima iz Italije (ER 3) i Austrije (ER 11) svrstao se primjerak THVEC_1 iz Hrvatske (prikupljen na rijeci Bednji koja pripada panonsko-peripanonskoj regiji, odnosno ER 11). Zasebno su se odvojili primjerci THVEC_2 i THYD_3 prikupljeni u Konavlima i izvoru Čerišnjevac koji pripadaju mediteranskoj regiji, odnosno ER 5. S obzirom na genetske udaljenosti kod analiziranih vrsta roda *Hydroptila* između primjeraka vrste *H. vectis* zabilježen je i najveći raspon genetskih udaljenosti (0-6,1 što je. Ovakva genetska udaljenost u rangu intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod tulara (8,50%, Hogg i sur. 2009, 7% Barcelos-Silva i sur. 2018), no predstavlja maksimalne vrijednosti zabilježene kod roda *Hydroptila* (0,85-2,7% Zhou i sur. 2010). Ipak, ABGD analiza je svrstala sve primjerke *H. vectis* u jednu grupu. Navedeno ukazuje da ova vrsta ima visoko diferenciranu genetičku populacijsku strukturu, što je najčešće indikacija slabog ili ne postojećeg protoka gena između disjunktno rasprostranjenih populacija (npr. Lehrian i sur., 2009; Pauls i sur., 2006; Previšić i sur. 2009, 2014b).

Prisustvo vrste *H. forcipata* u fauni Hrvatske zabilježeno je u radu Kučinić i sur. (2015b), što je dodatno potvrđeno ovim radom pomoću metode DNA barkodiranja. Utvrđeno je i proširenje areala rasprostiranja *H. forcipata* na jugu Hrvatske (rijeka Cetina i Krka). Vrsta *H. forcipata* zabilježena je u svim ekoregijama u Europi, a ovim radom dani su dodatni podaci o njenoj rasprostranjenosti u Hrvatskoj (Slika 65 C). Svi primjerci vrste *H. forcipata* analizirani ovim radom pokazali su monofiletsko grupiranje s primjercima ove vrste iz Europe. Navedeno grupiranje je dodatno potvrđeno ABGD analizom koja je sve primjerke vrste *H. forcipata* svrstala u jednu grupu, hipotetsku vrstu. Bez obzira na široku rasprostranjenost vrste između primjeraka vrste *H. forcipata* zabilježen je najmanji raspon genetske udaljenosti (0-0,1%) s obzirom na ostale vrste roda *Hydroptila* analizirane ovim radom, što upućuje na postojeći protok gena među populacijama (npr. Lehrian i sur. 2009). Vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti je u rangu intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod porodice Hydroptilidae (0,85-2,7% Zhou i sur. 2010).

Vrstu *H. tigurina* u fauni tulara Hrvatske navodi Cerjanec (2012) u doktorskoj disertaciji što je potvrđeno i u ovom radu metodom DNA barkodiranja. Ovo je ujedno i prvi nalaz vrste u ekoregiji ER 5 s obzirom da je do sada zabilježena u ekoregijama: ER 3, ER 4, ER 6, ER 17.

ER 18 (Graf i sur. 2008, 2019; Slika 65 F). U BOLD bazi ne postoji DNA barkod sekvenca vrste *H. tigurina*, stoga primjerci morfološki određeni kao *H. tigurina* ovim radom predstavljaju prvi unos DNA barkoda. Također ABGD analiza ih svrstava u zasebnu grupu od svih ostalih vrsta roda *Hydroptila*, a vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između primjeraka vrste *H. tigurina* iz Hrvatske i ostalih vrsta roda *Hydroptila* je u rangu interspecifične vrijednosti zabilježene kod Hydroptilidae (20.12% Zhou i sur. 2010) i kod drugih tulara (8,5-19,5% Hogg i sur. 2009).

Vrstu *H. tineoides* u fauni tulara Hrvatske navodi Cerjanec (2012) u doktorskoj disertaciji što je potvrđeno i ovim radom metodom DNA barkodiranja. Vrsta *H. tineoides* zabilježena je u svim ekoregijama u Europi, stoga je nalaz u Hrvatskoj bio očekivan (Graf i sur. 2008, 2019; Slika 65 E). ABGD analiza je svrstala u jednu grupu sve primjerke vrste *H. tineoides* iz Hrvatske i Europe. Time je potvrđen rezultat filogenetskog stabla koji svrstava sve analizirane vrste *H. tineoides* u monofiletsku skupinu. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti unutar vrste *H. tineoides* u rangu su intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod porodice Hydroptilidae (0,85-2,7% Zhou i sur. 2010).

Vrsta *H. martini* do sada nije zabilježena u fauni Hrvatske, a ovim je radom dodatno je potvrđena njena prisutnost u Hrvatskoj na temelju molekularne i morfološke determinacije. S obzirom da je zabilježena u ekoregijama ER 5 (Graf i sur. 2008, 2019; Slika 65 G i H), kojima pripada Hrvatska, razumljivo je bilo očekivati prisutnost u fauni Hrvatske. Primjerci vrste *H. martini* iz Hrvatske u filogenetskom stablu se grupiraju s primjercima vrste *H. martini* iz Europe. ABGD analiza svrstava sve primjerke *H. martini* u jednu grupu. Genetska udaljenost između haplotipova vrste *H. martini* (0,9%) je u rangu intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod porodice Hydroptilidae (0,85-2,7% Zhou i sur. 2010).

Vrsta *H. sparsa* poznata je od prije u fauni Hrvatske (Previšić i sur. 2007). Primjerci analizirani ovim radom svrstali su se sukladno taksonomiji. ABGD analiza je na temelju postojanja "barkod praznine" za sve vrste roda *Hydroptila* potvrdila da se radi o pravim vrstama koje se međusobno dobro genetski odvajaju.

Tijekom dosadšnjih faunističkih istraživanja tulara u Hrvatskoj, vrste rodova *Orthotrichia*, *Ithytrichia* i *Oxyethira* ili su tek nedavno zabilježene na malom broju lokacija (npr. Cerjanec 2012, Vručina i sur. 2016) ili uopće nisu zabilježene. Međutim, neke vrste ovih rodova široko su rasprostranjene u Europi i zabilježene u okolnim područjima, tj. ekoregijama ER5 i ER11

(npr. *O. costalis*), te se redovito bilježe prilikom uzorkovanja makrozoobentosa u svrhu praćenja stanja različitih vodnih tijela (A. Previšić, osobna komunikacija). S obzirom da se ličinački stadiji vrsta ovih rodova ne mogu pouzdano razlikovati (Waringer i Graf 2011), njihovi nalazi ostaju navedeni na razini roda. Stoga je potvrda rasprostranjenosti vrsta ovih rodova u Hrvatskoj očekivana uz primjenu pouzdanih alata njihovog razlikovanja (DNA barkodiranje).

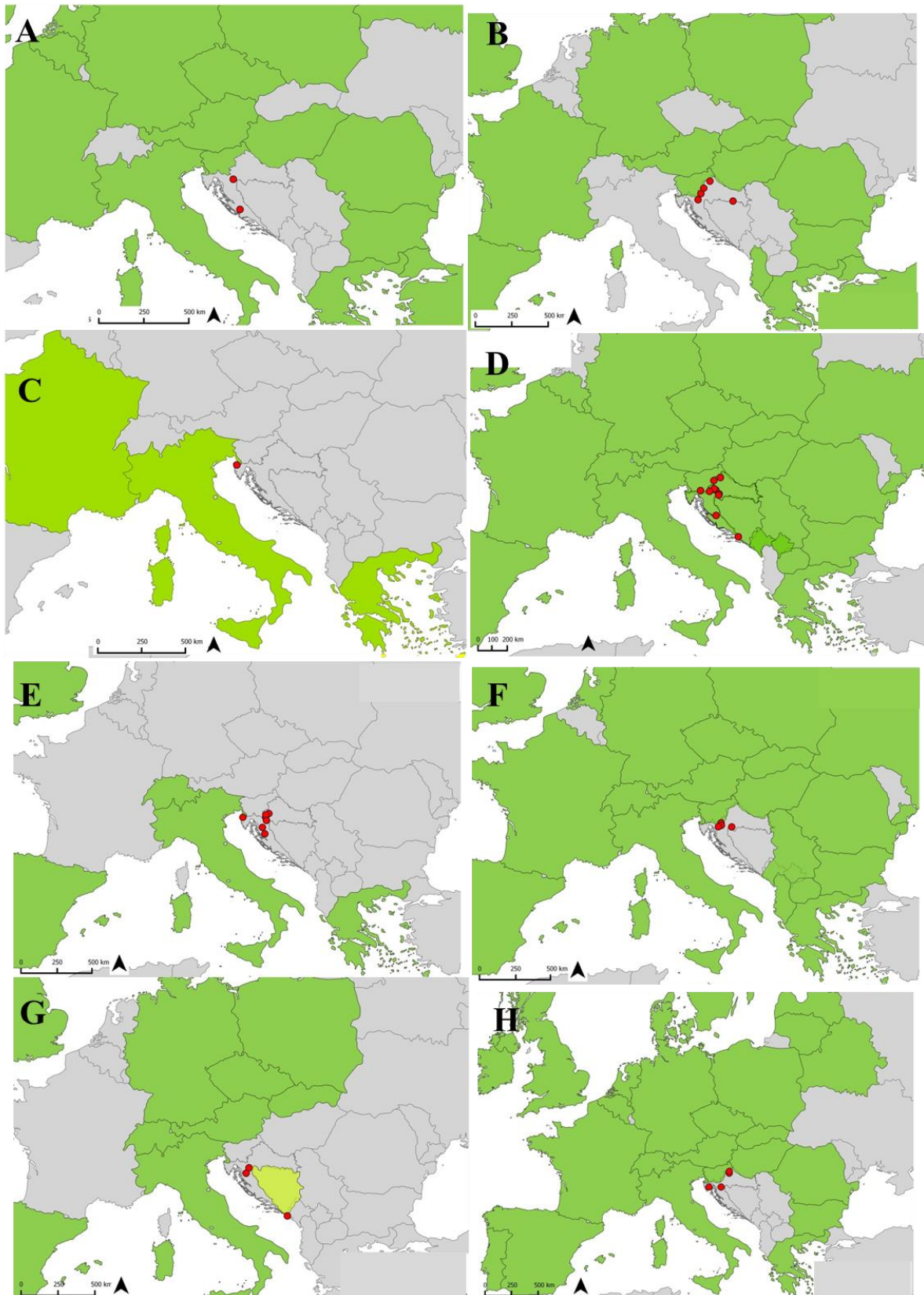
Vrstu *Orthotrichia angustella* u fauni tulara Hrvatske bilježi Cerjanec (2012) u doktorskoj disertaciji što je potvrđeno i metodom DNA barkodiranja u ovom radu. Vrsta *O. angustella* prisutna je u ekoregiji ER 5 (Graf i sur. 2008, 2019; Slika 66 A i B), pa nalaz bio očekivan u fauni Hrvatske. Primjerci vrste *O. angustella* iz Hrvatske grupiraju se s primjercima vrste *O. angustella* iz Rusije u monofiletsku skupinu. ABGD analiza potvrđuje da se radi o istoj vrsti i svrstava sve primjerke *O. angustella* u istu grupu. Primjerci vrste *O. angustella* iz Hrvatske i Rusije ne pokazuju nikakvu genetsku razliku na temelju *COI* gena, DNA barkod regije.

Vrsta *Orthotrichia costalis* po prvi puta je zabilježena u fauni tulara Hrvatske i potvrđena metodom DNA barkodiranja. Vrsta *O. costalis* široko je rasprostranjena u Europi te je sad i potvrđena na teritoriju Hrvatske (Graf i sur. 2008, 2019; Slika 66 B). Vrsta *O. costalis* iz Hrvatske se grupira s ostalim primjercima vrste *O. costalis* iz Europe što potvrđuje i ABGD analiza svrstavajući sve primjerke u jednu grupu. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti unutar vrste *O. costalis* (1,9%) je u rangu intraspecifičnih vrijednosti kod porodice Hydroptilidae (0,85-2,7% Zhou i sur. 2010).

Vrsta *Orthotrichia tragetti* je od prije poznata u fauni Hrvatske (Vručina i sur. 2016), a rezultati njene analize u ovom radu su je svrstale sukladno taksonomiji. Vrste iz roda *Orthotrichia* analizirane ovim radom, kao i vrste iz roda *Hydroptila*, pokazuju malu intraspecifičnu razliku (0-1,9%) bez obzira na geografsku udaljenost. Iznenadujuće je da vrste iz roda *Orthotrichia* pokazuju jednaku interspecifičnu razliku bez obzira na kojem kontinentu su rasprostranjene. Raspon interspecifičnih udaljenosti između primjeraka vrste *O. tragetti* i primjeraka vrsta roda *Orthotrichia* iz Sjeverne Amerike (10,3-13%) jednak je rasponu interspecifičnih udaljenosti između primjeraka vrste *O. tragetti* i primjeraka vrsta roda *Orthotrichia* iz Europe (12,6-13,7%). No radi se o relativno slaboj *bootstrap* podršci u grananju unutar roda *Orthotrichia* te su za bolje razumijevanje i konačan zaključak odnosa potrebni dodatni molekularni biljezi.

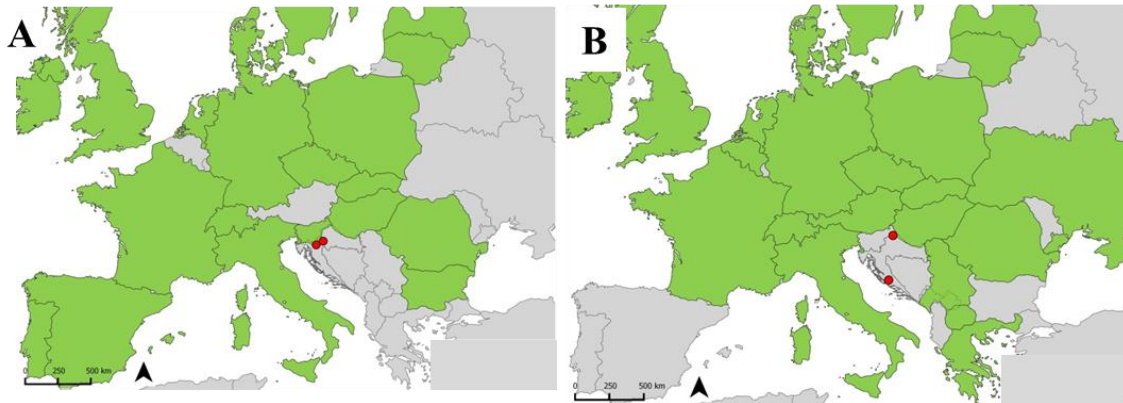
Prisutnost vrste *Ithytrichia lamellaris* u fauni Hrvatske bilježi Cerjanec (2012). DNA barkod metodom potvrđena je morfološki određena vrsta i zato sa dodatnom sigurnošću možemo tvrditi da je *I. lamellaris*, za sada, kao jedina vrsta roda *Ithytrichia* prisutna u fauni Hrvatske. S obzirom da je vrsta *I. lamellaris* zabilježena u većini ekoregija u Europi (Graf i sur. 2008, 2019), pa tako i u ER 5 bio je očekivan njezin nalaz na području Hrvatske. Svi primjerci vrste *I. lamellaris* iz Hrvatske su se grupirali s ostalim primjercima vrste *I. lamellaris* iz Europe. Unutar vrste *I. lamellaris* dolazi do odvajanje dijela primjeraka iz Njemačke od primjeraka *I. lamellaris* iz drugih dijelova Europe, uključujući i primjerak iz Njemačke (FBAQU1189-12). Ovo odvajanje je vidljivo u genetskoj raznolikosti na temelju *COI* gena unutar vrste *I. lamellaris* analiziranih ovim radom, s obzirom da je nešto veće nego u ostalih analiziranih vrsta iz porodice Hydroptilidae (2,5%). Ipak vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti je ispod maksimalne intraspecifične vrijednosti zabilježene unutar porodice Hydroptilidae (2,7% Zhou i sur. 2010). ABGD analiza svrstala je sve primjerke vrste *I. lamellaris* unutar jedne grupe.

Vrsta *Oxyethira falcata* do sada nije zabilježena u fauni Hrvatske iako je zabilježena u svim ekoregijama u Europi (Graf i sur. 2008, 2019). DNA barkod metodom *O. falcata* je potvrđena u fauni Hrvatske. Odvajanja pojedinih genetskih linija unutar *O. falcata* ukazuju na genetsku diferenciranost određenih populacija. Vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti unutar vrste *O. falcata* (6,7%) analiziranih primjeraka veća je od maksimalne intraspecifične vrijednosti zabilježene kod drugih vrsta roda *Oxyethira* analiziranih u ovom radu (2,8%) te kod porodice Hydroptilidae (2,7% Zhou i sur. 2010), no još uvijek u rangu intraspecifičnih vrijednost zabilježenih kod tulara (8,5% Hogg i sur. 2009). S obzirom na veće genetske distance i nerazriješenu filogeniju (politomija) unutar vrste *O. falcata* treba istaknuti potrebu za analizom dodatnih molekularnih biljega.



Slika 65. A-H. Prikaz nalaza novozabilježenih vrsta roda *Hydroptila* i *Ithytrichia* (crvene točke) na području Hrvatske s rasprostranjenosti vrste u Europi prema Malicky (2013) - zeleno polje, slijedom: A – *H. simulans*, B – *H. lotensis*, C – *H. phaon*, D – *H. forcipata*, E – *H. tigurina*, F – *H. tineoides*, G – *H. martini*, H – *Ithytrichia lamellaris*.

Iako je vrsta *Oxyethira flavicornis* zabilježena u ekoregijama kojima pripada i teritorij Hrvatske (ER 5 i ER 11) (Graf i sur. 2008, 2019) do sada nije potvrđena u fauni Hrvatske. Morfološko određivanje u kombinaciji s metodom DNA barkodiranja u ovome radu potvrđuje prisustvo ove vrste u fauni Hrvatske. Primjerci vrste *O. flavicornis* iz Hrvatske grupiraju se s primjercima navedene vrste iz Europe. Unutar grupe vrsta *O. flavicornis* primjerak s lokaliteta Lika, Bilaj zajedno s primjerkom iz Njemačke se izdvaja u zasebnu liniju. ABGD analiza svrstava sve primjerke *O. flavicornis* u jednu grupu što nam sugerira da se radi o jednoj vrsti. Genetska udaljenost unutar *O. flavicornis* (2,8%) u rangu je intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod tulara (2,7% Hydroptilidae Zhou i sur. 2010, 4,8% *Metrichia* Santos i sur. 2016b).



Slika 66. A-B. Prikaz nalaza vrsta roda *Orthotrichia* (crvene točke) s rasprostranjenosti vrste u Europi prema Malicky (2013) - zeleno polje: A – vrsta *O. angustella*, B – vrsta *O. costalis*.

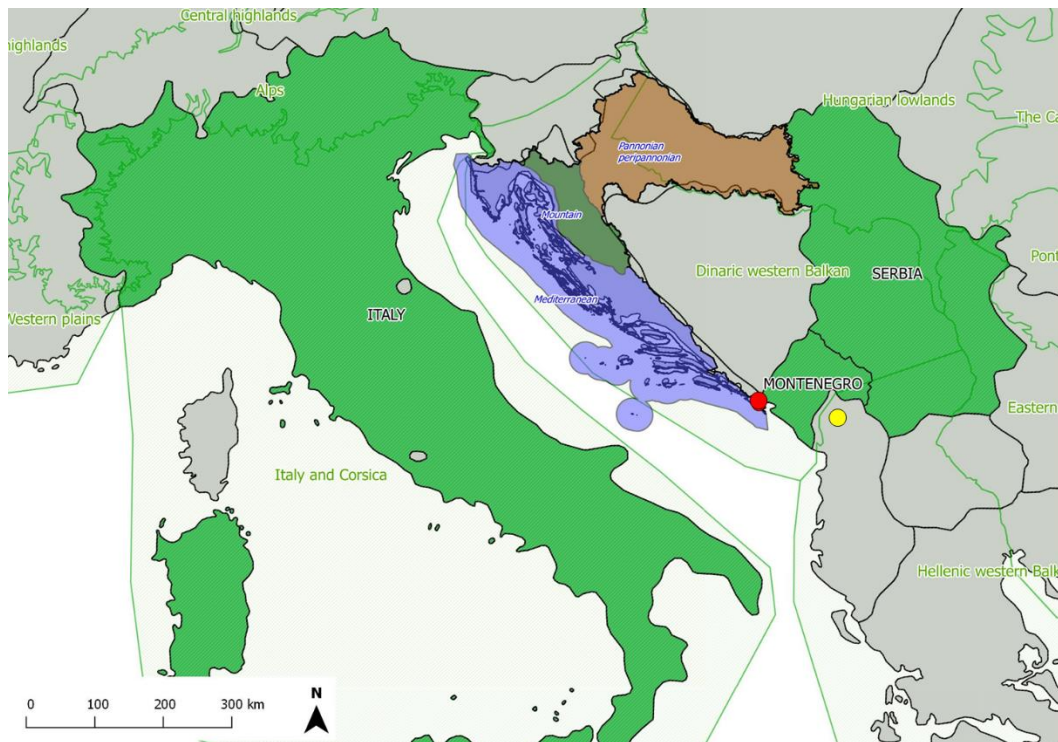
Male intraspecifične udaljenosti vrsta porodice Hydroptilidae koje su široko rasprostranjene upućuju da između populacija postoji protok gena i da ti tulari, iako male veličine (mikrotulari), imaju dobre sposobnosti rasprostranjivanja. Ovakav rezultat objašnjava se sposobnošću jedinki porodice Hydroptilidae da iskoriste zračne struje kako bi premostile veće geografske udaljenosti. Moguće je i postojanje većeg broja geografski bliskih populacija. Slične rezultate dobili su Wilcock i sur. (2007) kod vrste *Plectrocnemia conspersa* (Curtis, 1834) u Engleskoj. Vrsta *P. conspersa*, koja naseljava različita vodena staništa, imala je malu genetsku razliku unutar populacije rasprostranjene na području širine 100 km. Na istom promatranom području vrsta *Polycentropus flavomaculatus* (Pictet, 1834), koja naseljava velike rijeke, imala je veliku genetsku razliku unutar geografski udaljenih populacija. Wilcock i sur. (2007) zaključili su da postoji protok gena kod populacije vrste *P. conspersa* zahvaljujući postojanju više manjih populacija na većem geografskom području između kojih

postoji protok gena. Vrste roda *Hydroptila* (osim vrste *H. vectis*) pokazuju malu intraspecifičnu genetsku udaljenost, dok su interspecifične vrijednosti prilično visoke (11,9-25,6%). Ovi rezultati nisu u skladu s Frankham (2013) koji navodi da široko rasprostranjene vrste imaju veću genetsku varijabilnost, te da je genetska varijabilnost negativno korelirana s veličinom tijela. Njegovo je istraživanje temeljeno na alozimima, no autor tvrdi da su slične rezultate dobili i za varijacije u mtDNA. Vrste porodice Hydroptilidae pripadaju najmanjim tularima te su široko rasprostranjene i pokazuju malu intraspecifičnu vrijednost, a u usporedbi s velikim vrstama, npr. roda *Potamophylax* koje su široko rasprostranjene, a pokazuju veliku intraspecifičnu vrijednost.

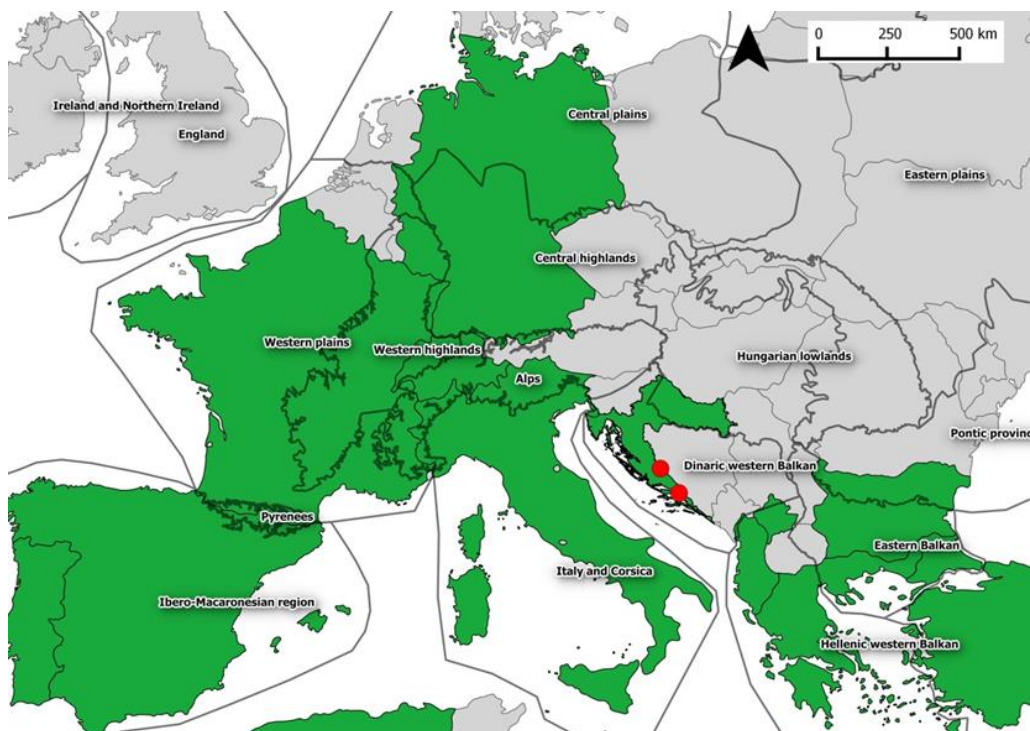
5.1.5. Taksonomski specifične vrste u fauni Hrvatske *Micropterna wagneri* Malicky, 1971 i *Micropterna fissa* McLachlan, 1875

Iako je duljinom i veličinom tijela *Micropterna wagneri* velika vrsta, rijetko je zabilježena u Hrvatskoj. Prvi nalazi vrste prikupljeni su prije 20 godina na planini Biokovo od strane djelatnika Hrvatskog prirodoslovnog muzeja u Zagrebu (leg. M. Vajdić, F. Perović, M. Kučinić), gdje su i pohranjeni. Lokalitet novog nalaza vrste u ovom istraživanju, potok Konavočica u selu Vodovođe, jedini je usprkos tomu što je područje Konavala posjećeno tri puta godišnje kroz dvije godine s ciljem prikupljanja faune tulara. Prema literaturnim podacima u Europi je vrsta *M. wagneri* rasprostranjena u Italiji, Albaniji, Srbiji i Crnoj Gori (Malicky 1971, Moretti 1981, 1988, Cianficconi 2002, Oláh 2010) (Slika 67). Zanimljiv je nalaz ove rijetke vrste u speleološkom objektu Spelaecelicokave u Albaniji na visini od 1840 m koja se nalazi u području Bridash massif.

U Hrvatskoj je vrsta *M. fissa* prvi put zabilježena 1979 (Malicky 1971) te od tada do 2011. godine kada je prikupljena na izvoru rijeke Cetine (Vučković 2011) ne postoji literaturni podatak o njejoj prisutnosti u fauni Hrvatske. Vrsta *M. fissa* rasprostranjena je od Portugala, Francuske do Turske (Graf i sur. 2008, 2019) (Slika 68). Područje Balkana, iako slabije istraženo, popunjava novim nalazima u Albaniji i Kosovu (Oláh 2010, Ibrahimović i sur. 2013).



Slika 67. Mjesto novog nalaza vrste *M. wagneri* u Hrvatskoj (crvena točka) i Albaniji (žuta točka) s prikazom rasprostranjenosti vrste u Europi (zeleno polje) prema Graf i sur. (2019) i prema Malicky (2013). Podjela Europe po geografskim regijama prema Illiesu (1967, 1978) i Hrvatske prema Bertić i sur. (2001) (regije:plavo-mediteranska, zeleno-planinska, smeđe-panonsko-peripanonska).



Slika 68. Lokalitet novog nalaza vrste *M. fissa* u Hrvatskoj (crvene točke) s prikazom rasprostranjenosti vrste (zeleno polje) prema Graf i sur. (2019) i Malicky (2013). Podjela Europe po biogeografskim regijama prema Illiesu (1967, 1978).

U ovom radu potvrđeni su nalazi rijetkih vrsta *M. wagneri* i *M. fissa* u Hrvatskoj. Prema filogenetskoj analizi *M. wagneri* (TMWAG_1, TMWAG_2) i *M. fissa* (TMIC_3m, TMIC_3f) se odvajaju u izdvojenu genetsku liniju od drugih vrsta roda *Micropterna* čiji areal obuhvaća Hrvatsku. Primjerci vrste *M. wagneri* iz Hrvatske i Albanije grupiraju se međusobno čineći sestrinsku grupu vrstama *M. lateralis* i *M. sequax*. Mužjak i ženka vrste *M. fissa* iz Hrvatske su se grupirali s vrstom *M. fissa* iz Italije. Sve primjerke vrste *M. fissa* ABGD analiza je grupirala u jednu grupu. Intraspecifična vrijednost između jedinki *M. wagneri* (0,2-0,4%) te jedinki *M. fissa* (0,2-0,5%) je najmanja zabilježena intraspecifična udaljenost između vrsta roda *Micropterna* analiziranih ovim radom te među najnižim vrijednostima zabilježenim kod tulara (0-4% Limnephilidae Zhou i sur. 2010, 0,1-1,1% *Apatania* Salokannel i sur. 2010, 0,8% Geraci i sur. 2011). Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između *M. wagneri* i ostalih vrsta roda *Micropterna* (8,6-11,7%) u rangu su interspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod porodice Limnephilidae (3,46-12,66% Zhou i sur. 2010). Prema genu *COI* najbližnja vrsti *M. fissa* je *M. nycterobia* s genetskom udaljenosti 10,6% što je u rangu interspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod tulara (minimalna intarspecifična udaljenost kod vrste *Anisogamus waringeri* iznosi 8,2% Graf i sur. 2015).

Izdvajaju se dvije genetske linije unutar vrsta *M. testacea* i *M. sequax*. Vrsta *M. testacea* sastoji se od dvije podgrupe: jedna s primjercima iz Italije i Hrvatske s lokaliteta Biokovo (mediteranska regija) te druga s primjercima iz Švicarske, Austrije i Hrvatske s lokaliteta rijeka Lika, rijeka Gacka. Iako su navedeni primjerci vrste *M. testacea* razdvojeni i u ABGD analizi, genetska udaljenost unutar *M. testacea* (0-2,3%) je u rangu intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod tulara (0-3,9% Johanson 2007, 0-2,14% *Halesus tessellatus* Morinière i sur. 2017). Kod vrste *M. sequax* dolazi do odvajanja u dvije genetske linije na filogenetskom stablu i u dvije zasebne grupe u ABGD analizi. Vrsta *M. sequax* dijeli se na primjerke iz Hrvatske, Crne Gore i Grčke u ABGD grupi 7 i primjeraka iz drugih dijelova Europe (Finske, Norveške, Austrije, San Marina) u ABGD grupi 8 (Slika 28). Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između ove dvije duboko odijeljene genetske linije unutar vrste *M. sequax* (7,2-8,5%) u rangu je s maksimalnom intraspecifičnom vrijednošću zabilježenom kod tulara (8,50% Hogg i sur. 2009), no ova visoka vrijednost genetske udaljenosti zabilježena je i u rangu interspecifičnih vrijednosti (3,46-12,66% Limnephilidae Zhou i sur. 2010, 6,4% *Drusus melanchaete* Waringer i sur. 2008).

ABGD analiza podržava tradicionalne vrste (*M. nycterobia*, *M. wagneri*, *M. fissa*), ali i indicira postojanje kriptičnog diverziteta unutar *M. testacea*, *M. lateralis*, *M. sequax*, pri čemu kriptični diverzitet podržavaju i rezultati filogenetske analize i visoke vrijednosti genetičke udaljenosti. Buduća istraživanja trebalo bi usmjeriti na određivanje taksonomije i filogenije vrste *M. sequax* koja je pokazala najveću genetičku diferencijaciju.

Vrste roda *Micropterna* rijetko su zabilježene, s obzirom da su, kao i određeni broj vrsta porodice Limnephilidae, velike vrste koje su dobri letači i mogu letjeti na velike udaljenosti (Collier i Smith 1998) i stoga nisu koncentrirane uz vodena staništa gdje se odvija većina istraživanja tulara. Osim toga, neke vrste, kao npr. *M. nycterobia* naseljavaju specifična staništa, kao što su povremeni izvori, te ih se u odraslom stadiju može prikupiti samo u kratkom razdoblju (Graf i sur. 2008, Waringer i Graf 2011). Velik broj pripadnika porodice Limnephilidae, pa tako i vrste roda *Micropterna*, imaju ljetnu dijavauzu s obzirom da im je za sazrijevanje gonada potrebna niža temperatura (Novák i Sehnal 1963). Poznato je da vrste iz porodice Limnephilidae u razdoblju ljetne estivacije miruju u speleološkim objektima čekajući period jeseni kada se pare i polažu jaja u vodena staništa. Nalazi vrste *M. fissa* su ovim radom po prvi puta su zabilježeni u speleološkim objektima Hrvatske, a vrsta *M. wagneri* u speleološkim objektima Albanije. Vrstu *M. wagneri* u speleološkim objektima u Italiji bilježi Moretti (1988), dok Moretti i Gianotti (1964) navode vrstu *M. fissa* kao čestu u špiljama i jamama u Italiji. U speleološkim objektima u Hrvatskoj do sada su zabilježene 4 vrste iz roda *Micropterna*: *M. lateralis*, *M. nycterobia*, *M. sequax*, *M. testacea* (Radovanović 1935, Langhoffer 1915, Kučinić i Ilić 1993, Gottstein-Matočec i sur. 2002). Ovim radom potvrđeni su nalazi vrsta iz roda *Micropterna* u speleološkim objektima: *M. nycterobia* u Velikoj Čulimovoj pećini (Kijevo), jami pod sv. Jurom (Biokovo), u jami Mokre noge (Biokovo), *M. testacea* u jami Nova velika, (Biokovo). Osim njih, zabilježene su i vrste roda *Stenophylax*: *S. permistus* u Bukovac špilji (Delnice), Jami Vjetrova, (Crnopac), jami Amfora (Biokovo). Najčešće vrste tulara u fauni podzemnih objekata Hrvatske su: *S. permistus*, *M. nycterobia* i *M. sequax* (Gottstein-Matočec 2002). I druge vrste tulara dolaze u fauni speleoloških objekata. Tako npr. Gottstein-Matočec (2002) navode vrste *Stenophylax vibex*, *Wormaldia subnigra*, *W. occipitalis*, Moretti i Gianotti (1964) navode vrste *Mesophylax aspersus*, *Stenophylax mucronatus*, *S. crossotus*, *Micropterna impunctatus*, *Potamophylax latipennis*, Waringer i sur. (2013) vrstu *Drusus spelaeus*. Navedene vrste tulara pripadaju troglofilnim vrstama koje jedan period životnog ciklusa provode u speleološkim objektima. Točan razlog boravka tulara u speleološkim objektima nije u potpunosti razjašnjen, a jedan od

razloga korištenja speleoloških objekata je potreba za hladnim periodom za sazrijevanje gonada tijekom ljeta (Gottstein-Matočec 2002). Tulari su u speleološkim objektima zapaženi u ljetnim mjesecima, u dubljim dijelovima objekta, uglavnom u mirovanju i poneki u parenju (kao što je slučaj s vrstom *M. fissa* u ovom radu) što upućuje da nisu slučajno dospjele u podzemlje.

5.1.6. Taksonomski specifične vrste iz roda *Rhyacophila* Pictet, 1834

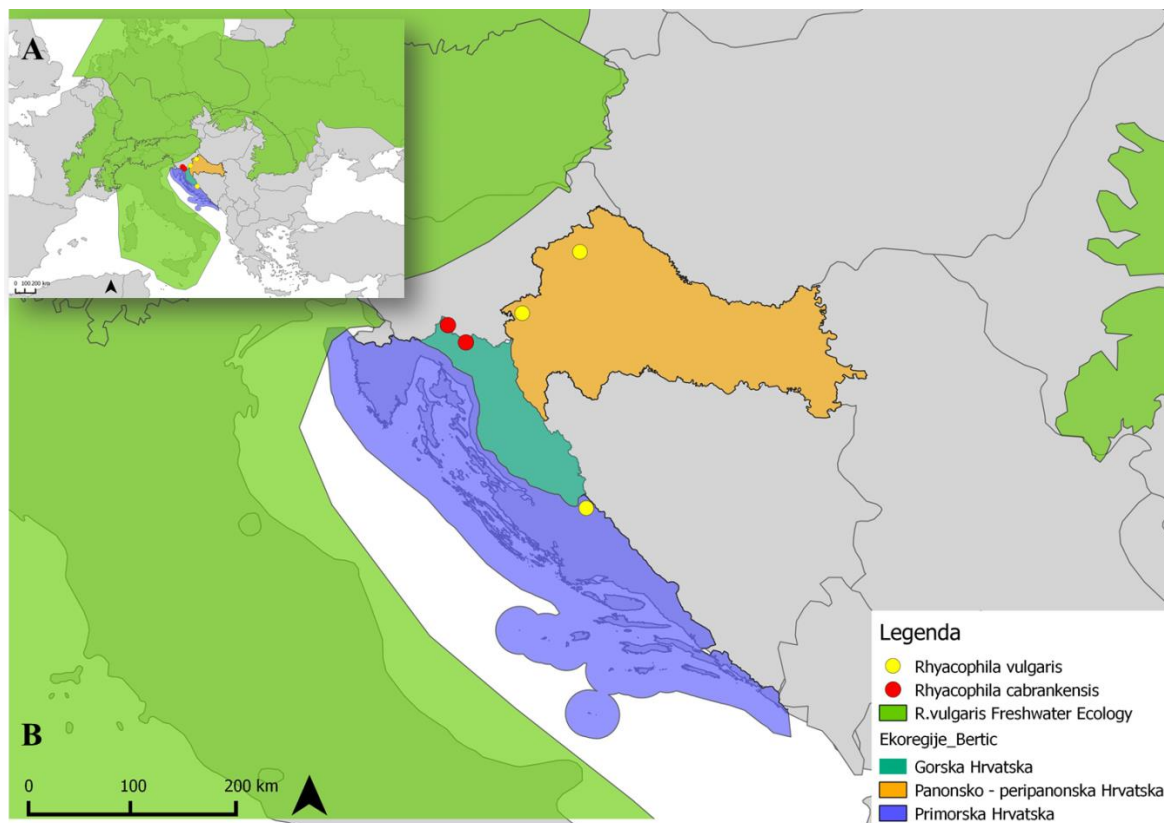
U Hrvatskoj je do sada zabilježeno 17 vrsta iz roda *Rhyacophila* Pictet, 1834 (Previšić i sur. 2007, 2010, 2013a, Vučković i sur. 2011, Malicky 1979, Malicky i sur. 2007, Kučinić 2002, Cerjanec 2012, Ibrahimi i sur. 2012a, Urbanič i sur. 2000). Ovaj rod je jedni predstavnik porodice Rhyacophilidae Stephens, 1836 u Hrvatskoj i Europi. Ličinke vrsta *R. nubila* i *R. dorsalis* nije moguće morfološki razlikovati (Waringer i Graf 2011). Nemogućnost razlikovanja ove dvije vrste na temelju morfoloških osobina ličinki reflektiraju i rezultati filogenetske analize na temelju *COI* gena. Filogenetska analiza pokazala je slabo podržano odvajanje vrsta *R. dorsalis* i *R. nubila* u zasebne linije, a ABGD analiza svrstala je obje vrste u istu grupu, hipotetsku vrstu. Maksimalna vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između *R. nubila* i *R. dorsalis* je 3%, što je u rangu intraspecifične vrijednosti koju su zabilježili Morinière i sur. 2017 kod vrsta *R. fasciata* (3,86%), *R. obliterated* (3,64%) i *R. vulgaris* (3,15%). Minimalna vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između vrsta *R. nubila* i *R. dorsalis* (0,7%) je manja od maksimalne intraspecifične genetičke udaljenosti unutar vrste *R. dorsalis* (3%) i unutar vrste *R. nubila* (2,3%). Većina DNA sekvenci u ovoj analizi dobivena je od mužjaka obje vrste (*R. nubila* i *R. dorsalis*), pa se može eliminirati mogućnost netočne određivanja ličinki kao uzroka grupiranja ove dvije vrste u jednu grupu, s obzirom da se genitalni aparat mužjaka ove dvije vrste morfološki znatno razlikuje (Malicky 2004). Da li *R. nubila* i *R. dorsalis* predstavljaju jednu vrstu s velikom varijacijom u morfologiji populacije ili se radi o dvije vrste, nije moguće odgovoriti na temelju rezultata analiza samo jednog molekularnog biljega i malog broja primjeraka. Stoga su potrebne dodatne analize jezgrinih DNA biljega da bi se isključila eventualna introgresija mitohondrijske DNA iz jedne vrste u drugu, kao i veći broj primjeraka za morfološke usporedbe.

Vrsta *R. palmeni* ima disjunktni areal te je zabilježena u Italiji (Cianficconi i Moretti 1987; Cianficconi i sur 2008), Sloveniji (Konar 1997, Krušnik i Urbanič 2002, Urbanič 2004), Hrvatskoj (Previšić i Popijač 2010, Cerjanec 2012), Grčkoj (Malicky 2005, Karaouzas i sur.

2018) i Kosovu (Ibrahimi 2012a). Značajne morfološke razlike na primjerku TRPAL_7 vrste *R. palmeni* u odnosu na morfološki ključ nisu uočene. Za konačan zaključak potrebna je analiza većeg broja primjeraka. U slučaju ove vrste, čak su i ženke informativne s obzirom na dobro definirane morfološke karakteristike (Malicky 2004). Uočene su morfološke razlike na ličinkama između populacija na Kosovu i Grčkoj naspram onih u Hrvatskoj i Sloveniji (Karaouzas i sur. 2018). Ibrahimi i sur. (2012a) smatraju da se radi o dvjema kriptičnim vrstama s obzirom da se morfološke razlike uočavaju kod ličinki, ali ne i odraslih primjeraka. Jednu kriptičnu vrstu predstavljaju primjerci iz Hrvatske, Slovenije i Italije, a drugu kriptičnu vrstu predstavljaju primjerci iz Grčke, Albanije, Makedonije i Kosova. Ovom studijom dodan je argument toj tvrdnji s obzirom da se primjerak iz Hrvatske u ABGD analizi odvojio od primjeraka iz Kosova i Grčke u zasebnu grupu. Također, kao argument može poslužiti i relativno visoka genetska udaljenost između primjerka iz Hrvatske i ostalih primjeraka vrste *R. palmeni* (6,8%). Daljnja istraživanja treba nastaviti s većim brojem primjeraka iz navedenih područja te uključiti primjerke iz Slovenije.

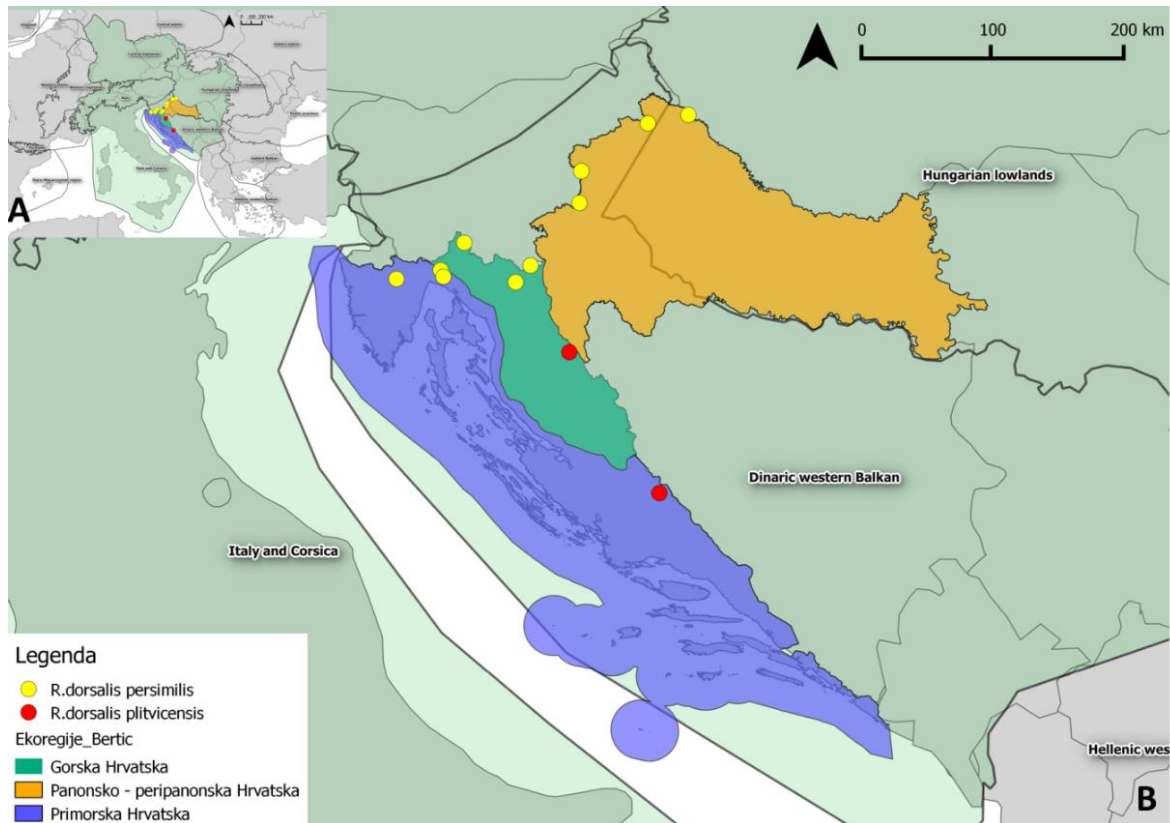
Filogenetska analiza na temelju *COI* gena (DNA barkod regije) pokazuje nerazriješenu trihotomiju koju čine vrsta *R. cabrankensis* i dvije linije vrste *R. vulgaris*. Ovakav rezultat je sukladan morfološkoj analizi, s obzirom da je izgled genitalija mužjaka *R. cabrankensis* najbližiji izgledu genitalija vrste *R. vulgaris* (Malicky i sur. 2007). No analiza morfoloških značajki ne objašnjava nastalu trihotomiju. Po određenim morfološkim karakteristikama ženke vrste *R. cabrankensis* moguće je zamijeniti sa ženkama vrste *R. simulatrix* (Malicky i sur. 2007). Prema filogenetskom stablu vrsta *R. simulatrix* se s visokom podržanošću postavlja kao sestrična vrsta grupi s vrstama *R. cabrankensis* i *R. vulgaris*. Pretpostavljenu blisku srodnost *R. cabrankensis* i *R. vulgaris* na temelju morfologije (Malicky i sur. 2007) podupiru i rezultati p-udaljenosti. Rezultati ovog rada ne daju odgovor na taksonomski status vrste *R. cabrankensis*, no daju više argumenta da je moguć status podvrste *R. vulgaris*. Vrijednost nekorrigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između vrsta *R. vulgaris* i *R. cabrankensis* (1,8%) je daleko manja nego maksimalna intraspecifična vrijednost vrste *R. vulgaris* (7,4%). Također, interspecifična vrijednost između vrsta *R. cabrankensis* i *R. vulgaris* je niža od intraspecifične vrijednosti koju su zabilježili Morinière i sur. (2017) kod vrsta *R. fasciata* (3,86%), *R. obliterated* (3,64%), *R. vulgaris* (3,15%), ali i niža od svih maksimalnih intraspecifičnih vrijednosti kod vrsta roda *Rhyacophila* zabilježenih u ovom radu. Ipak vrste *R. vulgaris* i *R. cabrankensis* su alopatrijske. Vrsta *R. cabrankensis* predstavlja endem Gorskog kotara gdje je jedino zabilježena prema literaturi i ovim radom,

usprkos velikom broju posjećenih lokaliteta u Hrvatskoj (172 lokaliteta 3 puta godišnje). Vrsta *R. vulgaris* zabilježena je u nekoliko ekoregija (ER 5, 7, 9, 13, 16, 17, 20, 23), odnosno njezin areal obuhvaća središnju Europu, a Hrvatska predstavlja jugoistočnu granicu njenog areala. U Hrvatskoj je vrsta *R. vulgaris* zabilježena u mediteranskoj i panonsko-peripanonskoj regiji, dok je vrsta *R. cabrankensis* u gorskoj regiji (Slika 69). Filogenetskom analizom vrsta *R. vulgaris* dijeli se na tri genetske linije, a ABGD analiza ih svrstava u tri grupe (grupa 5, grupa 27, grupa 26). Vrsta *R. cabrankensis* čini jednu genetsku liniju unutar vrste *R. vulgaris*, odnosno grupu 5 u ABGD analizi. Moguće je da se vrsta *R. vulgaris* nedavno odvojila u tri genetske linije, a vrsta *R. cabrankensi* predstavlja jednu od tih linija, tj. mladu vrstu, što je potrebno utvrditi daljnjim molekularnim analizama s većim brojem primjeraka i molekularnih biljega.



Slika 69. Prikaz nalaza vrsta *R. cabrankensis* (crvene točke) i *R. vulgaris* (žute točke) na području Hrvatske s prikazanim regijama prema Bertić i sur., (2001) (tamno zeleno, narančasto i plavo polje, boje objašnjene u legendi) te rasprostranjenosti vrste *R. vulgaris* u Europi (zeleno polje) prema Graf i sur. (2019). Slika B predstavlja uvećani dio slike A u lijevom gornjem kutu.

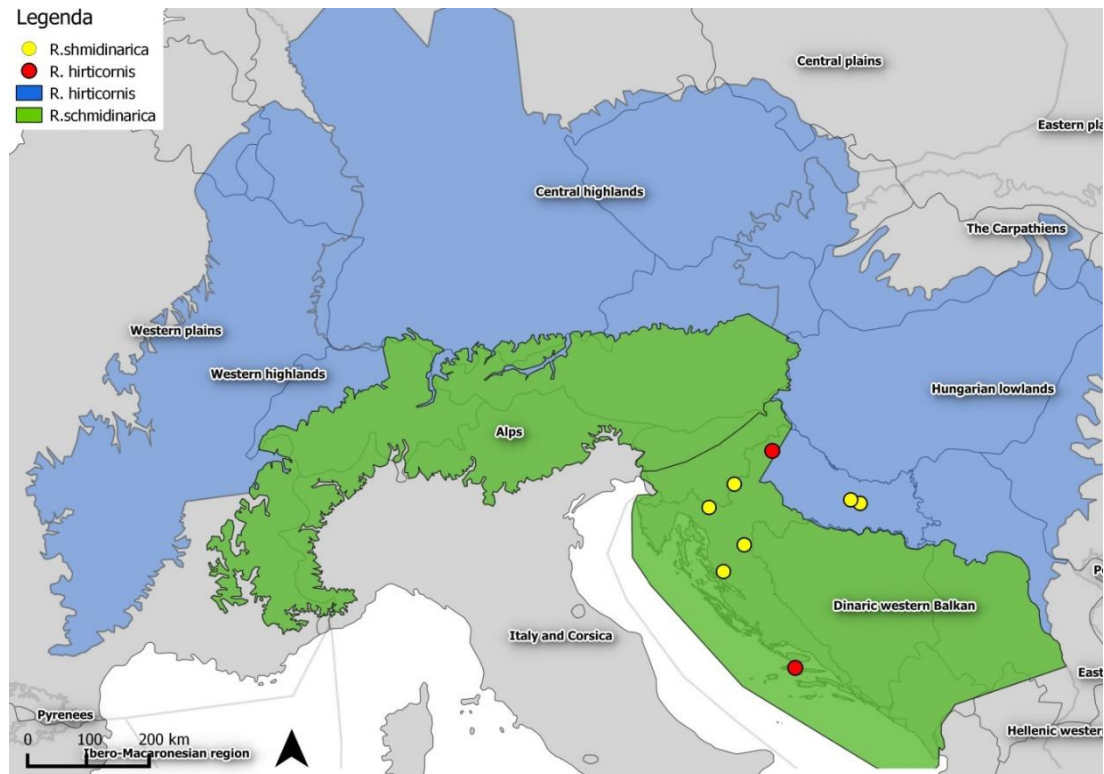
Filogenetska analiza temeljena na *COI* genu ne odvajaju primjerke podvrste *R. dorsalis plitvicensis* i *R. dorsalis persimilis* u zasebne genetske linije (Slika 34, 1. dio). Ove dvije podvrste grupirane su zajedno s ostalim primjercima vrste *R. dorsalis*. Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti (između *R. dorsalis plitvicensis* i *R. dorsalis persimilis* iz Hrvatske iznosi 0,3%) jednake su vrijednostima intraspecifične genetske udaljenosti kod *R. dorsalis*. Čak je među nižim intraspecifičnim genetskim udaljenostima zabilježenim kod vrsta roda *Rhyacophila* u ovom radu, ali i u drugim npr. 5,9% Pauls i sur. (2010), 5,25% Zhou i sur. (2010). Podvrsta *R. dorsalis plitvicensis* za sada je zabilježena jedino u području Plitvičkih jezera od kuda je i opisana (Kučinić i Malicky 2002, Kučinić 2002, Previšić i sur. 2010, Ivković i sur. 2013) te na Cetini (Vučković i sur. 2011). Široko rasprostranjena podvrsta *R. dorsalis persimilis* nije zabilježena južnije od Ogulina pa tako ni u području rasprostiranja podvrste *R. dorsalis plitvicensis* (Slika 70). Genitalni aparat mužjaka *R. dorsalis plitvicensis* se razlikuje od genitalnog aparata mužjaka *R. dorsalis persimilis* toliko da se smatra dobrom podvrstom (Slika 30). Alopatrijsko rasprostiranje i izražena morfološka razlika potvrđuju da se radi o pravoj podvrsti *R. dorsalis plitvicensis* što se nije moglo dokazati i metodom DNA barkodiranja. Kao mogući razlog istog DNA barkoda podvrsta *R. dorsalis plitvicensis* i *R. dorsalis persimilis*, treba razmotriti introgresiju mitohondrijske DNA. Introgresija mitohondrijske DNA je tek nedavno zabilježena kod tulara (Myers i sur. 2001, Kjer i sur. 2001, 2002, Graf i sur. 2005, Weigand i sur. 2017). Međutim zabilježena je infekcija tulara, kao i ostalih vodenih kukaca, bakterijom *Wolbachia* (Sazama i sur. 2017). Simbiotska bakterija *Wolbachia* dovodi do introgresija mitohondrijske DNA kod artropoda (npr. Werren i sur. 2008, Zug i Hammerstein 2012), pa tako i kod tularima sestrinskog roda Lepidoptera (npr. Jiggins 2003, Zakharov i sur. 2009). Daljnja istraživanja treba započeti uspoređivanjem jezgrinih biljega podvrsta *R. dorsalis plitvicensis* i *R. dorsalis persimilis*, koji bi mogli rezultirati razrješenjem filogenetskih odnosa.



Slika 70. A-B. Prikaz nalaza vrsta *R. dorsalis plitvicensis* (crvene točke) i *R. dorsalis persimilis* (žute točke) na području Hrvatske s prikazanim regijama prema Bertić i sur., (2001) (tamno zeleno, narančasto i plavo polje, boje objašnjene u legendi) te rasprostranjenosti vrste *R. dorsalis persimilis* u Europi (zeleno polje u slici A gore lijevo) prema Graf i sur. (2019) s označenim ekoregijama prema Illies (1967,1978) (crna slova s bijelim obrubom). Slika B predstavlja uvećani dio slike A u lijevom gornjem kutu.

Vrsta *R. schmidinarica* opisana je 2000. godine kada su Urbanič i sur. (2000) ustanovili da se crteži genitalija mužjaka vrste *R. hirticornis* opisani 1879. godine (McLachlan 1879) razlikuju od crteža iste vrste u reviziji roda *Rhyacophila* iz 1970. godine (Schmid 1970). Autori Urbanič i sur. (2000) su i na prikupljenim uzorcima iz Slovenije ustvrdili da se radi o dvije vrste. Prva vrsta je *R. hirticornis* koja odgovara opisu McLachlan iz 1879. godine šire rasprostranjena na Europskom kontinentu, u ekoregijama ER 4, ER 5, ER 8, ER 9, ER 11 prema Illies 1967,1978 (Slika 71). Druga vrsta, koja odgovara crtežu Schmid iz 1970. godine, jest *R. schmidinarica* rasprostranjena u samo dvije ekoregije ER 4 Alpe i ER5 (Slika 71). Filogenetska analiza u ovom radu potkrepljuje srodnost ove dvije vrste jer filogenetsko stablo rezultira grupiranjem haplotipova *R. schmidinarica* i *R. hirticornis* unutar dobro podržane skupine, pri čemu haplotipovi pojedine vrste ne formiraju monofiletske grupe (Slika 34, 2. dio). Primjerci *R. schmidinarica* iz izvora na Bjelolasici i izvora Napojište kod Plitvičkog Ljeskovaca (TRSCH_1, TRSCH_3) se grupiraju zajedno, no ne i s primjerkom vrste *R.*

schmidinarica iz Bužima na Velebitu (HMTRI029-08). ABGD analiza svrstava haplotipove navedenih primjeraka *R. schmidinarica* u dvije grupe, potencijalne vrste. Maksimalna vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između primjeraka TRSCH_1, TRSCH_3 te HMTRI029-08 vrste *R. schmidinarica* (4%) neznatno je veća od maksimalne intraspecifične vrijednosti koju su zabilježili Morinière i sur. (2017) kod *R. fasciata* (3,86%), *R. obliterated* (3,64%), *R. vulgaris* (3,15%), ali i dalje u rangu intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod tulara (4,8% Santos i sur. 2016b, 5,9% Pauls i sur. 2010, 8% Hogg i sur. 2009). Sličnu vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti bilježimo između primjeraka HMTRI029-08, *R. schmidinarica*, Velebit i TRHIT_1 *R. hirticornis*, potok Šumi (3,4%). Navedeni primjerak *R. hirticornis*, potok Šumi se u filogenetskom stablu odvaja od ostalih primjeraka vrste *R. hirticornis* iz Europe. ABGD analiza primjerak *R. hirticornis*, potok Šumi odvaja u zasebnu grupu. Primjerak *R. hirticornis*, potok Šumi prema vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti razlikuje se od ostalih *R. hirticornis* 4,7%. Ukoliko izuzmemo primjerak *R. hirticornis*, potok Šumi, maksimalna intraspecifična vrijednost unutar *R. hirticornis* je 0,3%. Ovakvi rezultati upućuju da primjerak TRHIT_1 *R. hirticornis*, potok Šumi predstavlja odvojenu genetsku liniju od *R. hirticornis*. Na morfologiji genitalnog aparat mužjaka *R. hirticornis*, potok Šumi moguće je uočiti morfološke razlike od *R. hirticornis* u ključu Malicky (2004). Rezultati ove analize upućuju da kod vrsta *R. hirticornis* i *R. schmidinarica* dolazi do odvajanja zasebnih genetskih linija, točnije tri linije gdje se jedna još recentnije odvaja u dvije linije (ABGD grupa 11 i 12). Prema *COI* genu u ovoj analizi uzorak HMTRI029-08 Velebit (*R. schmidinarica*) i TRHIT_1 potok Šumi (*R. hirticornis*) predstavljaju divergentne genetske linije unutar *R. hirticornis* i *R. schmidinarica*. Iako filogenetske analize upućuju na potencijalno nove svojte, za konačan zaključak trebalo bi uvrstiti veći broj uzoraka s cijelog područja rasprostriranja ove dvije vrste te povećati broj molekularnih biljega, s naglaskom na jezgrine biljege.



Slika 71. Prikaz nalaza vrsta *R. hirticornis* (crvene točke) i *R. schmidinarica* (žute točke) na području Hrvatske s prikazanom rasprostranjenosti vrste *R. hirticornis* u Europi (plavo polje) i *R. schmidinarica* u Europi (zeleno polje) prema Graf i sur. (2019) s označenim ekoregijama prema Illies (1967, 1978) (crna slova s bijelim obrubom).

5.1.7. Filogenetski odnosi vrsta roda *Chaetopteryx* Stephens, 1829 prisutnih u Hrvatskoj

Rezultati analize filogenetskih odnosa unutar roda *Chaetopteryx* dobiveni u ovom radu su u skladu s rezultatima rada Kučinić i sur. (2013). Razlika u odnosu na ovaj rad što u radu Kučinić i sur. (2013) nisu uvrštene *COI* sekvence vrste *C. papukensis* (CRMEB0103, CRMEB0104, CRMEB0102) koje je koautorica Szivák I. ustupila za potrebe ovog rada. U radu Oláh i sur. (2012) uzorke *Chaetopteryx* sp. prikupljene na izvoru Jankovac na Papuku te na izvoru Šumetlica na Psunju imenuju kao novu endemsku vrstu *C. papukensis* Oláh & Szivák 2012. Potom u radu Oláh i sur. (2015) vrste *C. papukensis* s lokacije Šumetlica na Psunju preimenuju u novu endemsku vrstu *C. psunjensis* Oláh 2015. Malicky (2014) osporava vrstu *C. papukensis* smatrajući da se radi o vrsti *C. schmidi*. Morfološkom usporedbom te DNA analizom Malicky (2014) je utvrdio da su *C. papukensis* i *C. schmidi* pripadaju jednoj vrsti. Malicky (2015) navodi kako je malo vjerojatno da na istom lokalitetu postoji više vrsta *Chaetopteryx* s obzirom da je među njima, kao mladim vrstama, moguća hibridizacija. Oláh i

sur. (2012) smatraju da postoje miješane populacije ili populacije gdje dolazi do međusobnog parenja svojti *Chaetopteryx* i kao jedan od primjera koezistencije navodi populacije vrsta *C. schmidi* i *C. papukensis* na Psunju.

Prema DNA barkod regiji primjerci iz ove studije morfološki određenih kao *C. schmidi* (TCSH_1, TCSH_2) sa Papuka (Slika 35) i (TCPSU_1f i TCPSU_2m) sa Psunja se grupiraju s vrstom *C. rugulosa*. Rezultat nije u skladu s radom Oláh i sur. (2012) u kojem se navodi da je na Papuku prisutna vrsta *C. papukensis*, kao ni s radom Oláh i sur. (2012) kojim se smatra da je na Psunju prisutna vrsta *C. psunjensis*, niti s Malicky (2014) koji smatra da je na Papuku prisutna vrsta *C. schmidi*. Također, rezultati ovog rada pokazuju da se uzorci određeni kao *C. papukensis* (CRMEB0102, CRMEB0104, CRMEB0103) grupiraju s vrstom *C. schmidi* (CRSGE0102, CRSGE0101) iz Srbije, što je u skladu s Malicky (2014), ali nije u skladu s radom Oláh i sur. (2012) koji vrstu *C. papukensis* smatraju zasebnom. Analizom DNA barkod regije u ovom radu uočeno je da morfološki određene jedinke kao tri vrste u grupi B 1.3. (Slika 36), *C. schmidi* (Srbija, Rumunjska), *C. papukensis* (Hrvatska), *C. mecsekensis* (Hrvatska), imaju identične haplotipove. Ovaj rezultat je u skladu s morfološkim rezultatima Malicky (2014) koji je sinonimizirao *C. papukensis*, *C. mecsekensis* s Papuka s *C. schmidi*.

ABGD analiza kod inicijalne particije s maksimalnom vrijednosti intraspecifične udaljenosti od 0,01 sve uzorke vrste *C. rugulosa* svrstava u jednu grupu, hipotetsku vrstu (grupa 5, Slika 36). Kod inicijalne patricije 0,007, ABGD analiza uspijeva razdvojiti sve morfološki određene svojte osim primjeraka iz ovog rada morfološki određenih kao *C. schmidi* koji se grupiraju s jedinkama vrste *C. rugulosa* (Slika 36). Vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između *C. rugulosa* i primjeraka TCSCHE_1, TCSCHE_2, TCPSU_1f i TCPSU_2m (1,7%) je manja od interspecifične vrijednosti zabilježene kod tulara (2% *C. buchari/C. schmidi* Kučinić i sur. 2013, 3,19% Johanson, 2007). Ovako male interspecifične vrijednosti zabilježene su za 3' COI regiju kod vrsta roda *Ecclisopteryx* (*E. keroveci/E. ivkae* 1,6-2,7%), *Drusus* (1,40–2,51% Kučinić i sur. 2011). No za razliku od vrsta roda *Chaetopteryx*, kod navedenih vrsta roda *Ecclisopteryx* i *Drusus* je dobro definirana morfološka razlika među svojtima (pogotovo na razini ličinki u slučaju vrsta *E. keroveci* i *E. ivkae*) i često se radi o endemima određenog područja (gdje ne postoji mogućnost protoka gena) zbog čega se smatraju pravim vrstama. S druge strane rod *Chaetopteryx*, pa tako i vrste *Chaetopteryx rugulosa* i *C. schmidi* imaju veliku varijaciju u morfologiji genitalija mužjaka što je dovelo do čestih promjena taksonomskih razina (vrsta, podvrsta, grupa, klastera...) (Oláh i sur. 2012,

Malicky 2014, Oláh i sur. 2015). Ipak su molekularnim analizama na temelju mitohondrijskih (*COI*, DNA barkod regija) i jezgrenih (*EF-1 α* , *wg*) biljega razdvojene pojedine svojte unutar roda *Chaetopteryx* (Szivák i sur. 2017). Prema Szivák i sur. (2017) definirane su vrste: *C. marinkovicae* (primjerci iz Hrvatske), *C. schmidi* (primjerci iz Rumunjske), *C. buhari* (primjerci iz Hrvatske), *C. irenae* (primjerci iz Slovenije), *C. clara* (primjerci iz Slovenije), *C. goricensis* (primjerci iz Slovenije), *C. meckensis* (primjerci iz Mađarske), *C. rugulosa* (primjerci iz Mađarske, Austrije i Hrvatske), *C. noricum* (primjerci iz Austrije). Szivák i sur. (2017) koriste iste primjerke svojti *Chaetopteryx* kao Kučinić i sur. (2013), ali u manjem broju. No ni jedno od navedenih istraživanja ne uključuje DNA sekvence primjeraka s Papuka i Psunja (primjerci CRMEB0103, CRMEB0104, CRMEB0102).

S obzirom na rezultate ovog rad, moguće je da kod vrsta roda *Chaetopteryx* dolazi do introgresije mitohondrijske DNA kao kod vrsta *Sericostoma personatum* i *S. flavicorne*. Morfološki dobro definirane vrste *S. personatum* i *S. flavicorne* nije moguće razdvojiti na temelju mitohondrijskih biljega (pa tako i *COI*, DNA barkoda), s obzirom da obje vrste imaju visoko diferencirane haplotipove koji su posljedica introgresije (Weigand i sur. 2017). Da bi utvrdili u kakvom su odnosu primjerci s Papuka i Psunja s ostalim primjercima roda *Chaetopteryx* potrebno je napraviti dodatne molekularne biljege.

5.1.8. Osvrt na vrste iz roda *Potamophylax* Wallengren, 1891 u Hrvatskoj

Rod *Potamophylax* u Hrvatskoj zastupljen je s vrstama: *Potamophylax latipennis* (Curtis, 1834), *P. luctuosus* Piller & Mitterpacher, 1783, *P. nigricornis* (Pictet, 1834), *P. pallidus* (Klapalek, 1899), *P. rotundipennis* (Brauer, 1857) te *P. cingulatus* Stephens, 1837 čiji nalaz u Hrvatskoj nije siguran (Marinković-Gospodnetić 1979, Mladinov 1980, Kučinić 2002, Previšić i sur. 2007, Previšić i Popijač 2010, Previšić i sur. 2010).

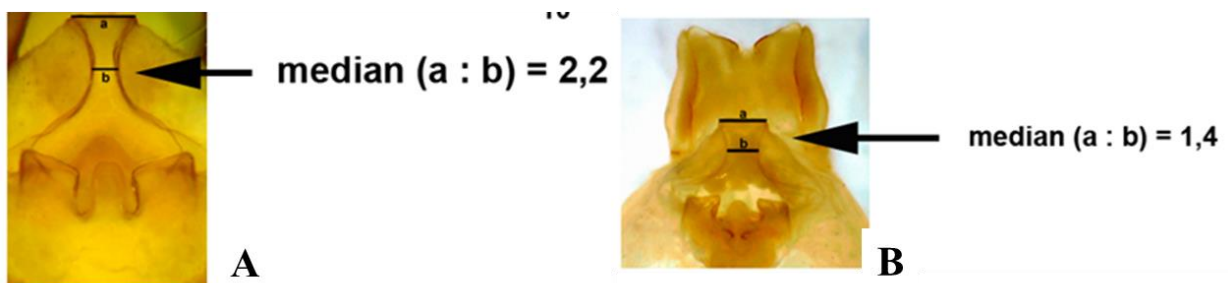
Prvi upitni nalaz vrste *P. cingulatus* pohranjen je u Hrvatskom prirodoslovnom muzeju u Zagrebu. Primjerak je prikupila Lidija Mladinov na rijeci Kupi na graničnom području Hrvatske i Slovenije bez navoda točne lokacije (Mladinov 1980). S obzirom na široki areal vrste *P. cingulatus* (zabilježena je u svim ekoregijama u Europi prema Illies 1967, 1978) očekivan je nalaz u Hrvatskoj. Ovim radom morfološki određen primjerak *P. cingulatus* TPCIN_1 s potoka Šumi, potvrđen je i metodom DNA barkodiranja. Rezultati filogenetske analize u ovom radu u skladu su s rezultatima rada Gíslason i sur. (2015) koji su uočili da se

P. cingulatus odvaja u tri glavne genetske linije. Tri glavne genetske linije vrste *P. cingulatus* prema Gíslason i sur. (2015) čine: Atlantska linija (koja obuhvaća Španjolsku, Norvešku, Finsku, Island, Belgiju, Sjedinjene Američke države i Njemačku), srednjeeuropska linija (obuhvaća Austriju, Češku, Njemačku) i mediteranska, južna linija (Francuska i Italija). Primjerak *P. cingulatus* iz Hrvatske pripada srednjeeuropskoj liniji s uzorcima iz Austrije i Njemačke. Južna linija (Francuska i Italija) se prva odvaja od ostalih primjeraka vrste *P. cingulatus* (u razdoblju od prije 1,8–5,1 milijuna godina, Gíslason i sur. 2015). Zanimljivo je da primjerci *P. cingulatus* s drugog kontinenta, Sjeverne Amerike, pokazuju malu genetsku raznolikost da su sličniji *P. cingulatus* u Europi nego što su to Europski međusobno (npr. *P. cingulatus* iz Španjolske i *P. cingulatus* iz Francuske). Moretti, Szczesny i Tobias su 1994. godine opisali četiri podvrste *P. cingulatus* na temelju morfologije genitalija mužjaka. Navedene četiri podvrste *P. cingulatus* su: *P. cingulatus cingulatus* koja je rasprostranjena na Sjeveru i Zapadu Europskog kontinenta, *P. cingulatus ibericus* Szczesny, 1994 rasprostranjena u Španjolskoj i Portugalu, *P. cingulatus alpinus* Tobias, 1994 rasprostranjena u Alpama i *P. cingulatus depilis* Szczesny, 1994 rasprostranjen u Karpatima. Ova podjela se djelomično podudara s rezultatima filogenije temeljene na *COI* genu iz ovog rada i rada Gíslason i sur. (2015). Uzorci morfološki određeni kao *P. cingulatus alpinus* svrstali su se u srednjoeuropsku genetsku liniju, ne razlikujući se od uzoraka određenih kao vrsta *P. cingulatus* iz istog geografskog područja. Oláh i sur. (2018) podvrsti *P. cingulatus alpinus* daju status vrste *P. alpinus* Tobias, 1994 stat. nov., podvrsti *P. cingulatus depilis* daju status vrste *P. depilis* Szczesny, 1994, stat. nov., podvrsti *P. cingulatus ibericus* daju status vrste *P. ibericus* Szczesny, 1994 stat. nov. Prema Oláh i sur. (2018) navedene vrste roda *Potamophylax* rasprostranjene su: *P. alpinus* rasprostranjena je u Češkoj, Italiji, Francuskoj, Sloveniji, vrsta *P. cingulatus* rasprostranjena je u Češkoj, Francuskoj, Engleskoj, Norveškoj, Španjolskoj, vrsta *P. depilis* rasprostranjena je u Albaniji, Bosni i Hercegovini, Bugarskoj, Hrvatskoj, Mađarskoj, Kosovu, Crnoj Gori, Poljskoj, Rumunjskoj, Slovačkoj, vrsta *P. ibericus* rasprostranjena je u Španjolskoj. Predložene promjene taksonomskog statusa nisu prihvaćene kod drugih taksonoma (npr. Karaouzas i sur. 2019, Martínez i sur. 2016).

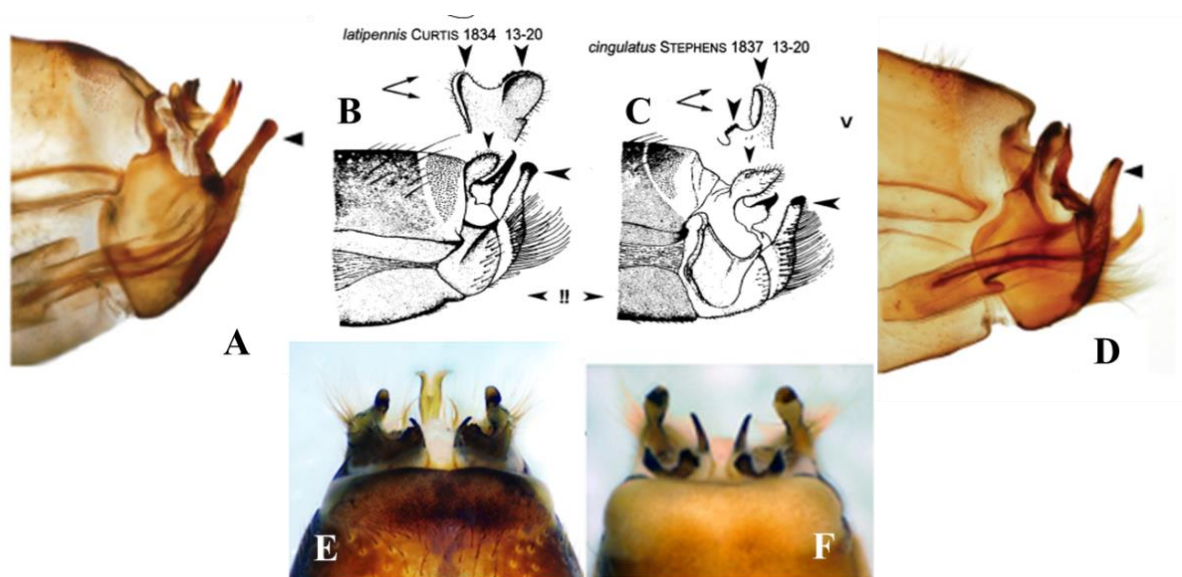
Sličnu raspodjelu genetskih linija kao što je zabilježeno za vrstu *P. cingulatus* pokazuje i vrsta *P. latipennis*, s razlikom što kod srednjoeuropske linije te sjevernoeuropske dolazi do odvajanja u više linija. Srednjoeuropska linija odvaja se u jednu liniju *P. latipennis* iz Austrije i Češke te u drugu liniju *P. latipennis* iz Njemačke i Češke. Sjevernoeuropska linija se odvaja u jednu liniju *P. latipennis* iz Švedske, Norveške i Velike Britanije te u drugu liniju *P.*

latipennis iz Finske dok se jedan primjerak *P. latipennis* iz Španjolske odvaja u zasebnu liniju. Kod vrste *P. latipennis* javlja se još jedna linija iz Rumunjske. Primjerci morfološki određeni kao *P. latipennis* (TPLAT_1, TPLAT_2, TPLAT_3, TPLAT_4, TPROT_2) iz Hrvatske nisu se grupirali s primjercima te vrste već s vrstom *P. cingulatus* (Slika 39 1. dio).

Vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između primjeraka TPLAT_1, TPLAT_2, TPLAT_3, TPLAT_4 i TPROT_2 (det. *P. latipennis*) i jedinki vrste *P. latipennis* iz Europe (5,8-11,2%) kao i genetskih udaljenosti između TPLAT_1, TPLAT_2, TPLAT_3, TPLAT_4 i TPROT_2, *P. latipennis* i jedinki vrste *P. cingulatus* iz Europe (5,4-9,7%) nadmašuje intraspecifične vrijednosti zabilježene kod vrste *P. nigricornis* (1,71%, Morinière i sur. 2017). Ova genetska udaljenost je u rangu interspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod tulara (npr. *Drusus melanchaete* 6,4%, Waringer i sur. 2008; *Anisogamus waringeri* 8,2%, Graf i sur. 2015). Morfološko razlikovanje vrsta *P. cingulatus* i *P. latipennis* zahtjevno je čak i kad se determinacija radi prema genitalijama mužjaka (Slika 73). Morfološko određivanje prema genitalnom aparatu ženke je teško ili gotovo nemoguće (Slika 72). ABGD analiza nije razdvojila ove dvije vrste i svrstala ih je u jednu zajedničku grupu, potencijalnu vrstu. Obje vrste imaju istu geografsku rasprostranjenost i nalazimo ih na istim staništima. Primjerci TPLAT_1, TPLAT_2, TPLAT_3, TPLAT_4 i TPROT_2, morfološki određeni kao *P. latipennis* kao i ostali primjerci vrste *P. latipennis* iz ovog rada, koji nisu uključeni u molekularne analize, prikupljeni su na izvorišnim dijelovima tekućica bez iznimke. Rezultati ovog rada temeljeni na genu za *COI* (DNA barkod regiji) u ovom radu sugeriraju da se radi o jednoj vrsti *P. cingulatus/latipennis* s nekoliko podvrsta, no za konačan zaključak bi trebalo provjeriti filogenetske odnose na temelju većeg broja gena s naglaskom na jezgrine gene) i detaljno proučiti morfologiju s ciljem pronalaska značajnih karakteristika.



Slika 72. A-B. Ventralni izgled genitalnog aparata ženke A - *P. latipennis*, B - *P. cingulatus* (Tobias i Tobias 2008).



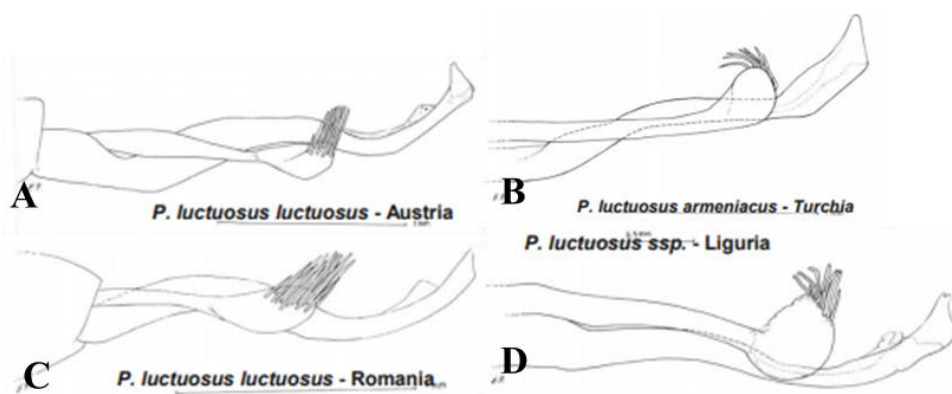
Slika 73. A-F. Prikaz genitalnog aparata mužjaka vrsta iz roda *Potamophylax*: A - lateralni izgled *P. latipennis* (Martínez i sur. 2016), B – crtež genitalnog aparata *P. latipennis* (Malicky 2004), C - crtež genitalnog aparata *P. cingulatus* prema ključu (Malicky 2004), D - lateralni izgled *P. cingulatus* (Martínez i sur. 2016), E – dorzalni izgled *P. latipennis* (Tobias & Tobias 2008), F - dorzalni izgled *P. cingulatus* (Tobias i Tobias 2008).

Kod vrste *P. nigricornis* uočavamo odvajanje primjeraka TPNIG_1 iz Hrvatske i Austrije od *P. nigricornis* iz Njemačke, Češke, Estonije, Belgije, Norveške i Finske. ABGD analiza svrstava sve primjerke *P. nigricornis* u istu grupu, hipotetsku vrstu (Slika 39 2. dio). Između primjeraka vrste *P. nigricornis* uočavaju se visoke vrijednosti nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti. Genetska udaljenost vrsta *P. nigricornis* iz Austrije i Hrvatske naspram primjeraka iz ostalih Europskih država iznosi 6,6% što je u rasponu interspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod Limnephilidae 3,46-12,66% (Zhou i sur. 2010), no ipak unutar intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod nekih tulara (8% Graf i sur. 2015, 7% Barcelos-Silva i sur. 2018). Za sada, prema literarnim podacima, nije zabilježena razlika u morfologiji kod europskih populacija vrste *P. nigricornis*. Oláh i sur. (2013) ukazuju da na temelju morfologije se može uočiti kriptični diverzitet unutar vrste *P. nigricornis* grupe i opisuju velik broj novih svojti. Oláh i sur. (2013) kod vrsta *P. nigricornis* iz različitih dijelova Europe bilježe stabilnu strukturu genitalnog aparata.

Unutar vrste *P. pallidus* dolazi do odvajanja primjeraka iz Hrvatske (TPPAL_1, TPPAL_4, TPPAL_5) i HMTRI418-09 iz Grčke. ABGD analiza rezultira razdvajanjem populacija *P. pallidus* u dvije grupe, potencijalne vrste. Genetska razlika između *P. pallidus* TPPAL_1, TPPAL_4, TPPAL_5 i *P. pallidus* HMTRI418-09 iznosi 10,5-10,9% što je jednako

minimalnim interspecifičnim vrijednostima između vrsta roda *Potamophylax* analiziranim ovim radom i više od maksimalnih intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod tulara (8,50% u Hogg i sur. 2009, 4,8% u Santos i sur. 2016b). Za sada ne postoje radovi koji navode morfološke razlike unutar europskih populacija vrste *P. pallidus*, niti su na primjercima iz ovog istraživanja uočene morfološke razlike.

Vrsta *P. luctuosus* dijeli se na dvije dobro podržane genetske linije: jednu liniju čine primjerci TPLUC_1, TPLUC_2 iz Hrvatske i Austrije dok drugu liniju čine primjerci iz Rumunjske i Njemačke. Isto grupiranje primjeraka iz Hrvatske i Austrije zabilježeno je i kod vrste *P. nigricornis* u ovom radu. ABGD analiza svrstava primjerke *P. luctuosus* iz Hrvatske i Austrije u jednu grupu, hipotetsku vrstu i primjerke iz Njemačke i Rumunjske u drugu grupu, hipotetsku vrstu (Slika 39 2. dio). Genetska udaljenost između *P. luctuosus* Hrvatska-Austrija i *P. luctuosus* Njemačka-Rumunjska je 12,8% što je najveća intraspecifična udaljenost zabilježena unutar vrsta roda *Potamophylax* korištenih u ovom radu. Ovako visoka vrijednost genetske udaljenosti je u rangu interspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod tulara (12,8% kod *Apatania* u Salokannel i sur. 2010; 12,66% kod *Limnephilidae* u Zhou i sur. 2010). Lodovici i Valle (2013a) na kongresu ukazuju na različitu morfologiju muškog genitalnog aparata jedinki vrste *P. luctuosus* rasprostranjenih u Italiji, Turskoj, Rumunjskoj i Austriji smatrajući da se radi o podvrstama (Slika 74). U popisu faune tulara pokrajine Liguria u Italiji, Lodovici i Valle (2013b) ističu da su zamijetili morfološki drugačije primjerke *P. luctuosus* od poznatih, ali do sada nije objavljen znanstveni rad kojim se opisuju nove svojte unutar *P. luctuosus*.



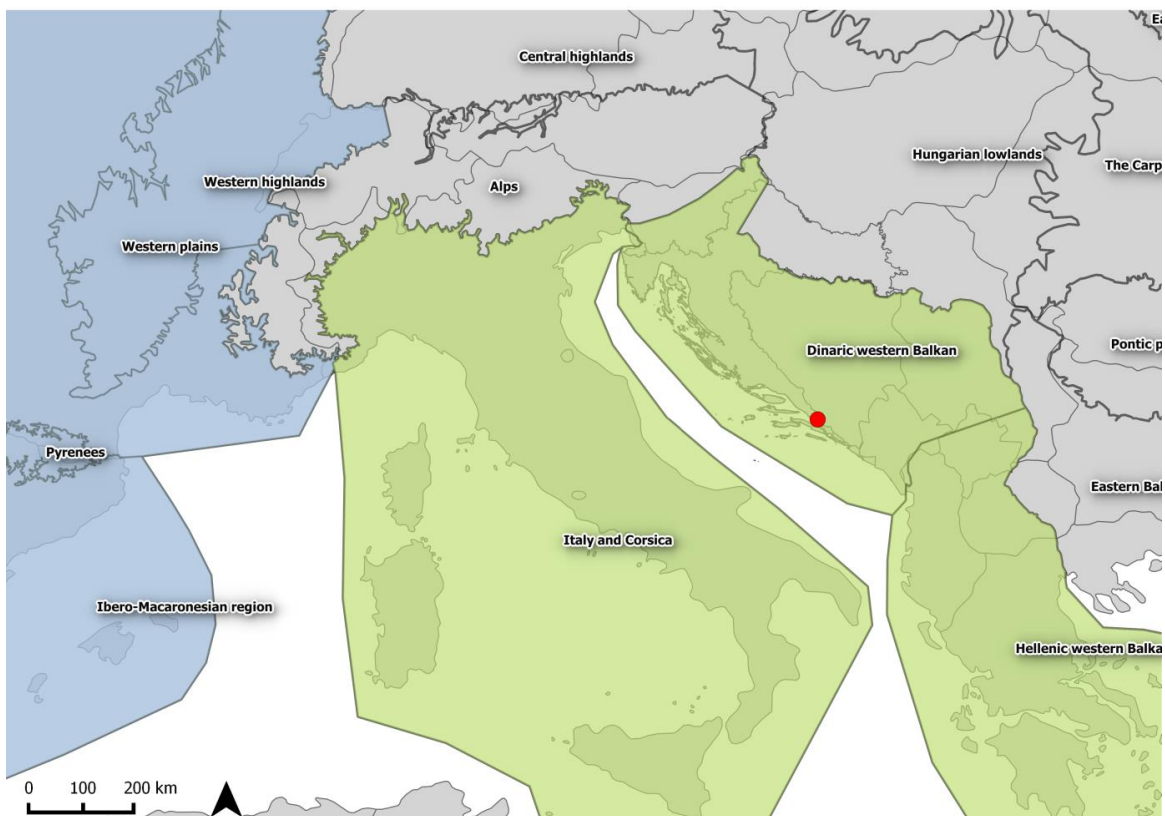
Slika 74. A-D. Lateralni izgled falusa genitalnog aparata mužjaka *P. luctuosus* prema Lodovici i Valle (2013a) rasprostranjenog u A – Austriji, B – Turskoj, C – Rumunjskoj, D – pokrajini Liguria, Italija.

Ovim radom uočene velike genetske razlike unutar pojedinih vrsta roda *Potamophylax* (npr. 10,9% unutar vrste *P. pallidus*, 12,8% unutar vrste *P. luctuosus*), odnosno duboke divergentne grupe unutar pojedinih vrsta. Također, ABGD analiza svrstava određene primjerke morfološki određene vrste roda *Potamophylax* u više hipotetskih vrsta (MOTUS). S obzirom da se rezultati temeljeni samo na jednom molekularnom biljegu, nije moguće donositi konačne zaključke. Rezultati visoke geneske divergentnosti na temelju jednog gena ponekad nisu točni (npr. slučaj vodenjaka *Ichthyosaura alpestris*, Recuero i sur. 2014) niti je nove vrste moguće znanstveno opisivati bez dijagnostičkih morfoloških karakteristika kako navodi Međunarodni kodeks zoološke nomenklature (eng. International Code of Zoological Nomenclature – ICZN, Ride 1999). Dakle, ovi rezultati usmjeravaju buduća istraživanja na određene vrste koje su se istaknule rezultatima analize na temelju gena *COI*, DNA barkod regije (npr. velikom genetskom udaljenosti, dubokom divergentnom linijom). DNA barkodiranje je prvenstveno osmišljeno kao metoda određivanja te kao alat koji će označiti svojte koje je potrebno detaljnije istražiti kao što je slučaj kod vrsta roda *Potamophylax* (Hubert i Hanner 2015). Za navedene istaknute vrste je moguće da predstavljaju kriptične vrste ili posjeduju neuočene morfološke razlike unutar pojedinih populacija i tako predstavljaju nove svojte. Iako se javlja sve veća potreba za brzim opisom novih vrsta, potrebno je zadržati znanstvenu objektivnost i zagovarati integrativni pristup u taksonomiji kako bi se pouzdanost otkrića temeljila na više podataka (Dayrat 2005).

5.1.9. Taksonomski status podvrste *Triaenodes ochreellus lefkas*, Malicky 1974

Primjerci TTOCL_1 i TTOCL_2 prema morfološkim karakteristikama sigurno pripadaju podvrsti *T. ochreellus lefkas* (Slika 40). S obzirom da u BOLD bazi ne postoje DNA sekvence *T. ochreellus lefkas*, navedeni primjerci uspoređeni su s vrstom *T. ochreellus ochreellus*, od koje se prema DNA barkodu značajno razlikuju. Iako su Europi prisutne 4 svojte roda *Triaenodes*: *T. bicolor* (Curtis, 1834), *T. ochreellus ochreellus* McLachlan, 1877, *T. ochreellus lefkas* Malicky, 1974 i *Triaenodes unanimitis* McLachlan, 1877, u Hrvatskoj je zabilježena samo podvrsta *T. ochreellus lefkas* (Malicky 2005, Kučinić i sur. 2015b). Podvrsta *T. ochreellus ochreellus* zabilježena je u ekoregijama (prema Illies, 1967, 1978): ER 1 Iberijsko-Makaronezijska, ER 2 Pirineji, ER 8 Zapadno visokogorje i ER 13 Zapadne ravnice dok je *T. ochreellus lefkas* u ekoregijama ER 3 Italija, Korzika i Malta, ER 5 Dinarski zapadni Balkan i ER 6 Helenski zapadni Balkan (Graf i sur. 2008, Slika 75). Prema navedenoj rasprostranjenosti dvije podvrste *T. ochreellus* jasno je da se radi o alopatrijskim podvrstama. Vrijednost nekorigiranih udvojenih genetske udaljenosti (p-udaljenosti) između ove dvije

podvrste iznosi 10,2%. Ovakva genetska udaljenost zabilježena je među različitim vrstama, odnosno u rangu je interspecifičnih vrijednosti (8,06-15,65% Johanson 2007, 8,05-21,7% Pauls i sur. 2010, 8,2%, Graf i sur. 2015). S obzirom na veliku genetsku udaljenost te alopatrijsku rasprostranjenost u odnosu na podvrstu, smatramo da se radi o dvije vrste *Triaenodes ochreellus* i *Triaenodes lefkas*. No formalnoj promjeni statusa vrste prethode detaljne morfološke analize i analize jezgrinih biljega. U slučaju *Triaenodes ochreellus* i *Triaenodes lefkas* potrebno je provjeriti koliko su navedene svojite morfološki promijenjene da bi predstavljale zasebne vrste te da li na nekom dijelu areala postoje populacije kod kojih dolazi do protoka gena ili su u potpunosti genetički odvojene. Dobar primjer opreza kod proglašavanja vrsta temeljem mitohondrijske DNA je nepostojeća (eng. ghost) mitohondrijska DNA (Wilson i Bernatchez 1998, Pinho i sur. 2008). Nadalje, da bi *Triaenodes lefkas* ili bilo koju drugu svojtu proglasili vrstom potrebno je minimalno još jedan jezgrin biljeg s obzirom da postoje primjeri neslaganja rezultata analiza nastalih na mitohondrijskom i jezgrinim biljezima (npr. Toews i Brelsford 2012).

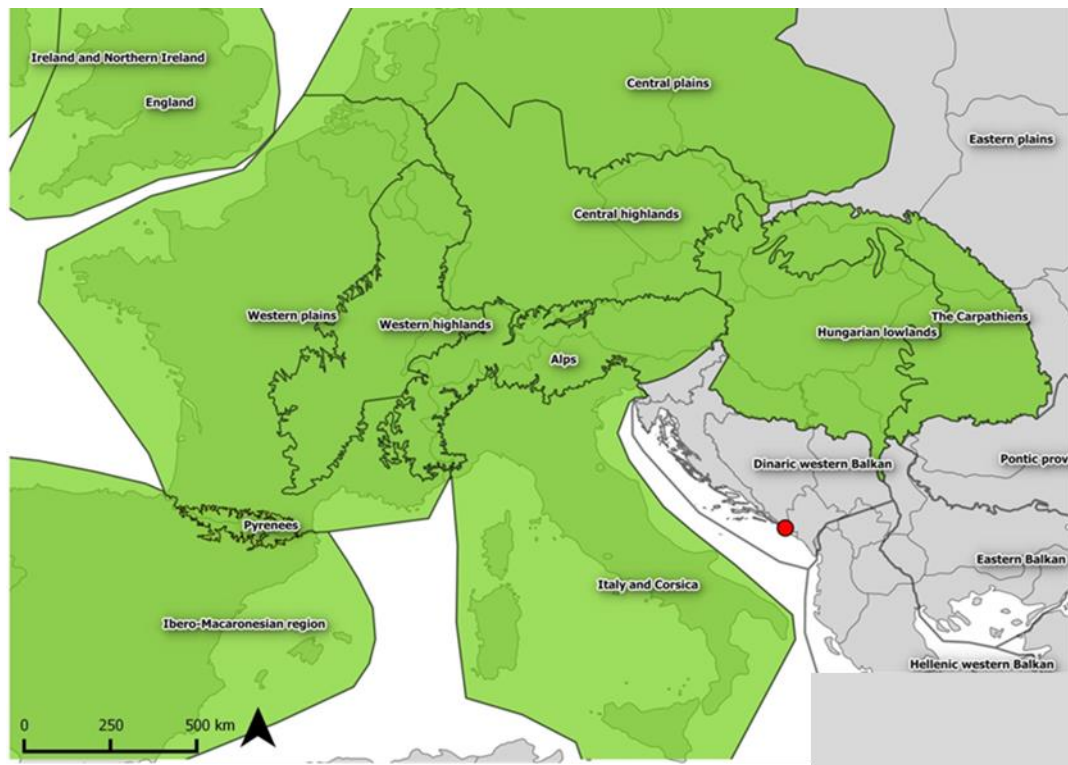


Slika 75. Prikaz rasprostranjenosti podvrste *T. ochreellus ochreellus* (plavo polje) i podvrste *T. ochreellus lefkas* (zeleno polje) u Europi prema Graf i sur. (2019) s nalazom *T. ochreellus lefkas* na području Hrvatske (crvena točka) te označenim ekoregijama prema Illies (1967,1978) (crna slova s bijelim obrubom).

5.1.10. Potencijalno nova vrsta za znanost iz roda *Agapetus* Curtis, 1834

Prema filogenetskoj analizi primjerci *A. cf. fuscipes*, Konavle se sa sigurnošću odvajaju se u zasebnu genetsku liniju. Ni jedna od metoda (NJ i ML, Slika 43) nije grupirala primjerke *A. cf. fuscipes*, Konavle s drugim vrstama roda *Agapetus* i *Synagapetus*. Začuđuje rezultat BOLD Identification Engine koji primjercima roda *Agapetus* iz Konavoskog polja kao najbližnju vrstu navodi *A. slavorum*, s obzirom da prema morfološkim značajkama muškog genitalnog aparata najviše sliči vrsti *A. fuscipes*, a znatno se razlikuje od vrste *A. slavorum*. No na filogenetskom stablu nije uočena povezanost *A. cf. fuscipes* i *A. slavorum* s obzirom da se primjerci obje vrste grupiraju u različite visoko podržane grupe. Također, vrste *A. cf. fuscipes* i *A. slavorum* pokazuju genetsku udaljenost koja je u rangu interspecifičnih vrijednost između promatranih vrsta roda *Agapetus* (iznosi 12,4%).

Primjerci *A. cf. fuscipes* na temelju rezultata morfoloških i molekularnih analiza ne pripadaju, drugim vrstama roda *Agapetus* čije DNA barkod sekvence nisu bile dostupne, s obzirom na lokaliziranu rasprostranjenost pojedinih vrsta roda *Agapetus* u Europi (endemi pojedinih ekoregija). Vrste *A. delicatulus* McLachlan, *A. laniger* (Pictet, 1843) i *A. ochripes* Curtis, 1834 su široko rasprostranjene u Europi i jedine koje su zabilježene u fauni Hrvatske (Vučković i sur. 2011, Cerjanec 2012, Previšić i sur. 2013a). Vrsta *A. fuscipes* zabilježena je u 12 ekoregija uključujući i ekoregiju ER 11 koja obuhvaća i teritorij Hrvatske (Graf i sur. 2008, 2019) (Slika 76). Vrsta *A. fuscipes* do sada nije zabilježena u fauni Hrvatske. Navedena baza (Graf i sur. 2008, 2019) ne navodi da je *A. fuscipes* zabilježena u Srbiji (Živić i sur. 2002), Rumunjskoj (Ujvárosi i sur. 2008), Makedoniji (rijeka Vardar, Georgijev 2003), i Bugarskoj (Chertoprud i Palatov 2017). Primjerak morfološki određen kao najbližiji vrsti *A. fuscipes* sa izvora Ljute u Konavlima prikupljen je u ekoregiji ER 5 u kojoj do sada nije zabilježena vrsta *A. fuscipes*.



Slika 76. Prikaz rasprostranjenosti *Agapetus fuscipes* (zeleno polje) u Europi prema Graf i sur. (2019) s nalazom *Agapetus* cf. *fuscipes* na području Hrvatske (crvena točka) te označenim ekoregijama prema Illies (1967, 1978) (crna slova s bijelim obrubom).

ABGD analiza rezultirala je odvajanjem *A. cf. fuscipes* u zasebnu grupu, potencijalnu vrstu. Vrijednost nekorigiranih udvojenih genetskih udaljenosti između primjeraka *A. cf. fuscipes* iz Konavala i primjeraka *A. fuscipes* iz Europe (13,6%) u rangu je interspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod roda *Agapetus* analiziranih ovim radom (7,4-18,6%), kao i interspecifičnih vrijednosti kod porodice Glossosomatidae (11,47- 25,79% Zhou i sur. 2010) te interspecifičnih vrijednosti kod drugih tulara (8,06-16,65% Johanson 2007). Također, genetska udaljenost između *A. cf. fuscipes* iz Konavala i genetski najbližije vrste *A. slavorum* (12,4%), u rangu je interspecifičnih vrijednosti. Rezultati filogenetske analize temeljeni na genu *COI* nedvojbeno upućuju da primjerci *A. cf. fuscipes* iz Konavala ne pripadaju ni jednoj od analiziranih vrsta te da se radi o novoj vrsti u fauni Hrvatske, a moguće i novoj vrsti za znanost. Malicky (2004) navodi postojanje nekoliko varijacija u građi genitalnog aparata vrste *A. fuscipes*. S obzirom da nije provedena detaljna analiza morfoloških karakteristika nije moguće tvrditi radi li se o kriptičnim vrstama. Morfologija ličinki s lokaliteta u Konavlima ukazuju na postojanje morfoloških razlika u odnosu na vrstu *A. fuscipes*, no za sigurnu potvrdu potrebno je analizirati veći broj ličinki. Proglašavanje novih vrsta, ili novih molekularnih operativnih taksonomskih jedinica (eng. molecular operational taxonomic –

MOTU) isključivo na temelju DNA barkod regije, kao što je prije navedeno, nije moguće. Zaključno, da bi rezultati temeljeni na mitohondrijskom biljegu *COI* bili neosporno potvrđeni, potreban je integrirani pristup koji kombinira DNA barkod regiju s detaljnim morfološkim opisom svojte i analiza temeljena na većem broju molekularnih biljega u slučaju kriptičnih vrsta.

Navedena vrsta *A. cf. fuscipes* prikupljena je u Konavlima na izvoru rijeke Ljute što je u skladu s do sad zabilježenom biologijom vrste *A. fuscipes* koja preferira gornje tokove tekućica (Waringer i Graf 2011). Za pretpostaviti je da *A. cf. fuscipes* ima univoltan životni ciklus kao i *A. fuscipes* s obzirom da je izvor Ljute posjećivan više puta godišnje, a primjerci su zabilježeni i prikupljeni isključivo u travnju. Vrsta *A. fuscipes* česta je u Europskim tekućicama (Botosaneanu i Malicky 1978, Pitsch 1993, Robert 2001, Fischer 2003, Nijboer 2004) i predstavlja dominantnu vrstu u gornjim tokovima tekućica (Sandrock 1978, Wagner i Schmidt 2004). Kako u prijašnjim istraživanjima tako i ovim terenskim istraživanjem (koje je provedeno na većini vodenih staništa u Hrvatskoj po tri puta (172 lokaliteta), vrsta *A. cf. fuscipes* nije drugdje u Hrvatskoj zabilježena. Više puta su zabilježeni nalazi novih, izdvojenih vrsta na području Konavala koji predstavljaju endeme tog područja. Tako ovaj isti lokalitet, rijeka Ljuta u Konavlima, predstavlja tipski lokalitet za vrstu *Tinodes andrasi* koja od tada nije zabilježena nigdje drugdje (Oláh 2010). Drugi slučaj gdje se fauna tulara na području Konavala pokazala izdvojenom, jest nova vrsta iz ovog rada, *Diplectronea* sp. nov. Hrvatska, Konavle. Od drugih životinja, u Konavlima nalazimo ribu koja je endem konavskog polja, miloradovog pijora (*Telestes miloradi*) (Bogutskaya i sur. 2012). Miloradov pijor se sve do nedavno (2015) smatrao izumrlom vrstom zbog antropogene izmjene staništa (Jelić i Jelić 2015). Moguće je da vrsta *A. cf. fuscipes* kao i vrsta *A. fuscipes* nije tolerantna na organsko zagađenje i promjenu hidrološkog režima te ima slabu mogućnost disperzije što ju čini iznimno osjetljivom vrstom (Nijboer 2004). Ukoliko je vrsta *A. cf. fuscipes* osjetljiva na promjene u okolišu kao i vrsta *A. fuscipes*, potrebno je istražiti ovu potencijalno novu vrstu, kako je ne bi zadesila sudbina miloradovog pijora.

5.2. Povezivanje mužjaka i ženki metodom DNA barkodiranja

5.2.1. Povezivanje mužjaka i ženki vrste *Lepidostoma basale* Kolenati 1848

Metoda DNA barkodiranja u ovom radu je omogućila pouzdano povezivanje ženke *Lepidostoma* sp. (TLBAS_1) s mužjakom vrste *L. basale* (TLBAS_2) s istog lokaliteta. Oba

primjerka su se grupirala s ostalim primjercima ove vrste, odvajajući se od primjeraka vrste *L. hirtum*. Kod roda *Lepidostoma* prevladava spolni dimorfizam gdje mužjaci imaju razvijene sekundarne spolne karakteristike (vidljive na pipalima donjih čeljusti, antenama, krilima, prvom paru nogu). Sekundarne spolne karakteristike mogu biti toliko raznolike i izražene da je čak prema njima moguće mužjake morfološki odrediti do razine vrste na temelju istih (Weaver 2002). S druge strane, ženke roda *Lepidostoma* rasprostranjene u Europi izgledaju slično (Malicky 2004). Metodom DNA barkodiranja moguće je povezati mužjake i morfološki neodređene ženke. Nakon sigurnog određivanja ženke *L. basale* slijedi traženje vrsno specifičnih morfoloških osobina i izrada ključa.

Prilikom faunističkih istraživanja fokus je na mužjacima jer se na taj način dobiva precizno određena vrsta. No baziranje raznolikosti faune isključivo na mužjacima može dovesti do previđanja, nekih vrsta, posebno rijetkih. U slučajevima kada je broj prikupljenih ženki veći od broja mužjaka može doći i do pogrešnih zaključaka o veličini populacije. Sličan problem s određivanjem ženki kod trzalaca (Diptera, Chironomidae) riješili su Ekrem i sur. (2010) upotrebom metode DNA barkodiranja. Bez upotrebe DNA barkodiranja ne bi mogli identificirati 27% ženki od prikupljenih uzoraka i time bi faunističko istraživanje izvora, temeljeno na morfologiji mužjaka, rezultiralo s 27% manjim bogatstvom vrsta. Problem određivanja isključivo mužjaka može dovesti do toga da se istraživanjem ne zabilježe vrste koje su isključivo ili fakultativno partenogenetske. Za takav slučaj u Finskoj gdje su prisutne tri vrste partenogenetskih tulara (*Apatania hispida* Forsslund 1930, *A. muliebris* McLachlan, 1866, *A. forsslundi* Tobias 1981) Salokannel i sur. (2010) su koristili metodu DNA barkodiranja. Zahvaljujući rezultatima DNA barkodiranja, iako suočeni s problemima u identifikacijskom ključu „Atlas of European Trichoptera“, uspjeli su sa sigurnošću utvrditi koje su vrste roda *Apatania* rasprostranjene u Finskoj. Metoda DNA barkodiranja potvrdila je morfološko određivanje i omogućila Salokannel i sur. (2010) izradu detaljnog i pouzdanog ključa za određivanje vrsta *Apatania* rasprostranjenih u Finskoj.

5.2.2. Povezivanje mužjaka i ženki vrste *Rhyacophila schmidinarica* Urbanič, Krušnik & Malicky 2000

Metoda DNA barkodiranja je uspješno povezala ženku TRSCH_4 *Rhyacophila* sp. s morfološki određenim mužjakom vrste *R. schmidinarica* TRSCH_3 s istog lokaliteta. Ženka TRSCH_4 nedvojbeno pripada vrsti *R. schmidinarica*, s obzirom da ima identičan haplotip kao i mužjak TRSCH_3 vrste *R. schmidinarica*, dok se oba primjerka razlikuju 0,3% od

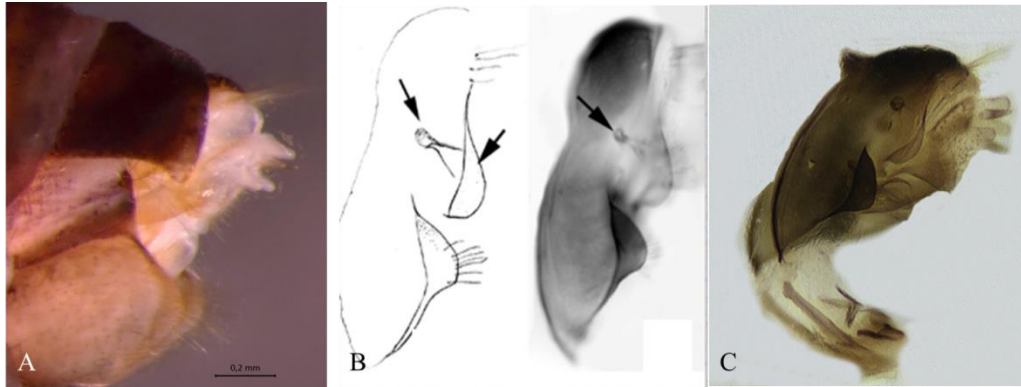
ostalnih mužjaka ove vrste iz Hrvatske što je u rangu intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod tulara (1,54%; Zhou i sur. 2010, 4,8%; Santos i sur. 2016b). Uspješnost u povezivanju mužjaka i ženki tulara pomoću mitohondrijskog biljega *COI*, DNA barkod regije, dokazali su i prijašnja istraživanja. Johanson i sur. (2007) kod vrsta roda *Xanthochorema* potvrđuju rezultate povezivanja spolova DNA barkod metodom s rezultatima na temelju mitohondrijskog biljega *16S* rRNA.

Prilikom opisa nove vrste *Rhyacophila schmidinarica* Urbanič i sur. 2000 daju jednostavan morfološki opis ženke ove vrste i crtež kako bi se mogla razlikovati od vrste *Rhyacophila hirticornis*. U referentnom identifikacijskom ključu izdanom nakon objave opisa vrste „Atlas of European Trichoptera“ (Malicky 2004), ne nalazimo navedeni crtež. Moguće je da crtež genitalnog aparata ženke nije omogućio precizno razlikovanje ženki vrste *R. schmidinarica*, pa stoga nije uvršten u navedeni identifikacijski ključ.

5.2.3. Povezivanje mužjaka i ženki *Hydropsyche angustipennis* Curtis 1834 i potvrda nove vrste *Hydropsyche bulbifera* McLachlan, 1878 u fauni Hrvatske

Unatoč postojanju literature (Neu i Tobias 2004) determinacija ženki u rodu *Hydropsyche* vrlo često je problematična ili čak nemoguća zbog često jako malih morfoloških razlika među vrstama. S obzirom da su vrste roda *Hydropsyche* široko rasprostranjene i često čine većinu biomase u uzorcima iz tekućica, a imaju širok raspon tolerancije na zagađenje postoji velika potreba za određivanjem ženki do razine vrste (Graf i sur. 2008, 2019, Moog 2002). Ovim radom je povezana ženka THANG_2 *Hydropsyche* sp. s mužjakom THANG_3 vrste *H. angustipennis* korištenjem metode DNA barkodiranja. Ženka *Hydropsyche* sp. grupirala se s visokom pouzdanošću s mužjakom vrste *H. angustipennis* s istog lokaliteta te s ostalim mužjacima vrste *H. angustipennis*. Sve vrste roda *Hydropsyche*, analizirane ovim radom, jasno su razdvojene u visoko podržane monofiletske grupe. Također, vrijednosti nekorrigiranih udvojenih genetskih udaljenosti potvrđuju taksonomsko određivanje ženke THANG_2 kao vrste *H. angustipennis*. Genetska udaljenost između ženke THANG_2 i *H. angustipennis* (0-1,7%) u rangu je intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod porodice Hydropsychidae (0-5,25% Zhou i sur. 2010), vrste *H. instabilis* (6,42% Morinière i sur. 2017). Minimalna genetska udaljenost između ženke THANG_2 i drugih vrsta roda *Hydropsyche* (izuzev *H. angustipennis*) korištenih u ovoj analizi (11,7%) je u rangu interspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod porodice Hydropsychidae 11,47% Zhou i sur. 2010). Do sada nije korištena metoda DNA barkodiranja za povezivanje ženke s mužjacima roda *Hydropsyche*. Oblik

clasper receptacle kod ženki može biti strukturiran te informativan za formalni opis i kasnije morfološko određivanje ženki roda *Hydropsyche* (Neu i Tobias 2004). Stoga, nakon asocijacije mužjaka i ženke roda *Hydropsyche* metodom DNA barkodiranja postoji mogućnost izrade determinacijskog ključa na temelju morfologije ženki ukoliko se struktura genitalnog aparata pokaže informativnom (Slika 77).



Slika 77. Lateralni izgled genitalija ženke vrste *Hydropsyche angustipennis*: A – primjerak THANG_2 iz Hrvatske, B i C – genitalije ženke s naznačenim *clasper receptacle* (Tobias & Tobias 2008).

Rezultati filogenetske analize vrsta roda *Hydropsyche* rasprostranjenih u Hrvatskoj su u skladu s dosadašnjim istraživanjima. Da su vrste *H. ornatula*, *H. bulgaromanorum* i *H. guttata* blisko srodne pokazuje i grupiranje navedenih vrsta u radu Geraci i sur. 2011 u filogenetskoj analizi temeljenoj na genu *COI*, DNA barkod regiji. Srodnost vrste *H. incognita* i *H. pellucidula* u skladu je s radom Geraci i sur. (2011) gdje se *H. pellucidula* grupira s vrstama *H. incognita* i *H. botosaneanui* Marinković-Gospodnetić, 1966. Nadalje, u ovom radu uočeno je odvajanje pojedinih genetskih linija unutar vrste *H. instabilis* što bilježe i Zamora-Muñoz i sur. (2017) unutar te vrste rasprostranjene na Iberijskom poluotoku. Rezultati DNA barkodiranja potvrdili su morfološki određene vrste *H. bulbifera* koja do sada nije bila zabilježena u fauni Hrvatske. BOLD Identification Engine odredio je primjerke THBUL_1 i THBUL_3 kao 100% slične vrsti *Hydropsyche bulbifera* što je potvrđeno grupiranjem primjeraka THBUL_1 i THBUL_3 odvojeno od drugih vrsta roda *Hydropsyche* analiziranih u radu.

5.3. Povezivanje odraslog i ličinačkog stadija, metodom DNA barkodiranja

5.3.1. Povezivanje odraslog i ličinačkog stadija vrste *Glossosoma discophorum* Klapalek, 1902

Povezivanje odraslog i ličinačkog stadija tulara pokazalo se uspješnim koristeći metodu DNA barkodiranja (npr. Zhou i sur. 2007, 2009; Burington 2011, Ruitter i sur. 2013, Shackleton i Webb 2013, Graf i sur. 2015, Torii i Nakamura 2016). Do sada je napravljeno pouzdano povezivanje odraslog i ličinačkog stadija tulara korištenjem drugih molekularnih biljega (npr. korištenje 3' regiju gena *COI*: Waringer i sur. 2008, Kučinić i sur. 2010, Kučinić i sur. 2015, Kučinić i sur. 2016, Waringer i sur. 2016). Kao i navede metode, DNA barkodiranje se pokazalo kao još jedna pouzdana metoda, što potvrđuju i rezultati ovog rada. Prednost korištenja DNA barkod regije pored drugih metoda jest postojanje referentne baze s većim brojem DNA sekvenci različitih svojti, tako da je lakše odrediti nepoznatu ličinku, pogotovo u slučajevima kada nisu prikupljeni adultni oblici ili ih nije moguće odrediti (npr. ženke za koje ne postoji ključ). U tom slučaju se DNA sekvenca nepoznate ličinke povezuje s DNA sekvencama u BOLD bazi (alat Identification Engine) (npr. Zhou i sur. 2009). Shodno tome, prednosti ovog pristupa ogledaju se u sve većoj upotrebi mitohondrijskog biljega *COI*, tj. DNA barkod regije, za povezivanje različitih stadija tulara.

Ličinke tulara, uz ličinke vodencvjetova i obalčara, predstavljaju bitan element u biološkom monitoringu kvalitete slatkovodnih ekosustava (AQEM consortium, 2002, Barbour i sur. 1999). Raspon osjetljivosti tulara na promjene u okolišu (npr. hidromorfološke promjene, promjene količine organske tvari, promjene koncentracije otopljenog kisika, itd.) čini ih idealnim indikatorskim organizmima u slatkovodnim ekosustavima (Waringer i sur. 2013). Postojeći ključevi za određivanje ličinki nisu potpuni, npr. ključevi za određivanje jedne od najistraživanijih skupina tulara u Europi, potporodice Drusinae, pokrivaju samo 50% poznatih vrsta (Vitecek i sur. 2015). Taksonomski ključevi dominantno omogućuju određivanje široko rasprostranjenih vrsta, dok su vrste užeg areala ili endemske vrste manje zastupljene (Waringer i Graf 2011). Tako je veliki broj endema opisan s Balkanskog poluotoka na temelju mužjaka dok ličinke ostaju neopisane. Ako uzmemo u obzir da određivanje do razine vrste daje pouzdanije rezultate kvalitete vode, nego određivanje do više taksonomske razine (Humpesch i Fesl 2005), a postojeći ključevi nisu kompletni, za kvalitetan monitoring

potrebne su nam i molekularne metode. Kako se DNA barkod metoda pokazala pouzdanom u povezivanju poznatih adulta i nepoznate ličinke, primjena ove metode značajno će unaprijediti analizu makrozoobentosa. Rezultati napravljenih molekularnih analiza omogućiti će izradu kompletnih ključeva i bolje morfološko određivanje. Danas razvoj biološkog monitoringa ide u smjeru formiranja alternativnog sustava koji se temelji upravo na DNA barkodiranju, tzv. metabarkodiranju (Bohan i sur. 2017). Sustav koji bi znatno smanjio financijske troškove, ubrzao proceduru, bitno smanjio potrebu za dugotrajnim ljudskim radom (izolacijom i određivanjem velikog broja primjeraka, uz istovremeno poboljšanje taksonomske rezolucije). Navedeni biološki monitoring još je daleko od razvoja pouzdanog i standardiziranog sustav kakv se trenutno koristi (baziran na morfološkom određivanju) jer postoje brojni tehnički izazovi koje je potrebno riješiti. No, daljnji razvoj metoda sekvenciranja (NGS) i obrade podataka svakako idu u prilog metabarkodiranju kao standardiziranoj metodi biološkog monitoringa (Leese i sur. 2016, Bohan i sur. 2017).

Maksimalna vrijednost nekorigiranih genetskih udaljenosti između ličinke roda *Glossosoma* sp. TGDIS_5 i vrste *G. discophorum* iznosi 0,6% što je u rangu zabilježenih intraspecifičnih vrijednosti kod roda *Glossosoma* (0,51-1,54% Zhou i sur. 2010). Ličinke vrste *G. discophorum* nisu morfološki opisane, te stoga nisu uvrštene u determinacijske ključeve. U dosadašnjim istraživanjima taksonomi su mogli odrediti do razine roda. Nakon što je filogenetska analiza sa sigurnošću potvrdila da primjerak TGDIS_5 predstavlja vrstu *G. discophorum* slijedeći korak je pronalazak morfoloških karakteristika specifičnih za ovu vrstu i opis ličinke.

Rezultati filogenetske analize su osim povezivanja dva životna stadija tulara, ukazali na dva nepodudaranja s morfološkom određivanjem analiziranih primjeraka. Prvo neslaganje jest što se haplotip primjerka preuzet iz BOLD baze, BHMKK157-12, određen kao *G. neretvae* iz Crne Gore s visokom pouzdanošću grupira s vrstama *G. discophorum* iz Hrvatske. Haplotipovi TGNER_1, TGNER_2 *G. neretvae* uzoraka iz Bosne i Hercegovine grupiraju se unutar dobro podržane grupe jasno odvojene od *G. discophorum* grupe (u kojoj je primjerak BHMKK157-12) (Slika 52). Vrijednost nekorigirane genetske udaljenosti između BHMKK157-12 i *G. discophorum* iz Hrvatske (0,5-1,1%) je u rangu intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod roda *Glossosoma* (0,51-1,54% Zhou i sur. 2010), dok vrijednost nekorigirane genetske udaljenosti između BHMKK157-12 i *G. neretvae* iz Bosne i Hercegovine, TGNER_1, TGNER_2 iznosi 7,2% što je u rangu interspecifičnih vrijednosti

zabilježenih kod tulara (6,4% Waringer i sur. 2008). Sličnu genetsku udaljenost pokazuju i *G. neretvae* iz Bosne i Hercegovine i *G. discophorum* iz Hrvatske (6,4-6,7%). Na izvoru rijeke Rude, pritoke Cetine, zabilježena je *G. neretvae* 2014. godine (Malicky 2014) i od tada nije zabilježena u fauni Hrvatske. Vrsta *G. neretvae* endem je rijeke Neretve, rasprostranjena u uskom području te rijeke oko grada Mostara (Stanić-Koštroman i sur. 2015). S obzirom da je *G. neretvae* endemska vrsta nalaz u Crnoj Gori je upućivao na vjerojatnu grešku u određivanju (primjerak BHMKK157-12). Na tipskom lokalitetu prikupljeni su primjerci vrste *G. neretvae* (leg. S. Stanić-Koštroman, R. Ćuk, I. Vučković, M. Kučinić). Kao što je prije navedeno, primjerci s tipskog lokaliteta *G. neretvae* (TGNER_1 i TGNER_2) nisu se grupirali s primjerkom BHMKK157-12, kao ni s primjercima određenim kao vrsta *G. discophorum* iz Hrvatske. Jasno je da jedinke određene kao vrsta *G. discophorum* iz Hrvatske odgovaraju crtežu u identifikacijskom ključu (Malicky 2004). Navedeno upućuje na zaključak da je primjerak BHMKK157-12 (Crna Gora) iz BOLD baze morfološki krivo određen, odnosno da pripada vrsti *G. discophorum*.

Prema ABGD analizi svi primjerci pripadaju istoj grupi, hipotetskoj vrsti. Genetska udaljenost unutar svih promatranih primjeraka *G. discophorum* (0,2-0,8%) u rangu je intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod tulara (4,8% Santos i sur. 2016b). Prema ključu „Atlas of European Trichoptera“ (Malicky 2004), nije moguće odrediti ženke *G. discophorum*. DNA barkod metodom je potvrđeno da ženke TGDIS_1 pripada vrsti *G. discophorum* s obzirom na visoko podržano grupiranje s drugim primjercima vrste *G. discophorum*.

Drugo uočeno neslaganje rezultata analize uočava se kod primjeraka TGKLO_3a s Kosova i KJTRI110-13 iz Bugarske morfološki određeni kao vrsta *G. klotho* koji se grupiraju s visokom podržanošću sa primjerkom TGBIF_1 iz Hrvatske morfološki određenim kao vrsta *G. bifidum*. Navedena grupa (TGKLO_3a, KJTRI110-13, TGBIF_1) odvaja se od primjerka KJTRI029-13 iz Italije morfološki određenim kao vrsta *G. bifidum*. ABGD analiza svrstava sve navedene primjerke (morfološki određene kao *G. bifidum* i *G. klotho*) u jednu grupu, hipotetsku vrstu (Slika 52). Genetska udaljenost između vrsta *G. klotho* (TGKLO_3a, KJTRI110-13) i *G. bifidum*, TGBIF_1 (0,5%) je u rangu intraspecifičnih vrijednosti zabilježenih kod roda *Glossosoma* (0,51-1,54% Zhou i sur. 2010). Jednake vrijednosti genetske udaljenosti zabilježene su između haplotipova vrste *G. klotho* (TGKLO_3a, KJTRI110-13) i vrste *G. bifidum* (KJTRI029-13), što znači da je u rangu intraspecifičnih

vrijednosti. Genitalije mužjaka vrsta *G. bifidum* i *G. klotho* morfološki se dobro razlikuju što ne bi trebalo izazvati zabunu kod morfološkog određivanja (Ibrahimi i sur. 2016b).

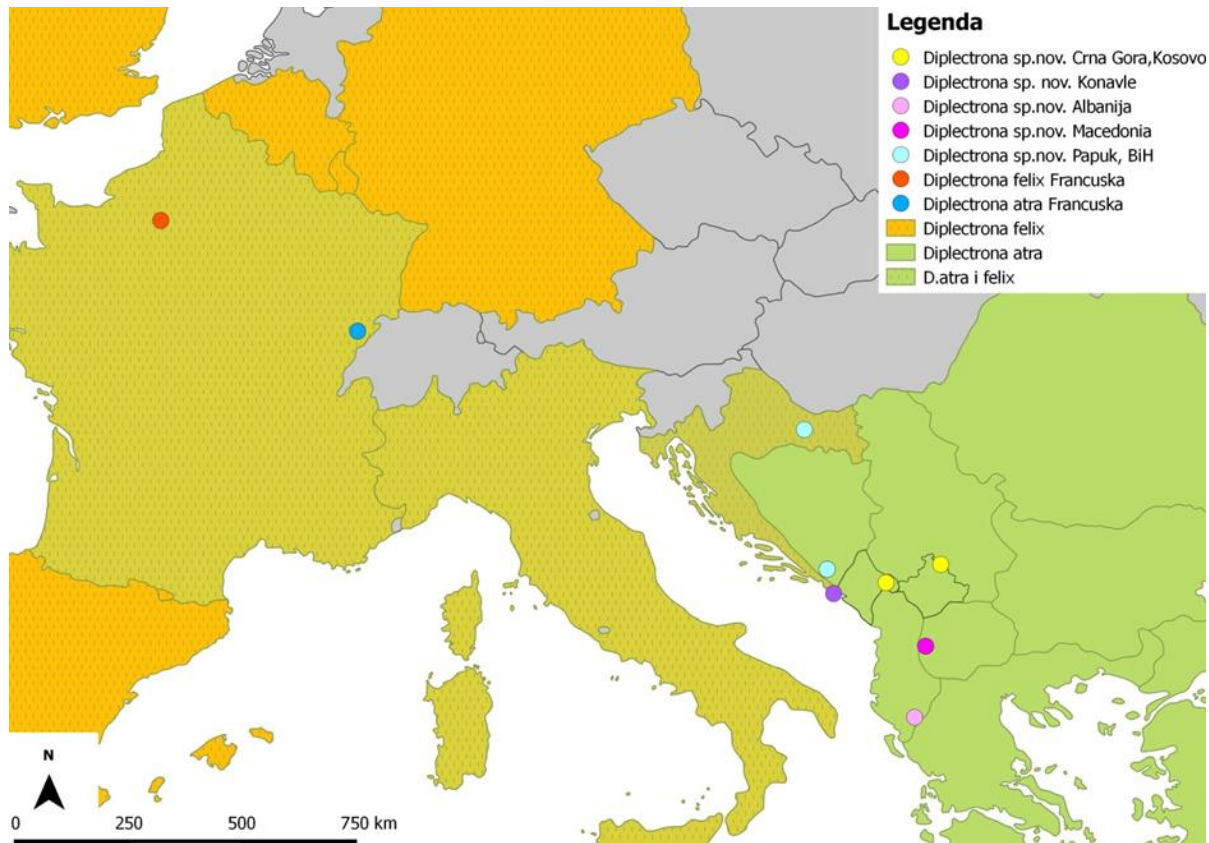
Za konačan i siguran zaključak potrebno je napraviti reviziju vrsta *G. discophorum*, *G. neretvae*, *G. bifidum*, *G. klotho* na način da se poveća broj uzoraka i proširi set molekularnih biljega. Moguće je da se radi o dobro definiranim vrstama koje se nisu mogle razdvojiti na temelju *COI* gena, kao posljedica introgresije. S obzirom da ženke ovih vrsta nisu opisane i teško se morfološki razlikuju daljnja istraživanja potrebno je nastaviti i na tom području.

5.4. Otkrivanje kriptičnih vrsta metodom DNA barkodiranja

5.4.1. Otkrivanje kriptičnih vrsta roda *Diplectrona* Westwood, 1839

Rod *Diplectrona* Westwood, 1840 pripada porodici Hydropsychidae. Rod je široko rasprostranjen i prisutan u svih sedam biogeografskih regija te za sada bilježi 142 vrste i podvrste (Graf i sur. 2019, Graf i sur. 2008). U Europi je zabilježeno devet vrsta roda *Diplectrona*: *Diplectrona atra* McLachlan, 1878, *D. felix* McLachlan, 1878, *D. juliarum* Grigorenko i Ivanov, 1991, *D. magna* Mosely, 1930, *D. meridionalis* Hagen, 1864, *D. moralesi* Schmid, 1952, *D. ripollensis* Tobias, 1972, *D. robusta* Martynov, 1934, *D. vairyra* Schmid, 1959 (Malicky 2004, Graf i sur. 2008, 2016). Od tih vrsta široko rasprostranjene su samo vrste *D. atra* i *D. felix* dok su ostale vrste endemi Iberijskog poluotoka, Korzike ili Kavkaza. Vrsta *D. vairyra* je osim u Iranu (Mirmoayed i Malicky 2002) pronađena samo još u Albaniji što upitan nalaz (Oláh i Kovács, 2013). Rezultatima ovog istraživanja rod *Diplectrona* u Europi bogatiji je s još pet novih vrsta. Svi molekularni biljezi (*COI*, *16S* rRNA, *CAD*, *wg*) i metode razgraničenja vrsta (p-distance, ABGD, *BEAST) potvrdile su rezultate DNA barkod metode. Molekularne analize vrsta iz roda *Diplectrona* iz Hrvatske, Albanije, Kosova, Makedonije, Bosne i Hercegovine, Crne Gore i Francuska provedene u ovom radu, ukazali su na ukupno pet kriptičnih vrsta s arealom u navedenim zemljama (Slika 78). Od toga, dvije nove kriptične vrste zabilježene su u Hrvatskoj. Za primjerke iz dvije populacije s Papuka (Gospin izvor i Dubočanka) koji su prvobitno na temelju morfoloških značajki određeni kao *D. atra* pokazalo se da zapravo predstavljaju kriptičnu vrstu *Diplectrona* sp. nov. Papuk, Hrvatska-BiH, Sutjeska. Za populaciju s Konavala za koju je preliminarna analiza morfoloških značajki upućivala da pripada vrsti *D. felix*, također se pokazalo da predstavlja kriptičnu vrstu *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle. Ostale populacije s Balkana za koje se prvobitno smatralo da pripadaju vrsti *D. atra*, pokazalo se da

predstavljaju dosad nezabilježene kriptične vrste: *Diplectrona* sp. nov. Makedonija (populacija iz Makedonije), *Diplectrona* sp. nov. Kosovo-Crna Gora (populacije iz Crne Gore te populacije s Kosova) i *Diplectrona* sp. nov. Albanija (populacije iz Albanije).



Slika 78. Prikaz rasprostranjenosti vrsta *D. atra* i *D. felix* prema Graf i sur. (2019) i Malicky (2013) (obojene površine) s mjestima uzorkovanja *Diplectrona* sp. korištenih u ovom istraživanju (predstavljeno točkama). Značenje boja označeno u legendi.

Minimalne nekorigitirane udvojene genetske udaljenosti u DNA barkod regiji između glavnih genetskih linija uočenih u ovom istraživanju iznose 9,0% (između *Diplectrona* sp. nov. Konavle i *Diplectrona* sp. nov. Kosovo-Crna Gora). Taj iznos premašuje minimalne nekorigitirane udvojene genetske udaljenosti u DNA barkod regiji između dvije vrste roda *Diplectrona*: *D. modesta* i *D. metaqui* (raspon udaljenosti od 7,5 do 13,7% - na temelju svih sekvenci trenutno dostupnih u Banci Gena). Nadalje, dosadašnje studije pokazale su da su intraspecifične genetske udaljenosti u DNA barkod regiji tulara uglavnom manje od 8%. Tako su npr. u svom istraživanju tulara nacionalnog parka Great Smoky Mountains iz 2011. godine, Zhou i sur. pokazali da 89% vrsta pokazuje intraspecifične genetske udaljenosti manje od 8% (Zhou i sur. 2010). Iako autori u radu ne definiraju vrijednost od 8% kao striktnu barkod prazninu za istraživane vrste tulara, napominju da je u slučajevima intraspecifičnih genetskih udaljenosti većih od 8% trenutno važeća taksonomija vjerojatno previdjela neke vrste. Pauls i

sur. (2010) pokazali su da barkod praznina u čileanskih vrsta roda *Smicridea* iznosi od 5,9% (maksimalna intraspecifična) do 8,05 % (minimalna interspecifična genetska udaljenost). Iako su u tulara zabilježene i intraspecifične genetske udaljenosti i do 12 % (Zhou i sur. 2007), sami autori navode da se u tim slučajevima vjerojatno radi o kompleksima morfološki kriptičnih vrsta. U istoj studiji minimalne interspecifične genetske udaljenosti bile su blizu 7%, dok je većina interspecifičnih bila u rasponu od 12 do 18%. Također, u tulara su zabilježeni i brojni primjeri taksonomski validnih vrsta s višestruko manjim vrijednostima udvojenih genetskih udaljenosti u DNA barkod regiji, npr. između *Agapetus walkeri* i *A. tomus*: 3,1 % (Zhou i sur. 2011). Dakle, vrijednosti udvojenih genetskih udaljenosti u području DNA barkod regije u rasponu od 9,0 do 15,5 % između 7 glavnih linija uočenih u ovoj studiji u rangu su ili premašuju tipične interspecifične genetske udaljenosti između taksonomski validnih vrsta tulara.

U ovom slučaju, kao što je već ranije zabilježeno u istraživanjima tulara (Pauls i sur. 2008), genetske razlike između linija u sporije evoluirajući nuklearnim genima znatno su manje izražene. Ipak, minimalne genetske udaljenosti od 1,0% u nuklearnom *wg* genu između uočenih genetskih linija *Diplectrona* u rangu su ili premašuju minimalne genetske udaljenosti zabilježene između nekih vrsta roda *Ecclisopteryx* (npr. između *E. guttulata* i *E. dalecarlica* 0,6-1,7%, između *E. guttulata* i *E. keroveci* 0,6-1,5%, Previšić i sur. 2014). Isto vrijedi i za nuklearni *CAD* gen. Genetske udaljenosti između vrsta iz iste porodice (Hydropsychidae) između *H. siltalai* i *H. yenisar* od 2,3% manje su nego genetske udaljenosti između *Diplectrona* sp. nov. s Papuka i svih ostalih uočenih genetskih linija.

Istraživanje slično ovom napravljeno je na vrstama roda *Diplectrona* na istoku Sjeverne Amerike. Harvey i sur. (2012) primijetili su veliku varijabilnost u morfologiji ličinki roda *Diplectrona* te povezali s prijašnjim istraživanjima koja sugeriraju da je *D. modesta* kompleks od nekoliko vrsta. Na temelju *COI* gena, DNA barkod regije, dobili su četiri genetski duboko divergentne grupe haplotipova koje pripadaju prije određenoj vrsti *D. modesta* i dvije duboko divergentne grupe haplotipova koje pripadaju prije određenoj vrsti *D. metaqui*. Ličinke promatranih američkih vrsta roda *Diplectrona* su pokazale značajne morfološke razlike koje su autori opisali. Za službeni opis novih vrsta, kao što i navode u radu, Harvey i sur. 2012 trebaju prikupiti adulte.

Uočena je genetska sličnost populacija *Diplectrona* sp. nov. iz Hrvatske s Papuka te Bosne i Hercegovine (područje Sutjeske) koje su geografski jako udaljene, u odnosu na vrste *Diplectrona* sp. nov. iz Konavla. Genetska razlika između vrsta *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Papuk-BiH, Sutjeska i *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle (15,4%) je veća nego između *Diplectrona* sp. nov. Hrvatska, Papuk-BiH, Sutjeska i *Diplectrona* sp. nov. Albanija (13,6%). Ovakve sličnosti između populacija u područjima Papuka te Bosne i Hercegovine bilježimo i kod drugih tulara. Takva dva primjera su geografska rasprostranjenost vrsta *Drusus schmidi* i *Ecclisopteryx keroveci*. Vrsta *D. schmidi* koja naseljava gornje dijelove gorskih i planinskih tekućica na nekoliko lokaliteta u Bosni i Hercegovini (Marinković-Gospodnetić 1979), Kosovu (Ibrahimi i sur. 2012b) i na području Papuka (Previšić i sur. 2013). Nalaz na području Papuka (potok Dubočanka, Previšić i sur. 2013) i u rijeci Veličanka prvi i jedini su nalazi ove vrste izvan područja dinarskog krša u prostoru panonsko-peripanskog područja (Bertić i sur. 2001). Vrsta *Ecclisopteryx keroveci* zabilježena je na Papuku u rijeci Veličanki (ovaj rad TED_1, Vučković i sur. 2016) te planinskom dijelu Hrvatske (Čabranka, Kupa, Dretulja, Kupica, Belica, Vučković i sur. 2016), Bosni i Hercegovini, Crnoj Gori, Kosovu, Makedoniji (Previšić i sur. 2014, Vučković i sur. 2016). Vrsta *E. keroveci* nije rasprostranjena u mediteranskom dijelu gdje je rasprostranjena vrsta *E. ivkae*. I u slučaju vrste *E. keroveci* uočava se povezanost areala između Papuka te Bosne i Hercegovine. Možemo pretpostaviti da prirodnu barijeru predstavljaju planine Dinara i Kamešnica između Hrvatske i Bosne Hercegovine (Vučković i sur. 2016).

Biogeografska povijest nastanka vrsta *Diplectrona* analiziranih u ovom radu je okvirna s obzirom na mali broj primjeraka uključenih u analizu, te zbog nepotpunog seta primjeraka s cijelog areala vrsta *Diplectrona atra/felix* (Slika 55). No moguće je pretpostaviti da su određeni paleogeografski događaji koji su uvjetovali specijaciju drugih slatkovodnih organizama, utjecali na vrste roda *Diplectrona*. Procijenjeno vrijeme razdvajanja *D. felix* od ostalih vrsta roda *Diplectrona* prije 12,5-17,9 milijuna godina (mil. god.) slaže se s vremenom razdvajanja tulara vrste *Chaetopteryx marinkovicae* od *C. rugulosa* kompleksa vrsta (prije 12-14 mil. god., Szivák i sur. 2017), zatim riba svjetlica vrste *Telestes pleurobipunctatus* (Stephanidis, 1939)/*T. beoticus* (Stephanidis, 1939) linije (prije 15,9–13,8 mil. god., Buj i sur. 2017) te slatkovodnih rakova roda *Austropotamobius* Skorikov, 1907 (prije 11,98-26,70 mil. god., Jelić i sur. 2016, 8-17 mil. god. Klobučar i sur. 2013). Razdvajanje navedenih životinjskih svojti posljedica je Alpinske i Dinaridske orogeneze u miocenu (Rögl, 1998, Pavelić i Belak, 2008) koja je razdvojila sjevernu Europu i Balkan formiranjem planinske

barijere. Od kompleksa vrsta *D. atra*, prva se odvaja *Dipletrona* sp. nov. Hrvatska Papuk-BiH, Sutjeska pri kraju srednjeg miocena prije 7,9-11,2 mil. god. U tom razdoblju slavonske planine (Papuk, Psunj, Krndija, Požeška i Dilj gora) predstavljaju uzvišenja, odnosno izolirane otoke okružene morem (Pavelić i sur. 2003). U razdoblju prije 6,5-9,2 mil. god. odvaja se *D. atra* od ostalih vrsta *Dipletrona* s Balkana kao i svjetlice *Telestes muticellus* (Bonaparte, 1837) prije 12,6–7,8 mil. god. (Buj i sur. 2017) koji kolonizira Apeninski poluotok s obzirom da se Slovenski koridor zatvara. U razdoblju prije 11,7 mil. god. dolazi do potpune izolacije Panonskog mora i podjele vrsta roda *Austropotamobius* u „zapadnu“ grupu koju čini vrsta bjelonogi rak *A. pallipes* (Lereboullet, 1858) i „istočnu“ koju čini vrsta rak kamenjar *A. torrentium* (von Paula Schrank, 1803) (Klobučar i sur. 2013). U razdoblju prije 5,5-5,3 mil. god. dolazi do stvaranja „Lago mare“, odnosno Sredozemno more se izolira od Atlantskog oceana (Krijgsman i sur. 1999). Razina mora pada jer se Sredozemno more isušuje. Na mjestima gdje se povuklo more stvaraju se slatkovodna jezera koja se pune kopnenim tekućicama, pa tako nastaje i Dinarski sistem jezera. Dolazi do tzv. Mesinske solne krize zbog skoro u potpunosti isušenog Mediteranskog bazena. U miocenu, prije 5,3-7,5 mil. god., odvaja se *Dipletrona* sp. nov. Albanija, a potom prije 4,3-6,3 mil. god. *Dipletrona* sp. nov. Makedonija slično kao i grupa svjetlica *Telestes karsticus*/*T. polylepis* i *T. turskyi*/*T. ukliva* (Buj i sur. 2017). U istom geološkom razdoblju razdvaja se bjelonogi rak *Austropotamobius pallipes* od ostale grupe rakova (Jelić i sur. 2016) kao i tulari grupe *Chaetopteryx schmidi* od *C. rugulosa* grupe (prije 5.9 mil. god., Szivák i sur. 2017). U vremenu prije 5,33 mil. god. Gibraltar se otvara i Atlantski ocean prodire u Mediteran, razina mora raste i prekida riječne tokove. More stvara barijeru među riječnim tokovima koji su do sada bili geografski bliži. U pliocenu prije 4,1 mil. god. odvaja se *Dipletrona* sp. nov. Hrvatska, Konavle kao i *T. miloradi*, endem Konavala (Buj i sur. 2017).

Brojne studije na području Zapadnog Balkana otkrivaju kriptične svojte u slatkovodnim ekosustavima (Grabowski i sur. 2017, Buj i sur. 2014., Klobučar i sur. 2013; Previšić i sur. 2009, 2014, 2016). Neka od navedenih istraživanja koriste DNA barkod regiju (Previšić i sur. 2016, Grabowski i sur. 2017) kako bi pridonijeli otkrivanju kriptičnih vrsta i Balkana kao vruće točke Europske bioraznolikosti (Gottstein-Matočec i sur. 2002, Banarescu 2004, Oikonomou i sur. 2014, Ivković i Plant 2015). Rezultati ovog rada doprinose spoznaji da je bioraznolikost na području Balkana još uvijek uvelike neistražena te naglašavaju potrebu za intenziviranjem istraživanja ovog područja i njegove istodobne zaštite. DNA barkod metoda se u ovom radu pokazala korisnom za otkrivanje kriptičnih vrsta i ubrzavanja procesa

određivanja kao što je i do sad bio slučaj kod kriptičnih vrsta tulara (Pauls i sur. 2010, Havery i sur. 2012, Wickson i sur. 2014).

5.5. Filogenetski odnosi tulara u Hrvatskoj na temelju DNA barkoda

5.5.1. Filogenetski odnosi tulara u Hrvatskoj na temelju DNA barkoda

Filogenija na temelju *COI* gena, DNA barkod regije, pokazala je rezultate sukladno važećoj filogeniji reda Trichoptera (Slika 60). Prema posljednjim filogenetskim istraživanjima važeća je podjela na podredove Annulipalpia, Integripalpia (unutar kojeg su Brevitentoria i Plenitentoria) te parafiletsku skupinu „Spicipalpia“ koja se grupira s Integripalpia (Kjer i sur. 2016, Zhou i sur. 2016). Utvrđena je monofilija Philopotamoidea, Hydropsychoidea (Kjer i sur. 2001), Psychomyioidea (Kjer i sur. 2016) unutar Annulipalpia, kako su pokazali i rezultati u ovom radu. Iste parafiletske porodice čine skupinu, nekad smatranu podredom, „Spicipalpia“ u ovom radu kao i u Kjer i sur. (2016) potkrepljenom s više molekularnih biljega. Podjela porodica unutar podreda Integripalpia na Brevitentoria i Plenitentoria istovjetna je kao i u (Kjer i sur. 2016). Iste rezultate za više taksonomske razine kao i ovom radu dobili su Zhou i sur. (2016) koji su filogeniju tulara temeljili isključivo na DNA barkod regiji, a pri tome su koristili velik set podataka (16 000 jedinstvenih haplotipova; 38 999 primjeraka koji čine 3 280 vrsta; Zhou i sur. 2016). Prije njih Hogg i sur. (2009) su testirali hoće li filogenija novozelandskih tulara, temeljena samo na *COI* genu, pokazati više taksonomske razine kao što su nadporodice i podredovi. Rezultati su ukazali samo na djelomično podudarenje s važećom filogenijom, no kako sami autori navode jedan od razloga je i mali broj uzoraka (105 primjeraka koji čine 61 vrstu).

U rezultatima filogenije iz ovog rada rodovi *Agapetus* i *Synagapetus* se odvajaju dok su u BOLD bazi grupirani zajedno. Grupiranje rodova *Synagapetus* i *Agapetus* u BOLD bazi posljedica je upotrebe krive nomenklature DNA sekvenci. Ukoliko se navedenim DNA sekvencama dodjeli ispravna taksonomska oznaka prema Morse (2019) rodovi *Synagapetus* i *Agapetus* se dobro razdvajaju (npr. vrsta *Agapetus krawanyi* je taksonomski ispravno *Synagapetus krawanyi*, *Agapetus dubitans* je taksonomski ispravno *Synagapetus dubitans*).

Grupiranje roda *Ecclisopteryx* s rodnom *Drusus* u skladu je s dosadašnjim istraživanjima. Pauls i sur. (2008) bilježe grupiranje vrsta *E. dalecarlica*, *E. guttata*, *E. madida* s vrstama *D. discophorum*, *D. botosaneanui*, *D. balcanus*. Također, vrste *E. asterix*, *E. malicky* grupiraju se

s nekoliko vrsta rodova *Drusus* i *Metanoea* koristeći molekularne biljege 3' *COI*, *LSU*, wg. Previšić i sur. (2009) bilježe grupiranje *E. dalecarlica* s *D. schmidi* na temelju mitohondrijskih gena (3' *COI*, *16S* rRNA). Morfološke karakteristike vrsta rodova *Ecclisopteryx* i *Drusus* u podržavaju podjelu na dva roda, ali ne prema trenutno važećoj podjeli, dok se na temelju molekularnih rezultata ne bi mogli smatrati pravim rodovima. Dva sestrinska roda *Grammotaulius* i *Glyphotaelius* pokazala su se srodnima određenim vrstama roda *Limnephilus* što je u skladu s Vshivkova i sur. (2009), koja ih svrstava u tzv. grupu roda *Limnephilus* unutar podplemena Limnephilita, plemena Limnephilini. Vshivkova i sur. (2009) su filogeniju porodice Limnephilidae temeljili na morfologiji odraslih. Vshivkova i sur. (2009) smješta rod *Anabolia* unutar plemena Limnephilini dok se u rezultatima ovog rada pokazao srodniji rodu *Chaetopteryx*, koji pripada plemenu Chaetopterygini. Kolenati (1848) rod *Halesus* prikazuje sestrinskim rodu *Chaetopteryx* što je u skladu s rezultatima ovog rada.

Primjerci morfološki određeni kao vrsta *Halesus tessellatus* rezultirali su grupiranjem s vrstom *H. digitatus*. Razlog odstupanja određivanja putem DNA barkodiranja i morfologije pripisuje se pogrešci u morfološkom određivanju. Primjerci THTES_4, THTES_3, THTES_1 pripadaju vrsti *H. digitatus*.

U ovom radu porodica Goeridae se pokazala monofiletska kao i u radu Holzenthal i sur. (2007). Odrasli primjerak TSIL_1 morfološki određen kao *Silo pallipes* iz izvora Vrelo u Konavlima izdvaja se u zasebnu genetsku liniju od ostalih primjeraka vrste *S. pallipes*, što ukazuje na potrebu za daljnjim istraživanjem. Na navedenoj lokaciji je prikupljena ličinka koju nije bilo moguće odrediti, s obzirom da morfološki ne odgovara ni jednoj vrsti iz rodova *Silo* ili *Litax* zabilježenih u fauni Hrvatske. Nažalost, amplifikacija fragmenta gena *COI* navedene ličinke nije bila uspješna.

Porodica Brachycentridae se grupirala s porodicom Phryganeidae. Ovaj rezultat je skladu s važećom filogenijom s obzirom da obje porodice pripadaju natporodici Phryganeoidea Leach, 1815 (Morse 2019).

Filogenija porodice Phryganeidae odgovara važećoj taksonomiji. Rezultat filogenetske bliskosti s porodicom Lepidostomatidae odgovara njihovoj pripadnosti natporodici Phryganeoidea Leach, 1815 (Morse 2019).

Porodica Sericostomatidae u ovoj filogenetskoj analizi ne grupira se s porodicom Beraeidae s kojom pripada u nadporodicu Sericostomatoidea Stephens, 1836. Mogući razlog je upotreba samo jednog molekularnog biljega. Suprotno ovim rezultatima, Holzenthal i sur. (2007) dobili su grupiranje porodica Sericostomatidae i Beraeidae u filogenetskoj analizi koja je uključila morfologiju i molekularne biljege *28S rRNA*, *EF-1 α* , *COI 5P*.

Grupiranja rodova unutar porodice Leptoceridae (*Setodes* sa *Mystacides*; *Ceraclea* sa *Athripsodes*; *Triaenodes* sa *Adicella*; *Oecetis*; Slika 59, 3. i 4. dio) u skladu je s rezultatima filogenije Malm i Johanson (2011) temeljene na nekoliko molekularnih biljega (*COI 5P*, *CAD*, *POL*, *IDH*).

Porodice Beraeidae i Odontoceridae su se pokazale sestrinskim što nije u skladu s važećom taksonomijom gdje porodica Odontoceridae pripada nadporodici Leptoceroidea Leach, 1815, a Beraeidae, kao što je već navedeno, nadporodici Sericostomatoidea (Morse 2019).

Rezultati filogenetske analize u ovom radu u skladu su s filogenetskom analizom temeljenoj na genima *COI* i *28S rRNA* koja je potvrdila je Rhyacophilidae monofiletska porodica (McLaughlin i sur. 2019).

Filogenija porodice Hydropsichidae, te podporodice Hydropsychinae, pokazala se monofiletskom, jednako kao u prethodnom istraživanju temeljenom na morfološkim značajkama i različitim molekularnim biljezima (*COI*, *EF-1 α* , *18S* i *28S rRNA*; Geraci i sur. 2005). Za razliku od ovog rada, rod *Diplectrona* se nije pokazao monofiletskim u Geraci i sur. (2005). Sami autori navode da rezultati nisu konačni i da je potrebna daljnja provjera s obzirom da je pojedino grananje slabo podržano (*bootstrap* vrijednost od 24-44).

Rezultati filogenetske analize u ovom radu pokazuju da je porodica Ecnomidae monofiletska što su pokazali i Johanson i Espeli (2010) koristeći nekoliko molekularnih biljega (*COI*, *CAD*, *EF-1 α* i *POL-II*) kako bi proučili filogenetske odnose navedene porodice. Kao i u ovom radu, tako i u radu Johanson i Espeli (2010) porodica Polycentropodidae se pokazala sestrinskom grupom porodici Ecnomidae. Kao i u ovom radu, filogenetska analiza Johanson i sur. (2012) na temelju molekularnih biljega (*COI 5P*, *CAD*, *IDH*) rezultirala je monofiletskim rodovima *Neureclipsis*, *Cyrnus* porodice Polycentropodidae. No, dok su se ovom radu pokazali monofiletskim, prema istraživanju Johanson i sur. (2010) rodovi *Polycentropus* i *Plectrocnemia* su polifiletski. Johanson i sur. (2012) koristili su veći broj vrsta rodova

Polycentropus i *Plectrocnemia* prikupljenih na nekoliko kontinenata stoga oprečni rezultati nisu iznenađujući.

Treba naglasiti da gen *COI* nije optimalan molekularni biljeg za duboku filogeniju niti je metoda DNA barkodiranja namijenjena tome. Nije pouzdano temeljenje zaključaka o odnosima unutar pojedine skupine na bilo kojem pojedinačnom genu. Također, rezultati nisu pouzdani zbog kratkoće promatranog odsječka DNA. Ipak određene studije pokazuju sukladnost filogenetskih rezultata nastalih na temelju *COI* i drugih molekularnih biljega (npr. Kjer i sur. 2014, 2016.). Rezultati ovog filogenetskog stabla (Slika 59. 1. dio, 2. dio, 3. dio, 4. dio, 5. dio) kao i u radu Zhou i sur. (2016) trebali bi usmjeriti fokus znanstvenika na određene skupine koje se ističu kao što su odudaranje od poznate taksonomije ili ukazati na skrivenu bioraznolikost (kriptične vrste). Primjer takve upotrebe je istraživanje Frandsen i sur. (2016), u kojem su neslaganja u tzv. stablu života tulara (eng. tree of life) temeljenom na *COI* genu, DNA barkod regije provjerili i riješili u suradnji s taksonomima. DNA barkodiranje je postalo često korištena metoda u taksonomskim istraživanjima i stoga često izaziva bojazan taksonoma da će molekularna metoda zamijeniti klasične metode opisivanja svojti. No odvajanje pojedinih genetskih linija ili veće genetske razlike na temelju DNA barkod metode nisu dovoljni za opisivanje novih svoti. Opisi novih svojti idu u smjeru integriranog taksonomskog pristupa, nikako na definiranju vrsta prema jednom molekularnom biljegu (npr. Vitecek i sur. 2017). Sama BOLD baza svoju uspješnost temelji na velikom broju taksonoma koji su morfološki odredili vrste. Navedeni specijalisti olakšali su rad znanstvenicima i stručnjacima koji možda ne posjeduju toliku razinu poznavanja morfologije da određuju vrste.

6. ZAKLJUČAK

Na temelju rezultata određivanje bioraznolikosti faune tulara (Insecta, Trichoptera) Hrvatske metodom DNA barkodiranja može se zaključiti sljedeće:

- Metoda DNA barkodiranja pokazala se uspješnom u određivanju faune tulara Hrvatske. Uspješno je DNA barkodirano 85% poznatih vrsta tulara, odnosno 89% poznatih rodova u fauni Hrvatske iz svih 17 porodica. DNA barkod sekvence s pripadajućim podacima pohranjene su u svjetsku bazu BOLD - The Barcode of Life Data System dok su prikupljeni primjerci i izolirana DNA pohranjene kao dokazni muzejski primjerak u HPMu.
- Rezultati DNA barkodiranja upotpunili su spoznaje o biološkoj raznolikosti tulara u Hrvatskoj i potvrdili nove vrste u fauni Hrvatske. DNA barkod metoda potvrdila je nalaze deset do sada nezabilježenih vrsta na teritoriju Hrvatske: *Tinodes antonioi*, *Adicella cremisa*, *Adicella balcanica*, *Hydroptila simulans*, *Hydroptila phaon*, *Hydroptila martini*, *Orthotrichia costalis*, *Oxyethira flavicornis*, *Hydropsyche bulbifera*.
- Metodom DNA barkodiranja otkrivena je prisutnost do sada ne zabilježenih kriptičnih vrsta unutar roda *Diplectrona* i to čak 5 novih vrsta (od kojih su dvije nove na području Hrvatske). Ovi rezultati predstavljaju važan doprinos poznavanju biološke raznolikosti na zapadnom Balkanu te potvrđuju da je ovo područje vruća točka bioraznolikosti.
- Rezultati sustavnog DNA barkodiranja faune tulara pridonijeli su postojećim saznanjima o učinkovitosti i mogućnosti metode DNA barkodiranja u taksonomiji tulara. Nadalje, s DNA barkodom rijetkih vrsta dana je sigurnost taksonomskom popisu tulara u Hrvatskoj, ali i vrijedan podatak u svjetskoj bazi DNA barkod sekvenci. Tako je metodom DNA barkodiranja potvrđena prisutnost vrsta: *Micropterna wagneri*, *Micropterna fissa* i *Trichostegia minor*.

- Nekoliko rezultata ovog rada ukazuje da je metoda DNA barkodiranja efikasan i pouzdan alat u integrativnoj taksonomiji. I) Metoda se pokazala se pouzdanom i brzom u identifikaciji na razini vrste za problematične vrste mikrotulara iz porodice Hydroptilidae koje nije bilo moguće morfološki odrediti do razine vrste. II) Velika genetska udaljenost između dvije podvrste *Triaenodes ochreellus* predstavlja dodatni argument u korist statusa vrste za podvrstu *Triaenodes ochreellus lefkas*. III) Rezultati ukazuju na potencijalnu novu vrstu za znanost koja je s nesigurnošću određena kao *Agapetus cf. fuscipes* na temelju morfoloških značajki.
- Metoda DNA barkodiranja omogućila je povezivanje različitih razvojnih stadija, te spolova kod vrsta kod kojih nisu opisane morfološke dijagnostičke značajke, npr. povezivanje adulta i ličinki kod vrste *Glossosoma discophorum*, te mužjaka i ženki kod vrsta *Lepidostoma basale*, *Rhyacophila schmidinarica*, *Hydropsyche angustipennis*. Na taj način, rezultati ovog istraživanja doprinose unaprjeđenju analize makrozoobentosa kroz pružanje osnove za izradu determinacijskih ključeva pouzdano povezanih životnih stadija, odnosno spolova. U tom svjetlu, rad daje doprinos razvoju praktične primjene DNA metodologije u praćenju stanja slatkovodnih ekosustava, odnosno monitoringa sljedeće generacije.
- Filogenetskom analizom DNA barkod sekvenci tulara Hrvatske s javno dostupnim DNA barkod sekvencama istaknuti su taksonomski značajni primjerci unutar poznatih vrsta (npr. s velikom genetskom udaljenosti, dubokom divergentnom linijom, podijeljeni u više ABGD grupa), što omogućava usmjeravanje budućih istraživanja prema rješavanju daljnjih taksonomskih i filogenetskih problema (npr. određene vrste iz porodica *Potamophylax*, *Rhyacophila*).
- Iako gen *COI* nije optimalan molekularni biljeg za duboku filogeniju, niti je metoda DNA barkodiranja namijenjena tome, rezultati filogenetske analize tulara Hrvatske temeljeni na DNA barkod regiji pokazali su se sukladni važećoj filogeniji reda Trichoptera.

7. LITERATURA

Astrin J.J., Zhou X. i Misof B., 2013. The importance of biobanking in molecular taxonomy, with proposed definitions for vouchers in a molecular context. *ZooKeys*, (365), p.67.

Baker A. M., Williams S. A. i Hughes J. M. 2003. Patterns of spatial genetic structuring in a hydropsychid caddisfly (*Cheumatopsyche* sp. AV1) from southeastern Australia. *Molecular Ecology*, 12(12), 3313-3324.

Baird D. J., Pascoe T. J. Zhou, X., i Hajibabaei M. 2011. Building freshwater macroinvertebrate DNA-barcode libraries from reference collection material: formalin preservation vs specimen age. *Journal of the North American Benthological Society*, 30(1), 125-130.

Banarescu P.M. 2004. Distribution pattern of the aquatic fauna of the Balkan Peninsula. In: *Balkan Biodiversity Pattern and Process in the European Hotspot* (eds Griffith HI, Kryštufek B, Reed JM), pp. 203–219. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, The Netherlands.

Barbour M.T., Gerritsen J., Snyder B.D. i Stribling J.B., 1999. *Rapid Bioassessment Protocols for Use in Wadeable streams and Rivers: Periphyton, Benthic Macroinvertebrates and Fish*, second ed., EPA 841-B-99-002. U.S. Environmental Protection Agency, Washington, D.C.

Barcelos-Silva P., Pes, A.M., Andrade-Souza V. i Holzenthal R.W., 2018. Associating larvae and adults of the Neotropical caddisfly genus *Synoestropsis* Ulmer (Trichoptera: Hydropsychidae) using morphology and DNA mitochondrial sequences. *Zoologischer Anzeiger*, 277, pp.169-189.

Bertić I., Lampek Pavčnik I. i Radovinović R. 2001. *Satelitski atlas Hrvatske*. Naklada Ljevak i Gisdata, Zagreb, 360.

Biondić B., Rubinić J., Meaški H., Kapelj S. i Tepeš P., 2009. Ocjena stanja i rizika cjelina podzemnih voda na krškom području u Republici Hrvatskoj. *Završno izvješće*. Građevinski fakultet Sveučilišta u Rijeci.

Bohan D.A., Vacher C., Tamaddoni-Nezhad A., Raybould A., Dumbrell A.J. i Woodward G., 2017. Next-generation global biomonitoring: large-scale, automated reconstruction of ecological networks. *Trends in Ecology & Evolution*, 32(7), pp.477-487.

Botosaneanu L. i Giudicelli J., 2004. Contributions to the knowledge of the fauna of Caddisflies (Insecta: Trichoptera) from southeast France, with description of new taxa. *Annales de Limnologie– International Journal of Limnology* 40 (1), 15–32.

Bogutskaya N.G., Zupančič P., Bogut I. i Naseka A.M., 2012. Two new freshwater fish species of the genus *Telestes* (Actinopterygii, Cyprinidae) from karst poljes in Eastern Herzegovina and Dubrovnik littoral (Bosnia and Herzegovina and Croatia). *ZooKeys*, (180), p.53.

Botosaneanu L. i Malicky H. 1978. Trichoptera. In J. Illies (Ed.), *Limnofauna Europea* (pp. 333–359). Stuttgart.

Buj I., Šanda R., Marčić Z., Čaleta M. i Mrakovčić M. 2014. Combining morphology and genetics in resolving taxonomy—a systematic revision of spined loaches (genus *Cobitis*; Cypriniformes, Actinopterygii) in the Adriatic watershed. *Plos One*, 9(6), p.e99833.

Buj I., Marčić Z., Čaleta M., Šanda R., Geiger M.F., Freyhof J., Machordom A. i 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(12), p.e0187366.

Bouckaert R.R. 2010. DensiTree: making sense of sets of Phylogenetic trees. *Bioinformatics* 26:1372-1373.

Bouckaert R., Heled J., Kühnert D., Vaughan T., Wu C.H., Xie D., Suchard M.A., Rambaut A. i Drummond A.J., 2014. BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLoS computational biology*, 10(4), p.e1003537.

Burington Z. 2011. Larval taxonomy, phylogeny and historical biogeography of the genus *Cheumatopsyche* (Trichoptera: Hydropsychidae) in North America. Master thesis. Graduate School of Clemson University. All Theses. 1077.

Cerjanec D. 2012. Ekološke i biogeografske značajke tulara (Trichoptera, Insecta) u različitim staništima porječja rijeke Dobre (Ecological and biogeographical features of caddisflies (Insecta: Trichoptera) in different types of habitats in drainage of the Dobra River). PhD Thesis). Doktorska disertacija, Zagreb, Hrvatska. Sveučilište u Zagrebu, 1–139.

Chertoprud M.V. i Palatov D.M. 2017. Stream macrozoobenthic communities of the Eastern Balkans. *Inland Water Biology*, 10(3), pp.286-295.

Cianficconi F. i Moretti G.P. 1987. 'Tricotteri del Friuli-Venezia Giulia', *Biogeographia*, 13, 663–689.

Cianficconi F., 2002. The third list of Italian Trichoptera (1990–2000). *Proceedings of the 10th International Symposium on Trichoptera* (Ed. W. Mey). *Nova Supplementa Entomologica* 15, 349–358.

Cianficconi F., Corallini C. i Todini B. 2008. The genus *Rhyacophila* Pictet, 1834 in Italy, *Ferrantia*, 55, 22–32.

Cianficconi, F. i Corallini, C., 2010. Trichopteran fauna in a region of central-southern Italy: Molise. *Denisia*, 29, pp.81-104.

Collier K.J. i Smith B.J. 1997. Dispersal of adult caddisflies (Trichoptera) into forests alongside three New Zealand streams. *Hydrobiologia*, 361(1-3), pp.53-65.

Corbet P.S. 1964. Temporal Patterns of Emergence in Aquatic Insects. *The Canadian Entomologist*, 96:264-279.

Cordero R.D., Sánchez-Ramírez S. i Currie D.C. 2017. DNA barcoding of aquatic insects reveals unforeseen diversity i recurrent population divergence patterns through broad-scale sampling in northern Canada. *Polar Biology*, 40(8), pp.1687-1695.

Ćuk R. i Vučković I. 2010. *Ironoquia dubia* Stephens, 1837 (Insecta: Trichoptera), a caddisfly species new for Croatia. *Natura Croatica* 19 (1): 231-237.

Ćuk R. i Vučković I. 2014. The first record of caddisfly *Setodes viridis* (Fourcroy, 1875) (Insecta: Trichoptera) in Croatia. *Natura Croatica*.23 (2): 407-413.

Ćuk R., Vučković I., Kučinić M., Valić D i Waringer J. 2015. First record of *Beraea dira* McLachlan 1875 (Insecta, Trichoptera, Beraeidae) in Croatia. *Natura Croatica*.24 (2): 311-316.

Ćukušić A., Ćuk R., Previšić A., Podnar M., Delić A. i Kučinić M., 2017. DNA barcoding and first records of two rare *Adicella* species (Trichoptera: Leptoceridae) in Croatia. *Biologia*, 72(7), pp.796-806.

Darriba D., Taboada G. L., Doallo R., Posada D. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods* 9, 772.

Daries I.J. 1984. Sampling aquatic insect emergence. U: Downing, J.A. i Rigler F.H. (ur.) A manual on methods for the assessment of secondary productivity in fresh waters. Blackwell scientific publications, Oxford, 161-227.

Dayrat B. 2005. Towards integrative taxonomy. *Biological journal of the Linnean society*, 85(3), pp.407-417.

De Queiroz K. 2005. Ernst Mayr and the modern concept of species. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(suppl 1), pp.6600-6607

Edington J.M. i Hildrew A.G. 1995. Caseless caddis larvae of the British Isles: a key with ecological notes. *Freshwater Biological Association. Scientific Publication*, 53, 1-134.

Ekrem T., Stur E. i Hebert, P.D., 2010. Females do count: Documenting Chironomidae (Diptera) species diversity using DNA barcoding. *Organisms Diversity & Evolution*, 10(5), pp.397-408.

Elbrecht V., Feld C.K., Gies M., Hering D., Sondermann, Tollrian R. i Leese F. 2014. Genetic diversity and dispersal potential of the stonefly *Dinocras cephalotes* in a central European low mountain range. *Freshwater Sci.* 33: 181-192.

Elbrecht V. i Leese F. 2015. Can DNA-based ecosystem assessments quantify species abundance? Testing primer bias and biomass—sekvenca relationships with an innovative metabarcoding protocol. *PloS one*, 10(7), e0130324.

Erasmus D.J., Yurkowski E.A. i Huber D.P. 2018. DNA barcode-based survey of Trichoptera in the Crooked River reveals three new species records for British Columbia. *PeerJ*, 6, p.e4221.

Espeland M., Johanson K. A. i Hovmöller R. 2008. Early *Xanthochorema* (Trichoptera, Insecta) radiations in New Caledonia originated on ultrabasic rocks. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 48(3), 904-917.

Espeland M. i Johanson K. A. 2010a. The effect of environmental diversification on species diversification in New Caledonian caddisflies (Insecta: Trichoptera: Hydropsychidae). *Journal of Biogeography*, 37(5), 879-890.

Espeland M. i Johanson K. A. 2010b. The diversity and radiation of the largest monophyletic animal group on New Caledonia (Trichoptera: Ecnomidae: *Agmina*). *Journal of evolutionary biology*, 23(10), 2112-2122.

Flint, O. S. i Kjer, K. M. 2011. A new species of *Neophylax* from northern Virginia, USA (Trichoptera: Uenoidae). *Proceedings of the Entomological Society of Washington*, 113(1), 7-14.

Folmer O., Black M., Hoeh W., Lutz R. i Vrijenhoek R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit and from diverse metazoan invertebrates. *Mol. Molecular Marine Biology and Biotechnology*. 3:294-299.

Frandsen P.B., Zhou X., Flint Jr i Kjer K.M., 2016. Using DNA barcode data to add leaves to the Trichoptera of life. *Zoosymposia*, 10(1), pp.193-199

Frankham R., Brook B.W., Bradshaw C.J., Traill L.W. i Spielman, D, 2013. 50/500 rule and minimum viable populations: response to Jamieson and Allendorf. *Trends Ecol. Evol*, 28(4-187).

- Frania H. E. i Wiggins. G. B. 1997. Analysis of morphological and behavioral evidence for the Phylogeny and higher classification of Trichoptera (Insecta). Royal Ontario Museum, Life Sciences Contributions, 160, 1–67
- Frisen P.B., Zhou X., Flint Jr, O. i Kjer K.M. 2016. Using DNA barcode data to add leaves to the Trichoptera tree of life. *Zoosymposia*, 10(1), pp.193-199.
- Geraci C.J., Kjer K.M., Morse J.C. i Blahnik R.J., 2005. Phylogenetic relationships of Hydropsychidae subfamilies based on morphology and DNA sequence data. In Proceedings of the 11th International Symposium on Trichoptera. Tokai University Press, Kanagawa, Japan (pp. 131-136).
- Geraci C. J. 2007. Phylogeny and classification of Hydropsychidae subfamilies in the genera of the World (Insecta: Trichoptera). Doctoral dissertation. Clemson University.
- Geraci C. J., Zhou X., Morse J. C. i Kjer K. M. 2010. Defining the genus *Hydropsyche* (Trichoptera: Hydropsychidae) based on DNA and morphological evidence. *Journal of the North American Benthological Society*, 29(3), 918-933.
- Geraci C. J., Al-Saffar M. A., i Zhou X. 2011. DNA barcoding facilitates description of unknown faunas: a case study on Trichoptera in the headwaters of the Tigris River, Iraq. *Journal of the North American Benthological Society*, 30(1), 163-173.
- Georgijev, S., 2003. Saprobiological state of the river vardar–upper part/1987–1990 (Republic of Macedonia). *Croatian Journal of Fisheries: Ribarstvo*, 61(1), pp.1-16.
- Gibson J. F., Shokralla S., Curry C., Baird D. J., Monk W. A., King I., i Hajibabaei M. 2015. Large-scale biomonitoring of remote and threatened ecosystems via high-throughput sequencing. *PloS one*, 10(10), e0138432.
- Gill B. A., Harrington R. A., Kondratieff B. C., Zamudio K. R., LeRoy Poff N., i Chris Funk W. 2013. Morphological taxonomy, DNA barcoding, and species diversity in southern Rocky Mountain headwater streams. *Freshwater Science*, 33(1), 288-301.

Gíslason G. M., Hannesdóttir E. R., Munoz S. S., i Pálsson S. 2015. Origin and dispersal of *Potamophylax cingulatus* (Trichoptera: Limnephilidae) in Iceli. *Freshwater Biology*, 60(2), 387-394.

Godoy B.S., Camargos L.M. i Lodi S., 2018. When phylogeny and ecology meet: Modeling the occurrence of Trichoptera with environmental and phylogenetic data. *Ecology and evolution*, 8(11), pp.5313-5322.

Gottstein-Matočec S., Bakran-Petricoli T., Bedek J., Bukovec D., Buzjak S., Franičević M., Jalžić B., Kerovec M, Kletečki E., Kovačić M., Kralj J., Kružić P., Kučinić M., Kuhta M., Matočec N., Ozimec R., Rađa T., Štamol V., Ternjej I., i Trvtković N., 2002. An overview of the cave and interstitial biota of Croatia. *Natura Croatica* 11 (Suppl. 1), 1-112

Grabowski M., Mamos T., Baćela-Spychalska K., Rewicz T. i Wattier, R.A., 2017. Neogene paleogeography provides context for understanding the origin and spatial distribution of cryptic diversity in a widespread Balkan freshwater amphipod. *PeerJ*, 5, p.e3016.

Graf W., Lubini V. i Pauls S., 2005. Larval description of *Drusus muelleri* McLachlan, 1868 (Trichoptera: Limnephilidae) with some notes on its ecology and systematic position within the genus *Drusus*. In *Annales de Limnologie-International Journal of Limnology* (Vol. 41, No. 2, pp. 93-98). EDP Sciences

Graf W., Murphy J., Dahl J., Zamora-Munoz C. i Lopez-Rodriguez M.J. 2008. Distribution and ecological preferences of European freshwater organisms. Volume 1. Trichoptera (Vol. 1). Pensoft Publishing.

Graf W., Vitecek S., Previšić A. i Malicky H., 2015. New species of Limnephilidae (Insecta: Trichoptera) from Europe: Alps and Pyrenees as harbours of unknown biodiversity. *Zootaxa*, 3911(3), pp.381-395.

Graf W., Murphy J., Dahl J., Zamora-Muñoz C., López-Rodríguez M.J. i Schmidt-Kloiber., A.: Dataset "Trichoptera". www.freshwaterecology.info - the taxa and autecology database for freshwater organisms, version 7.0 (accessed 2019)

Hajibabaei M., Shokralla S., Zhou X., Singer G. A. i Baird D. J. 2011. Environmental barcoding: a next-generation sequencing approach for biomonitoring applications using river benthos. *PLoS one*, 6(4), e17497.

Hall T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sekvenca alignment editor and analysis program for Windows 96/98/NT, *Nucleic Acids Symposium Series* 41:95-98.

Harvey L. 2010. A re-examination of *Diplectrona modesta* Banks 1908 (Trichoptera: Hydropsychidae) using morphological and molecular techniques. Clemson University, ProQuest Dissertations Publishing. All Theses. 1031.

Harvey L. E., Geraci C. J., Robinson J. L., Morse J. C., Kjer K. M., i Zhou X. 2012. Diversity of mitochondrial and larval morphology characters in the genus *Diplectrona* (Trichoptera: Hydropsychidae) in the eastern Sjedinjene Američke Države. *Terrestrial Arthropod Reviews*, 5(3-4), 191-211.

Hebert P.D.N. 2003a. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences*. 270:313–321.

Hebert P.D.N. 2003b Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences*.;270:S596–S599.

Heled J. i Drummond A.J. 2009. Bayesian inference of species trees from multilocus data. *Molecular biology and evolution*, 27(3), pp.570-580.

Herbeck J.T. i Novembre J. 2003. Codon usage patterns in cytochrome oxidase I across multiple insect orders. *Journal of molecular evolution*, 56(6), 691-701.

Hernández-Triana L.M., Prosser S.W. 2014. Rodríguez-Perez M.A., Chaverri L.G., Hebert P.D.N., Gregory T.R.: Recovery of DNA barcodes from blackfly museum specimens (Diptera: Simuliidae) using primer sets that target a variety of sekvenca lengths. *Molecular Ecology Resources*, 14:508–518.

Hickin N. E., 1967. Caddis larvae (Larvae of British Trichoptera). Hutchinson i Co.London, 476.

Hjalmarsson A.E., Graf W., Jähnig S.C., Vitecek S. i Pauls S.U. 2018. Molecular association and morphological characterisation of *Himalopsyche* larval types (Trichoptera, Rhyacophilidae). ZooKeys, (773), 79.

Hoemsen B. M., Phillips I. D., Parker D. W., Bell A. J., Bergsveinson J. A., Armstrong J. S. i Chivers D. P. 2015. Extended family: a caddisfly new to Saskatchewan, Canada with notes on the life history of *Neophylax splendens* (Trichoptera: Thremmatidae). The Canadian Entomologist, 147(4), 425-431.

Hogg I. D., Smith B. J., Banks J. C., Dewaard J. R. i Hebert P. D. 2009. Testing use of mitochondrial COI sekvenkas for the identification and phylogenetic analysis of New Zeland caddisflies (Trichoptera). New Zeali Journal of Marine i Freshwater Research, 43(5), 1137-1146.

Holzenthal R. W., Blahnik R. J., Prather A. L. i Kjer K.M. 2007. Order Trichoptera Kirby, 1813 (Insecta), Caddisflies. U: Zhang, Z.Q. i Shear, W.A. (eds.), Linnaeus Tercentenary: Progress in Invertebrate Taxonomy. Zootaxa 1668: 639-698

Holzenthal R.W., Morse J.C. i Kjer K.M. 2011. Order Trichoptera Kirby, 1813. In: Zhang, Z.-Q. (Ed.) Animal biodiversity: An outline of higher-level classification and survey of taxonomic richness. Zootaxa 3148: 209–211.

Holzenthal R.W., Thomson R.E. i Ríos-Touma B., 2014. Order Trichoptera. In Thorp and Covich's Freshwater Invertebrates. Academic Press. 965-1002.

Hoppeler F., Tachamo Shah R.D., Shah D.N., Jähnig S.C., Tonkin J.D., Sharma S. i Pauls S.U. 2016. Environmental and spatial characterisation of an unknown fauna using DNA sequencing— an example with Himalayan Hydropsychidae (Insecta: Trichoptera). Freshwater Biology, 61(11), 1905-1920.

Hrvatske vode. 2015. Metodologiju uzorkovanja, laboratorijskih analiza i određivanja omjera ekološke kakvoće bioloških elemenata kakvoće

https://www.voda.hr/sites/default/files/dokumenti/metodologija_uzorkovanja_laboratorijskih_analiza_i_odredivanja_omjera_ekoloske_kakvoce_bioloskih_elementata_kakvoce_1.pdf

Hubert N. i Hanner R., 2015. DNA barcoding, species delineation and taxonomy: a historical perspective. *DNA barcodes*, 3(1), pp.44-58.

Humpesch U. i Fesl, C., 2005. Biodiversity of macrozoobenthos in a large river, the Austrian Danube, including quantitative studies in a free-flowing stretch below Vienna: a short review. In *Freshwater Forum* (Vol. 24, pp. 3-23).

Ibrahimi H., Kučinić M., Gashi A., Grapci-Kotori, L., Vučković I. i Cerjanec D., 2012a. The genus *Rhyacophila* Pictet, 1834 (Insecta: Trichoptera) in Kosovo. *Aquatic Insects*, 34(sup1), pp.23-31.

Ibrahimi H., Kučinić M., Gashi A. i Grapci-Kotori, L., 2012b. The caddisfly fauna (Insecta, Trichoptera) of the rivers of the Black Sea basin in Kosovo with distributional data for some rare species. *ZooKeys*, (182), p.71.

Ibrahimi H., Gashi A., Grapci-Kotori L. i Kučinić M., 2013. Prvi nalazi roda *Micropterna* Stein, 1873 (Insecta: Trichoptera) na Kosovu s podacima o rasprostranjenosti i ekološkim značajkama. *Natura Croatica: Periodicum Musei Historiae Naturalis Croatici*, 22(1), pp.147-155.

Ibrahimi H., Kučinić M., Vitecek S., Waringer J., Graf W., Previšić A., Balint M., Keresztes L. i Pauls S.U. 2015. New records for the Kosovo caddisfly fauna with the description of a new species, *Drusus dardanicus* sp. nov. (Trichoptera: Limnephilidae). *Zootaxa*, 4032(5), 551.

Ibrahimi, H., Vitecek, S., Previšić, A., Kučinić, M., Waringer, J., Graf, W., Balint, M., Keresztes, L. i Pauls, S.U., 2016a. *Drusus sharrensis* sp. n. (Trichoptera, Limnephilidae), a new species from Sharr National Park in Kosovo, with molecular and ecological notes. *ZooKeys*, (559), 107.

Ibrahimi H., Gashi A. i Kotori L.G., 2016b. First records of three rare species of the genus *Glossossoma* Curtis, 1834 (Insecta: Trichoptera) from the Republic of Kosovo. *Journal of the Entomological Research Society*, 18(2), pp.79-83.

Illies J. (ed.) 1967. Limnofauna Europaea. Eine Zusammenstellung aller die europäischen Binnengewässer bewohnenden mehrzelligen Tierarten m. Angaben über d. Verbreitung u. Ökologie. 1st Edition. Gustav Fischer Verlag, Stuttgart. 474pp.

Illies, J. (ed.) 1978. Limnofauna Europaea. A Checklist of the Animals Inhabiting European Inli Waters, with an Account of their Distribution and Ecology. 2nd Edition. Gustav Fischer Verlag, Stuttgart. 552.

Ivanov V. D. 1997. Rhyacophiloidea, a paraphyletic taxon. In: R. W. Holzenthal i O. S. Flint, Jr (Eds) Proceedings of the 8th International Symposium on Trichoptera. Columbus, OH: Ohio Biological Survey. 189–193.

Ivanov V.D. 2002. Contribution to the Trichoptera Phylogeny: New family tree with consideration of Trichoptera-Lepidoptera relations. Nova Supplementa Entomologica, 15,277-292.

Ivković M., Miliša M., Previšić A., Popijač A. i Mihaljević Z. 2013. Environmental control of emergence patterns: Case study of change in hourly and daily emergence of aquatic insects at constant and variable water temperatures. International Review of Hydrobiology, 98: 104-115.

Ivković M. i Plant A., 2015. Aquatic insects in the Dinarides: identifying hotspots of endemism and species richness shaped by geological and hydrological history using Empididae (Diptera). Insect Conservation and Diversity, 8(4), pp.302-312.

Jackson J. K., Battle J. M., White B. P., Pilgrim E. M., Stein E. D., Miller P. E., i Sweeney B. W. 2014. Cryptic biodiversity in streams: a comparison of macroinvertebrate communities based on morphological and DNA barcode identifications. Freshwater Science, 33(1), 312-324.

Jelić D. i Jelić M. 2015. *Telestes miloradi* Bogutskaya, Zupancic, Bogut & Naseka, 2012 and *Delminichthys ghetaldii* (Steindachner, 1882) re-discovered in Croatia, requiring urgent protection. Journal of applied ichthyology, 31(6), pp.1133-1136.

Jelić M., Klobučar G.I., Grandjean F., Puillandre N., Franjević D., Futo M., Amouret J. i Maguire I., 2016. Insights into the molecular phylogeny and historical biogeography of the white-clawed crayfish (Decapoda, Astacidae). *Molecular phylogenetics and evolution*, 103, pp.26-40.

Jiggins, F.M., 2003. Male-killing *Wolbachia* and mitochondrial DNA: selective sweeps, hybrid introgression and parasite population dynamics. *Genetics*, 164(1), pp.5-12.

Jiang X. 2010. Gene Flow and Dispersal of the Caddisfly, *Neothremma alicia*, in the Rocky Mountains of Utah: A Multiscale Analysis. Master Thessiss. Faculty of Brigham Young University All Theses & Dissertations. 2508.

Jinbo U., Kato T. i Ito M., 2011. Current progress in DNA barcoding and future implications for entomology. *Entomological Science*, 14(2), pp.107-124.

Johanson K. A. 2007. Association and description of males, females and larvae of two New Caledonian *Xanthochorema* species (Trichoptera: Hydrobiosidae) based on mitochondrial 16S and COI sekvensas. *Entomological Science*, 10(2), 179-199.

Johanson K. A., i Keijsner, M. 2008. Phylogeny of the Helicophidae (Trichoptera), with emphasis on the New Caledonian species of Helicopha. *Systematic entomology*, 33(3), 451-483.

Johanson K. A., i Malm T. 2010. Testing the monophyly of Calocidae (Insecta: Trichoptera) based on multiple molecular data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 54(2), 535-541.

Johanson K. A., i Espeli M. 2010. Phylogeny of the Ecnomidae (Insecta: Trichoptera). *Cladistics*, 26(1), 36-48.

Johanson K. A., Malm T., Espeli M. i Weingartner E. 2012. Phylogeny of the Polycentropodidae (Insecta: Trichoptera) based on protein-coding genes reveal non-monophyletic genera. *Molecular Phylogenetics and evolution*, 65(1), 126-135.

Johanson K.A., Malm T. i Espeli M. 2017. Molecular Phylogeny of Sericostomatoidea (Trichoptera) with the establishment of three new families. *Systematic entomology*, 42(1), 240-266.

Karaouzas I., Ibrahimi H. i Waringer J., 2018. The larva of *Rhyacophila palmeni* McLachlan 1879 (Trichoptera: Rhyacophilidae) from Greece and Kosovo with notes on ecology and zoogeography including a key to the known Greek Rhyacophila larvae. *Zootaxa*, 4514(1), pp.97-106.

Karaouzas I, Zawal A, Michoński G, Pešić V. 2019. Contribution to the knowledge of the caddisfly fauna of Montenegro—New data and records from the karstic springs of Lake Skadar basin. *Ecologica Montenegrina*. 6;22:34-9.

Kaur S. 2015. DNA Barcoding and Its Applications. *International Journal of Engineering Research and General Science* Volume 3, Issue 2, Part 2

Kjer K. M., Blahnik R. J., i Holzenthal R. W. 2001. Phylogeny of Trichoptera (caddisflies): characterization of signal and noise within multiple datasets. *Systematic Biology*, 50(6), 781-816.

Kjer K. M., Blahnik R. J. i Holzenthal R. W. 2002. Phylogeny of caddisflies (Insecta, Trichoptera). *Zoologica Scripta*, 31(1), 83-91.

Kjer K.M., Zhou X., Frisen P.B., Thomas J.A. i Blahnik R.J. 2014. Moving toward species-level Phylogeny using ribosomal DNA and COI barcodes: an example from the diverse caddisfly genus *Chimarra* (Trichoptera: Philopotamidae). *Arthropod Systematics and Phylogeny*, 72(3), 345-354.

Kjer K. M., Thomas J. A., Zhou X., Frisen P. B., Prendini E. i Holzenthal R. W. 2016. Progress on the Phylogeny of caddisflies (Trichoptera). *Zoosymposia*, 10(1), 248-256.

Klobučar G.I., Podnar M., Jelić M., Franjević D., Faller M., Štambuk A., Gottstein S., Simić V. i Maguire I., 2013. Role of the Dinaric Karst (western Balkans) in shaping the phylogeographic

structure of the threatened crayfish *Austropotamobius torrentium*. *Freshwater Biology*, 58(6), pp.1089-1105.

Konar, V. 1997. Beschreibung der Larve von *Rhyacophila palmeni* McLachlan (Rhyacophilidae, Trichoptera), *Carinthia II*, 187, 499–501.

Krijgsman, W., Hilgen, F.J., Raffi, I., Sierro, F., Wilson, D.S., 1999. Chronology, causes and progression of the Messinian salinity crisis. *Nature* 400, 652–655. doi: 10.1038/23231

Krušnik C. i Urbanič G., 2002. Preliminary List of Slovenian Trichoptera. *Proceedings of the 10th International Symposium on Trichoptera* (Ed. W. Mey). *Nova Supplementa Entomologica* 15, 359–364.

Kubow K. B., Robinson C. T., Shama L. N., i Jokela J. 2010. Spatial scaling in the Phylogeography of an alpine caddisfly, *Allogamus uncatatus*, within the central European Alps. *Journal of the North American Benthological Society*, 29(3), 1089-1099.

Kučinić, M. i Ilić, D., 1993. *Micropterna testacea* Gmelin 1789 (Insecta, Trichoptera) nova vrsta u fauni tulara Republike Hrvatske. *Rad HAZU* 26, 125-131.

Kučinić M. 2002. Raznolikost i rasprostranjenost tulara (Trichoptera, Insecta) u staništima Plitvičkih jezera (Biodiversity and distribution of caddisflies (Trichoptera, Insecta) of Plitvice Lakes. PhD Thesis). *Doktorska disertacija, Zagreb, Hrvatska. Sveučilište u Zagrebu*, 1–139.

Kučinić M. i Malicky H., 2002. *Rhyacophila dorsalis plitvicensis* new subspecies from Croatia. *Proceedings of the 10 th International Symposium on Trichoptera* (Ed. Wolfram Mey. *Nova Supplementa Entomologica*, 15: 145-147.

Kučinić M., Previšić A., Stanić-Koštroman S., Franjević M., Šerić Jelaska L., Delić A. i Posilović H. 2010. Description of the larvae of *Drusus ramae* Marinković-Gospodnetić and *Drusus medianus* Marinković-Gospodnetić (Trichoptera: Limnephilidae) with some genetic, distributional, ecological, faunal and conservation notes. *Zootaxa*, 2484(1), 1-24.

Kučinić M., Previšić A., Graf W., Šerić Jelaska L., Stanić-Koštroman S. i Waringer J., 2011. Larval description, genetic and ecological features of *Drusus radovanovici radovanovici* Marinković-Gospodnetić, 1971 (Trichoptera, Limnephilidae) with some phylogenetic and taxonomic data on the bosnicus group in the Balkan Peninsula. Deutsche entomologische zeitschrift, 58(1), pp.135-153.

Kučinić M., Malicky H., Previšić A., Vučković I., Cerjanec D., Kutnjak H., Živić I. i Wolfram G. 2012. First Check List of Caddisflies (Insecta: Trichoptera) of Croatia. XIV International Symposium on Trichoptera, Vladivostok, 75 pp.

Kučinić M., Szivák I., Pauls S. U., Bálint M., Delić A. i Vučković I. 2013. *Chaetopteryx bucar* sp. n., a new species from the *Chaetopteryx rugulosa* group from Hrvatska (Insecta, Trichoptera, Limnephilidae) with molecular, taxonomic and ecological notes on the group. ZooKeys, (320), 1.

Kučinić M., Delić A., Ćuk R., Previšić A., Mihoci I., Žganec K., Cerjanec D. i Vučković I. 2014. The first finding of *Drusus bosnicus* Group (Insecta, Trichoptera, Limnephilidae) in Croatia with some notes on diversity, distribution and ecology of genus *Drusus* in Croatia and in Dinaric karst of the Balkan Peninsula. Natura Croatica. 23 (2): 265-377.

Kučinić M., Previšić A., Graf W., Mihoci I., Šoufek M., Stanić-Koštroman S., Lelo S., Vitecek S. i Waringer J. 2015a. Larval description of *Drusus bosnicus* (Trichoptera: Limnephilidae), with distributional, molecular and ecological features. Zootaxa, 3957(1), 85.

Kučinić M., Cerjanec D., Vučković I., Mihoci I., Perović F., Kutnjak H., Ibrahimović H., Pelić Fixa, D., Žalac S., Mrnjavčić Vojvoda A. i Plantak M. 2015b. Some new and interesting species of caddisflies (Insecta, Trichoptera) found in Croatia. Natura Croatica 24 (2): 293–310.

Kučinić M., Previšić A., Mihoci I., Krpač V., Živić I., Stojanović K., Vojvoda A.M. i Katušić L. 2016. Morphological features of larvae of *Drusus plicatus* Radovanović (Insecta, Trichoptera) from the Republic of Macedonia with molecular, ecological, ethological, and distributional notes. ZooKeys, 598, 75.

Kumanski K., 1985. Trichoptera, Annulipalpia. Fauna Bulgarica 15, Bulgarska Akademi na Naukite, Sofia, 243 pp.

Kumanski, K., 2007. Second addition to volume 15 (Trichoptera: Annulipalpia) and volume 19 (Trichoptera: Integripalpia) of Fauna bulgarica. Hist. Nat. Bulgar, 18, pp.81-94.

Langhoffer, A., 1915: Fauna hrvatskih pećina (spila). II. (Fauna cavernarum Croatiae, II). Prirodoslovna istraživanja Hrvatske i Slavonije 7, 3-22.

Larkin M. A., Blackshields G., Brown N. P., Chenna R., McGettigan P. R., McWilliam H., Valentin F., Wallace I. M., Wilm A., Lopez R., Thompson J. D., Gibbison T. J., Higgins D. G. 2007. ClustalW ad ClustalX version 2. Bioinformatics 23, 2947-2948.

Lecaudey L. A. 2013. The origin of *Apatania zonella* in Island: A study based on molecular and morphological variation (Master's thesis). Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Island, 75.

Lee S. J., Hur J. M. i Bae Y. J. 2011. Four Caddisfly Species of *Oecetis* (Trichoptera: Leptoceridae) New to Korea. Entomological Research, 41(6), 278-279.

Leese F. i Wagner R. 2004. Molecular genetic, chemotaxonomic, and autecological investigations of European Sericostomatidae (Insecta: Trichoptera). Doctoral dissertation, Ruhr-Universität Bochum.

Leese F., Altermatt F., Bouchez A., Ekrem T., Hering D., Meissner K., Mergen P., Pawlowski J., Piggott J., Rimet F., Steinke D., Taberlet P., Weigand A., Abarenkov K., Beja P., Bervoets L., Björnsdóttir S., Boets P., Boggero A., Bones A., Borja Á., Bruce K., Bursić V., Carlsson J., Čiampor F., Čiamporová-Zatovičová Z., Coissac E., Costa F., Costache M., Creer S., Csabai Z., Deiner K., DelValls Á., Drakare S., Duarte S., Eleršek T., Fazi S., Fišer C., Flot J., Fonseca V., Fontaneto D., Grabowski M., Graf W., Guðbrandsson J., Hellström M., Hershkovitz Y., Hollingsworth P., Japoshvili B., Jones J., Kahlert M., Kalamujic Stroil B., Kasapidis P., Kelly M., Kelly-Quinn M., Keskin E., Kõljalg U., Ljubešić Z., Maček I., Mächler E., Mahon A., Marečková M., Mejdandzic M., Mircheva G., Montagna M., Moritz C., Mulk V., Naumoski A.,

Navodaru I., Padisák J., Pálsson S., Panksep K., Penev L., Petrusek A., Pfannkuchen M., Primmer C., Rinkevich B., Rotter A., Schmidt-Kloiber A., Segurado P., Speksnijder A., Stoev P., Strand M., Šulčius S., Sundberg P., Traugott M., Tsigenopoulos C., Turon X., Valentini A., van der Hoorn B., Várbiro G., Vasquez Hadjilyra M., Viguri J., Vitonytė I., Vogler A., Vrålstad T., Wägele W., Wenne R., Winding A., Woodward G., Zegura B., Zimmermann J. 2016. DNAqua-Net: Developing new genetic tools for bioassessment and monitoring of aquatic ecosystems in Europe. *Research Ideas and Outcomes*, 2, p.e11321.

Lehrian S., Pauls S. U. i Haase P. 2009. Contrasting patterns of population structure in the montane caddisflies *Hydropsyche tenuis* and *Drusus discolor* in the Central European highlis. *Freshwater Biology*, 54(2), 283-295.

Lehrian S., Bálint M., Haase P. i Pauls S. U. 2010. Genetic population structure of an autumn-emerging caddisfly with inherently low dispersal capacity and insights into its Phylogeography. *Journal of the North American Benthological Society*, 29(3), 1100-1118.

Lepneva, S.G. 1966. Fauna SSSR, Rucheiniki, Lichinki i kukolki podotryada tse'noshchupikovykh [Fauna of the U.S.S.R., Trichoptera, larvae and pupae of Integripalpia], volume II, No. 2 . *Trudy Zoologicheskogo Instituta Akademii Nauk SSSR, Moscow/Leningrad (N.S.)*, 95, 1–560

Liu, H., 1993. Molecular evolution among several orders of insects based on mitochondrial DNA analysis Doctoral dissertation, Science: Biological Sciences Department.

Lodovici O. i Valle M. 2013a. La Tricotterofauna della Liguria. XXXIX. Congresso della Società Italiana di biogeografia. Rapallo.

Lodovici O., Valle M. 2013b. La Tricotterofauna Ligure. *BMIB-Bollettino dei Musei e degli Istituti Biologici*, 75.

Lunt D.H., Zhang D.–X., Szymura J.M. i Hewitt, G.M. 1996. The insect cytochrome oxidase I gene: evolutionary patterns and conserved primers for Phylogenetic studies. *Insect Molecular Biology* 5: 153-165.

- Macher J.N., Weiss M., Beermann A. i Leese F. 2016. Diversity of Sericostomatidae (Trichoptera) caddisflies in the Montseny mountain range. bioRxiv, 057844.
- Malicky, H., 1971: Eine neue Micropterna (trichoptera, limnephilidae) aus Italien - mit einem überblick über die gattungen Stenophylax, Micropterna und Mesophylax? Die Höhle (wien) 22 (1), 15-1
- Mackay J. R. i Wiggins B. G. 1979. Ecological diversity in Trichoptera. Annual Reviews of Entomology 24: 185-208.
- Malicky H. 1987. Anflugdistanz und Fallenfangbarkeit von Köcherfliegen (Trichoptera) bei Lichtfallen. Jber. Biol. Stn. Lunz 10: 140-157.
- Malicky H. 2004. Atlas of European Trichoptera. Springer. Dordrecht. 360.
- Malicky H. 2005. Ein kommentiertes Verzeichnis der Köcherfliegen (Trichoptera) Europas und des Mediter- rangebietes. — Linzer Biologische Beiträge 37: 533– 596.
- Malicky H., Previšić A. i Kučinić M., 2007. *Rhyacophila cabrankensis* nov. spec, from Croatia. Braueria, 34, p.14.
- Malicky, H., 2009. Die Köcherfliegen (Insecta, Trichoptera) der Sammlung von Franjo Koščec im Museum Varaždin, Kroatien. Natura Croatica: Periodicum Musei Historiae Naturalis Croatici, 18(1), pp.129-134.
- Malicky H. 2013. Trichoptera. Fauna Europaea version 2017.06, <https://fauna-eu.org> (2019).
- Malicky H., 2014. Comments on two recently published papers on *Cheumatopsyche* (Hydropsychidae) and *Chaetopteryx* (Limnephilidae). Baueria 41: 51–53.
- Malm T. i Johanson K. A. 2007. Three new species of *Symphitoneuria* Ulmer (Trichoptera: Leptoceridae) from New Caledonia. Proceedings of the XIIth International Symposium on Trichoptera, 2007, 181-19.

- Malm T. i Johanson K. A. 2008. Revision of the New Caledonian endemic genus *Gracilipsodes* (Trichoptera: Leptoceridae: Grumichellini). *Zoological Journal of the Linnean Society*, 153(3), 425-452.
- Malm T. i Johanson K. A. 2011. A new classification of the long-horned caddisflies (Trichoptera: Leptoceridae) based on molecular data. *BMC evolutionary Biology*, 11(1), 10.
- Malm T., Johanson K.A., Wahlberg N. 2013. The evolutionary history of Trichoptera (Insecta): A case of successful adaptation to life in freshwater. *Systematic Entomology* 38, 459–473 doi: 10.1111/syen.12016.
- Marcus J.M. 2018. Our love-hate relationship with DNA barcodes, the Y2K problem, and the search for next generation barcodes. *AIMS Genet*, 5, 1-23.
- Marinković-Gospodnetić M., 1979. Trichoptera (Insecta) velikih karstnih izvora u Dinaridima. In: Rauš, Đ. (ed.), *Second Congress of Ecologists of Yugoslavia. Savez društava ekologa Jugoslavije*. Zagreb, pp. 1837–1849.
- Martínez, J., Martín, L. i González, M.A., 2016. A new species of *Potamophylax* from Spain with a key to the Iberian species (Trichoptera: Limnephilidae). *Acta Entomologica Musei Nationalis Pragae*, 56(2), pp.837-844.
- Mclaughlin J.E., Frandsen P.B., Mey W. i Pauls S.U., 2019. A Preliminary Phylogeny of Rhyacophilidae with Reference to Fansipangana and the Monophyly of Rhyacophila. *Zoosymposia*, 14(1), pp.189-192.
- Meier R. 2008. DNA sekvenca in taxonomy, opportunities and challenges. In: Wheeler QD (ed.) *The New Taxonomy*, pp 65–127. CRC Press, Boca Raton, FL.
- Mirmoayedi A. i Malicky H. 2002. An updated check-list of Caddisflies (Insecta, Trichoptera) from Iran, with new records. *Zoology in the Middle East* 26:163–168.

Mitterboeck T. F. i Adamowicz S. J. 2013. Flight loss linked to faster molecular evolution in insects. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 280(1767), 20131128.

Mladinov, L., 1980. Lepidoptera iz doline gornjeg toka rijeke Kupe. IV. Geometridae. *Acta entomologica Jugoslavica*

Molina C.I., Gibon F.M., Dominguez E., Pape T. i Ronsted N. 2017. Associating immatures and adults of aquatic insects using DNA barcoding in high lean streams *Ecología en Bolivia* 52(2): 88-99.

Moog O. 2002. *Fauna Aquatica Austriaca, Edition 2002, Wassserwirtschaftskataster, Bundesministerium für Land und Forstwirtschaft. Umwelt und Wasserwirtschaft, Vienna.*

Moretti G., 1981. New Trichoptera Species and Subspecies Found in Italy. *Proceedings of the Third International Symposium on Trichoptera* (ed. Moretti, G.), *Seria Entomologica* 20, 1-14.

Moretti, G.P. i Gianotti, F.S. 1964. Considerazioni biogeografiche sul popolamento cavernicolo dei Tricotteri. *Arch. bot. biogeogr. ital.* XL 4 serie, 9(IV), pp.341-348

Moretti G., 1988. Tricotteri del Museo Civico di Scienze Naturali „Enrico Caffi“ di Bergamo. *Riv. del Museo Civico di Scienze Naturali „Enrico Caffi“ di Bergamo* 13, 1-19.

Moretti G., Szczesny G. i Tobias W. 1994. Systematische Differenzierung innerhalb der *Potamophyla cingulatus*-Gruppe (Insecta: Trichoptera: Limnephilidae). *Senckenbergiana Biologica*, 74, 91–102.

Morinière J., Hendrich L., Balke M., Beermann A.J., König, T., Hess, M., Koch, S., Müller, R., Leese, F., Hebert, P.D. and Hausmann, A., 2017. A DNA barcode library for Njemačka' s mayflies, stoneflies and caddisflies (Ephemeroptera, Plecoptera and Trichoptera). *Molecular Ecology Resources*, 17(6), pp.1293-1307.

Morse J.C. (Ed.) 2019. *Trichoptera World Checklist*. <http://entweb.clemson.edu/database/trichopt/index.htm> (accessed 2019)

Myers M.J., Sperling F.A.H. i Resh V.H. 2001. Dispersal of two species of Trichoptera from desert springs. Conservation implications for isolated vs connected populations. *J. Insect Cons.*, 5, 207-215

Narodne novine.2018. Zakon o vodama. Zagreb: Narodne novine d.d., br. 46

Narodne novine.2018. Uredbu o standardu kakvoće vode. Zagreb: Narodne novine d.d., br. 80

Neu P.J. i Tobias W. 2004. Die Bestimmung der in Deutschland vorkommenden Hydropsychidae (Insecta: Trichoptera) *Lauterbornia*, 51, pp. 1-68

Nijboer R., 2004. The ecological requirements of *Agapetus fuscipes* Curtis (Glossosomatidae), a characteristic species in unimpacted streams. *Limnologica*, 34(3), pp.213-223.

Novák K. i Sehnal F., 1963. The development cycle of some species of the genus *Limnephilus* (Trichoptera). *Časopis Československe Společnosti Entomologické* 60 (1-2), 68-80.

Oikonomou A., Leprieur F. i Leonardos, I.D., 2014. Biogeography of freshwater fishes of the Balkan Peninsula. *Hydrobiologia*, 738(1), pp.205-220.

Oláh J. 2010. New species and new records of Palearctic Trichoptera in the material of the Hungary Natural History Museum. *Annales Historico-Naturales Musei Nationalis Hungarici*. 2010;102:65–117.

Oláh J., Kovács T., Sivec I., Szivák I. i Urbanic G., 2012. Seven new species in the *Chaetopteryx rugulosa* species group: applying the phylogenetic species concept and the sexual selection theory (Trichoptera, Limnephilidae). *Folia Historico Naturalia Musei Matraensis*, 36, pp.51-79.

Oláh J. i Kovács T. 2013. New species and new records of Balkan Trichoptera II. *Folia Historico Naturalia Musei Matraensis*, 37:109–121.

Oláh J., Andersen T., Chvojka P., Coppa, G., Graf, W., Ibrahim, H., Lodovici, O., Previšić, A. i Valle, M., 2013. The *Potamophylax nigricornis* group (Trichoptera, Limnephilidae): resolution

of phylogenetic species by fine structure analysis. *Opuscula Zoologica Instituti Zoosystematici et Oecologici Universitatis Budapestinensis*, 44(2).

Oláh J., Chvojka P., Coppa G., Godunko R.J. i Lodovici O., 2015. Limnephilid taxa revised by speciation traits: *Rhadicoleptus*, *Isogamus*, *Melampophylax* genera, *Chaetopteryx rugulosa*, *Psilopteryx psorosa* species groups, *Drusus bolivari*, *Annitella kosciuszki* species complexes (Trichoptera: Limnephilidae). *Opuscula Zoologica (Budapest)*, 46(1), pp.3-117.

Oláh J., Andersen T., Beshkov S., Ciubuc C., Coppa G., Kovács T. i Oláh J., 2018. Unified phylogenetic species concept: taking subspecies and race out of science: postmodern theory applied to the *Potamophylax cingulatus* group (Trichoptera, Limnephilidae). *Opuscula Zoologica (Budapest)*, 49(1), pp.33-70.

Pálsson S., Lecaudey L.A. i Gíslason G.M. 2016. Phylogeographic origin of *Apatania zonella* (Trichoptera) in Island. *Freshwater Science*, 35(1), 65-79.

Papadopoulou A., Anastasiou I., Vogler A.P. 2010. Revisiting the insect mitochondrial molecular clock: the mid-Aegean trench calibration. *Molecular Biology and Evolution* 27:1659–1672.

Pauls S., Lumbsch H.T., Haase P. 2003. Genetische isolation von *Drusus discolor* Rambur 1842 (Trichoptera: Limnephilidae) in montanen Mittelgebirgen Mitteleuropas — Erste Ergebnisse. *Deutsche Gesellschaft für Limnologie–Tagungsbericht*, 2002, 378–379.

Pauls S. U., Lumbsch H. T. i Haase P. 2006. Phylogeography of the montane caddisfly *Drusus discolor*: evidence for multiple refugia and periglacial survival. *Molecular Ecology*, 15(8), 2153-2169.

Pauls S. U., Graf W., Haase P., Lumbsch H. T. i Waringer J. 2008. Grazers, shredders and filtering carnivores—the evolution of feeding ecology in Drusinae (Trichoptera: Limnephilidae): insights from a molecular Phylogeny. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 46(2), 776-791.

Pauls S. U., Theissinger K., Ujvarosi L., Balint M. i Haase P. 2009. Patterns of population structure in two closely related, partially sympatric caddisflies in Eastern Europe: historic introgression, limited dispersal, and cryptic diversity. *Journal of the North American Benthological Society*, 28(3), 517-536.

Pauls S. U., Blahnik R. J., Zhou X., Wardwell C. T. i Holzenthal R. W. 2010. DNA barcode data confirm new species and reveal cryptic diversity in Chilean *Smicridea* (*Smicridea*) (Trichoptera: Hydropsychidae). *Journal of the North American Benthological Society*, 29(3), 1058-1074.

Pavelić, D., Kovacic M., Miknic M., Avanic R., Vrsaljko D., Bakrac K., Tisljar J., Galovic I. i Bortek Z. 2003. The evolution of the Miocene environments in the Slavonian Mts. area (northern Croatia). In *Evolution of Depositional Environments from the Palaeozoic to the Quaternary in the Karst Dinarides and the Pannonian Basin*. 22nd IAS Meeting of Sedimentology, Opatija-September, pp. 17-19.

Pavelić D. i Belak M., 2008. Dinarids in north Croatia and Bosnia. In: McCann, T. (Ed.), *The Geology of Central Europe Volume 2 Mesozoic and Cenozoic*. Geological Society, London, United Kingdom, pp. 1102–1116.

Petersson E. i Hasselrot A. T. 1994. Mating and nectar feeding in the psychomyiid caddis fly *Tinodes waeneri*. *Aquatic Insects*, 16(3), 177-187.

Pilgrim E. M., Jackson S. A., Swenson S., Turcsanyi I., Friedman E., Weigt L. i Bagley M. J. 2011. Incorporation of DNA barcoding into a large-scale biomonitoring program: opportunities and pitfalls. *Journal of the North American Benthological Society*, 30(1), 217-231.

Pinho C., Harris D.J., Ferrand N., 2008. Non-equilibrium estimates of gene flow inferred from nuclear genealogies suggest that Iberian and North African wall lizards (*Podarcis* spp.) are an assemblage of incipient species. *BMC Evol. Biol.* 8, 63.

Pitsch T. 1993. Zur Larvaltaxonomie, Faunistik und Ökologie mitteleuropäischer Fließwasser-Köcherfliegen (Insecta: Trichoptera). Dissertation, Freie Universität Berlin.

Posada D., Crandall K. A. 2001. Intraspecific gene genealogies: trees grafting into networks. *Trends in Ecology & Evolution* 16, 37-45.

Previšić A., Mihaljević Z. i Kerovec M., 2007. Caddisfly (Insecta: Trichoptera) fauna of altered and man-made habitats in the Drava River, NW Croatia. *Natura Croatica: Periodicum Musei Historiae Naturalis Croatici*, 16(3), pp.181-187.

Previšić A., Walton C., Kučinić M., Mitrikeski P. T. i Kerovec M. 2009. Pleistocene divergence of Dinaric *Drusus* endemics (Trichoptera, Limnephilidae) in multiple microrefugia within the Balkan Peninsula. *Molecular Ecology*, 18(4), 634-647.

Previšić A. i Popijač A. 2010. Caddisfly (Insecta: Trichoptera) fauna of Kupa and Čabranka rivers and their tributaries, Gorski kotar, W Croatia, *Natura Croatica*, 19, 357–368.

Previšić A., Graf W. i Kučinić M., 2010. Caddisfly (Trichoptera) fauna of the Plitvice Lakes National Park, Croatia. *Denisia*, 29, pp.287-294.

Previšić A., Ivković M., Miliša M. i Kerovec, M., 2013a. Caddisfly (Insecta: Trichoptera) fauna of Papuk Nature Park, Croatia. *Natura Croatica*, 22(1)

Previšić A., Brigić A., Sedlar Z. i Šoštarić R., 2013b. First data on caddisfly (Insecta, Trichoptera) fauna of peatlands in Croatia. *Natura Croatica*, 22 (2): 235-242.

Previšić A., Graf W., Vitecek S., Kučinić M., Bálint M., Keresztes L., Pauls S.U. i Waringer J., 2014a. Cryptic diversity of caddisflies in the Balkans: the curious case of *Ecclisopteryx* species (Trichoptera: Limnephilidae). *Arthropod systematics & phylogeny*, 72(3), p.309.

Previšić, A., Schnitzler, J., Kučinić, M., Graf, W., Ibrahim, H., Kerovec, M. i U. Pauls, S., 2014b. Microscale vicariance and diversification of Western Balkan caddisflies linked to karstification. *Freshwater Science*, 33(1), pp.250-262.

Previšić A., Gelemanović A., Urbanič G. i Ternjej I. 2016. Cryptic diversity in the Western Balkan endemic copepod: Four species in one?. *Molecular phylogenetics and evolution*, 100, pp.124-134.

Puillandre N., Lambert A., Brouillet S., Achaz G. 2012. ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Molecular Ecology* 21(8):1864-1877.

QGIS Development Team, 2014. QGIS Geographic Information System. 2.2.0 Valmiera. Open Source Geospatial Foundation Project. <http://qgis.osgeo.org>.

Radovanović M., 1935. Trioptere Jugoslavije. *Glasnik Zemaljskog Muzeja u Bosni i Hercegovini* 47, 73–84.

Rambaut A., Suchard M.A., Xie D., Drummond A.J. 2014. Tracer v1.6, <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>

Ratnasingham S. i Hebert P. D. 2007. BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular ecology notes*, 7(3), 355-364.

Ratnasingham S. i Hebert P.D., 2013. A DNA-based registry for all animal species: the Barcode Index Number (BIN) system. *PloS one*, 8(7), p.e66213.

Recuero E., Buckley D., García-París M., Arntzen J.W., Cogălniceanu D. i Martínez-Solano I., 2014. Evolutionary history of *Ichthyosaura alpestris* (Caudata, Salamandridae) inferred from the combined analysis of nuclear and mitochondrial markers. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 81, pp.207-220.

Resh V. H. i Rosenberg D. M. (Eds), 1984. *The Ecology of Aquatic Insects*. New York: Praeger

Ride W.D.J.L., 1999. International code of zoological nomenclature. International Trust for Zoological Nomenclature. <https://www.iczn.org/the-code/the-international-code-of-zoological-nomenclature/the-code-online/>

- Robertson-Thompson D. R. 2010. Systematic studies of the caddisfly subfamily Protoptilinae (Trichoptera: Glossosomatidae). Doctoral dissertation. Faculty of the graduate school of the University of Minnesota.
- Robertson, D. R. i Holzenthal R. W. 2013. Revision and Phylogeny of the caddisfly subfamily Protoptilinae (Trichoptera: Glossosomatidae) inferred from adult morphology and mitochondrial DNA. Magnolia Press.
- Roehbdanz R. i Degrugillier M. 1998. Long Sections of Mitochondrial DNA Amplified from Fourteen Orders of Insects Using Conserved Polymerase Chain Reaction Primers. *Annals of the Entomological Society of America*, 91(6), 771-778.
- Roe A. D. i Sperling F. A. 2007. Patterns of evolution of mitochondrial cytochrome c oxidase I i II DNA and implications for DNA barcoding. *Molecular Phylogenetics and evolution*, 44(1), 325-345.
- Ronquist F. i Huelsenbeck, J.P. 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, 19(12), pp.1572-1574.
- Rosenberg D.M., Resh V.H.. 1993. Freshwater biomonitoring and benthic macroinvertebrates, Chapman and Hall, New York. 488.
- Rögl F., 1998. Palaeogeographic considerations for Mediterranean and Paratethys seaways (Oligocene to Miocene). *Annalen des Naturhistorischen Museums in Wien. Serie A für Mineralogie und Petrographie, Geologie und Paläontologie, Anthropologie und Prähistorie*, pp.279-310.
- Ruiter D. E., Boyle E. E. i Zhou X. 2013. DNA barcoding facilitates associations and diagnoses for Trichoptera larvae of the Churchill (Manitoba, Canada) area. *BMC ecology*, 13(1), 5.
- Saito R., Kato S., Kuranishi R.B., Nozaki T., Fujino T. i Tojo K. 2018. Phylogeographic analyses of the *Stenopsyche* caddisflies (Trichoptera: Stenopsychidae) of the Asian Region. *Freshwater Science*, 37(3), 562-572.

Salokannel J., Rantala M.J. i Wahlberg N., 2010. DNA-barcoding clarifies species definitions of Finnish *Apatania* (Trichoptera: Apataniidae). *Entomologica Fennica*, 21, pp.1-11.

Salokannel J., Wahlberg N., Vesterinen E., Martinez J. i González M., 2012. A taxonomic study of the caddisfly *Oxyethira falcata* Morton, 1893 (Trichoptera: Hydroptilidae) using genital morphology and DNA barcoding. *Entomologica Fennica*, 23(4), pp.199-205.

Sandrock F. 1978. Vergleichende Emergenzmessung an zwei Bächen des Schlitzerlandes (Breitenbach und Rohrwiesenbach 1970-1971) *Archiv für Hydrobiologie, Suppl*, 54, pp. 328-408.

Santos A.P., Nessimian J.L. i Takiya D.M. 2016a. Revised classification and evolution of leucotrichiine microcaddisflies (Trichoptera: Hydroptilidae) based on morphological and molecular data. *Systematic Entomology*, 41(2), 458-480.

Santos A.P., Takiya D.M. i Nessimian J.L. 2016b. Integrative taxonomy of *Metrichia* Ross (Trichoptera: Hydroptilidae: Ochrotrichiinae) microcaddisflies from Brazil: descriptions of twenty new species. *PeerJ*, 4, p.e2009.

Sanz Muñoz S. 2010. Mitochondrial variation of the caddisflies *Apatania zonella* and *Potamophylax cingulatus* (Doctoral dissertation). University of Iceli Life and Environmental Sciences.

Sarkar G. i Sommer SS. 1990. Shedding light on PCR contamination. *Nature* 343, 27pp.

Sazama E.J., Bosch M.J., Shouldis C.S., Ouellette S.P. i Wesner, J.S., 2017. Incidence of *Wolbachia* in aquatic insects. *Ecology and evolution*, 7(4), pp.1165-1169.

Schultheis A. S. i Hughes J. M. 2005. Spatial patterns of genetic structure among populations of a stonecaddis (Trichoptera: Tasimiidae) in southeast Queensland, Australia. *Freshwater Biology*, 50(12), 2002-2010.

Schultheis, A. S., Marchant, R., i Hughes, J. M. 2008. Contrasting patterns of genetic structure and disequilibrium in populations of a stone-cased caddisfly (Tasimiidae) from northern and southern Australia. *Marine and Freshwater Research*, 59(3), 235-245.

Shackleton M. E. i Webb J. M. 2013. A new description and association of a larva with the adult male of *Pliocaloca fidesria* Shackleton (Insecta: Trichoptera: Calocidae) from Australia. *Memoirs of the Queensli Museum – Nature* 56(2): 593-600. Brisbane. ISSN 0079-8835.

Shackleton M. E. i Webb J. M. 2014. Two new species of *Calocoides* Neboiss 1984 (Trichoptera: Calocidae) from eastern Australia, with descriptions of the immature stages. *Austral Entomology*, 53(4), 444-457.

Shackleton M.E. i Webb J.M. 2015. Revision of the genus *Caenota* Mosely (Trichoptera: Calocidae), with descriptions of 2 new species and the larva of *C. nemorosa* Neboiss. *Zootaxa*, 3972(4), 451-481.

Simon C., Frati F., Beckenbach A., Crespi B., Liu H., Flook P. 1994. Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sekvensas and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Annals of the Entomological Society of America* 87(6): 651-701.

Smith P. J., McVeagh S. M. i Collier K. J. 2006. Population genetic structure in the New Zeali caddisfly *Orthopsyche fimbriata* revealed with mitochondrial DNA. *New Zeali Journal of Marine and Freshwater Research*, 40(1), 141-148.

Sode A. i Wiberg-Larsen P. 1993. Dispersal of adult Trichoptera at a Danish forest brook. *Freshwater Biology*, 30, 439-446
Solem J. O., Gullerfors B. 1996: Trichoptera: Caddisflies. In *aquatic Insects of North Europea Taxonomic Hibook* (eds.Nilsson), 224-255.

Solem J. O i Gullerfors B., 1996. Trichoptera: Caddisflies. In *aquatic Insects of North Europe-a Taxonomic Handbook* (eds.Nilsson): 224-255.

Statzner B. 1978. The effects of flight behaviour on the larval abundance of Trichoptera in the Schierenseebrooks (North Germani). In Proceedings of the 2nd International Symposium on Trichoptera. Springer, Dordrecht. 121-134.

Statzner B., Douady C. J., Konecny L. i Doledec S. 2010. Unravelling phylogenetic relationships among regionally co-existing species: *Hydropsyche* species (Trichoptera: Hydropsychidae) in the Loire River. *Zootaxa*, 2556(1), 51-68.

Stanić-Koštroman, S., Previšić, A., Planinić, A., Kučinić, M., Škobić, D., Dedić, A. and Durbešić, P., 2015. Environmental determinants of contrasting caddisfly (Insecta, Trichoptera) biodiversity in the Neretva and Bosna river basins (Bosnia and Herzegovina) under temperate and mediterranean climates. *International review of hydrobiology*, 100(2), pp.79-95.

Striberg J. i Johanson K. A. 2011. The historical biogeography of *Apsilochorema* (Trichoptera, Hydrobiosidae) revised, following molecular studies. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 49(2), 110-118.

Stroil B.K., Lasić L., Hanjalić J., Mačar S. i Vesnić A. 2018. The first DNA barcode record for *Rhyacophila bosnica* Schmid, 1970 and pairing of adult and larval life stages. *Genetics and Applications*, 2(2), 20-27.

Sweeney B. W., Battle J. M., Jackson J. K. i Dapkey T. 2011. Can DNA barcodes of stream macroinvertebrates improve descriptions of community structure and water quality?. *Journal of the North American Benthological Society*, 30(1), 195-216.

Szivák I., Mikes T., Szalontai B., Kučinić M., Vučković I., Vadkerti E., Kisfali P., Pauls S.U. i Bálint M. 2017. Ecological divergence of *Chaetopteryx rugulosa* species complex (Insecta, Trichoptera) linked to climatic niche diversification. *Hydrobiologia*, 794(1), 31-47.

Tamura K., Glen S., Daniel P., Alan F. i Sudhir K. 2013. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular biology and evolution* 30, no. 12. 2725-2729.

Tobias W. i Tobias D. 2008. A catalogue of illustrations for the identification of the caddisflies (Insecta: Trichoptera) known to occur in Norway, Sweden and Finland – adults. <http://trichoptera.insects-online.de> (accessed on 28.07.2019).

Toews D.P. i Brelsford A., 2012. The biogeography of mitochondrial and nuclear discordance in animals. *Molecular Ecology*, 21(16), pp.3907-3930.

Torii T. i Nakamura M. 2016. DNA identification and morphological description of the larva of *Eoneureclipsis montanus* (Trichoptera, Psychomyiidae). *Zoosymposia*, 10(1), 424-431.

Triboy T.I., Nepokrytykh A.V., Rozhkova N.A., Bukin Y.S. i Sherbakov D.Y. 2017. Molecular evolution of the Lake Baikal endemic caddisflies (Trichoptera). *Rusijan Journal of Genetics*, 53(4), 509-513.

Ujvárosi L., Robert S.C., Neu P. i Robert B., 2008. First revision of the Romanian caddisflies (Insecta: Trichoptera). *Ferrantia*, 55, pp.110-124.

Urbanič G., Krusnik C. i Malicky H., 2000. *Rhyacophila schmidinarica*, a new species of the philopotamoides group (Trichoptera: Rhyacophilidae) from the northern Balkan Peninsula. *Braueria*, 27, pp.17-18.

Urbanič G., 2004. Ecology and distribution of caddisflies (Insecta: Trichoptera) in some watercourses in Slovenia, Ph.D. Thesis, Biotechnical Faculty, University of Ljubljana.

Valentini A., Pompanon F. i Taberlet P., 2009. DNA barcoding for ecologists. *Trends in ecology & evolution*, 24 (2), pp.110-117.

Van der Hoek W.F. i Cuppen J.G.M., 1989. Life cycle and growth of *Trichostegia minor* (Curtis) in temporary woodland pools (Trichoptera: Phryganeidae). *Hydrobiological Bulletin*, 23(2), pp.161-168.

Villesen P. 2007. FaBox: an online toolbox for fasta sekvencas. *Molecular Ecology Notes* 7, 965-968.

Vitecek S., Previšić A., Kučinić M., Bálint M., Keresztes L., Waringer J., Pauls S.U., Malicky H. i Graf W., 2015a. Description of a new species of *Wormaldia* from Sardinia and a new *Drusus* species from the Western Balkans (Trichoptera, Philopotamidae, Limnephilidae). *ZooKeys*, (496), p.85.

Vitecek S., Graf W., Previšić A., Kučinić M., Oláh J., Bálint M., Keresztes L., Pauls S.U. i Waringer J., 2015b. A hairy case: The evolution of filtering carnivorous Drusinae (Limnephilidae, Trichoptera). *Molecular phylogenetics and evolution*, 93, pp.249-260.

Vitecek S., Kučinić M., Previšić A., Živić I., Stojanović K., Keresztes L., Bálint M., Hoppeler F., Waringer J., Graf W. i Pauls, S.U., 2017. Integrative taxonomy by molecular species delimitation: multi-locus data corroborate a new species of Balkan Drusinae micro-endemics. *Bmc evolutionary biology*, 17(1), p.129.

Vrućina I., Previšić A. i Merdić E., 2016. First record of *Oecetis furva* (Rambur, 1842) and *Orthotrichia tragetti* (Mosely, 1930)(Insecta, Trichoptera) for the Croatian fauna. *Natura Croatica: Periodicum Musei Historiae Naturalis Croatici*, 25(1), pp.109-118.

Vshivkova, T.S., Morse J.C. i Ruiter D., 2007. Phylogeny of Limnephilidae and composition of the genus *Limnephilus* (Limnephilidae: Limnephilinae, Limnephilini). In *Proceedings of the 12th International Symposium on Trichoptera. The Caddis Press, Columbus, Ohio* (pp. 309-319).

Vučković 2011. Faunističke, taksonomske i ekološke značajke tulara (Insecta: Trichoptera) sliva rijeke Cetine. Faunistic, taxonomic and ecological characteristics of caddisflies (Insecta: Trichoptera) on the catchment area of the river Cetina. PhD Thesis (on Croatian), Zagreb, Croatia: University of Zagreb pp. 138

Vučković I., Previšić A., Graf W. i Kučinić, M., 2011. Description of the female and new data on distribution of *Annitella apfelbecki* Klapálek, 1899 (Insecta: Trichoptera). *Aquatic Insects* 33 (4): 381-389.

Vučković I. Ćuk R., Cerjanec D., Vidaković I., Plantak M., Srebočan, M. i Kučinić M., 2016. Rod *Ecclisopteryx* (Insecta: Trichoptera: Limnephilidae) u Hrvatskoj: rasprostranjenost i aspekti zaštite. *Natura Croatica: Periodicum Musei Historiae Naturalis Croatici*, 25(2), pp.267-278.

Wahlberg E. i Johanson K.A. 2014. The age, ancestral distribution and radiation of *Chimarra* (Trichoptera: Philopotamidae) using molecular methods. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 79, 433-442.

Wagner R. i Schmidt H.H. 2004. Yearly discharge patterns determine species abundance and community diversity: Analysis of a 25 year record from the Breitenbach *Archiv für Hydrobiologie*, 161, pp. 511-540.

Waringer, J., Graf, W., Pauls, S.U., Vicentini, H. i Lubini, V., 2008. DNA based association and description of the larval stage of *Drusus melanchaetes* McLachlan, 1876 (Trichoptera: Limnephilidae: Drusinae) with notes on ecology and zoogeography. *Limnologica*, 38(1), pp.34-42.

Waringer, J. i Graf, W., 2011. Atlas der mitteleuropäischen Köcherfliegenlarven—Atlas of Central European Trichoptera Larvae. Erik Mauch Verlag, Dinkelscherben, Germany, 468 pp.

Waringer J., Graf W., Balint M., Kučinić M., Pauls S. U., Previšić A., Keresztes L. i Vitecek S. 2013. The larvae of *Drusus franzressli* Malicky 1974 and *Drusus spelaeus* (Ulmer 1920 (Trichoptera: Limnephilidae: Drusinae) with notes on ecology and zoogeography. *Zootaxa*, 3637(1), 1.

Waringer J., Graf W., Balint M., Kučinić M., Pauls S.U., Previšić A., Keresztes L., Ibrahim H., Živić I., Bjelanović K. i Krpač V., 2015. Larval morphology and phylogenetic position of *Drusus balcanicus*, *Drusus botosaneanui*, *Drusus serbicus* and *Drusus tenellus* (Trichoptera: Limnephilidae: Drusinae). *European journal of entomology*, 112(2), p.344.

Waringer J., Previšić A., Kučinić M., Graf W., Vitecek S., Keresztes L., Balint M. i Pauls S.U., 2016. Larval morphology of the Western Balkans endemic caddisflies *Drusus krusniki* Malicky

1981, *D. vernonensis* Malicky 1989, and *D. vespertinus* Marinković 1976 (Trichoptera, Limnephilidae, Drusinae). Zootaxa, 4083(4), p.483.

Waterton C., Ellis R., Wynne B. 2013. Barcoding nature: shifting cultures of taxonomy in an age of biodiversity loss. Abingdon: Routledge.

Weaver J. S. III 1984. The evolution and classification of Trichoptera, Part 1: the groundplan of Trichoptera. In: J. C. Morse (Ed.) Proceedings of the 4th International Symposium on Trichoptera. The Hague: Junk. 413–419.

Weaver J. W. III i Morse, J. C. 1986. Evolution of feeding and case-making behavior in Trichoptera. Journal of the North American Benthological Society, 5, 150–158.

Weaver J. S. III 1992a. Remarks on the evolution of Trichoptera: a critique of Wiggins and Wichard's classification. Cladistics, 8, 171–180.

Weaver J. S. III 1992b. Further remarks on the evolution of Trichoptera: a reply to Wiggins. Cladistics, 8, 187–190.

Weaver III, J. S., 2002. A synonymy of the caddisfly genus *Lepidostoma* Rambur (Trichoptera: Lepidostomatidae), including a species checklist. Tijdschrift voor Entomologie, 145(2), pp.173-192.

Weigand, H., Weiss, M., Cai, H., Li, Y., Yu, L., Zhang, C. and Leese, F., 2017. Deciphering the origin of mito-nuclear discordance in two sibling caddisfly species. Molecular ecology, 26(20), pp.5705-5715.

Weigand H., Beermann A.J., Čiampor F., Costa F.O., Csabai Z., Duarte, S., Geiger, M.F., Grabowski M., Rimet F., Rulik B. i Strand M. 2019. DNA barcode reference libraries for the monitoring of aquatic biota in Europe: Gap-analysis and recommendations for future work. BioRxiv, p.576553.

Werren JH, Baldo L, Clark ME. 2008. Wolbachia: master manipulators of invertebrate biology. *Nat Rev Microbiol.* 6(10):741–51. doi:10.1038/nrmicro1969

Wickson S. J., Chester E. T., Valenzuela I., Halliday B., Lester R. E., Matthews T. G. i Miller, A. D. 2014. Population genetic structure of the Australian caddisfly *Lectrides varians* Mosely (Trichoptera: Leptoceridae) and the -ification of cryptic species in south-eastern Australia. *Journal of insect conservation*, 18(6), 1037-1046.

Wiggins G. B. 1973. A contribution to the biology of Caddisflies (Trichoptera) in temporary pools. *Life sciences contributions. Royal Ontario Museum* 88: 1-28.

Wiggins G.B. 1977. Larvae of the north american caddisfly genera (Trichoptera) Univ. Toronto Press, Toronto, 401.

Wiggins G. B. i Wichard W. 1989. Phylogeny of pupation in Trichoptera, with proposals on the origin and higher classification of the order. *Journal of the North American Benthological Society*, 8, 260–276.

Wiggins G.B. 2004. *Caddisflies The underwater architects.* University of Toronto Press, Toronto, Buffalo, London.

Wilcock H.R., Bruford M.W., Nichols R.A. i Hildrew A.G., 2007. Landscape, habitat characteristics and the genetic population structure of two caddisflies. *Freshwater Biology*, 52(10), pp.1907-1929.

Wilson C.C. i Bernatchez,L., 1998. The ghost of hybrids past: fixation of artic charr (*Salvelinus alpinus*) mitochondrial DNA in an introgressed population of lake trout (*S. namaycush*). *Molecular Ecolution* 7, 127–132.

Wolf B., Angersbach R., Hans-Joachim F. 2013. Plecoptera and Trichoptera in the tagliamento flood plains and in some tributaries in Friuli Venezia Giulia (Italy). *Gortania, Botanica, Zoologia* 34. 2038-0402.

Wolstenholme D.R. 1992. Animal mitochondrial DNA: structure and evolution. In: Mitochondrial genomes. (u Wolstenholme, D.R. i Jeon, K.W., ur.) International Review of Cytology. vol. 141. ed. Academic Press, New York, 173-216.

Zakharov E.V., Lobo N.F., Nowak C. i Hellmann J.J., 2009. Introgression as a likely cause of mtDNA paraphyly in two allopatric skippers (Lepidoptera: Hesperidae). *Heredity*, 102(6), p.590.

Zamora-Muñoz C., Múrria C., Bonada N. i González M.A., 2017. The *Hydropsyche instabilis* group (Trichoptera: Hydropsychidae) on the Iberian Peninsula: evolutionary relationships, new species, taxonomical controversies, and a key to larvae. *Arthropod systematics & phylogeny*, 75(1), pp.159-172.

Zhou X., Kjer K. M. i Morse J. C. 2007. Associating larvae and adults of Chinese Hydropsychidae caddisflies (Insecta: Trichoptera) using DNA sekvenkas. *Journal of the North American Benthological Society*, 26(4), 719-742.

Zhou X., Adamowicz S. J., Jacobus L. M., DeWalt R. E. i Hebert P. D. 2009a. Towards a comprehensive barcode library for arctic life-Ephemeroptera, Plecoptera, and Trichoptera of Churchill, Manitoba, Canada. *Frontiers in zoology*, 6(1), 30.

Zhou, X., 2009b. The larvae of Chinese Hydropsychidae (Insecta: Trichoptera), part I: *Arctopsyche shimianensis*, *Parapsyche* sp. A, and *Diplectrona obscura*. *Zootaxa*, 2174(1), p.17.

Zhou X., Jacobus L. M., DeWalt R. E., Adamowicz S. J. i Hebert P. D. 2010. Ephemeroptera, Plecoptera and Trichoptera fauna of Churchill (Manitoba, Canada): insights into biodiversity patterns from DNA barcoding. *Journal of the North American Benthological Society*, 29(3), 814-837.

Zhou X., Robinson J. L., Geraci C. J., Parker C. R., Flint Jr O. S., Etnier D. A., Ruiter D., DeWalt R.E., Jacobus L.M. i Hebert, P. D. 2011. Accelerated construction of a regional DNA-barcode reference library: caddisflies (Trichoptera) in the Great Smoky Mountains National Park. *Journal of the North American Benthological Society*, 30(1), 131-162.

Zhou X., Frisen P.B., Holzenthal R.W., Beet C.R., Bennett K.R., Blahnik R.J., Bonada N., Cartwright D., Chuluunbat S., Cocks G.V. i Collins G.E. 2016. The Trichoptera barcode initiative: a strategy for generating a species-level Tree of Life. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 371(1702), 20160025.

Zug R i Hammerstein P. 2012. Still a host of hosts for Wolbachia: Analysis of recent data suggests that 40 % of terrestrial arthropod species are infected. *Plos One*. 7(6). doi:10.1371/journal.pone.0038544.

Živić I., Marković Z. i Brajković M., 2002. First check list of Serbian Trichoptera. *Folia historico-naturalia Musei matraensis*, 26, pp.269-277.

8. PRILOZI

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP –Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|----------|--|---|--------|---------------------|
| / | TEKER_1 | <i>Ecclisopteryx keroveci</i> | rijeka Dretulja (srednji tok) - Plaški | BCD 1 | BC1-01 |
| / | TAFUR_1 | <i>Anabolia furcata</i> | potok Jankovac (gornji tok) - zapadno od Orahovca, Papuk | BCD 2 | BC1-02 |
| / | TCSCH_1 | <i>Chaetopteryx schmidi</i> | potok Jankovac (gornji tok) - zapadno od Orahovca, Papuk | BCD 3 | BC1-03 |
| / | TLFLU_1 | <i>Limnephilus flavicornis</i> | rijeka Odra (donji tok) - livade Selce | BCD 4 | BC1-04 |
| / | THCON_1 | <i>Hydropsyche conturbenalis</i> | rijeka Sava (srednji tok) - Orle | BCD 5 | BC1-05 |
| / | THBUB_1 | <i>Hydropsyche bulbifera</i> | potok Bistra (srednji tok) - Bistra, Medvednica | BCD 6 | BC1-06 |
| / | TEKER_1 | <i>Ecclisopteryx cf. keroveci</i> | rijeka Dretulja (srednji tok) - Plaški | BCD 7 | BC1-07 |
| / | TAFUR_1a | <i>Anabolia furcata</i> | potok Jankovac | BCD 8 | BC1-08 |
| / | TCSCH_1a | <i>Chaetopteryx schmidi</i> | potok Jankovac | BCD 9 | BC1-09 |
| / | TLFLU_1a | <i>Limnephilus flavicornis</i> | | BCD 10 | BC1-10 |
| / | THBUB_1a | <i>Hydropsyche bulbifera</i> | potok Bistra | BCD 12 | BC1-12 |
| / | THCON_1a | <i>Hydropsyche conturbenalis</i> | | BCD 11 | BC1-11 |
| / | TLFLU_2 | <i>Limnephilus flavicornis</i> | rijeka Kupa (donji tok) - Brest | BCD 13 | BC1-13 |
| / | TRTOR_1 | <i>Rhyacophila torrentium</i> | potok Zeleni Vir (izvor) | BCD 14 | BC1-14 |
| / | TGDIS_1 | <i>Glossosoma discophorum</i> | rijeka Tounjčica (izvor) | BCD 15 | BC1-15 |
| / | TCL EP_1 | <i>Cheumatopsyche lepida</i> | rijeka Drava (srednji tok) - Gornji Hrašćan | BCD 16 | BC1-16 |
| / | TRFAS_1 | <i>Rhyacophila fasciata</i> | potok Zeleni Vir (izvor) | BCD 17 | BC1-17 |
| / | TMYS_1 | <i>Mystacides sp.</i> | rijeka Drava (srednji tok) - Gornji Hrašćan | BCD 18 | BC1-18 |
| / | TPIRR_1 | <i>Polycentropus irroratus</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 19 | BC1-19 |
| / | TGBIF_1 | <i>Glossosoma bifidum</i> | rijeka Kupčina (izvor, gornji tok) - Žumberak | BCD 20 | BC1-20 |
| / | TOALB_1 | <i>Odontocerum albicorne</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | BCD 21 | BC1-21 |
| / | TACIN_1 | <i>Athripsodes cinereus</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 22 | BC1-22 |
| / | TMNYC_1 | <i>Micropterna nycterobia</i> | rijeka Krupa (donji tok) - Manastir | BCD 23 | BC1-23 |
| / | THDIG_1 | <i>Halesus digitatus</i> | rijeka Zrmanja (izvor) | BCD 24 | BC1-24 |
| / | TRFAS_1 | <i>Rhyacophila fasciata</i> | potok Zeleni Vir (izvor) | BCD 25 | BC1-25 |
| / | TMYS_1a | <i>Mystacides sp.</i> | ponovljena izolacija, rijeka Drava (srednji tok) - Gornji Hrašćan | BCD 26 | BC1-26 |
| / | THDIG_1a | <i>Halesus digitatus</i> | rijeka Zrmanja (izvor) | BCD 27 | BC1-27 |
| / | TRTOR_1a | <i>Rhyacophila torrentium</i> | ponovljena izolacija, potok Zeleni Vir (izvor) | BCD 28 | BC1-28 |
| / | TMNYC_1a | <i>Micropterna nycterobia</i> | rijeka Krupa (donji tok) - Manastir | BCD 29 | BC1-29 |
| / | TRBAL_1 | <i>Rhyacophila balcanica</i> | rijeka Una (izvor) | BCD 30 | BC1-30 |
| / | TLRED_1 | <i>Lype reducta</i> | rijeka Krupa (donji tok) - Manastir | BCD 31 | BC1-31 |
| / | TLIGN_1 | <i>Limnephilus ignavus</i> | rijeka Dretulja (srednji tok) - Plaški | BCD 32 | BC1-32 |
| / | TPROT_1 | <i>Potamophylax rotundipennis</i> | rijeka Sava - Drenje Brdovečko | BCD 33 | BC1-33 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP –Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|---------|--|---|--------|---------------------|
| / | TMSEQ_1 | <i>Micropterna sequax</i> | potok Roč-Marusić - srednji tok kod Mosta | BCD 34 | BC1-34 |
| / | TAALB_1 | <i>Athripsodes albifrons</i> | rijeka Una (donji tok) - Hrvatska Dubica | BCD 35 | BC1-35 |
| / | TAVAR_1 | <i>Agrypnia varia</i> | rijeka Mura (donji tok) - Goričan | BCD 36 | BC1-36 |
| / | TABIL_1 | <i>Athripsodes bilineatus</i> | Pašina vrela - iznad sela Mečenčani | BCD 37 | BC1-37 |
| / | TPSCH_1 | <i>Polycentropus schmidi</i> | rijeka Žirovnica (gornji tok) - Gvozdansko | BCD 38 | BC1-38 |
| / | TALAN_1 | <i>Agapetus laniger</i> | rijeka Mura (donji tok) - Goričan | BCD 39 | BC1-39 |
| / | TAOCH_1 | <i>Agapetus ochripes</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | BCD 40 | BC1-40 |
| / | TRDOP_1 | <i>Rhyacophila dorsalis persimilis</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | BCD 41 | BC1-41 |
| / | TTWAE_1 | <i>Tinodes waeneri</i> | potok Roč (izvor) - Marušići | BCD 42 | BC1-42 |
| / | TTBRA_1 | <i>Tinodes braueri</i> | rijeka Krupa (donji tok) - Manastir | BCD 43 | BC1-43 |
| / | TMSET_1 | <i>Micrasema setiferum</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | BCD 44 | BC1-44 |
| / | TWSUB_1 | <i>Wormaldia subnigra</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 45 | BC1-45 |
| / | TPPAL_1 | <i>Potamophylax pallidulus</i> | potok Rakov potok (izvor) - Medvednica | BCD 46 | BC1-46 |
| / | THTES_1 | <i>Halesus tessellatus</i> | rijeka Bosut (donji tok) - lokacija na cesti Rokovci - Andrijaševci | BCD 47 | BC1-47 |
| / | TRDOP_2 | <i>Rhyacophila dorsalis persimilis</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | BCD 48 | BC1-48 |
| / | TRPAL_1 | <i>Rhyacophila palmeni</i> - HI | Trigona (MKZ), Village, Kardista, Grčka | BCD 49 | BC1-49 |
| / | TAAUR_1 | <i>Allogamus auricollis</i> | rijeka Una (izvor) | BCD 50 | BC1-50 |
| / | TRPAL_2 | <i>Rhyacophila palmeni</i> - HI | Evritanias, Karpension, Grčka | BCD 51 | BC1-51 |
| / | TLAUR_1 | <i>Limnephilus auricula</i> | rijeka Una (gornji tok) - Srb | BCD 52 | BC1-52 |
| / | TRPAL_3 | <i>Rhyacophila palmeni</i> - HI | KM 10 Manastir: Pejë Municipality | BCD 53 | BC1-53 |
| / | TMAZU_1 | <i>Mystacides azurea</i> | rijeka Korana (srednji tok) - Veljun | BCD 54 | BC1-54 |
| / | TRPAL_4 | <i>Rhyacophila palmeni</i> - HI | Fthiotida, Iti-Geb, Pervoli, Grčka | BCD 55 | BC1-55 |
| / | TLBAS_1 | <i>Lepidostoma basale</i> | Pašina vrela - iznad sela Mečenčani | BCD 56 | BC1-56 |
| / | TRPAL_5 | <i>Rhyacophila palmeni</i> - HI | rijeka Aroanios, Achaias (Achaea), Krinofita | BCD 57 | BC1-57 |
| / | TLBAS_2 | <i>Lepidostoma basale</i> | Pašina vrela - iznad sela Mečenčani | BCD 58 | BC1-58 |
| / | TCLEP_2 | <i>Cheumatopsyche lepida</i> | rijeka Mirna - Livade | BCD 59 | BC1-59 |
| / | TRPAL_6 | <i>Rhyacophila palmeni</i> - HI | Pika 2, Kosovo | BCD 60 | BC1-60 |
| / | TDVES_1 | <i>Drusus vespertinus</i> | rijeka Una (izvor) | BCD 61 | BC1-61 |
| / | TRPAL_7 | <i>Rhyacophila palmeni</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | BCD 62 | BC1-62 |
| / | TPLAT_1 | <i>Potamophylax latipennis</i> | rijeka Una (gornji tok) - Srb | BCD 63 | BC1-63 |
| / | TRVUL_1 | <i>Rhyacophila vulgaris</i> | rijeka Kupčina (izvor, gornji tok) - Žumberak, Vrabac | BCD 64 | BC1-64 |
| / | TPLAT_2 | <i>Potamophylax latipennis</i> | rijeka Dretulja (izvor) | BCD 65 | BC1-65 |
| / | TRAUR_1 | <i>Rhyacophila aurata</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | BCD 66 | BC1-66 |
| / | TDSCH_1 | <i>Drusus schmidi</i> , | potok Jankovac (izvor) - zapadno od Orahovca, Papuk | BCD 67 | BC1-67 |
| / | TIDUB_1 | <i>Irinoqua dubia</i> | rijeka Drava (srednji tok) - Terezino Polje | BCD 68 | BC1-68 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP – Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|---------|---|--|---------|---------------------|
| / | TPPUS_1 | <i>Psychomyia pusilla</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | BCD 69 | BC1-69 |
| / | TTDIV_1 | <i>Tinodes dives</i> | rijeka Una (izvor) | BCD 70 | BC1-70 |
| / | TPPUS_2 | <i>Psychomyia pusilla</i> | rijeka Mura (skela) - Sveti Martin na Muri | BCD 71 | BC1-71 |
| / | TPLE_1 | <i>Plectrocnemia sp.</i> | potok Mlini (izvor) | BCD 72 | BC1-72 |
| / | THYD_1 | <i>Hydropsyche sp.</i> | jezero Crna Mlaka | BCD 73 | BC1-73 |
| / | TAATE_1 | <i>Athripsodes aterrimus</i> | rijeka Mura (donji tok) - Goričan | BCD 74 | BC1-74 |
| / | TCDIS_1 | <i>Ceraclea dissimilis</i> | rijeka Kupa (donji tok) - Jamnička Kiselica | BCD 75 | BC1-75 |
| / | THINS_1 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | rijeka Vitunjčica (izvor) - Vitunj | BCD 76 | BC1-76 |
| / | TPBIN_1 | <i>Phryganea bipunctata</i> | rijeka Drava (srednji tok) - Gornji Hrašćan | BCD 77 | BC1-77 |
| / | TSFLA_1 | <i>Sericostoma flavicorne</i> | rijeka Tounjčica (izvor) | BCD 78 | BC1-78 |
| / | TDCRO_1 | <i>Drusus croaticus</i> | rijeka Vitunjčica (izvor) - Vitunj | BCD 79 | BC2-01 |
| / | TGDIS_2 | <i>Glossosoma discophorum</i> | rijeka Slunjčica (izvor) | BCD 80 | BC2-02 |
| / | TRHIT_1 | <i>Rhyacophila hirticornis</i> | potok Šumi (izvor) – Ivančica | BCD 81 | BC2-03 |
| / | TGDIS_3 | <i>Glossosoma discophorum</i> | rijeka Vitunjčica (izvor) - Vitunj | BCD 82 | BC2-04 |
| / | TRLAE_1 | <i>Rhyacophila laevis</i> | potok Šumi (izvor) – Ivančica | BCD 83 | BC2-05 |
| / | TGDIS_4 | <i>Glossosoma discophorum</i> | rijeka Una (izvor) | BCD 84 | BC2-06 |
| / | TPOL_1 | <i>Polycentropus sp.</i> | jezero Crna Mlaka | BCD 85 | BC2-07 |
| / | TOEC_1 | <i>Oecetis sp.</i> | jezero Crna Mlaka | BCD 86 | BC2-08 |
| / | TPKLA_1 | <i>Psychomyia cf. klapaleki</i> | rijeka Vitunjčica (izvor) - Vitunj | BCD 87 | BC2-09 |
| / | TLAFL_1 | <i>Limnephilus affinis</i> | rijeka Kupa (donji tok) - Brest | BCD 88 | BC2-10 |
| / | THMOD_1 | <i>Hydropsyche modesta</i> | rijeka Sava - Drenje Brdovečko | BCD 89 | BC2-11 |
| / | THINC_1 | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Mirna - Livade | BCD 90 | BC2-12 |
| / | TOFLA_1 | <i>Oxyethira flavicornis</i> | rijeka Sava - Drenje Brdovečko | BCD 91 | BC2-13 |
| / | THINC_2 | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Sava - Drenje Brdovečko | BCD 92 | BC2-14 |
| / | TGCON_1 | <i>Glossosoma conformis</i> | potok Bliznec (srednji tok) - javna ustanova PP Medvednica | BCD 93 | BC2-15 |
| / | TRPAL_8 | <i>Rhyacophila palmeni</i> - HI | izvor Sveta voda, Mavrovo, Makedonija | BCD 94 | BC2-16 |
| / | TRBAL_2 | <i>Rhyacophila balcanica</i> | Belička reka, Makedonija | BCD 95 | BC2-17 |
| / | TPAMA_1 | <i>Potamophylax alpestris macedonicus</i> | Šarplanina, Karu bunar, Makedonija | BCD 96 | BC2-18 |
| / | TPPAL_2 | <i>Potamophylax pallidulus</i> | Reč, Mavrovo, Makedonija | BCD 97 | BC2-19 |
| / | TGPIL_1 | <i>Goera pilosa</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | BCD 98 | BC2-20 |
| / | TLGRA_1 | <i>Limnephilus graecus</i> | jezero Kutu -Badžule | BCD 99 | BC2-21 |
| / | TSPIC_1 | <i>Silo piceus</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | BCD 100 | BC2-22 |
| / | TWPUL_1 | <i>Wormaldia pulla</i> | potok Bliznec (srednji tok) - javna ustanova PP Medvednica | BCD 101 | BC2-23 |
| / | TWOCI_1 | <i>Wormaldia occipitalis</i> | potok Bliznec (srednji tok) - javna ustanova PP Medvednica | BCD 102 | BC2-24 |
| / | TPLUC_1 | <i>Potamophylax luctuosus</i> | selo Nikiforovo, Mavrovo, Makedonija | BCD 103 | BC2-25 |
| / | TPKES_1 | <i>Potamophylax cf. kesken</i> | potok Bogdanov, Mavrovo, Makedonija | BCD 104 | BC2-26 |
| / | TGKLO_1 | <i>Glossosoma cf. klotho</i> | Mala reka, Mavrovo, Makedonija | BCD 105 | BC2-27 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP –Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|---------|--|--|---------|---------------------|
| / | TPGEN_1 | <i>Plectonemia geniculata</i> | izvor Sveta voda, Mavrovo, Makedonija | BCD 106 | BC2-28 |
| / | TGKLO_2 | <i>Glossosoma klotho</i> - HI | Brod II, Kosovo | BCD 107 | BC2-29 |
| / | TTANO_1 | <i>Thremna anomalum</i> | izvor Strežimirske reke, NP Mavrovo, Makedonija | BCD 108 | BC2-30 |
| / | TPGEN_2 | <i>Plectrocnemia geniculata</i> - HI | Brod II, Kosovo | BCD 109 | BC2-31 |
| / | TEKER_2 | <i>Ecclisopteryx keroveci</i> - HI | Pika 2, Dečan, Kosovo | BCD 110 | BC2-32 |
| / | TRTRI_1 | <i>Rhyacophila tristis</i> - HI | Pika 6, Dečan, Kosovo | BCD 111 | BC2-33 |
| / | TWOCI_2 | <i>Wormaldia occipitalis</i> - HI | Mushtisht, Kosovo | BCD 112 | BC2-34 |
| / | TMMIN_1 | <i>Micrasema minimum</i> - HI | Manastir, Kosovo | BCD 113 | BC2-35 |
| / | TGKLO_3 | <i>Glossosoma klotho</i> - HI | Te manastiri, Kosovo | BCD 114 | BC2-36 |
| / | TATRI_1 | <i>Annitella triloba</i> - HI | Guriikuq, Kosovo | BCD 115 | BC2-37 |
| / | TRTRI_2 | <i>Rhyacophila tristis</i> - HI | Kujavqe, Kosovo | BCD 116 | BC2-38 |
| / | TRTRI_3 | <i>Rhyacophila tristis</i> - HI | Kaqandoll, Kosovo | BCD 117 | BC2-39 |
| / | TRLOX_1 | <i>Rhyacophila loxias</i> | NP Mavrovo, Sastav reka/svete vode, most, Makedonija | BCD 118 | BC2-40 |
| / | TRARM_1 | <i>Rhyacophila armenica</i> | NP Mavrovo, Sastav reka/svete vode, Makedonija | BCD 119 | BC2-41 |
| / | TPJUL_1 | <i>Potamophylax juliani</i> - HI | Brezovicë, Kosovo | BCD 120 | BC2-42 |
| / | TCKOS_1 | <i>Chaetopteroidea kosovarorum</i> - HI | Bajgore, Kosovo | BCD 121 | BC2-43 |
| / | TCBOS_1 | <i>Crunoecia bosniaca</i> | Kaqandoll, Kosovo | BCD 122 | BC2-44 |
| / | TCKOS_2 | <i>Chaetopteroidea kosovarorum</i> - HI | Bresanë, Kosovo | BCD 123 | BC2-45 |
| / | THBAC_1 | <i>Helicopsyche bacescui</i> - HI | Blinajë, Kosovo | BCD 124 | BC2-46 |
| / | TRPOL_1 | <i>Rhyacophila polonica</i> - HI | Mushtisht, Kosovo | BCD 125 | BC2-47 |
| / | TROBI_1 | <i>Rhyacophila oblitterata</i> - HI | Guriikuq, Kosovo | BCD 126 | BC2-48 |
| / | TRDOR_1 | <i>Rhyacophila dorsalis</i> | rijeka Sutla (srednji tok) - Zelenjak, Kumrovec | BCD 127 | BC2-49 |
| / | TATRI_2 | <i>Annitella cf triloba</i> | Izvor Strežimirske reke, NP Mavrovo, Makedonija | BCD 128 | BC2-50 |
| / | THBUL_1 | <i>Hydropsyche cf. bulgaroromanorum</i> | rijeka Dunav - Zlatna Greda | BCD 129 | BC2-51 |
| / | TTIN_1 | <i>Tinodes sp.</i> | potok Roč (izvor) - Marušići | BCD 130 | BC2-52 |
| / | THBUL_2 | <i>Hydropsyche cf. bulgaroromanorum</i> | rijeka Dunav - Zlatna Greda | BCD 131 | BC2-53 |
| / | TTPAL_1 | <i>Tinodes pallidulus</i> | potok Roč (izvor) - Marušići | BCD 132 | BC2-54 |
| / | TSFLA_2 | <i>Sericostoma cf. flavicorne, M</i> | rijeka Krupa (donji tok) - Manastir | BCD 133 | BC2-55 |
| / | THBUL_3 | <i>Hydropsyche cf. bulgaroromanorum</i> | rijeka Dunav - Zlatna Greda | BCD 134 | BC2-56 |
| / | TTANT_1 | <i>Tinodes antonioi</i> | potok Roč (izvor) - Marušići | BCD 135 | BC2-57 |
| / | TATRI_3 | <i>Annitella triloba</i> - HI | Restelicë, Kosovo | BCD 136 | BC2-58 |
| / | TTIN_2 | <i>Tinodes sp.</i> | potok Roč (izvor) - Marušići | BCD 137 | BC2-59 |
| / | TASYR_1 | <i>Adicella syriaca, m</i> | rijeka Krapina (srednji tok) - Krapina Selo | BCD 138 | BC2-60 |
| / | TAFUS_1 | <i>Agapetus cf. fuscipes</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | BCD 139 | BC2-61 |
| / | TCHE_1 | <i>Cheumatopsyche sp.</i> | rijeka Mura (donji tok) - Goričan | BCD 140 | BC2-62 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP –Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|----------|--|---|---------|---------------------|
| / | TCTRI_1 | <i>Cyrnus trimaculatus</i> | rijeka Lika (srednji tok) - Bilaj | BCD 141 | BC2-63 |
| / | TPJUL_1a | <i>Potamophylax juliani</i> - HI | Brezovicë, Kosovo | BCD 142 | BC2-64 |
| / | TCKOS_1a | <i>Chaetopteroides kosovarorum</i> - HI | Restelicë, Kosovo | BCD 143 | BC2-65 |
| / | TRTRI_3a | <i>Rhyacophila tristis</i> - HI | Kaqandoll, Kosovo | BCD 144 | BC2-66 |
| / | TBMON_1 | <i>Brachycentrus cf. montanus</i> | rijeka Čabranka (donji tok, ušće) | BCD 145 | BC2-67 |
| / | TED_1 | <i>Ecclisopteryx /Drusus sp.</i> | rijeka Veličanka - uzvodno od Požege | BCD 146 | BC2-68 |
| / | THSAX_1 | <i>Hydropsyche saxonica</i> | potok Vrba (izvor) - Muć | BCD 147 | BC2-69 |
| / | TPLAT_3 | <i>Potamophylax latipennis</i> | rijeka Zrmanja (izvor) | BCD 148 | BC2-70 |
| / | TRDOR_2* | <i>Rhyacophila dorsalis</i> | rijeka Čabranka (izvor) - Čabar | BCD 149 | BC2-71 |
| / | TADAL_1 | <i>Athripsodes dalmatinus</i> | rijeka Cetina, kanal Brkljača - Sinjsko polje | BCD 150 | BC2-72 |
| / | TPLAT_4 | <i>Potamophylax latipennis</i> | rijeka Riječina (izvor) | BCD 151 | BC2-73 |
| / | TRALP_1 | <i>Rhadicoleptus alpestris</i> | potok Peratovica (srednji tok) - Bilogora | BCD 152 | BC2-74 |
| / | TMIC_1 | <i>Micrasema sp.</i> | rijeka Čabranka (donji tok, ušće) | BCD 153 | BC2-75 |
| / | TETEN_1 | <i>Ecnomus tenellus</i> | Vransko jezero - otok Cres | BCD 154 | BC2-76 |
| / | TPVAR_1 | <i>Philopotamus variegatus</i> | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija | BCD 155 | BC2-77 |
| / | TASYR_2 | <i>Adicella syriaca</i> - RČ | rijeka Krapina (srednji tok) - Krapina Selo | BCD 156 | BC2-78 |
| / | TSPER_1 | <i>Stenophylax permistus</i> | rijeka Una (izvor) | BCD 157 | BC2-79 |
| / | TGDIS_5 | <i>Glossosoma discophorum</i> - RČ | rijeka Cetina - Vrilo, Mali Rumin | BCD 158 | BC2-80 |
| / | TSDUB_1 | <i>Synagapetus cf. dubitans</i> - RČ | potok Vrklješće, izvor - Velika Rakovica, Samoborsko gorje | BCD 159 | BC2-81 |
| / | TGKLO_2a | <i>Glossosoma klotho</i> - HI | Brod II, Kosovo | BCD 161 | BC3-02 |
| / | TRPOL_1a | <i>Rhyacophila polonica</i> - HI | Mushtisht, Kosovo | BCD 162 | BC3-03 |
| / | TGKLO_3a | <i>Glossosoma klotho</i> - HI | Te Manastir, Kosovo | BCD 163 | BC3-04 |
| / | TSMIT_1 | <i>Stenophylax mitis</i> | rijeka Zrmanja (izvor) | BCD 164 | BC3-05 |
| / | TPLEM_1 | <i>Potamophylax lemenzis</i> | izvor Galičke reke, Mavrovo, Makedonija | BCD 165 | BC3-06 |
| / | TRBAL_2a | <i>Rhyacophila balcanica</i> | Belička reka, Makedonija | BCD 166 | BC3-07 |
| / | TPKES_1a | <i>Potamophylax cf. kesken</i> | Bogdanov stream, Mavrovo, Makedonija | BCD 167 | BC3-08 |
| / | TPLE_1a | <i>Plectrocnemia sp.</i> | potok Mlini (izvor) | BCD 168 | BC3-09 |
| / | TPOL_1 | <i>Polycentropus sp.</i> | jezero Crna Mlaka | BCD 169 | BC3-10 |
| / | TGPIL_1a | <i>Goera pilosa</i> | ponovljena izolacija, rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | BCD 170 | BC3-11 |
| / | TGNIG_1 | <i>Grammotaulius nigropunctatus</i> | rijeka Mirna - Kotli | BCD 171 | BC3-12 |
| / | TETEN_2 | <i>Ecnomus tenellus</i> | jezero Kuti -Badžule | BCD 172 | BC3-13 |
| / | TTOCL_1 | <i>Triaenodes ochrellus lefkas</i> | rijeka Neretva (donji tok) - Opuzen | BCD 173 | BC3-14 |
| / | TERN_1 | <i>Ernodes sp., foto:32,32a,32b</i> | potok Vrutak (izvor) - Gornja Podgora | BCD 174 | BC3-15 |
| / | TSMOS_1 | <i>Synagapetus moselyi</i> | potok Crkveni jarak (srednji tok) | BCD 175 | BC3-16 |
| / | THPHA_1 | <i>Hydroptila phaon</i> | potok Roč (izvor) - Marušići | BCD 176 | BC3-17 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP –Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|----------|--|--|---------|---------------------|
| / | TRPAL_2a | <i>Rhyacophila palmeni</i> - HI | Evritanias, Karpension, Grčka | BCD 177 | BC3-18 |
| / | TLIT_1 | <i>Lithax sp.</i> , | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | BCD 178 | BC3-19 |
| / | THYP_1 | <i>Hydroptila sp</i> | rijeka Kupa (donji tok) - Jamnička Kiselica | BCD 179 | BC3-20 |
| / | TOTRA_1 | <i>Orthotrichia tragetti</i> | jezero Kutu -Badžule | BCD 180 | BC3-21 |
| / | TILAM_1 | <i>Ithytrichia lamellaris</i> | rijeka Raša (srednji tok) - dolina Raše | BCD 181 | BC3-22 |
| / | TCMAJ_1 | <i>Chaetopteryx major</i> | potok Šumetlice, izvor - Psunj | BCD 226 | BC3-67 |
| / | TRCAB_1 | <i>Rhyacophila cabrankensis</i> | rijeka Čabranka (izvor) - Čabar | BCD 227 | BC3-68 |
| / | TCSCH_2 | <i>Chaetopteryx schmidi</i> | izvor Škodinovac - Bastaji | BCD 228 | BC3-69 |
| / | TPLUC_2 | <i>Potamophylax luctuosus</i> | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija | BCD 229 | BC3-70 |
| / | THANG_1 | <i>Hydropsyche angustipennis</i> | rijeka Baranjska Karašica (donji tok) - Popovac | BCD 230 | BC3-71 |
| / | TPMON_1 | <i>Philopotamus montanus</i> | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija | BCD 231 | BC3-72 |
| / | TLGRA_2 | <i>Limnephilus graecus</i> | rijeka Neretva (donji tok) - Opuzen | BCD 232 | BC3-73 |
| / | TMASP_1 | <i>Mesophylax cf. aspersus</i> | potok Peratovica (izvor) - V. Peratovica, Bilogora | BCD 233 | BC3-74 |
| / | THINC_3 | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Toplica - Batinjani, Papuk | BCD 234 | BC3-75 |
| / | TSFLA_3 | <i>Sericostoma flavicorne</i> | rijeka Pakra - Kusonje | BCD 235 | BC3-76 |
| / | TLPHA_1 | <i>Lype cf. phaepa</i> | potok Vrba (izvor) - Muć | BCD 236 | BC4-01 |
| / | TPFLA_1 | <i>Polycentropus flavomaculatus</i> | rijeka Butišnica (srednji tok) - Golubić (uzvodno) | BCD 237 | BC4-02 |
| / | TLINC_1 | <i>Limnephilus cf. incisus</i> | potok Vrba (izvor) - Muć | BCD 238 | BC4-03 |
| / | TBDIR_1 | <i>Beraea dira</i> | rijeka Butišnica (srednji tok) - Golubić (uzvodno) | BCD 239 | BC4-04 |
| / | TPCON_1 | <i>Plectrocnemia conspresa</i> | rijeka Zrmanja (izvor) | BCD 240 | BC4-05 |
| / | TAAPF_1 | <i>Annitella sp.</i> | rijeka Zrmanja (izvor) | BCD 241 | BC4-06 |
| / | TMIC_1 | <i>Micropterna sp.</i> | rijeka Zrmanja (izvor) | BCD 242 | BC4-07 |
| / | TRBAL_2b | <i>Rhyacophila balcanica</i> | Belička reka, Makedonija | BCD 243 | BC4-08 |
| / | TMIC_2 | <i>Micropterna sp.</i> | rijeka Una (izvor) | BCD 244 | BC4-09 |
| / | TACRE_1 | <i>Adicella cremisa</i> | rijeka Zrmanja (srednji tok) - Palanka | BCD 245 | BC4-10 |
| / | TOCOS_1 | <i>Orthotrichia costalis</i> | rijeka Drava (srednji tok) - Gornji Hrašćan | BCD 246 | BC4-11 |
| / | TLIM_2 | <i>Limnephilidae,</i> | rijeka Dretulja (srednji tok) - Plaški | BCD 247 | BC4-12 |
| / | TABAL_1 | <i>Adicella cf. balcanica</i> | rijeka Krupa (donji tok) - Manastir | BCD 248 | BC4-13 |
| / | TRHY_1 | <i>Rhyacophila sp.</i> | potok Zeleni Vir (izvor) | BCD 249 | BC4-14 |
| / | TMIC_2 | <i>Micrasema sp.</i> | rijeka Korana (srednji tok) - Veljun | BCD 250 | BC4-15 |
| / | TCFUS_1 | <i>Chaetopteryx fusca</i> | rijeka Zagorska Mrežnica, izvor - Desmerice | BCD 251 | BC4-16 |
| / | TLINT_1 | <i>Leptocerus interruptus</i> | rijeka Dobra - Trošmarija | BCD 252 | BC4-17 |
| / | TCALB_1 | <i>Ceraclea albimacula, F</i> | rijeka Dobra - Novigrad na Dobri | BCD 253 | BC4-18 |
| / | TWCOP_1 | <i>Wormaldia copiosa</i> | rijeka Dobra - Kamičnik | BCD 254 | BC4-19 |
| / | TDRU_1 | <i>Drusus sp.</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | BCD 255 | BC4-20 |
| / | TLTIN_1 | <i>Leptocerus tineiformis</i> | rijeka Bednja - Ivanečka Železnica, Ivanec | BCD 256 | BC4-21 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP – Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|---------|--|--|---------|---------------------|
| / | TPCIN_1 | <i>Potamophylax cf. cingulatus</i> | potok Šumi (izvor) – Ivančica | BCD 257 | BC4-22 |
| / | TTUNI_1 | <i>Tinodes unicolor</i> | potok Šumi (izvor) – Ivančica | BCD 258 | BC4-23 |
| / | TAAPF_2 | <i>Annitella aphelfecki</i> | rijeka Četina - izvor Glavaš | BCD 259 | BC4-24 |
| / | THVEC_1 | <i>Hydroptila vectis</i> | rijeka Bednja - Ivanečka Železnica, Ivanec | BCD 260 | BC4-25 |
| / | TSVIB_1 | <i>Stenophylax cf. vibex</i> | rijeka Mirna - Kotli | BCD 261 | BC4-26 |
| / | TMNIG_1 | <i>Mystacides nigra</i> | rijeka Petrinjčica - Prnjavor Čuntički | BCD 262 | BC4-27 |
| / | TATES_1 | <i>Allogamus tessellatus</i> | rijeka Krapina (srednji tok) - Krapina Selo | BCD 263 | BC4-28 |
| / | TRDOP_1 | <i>Rhyacophila sp.</i> | rijeka Petrinjčica - Prnjavor Čuntički | BCD 264 | BC4-29 |
| / | TRTRI_4 | <i>Rhyacophila tristis</i> | potok Konavočica (izvor) - Vodovode, Palje, Konavle | BCD 265 | BC4-30 |
| / | TGNIG_2 | <i>Grammotaulius nigropunctatus</i> | rijeka Raša - izvor Grdak | BCD 266 | BC4-31 |
| / | TMTES_1 | <i>Micropterna testacea</i> | rijeka Lika (srednji tok) - Bilaj | BCD 267 | BC4-32 |
| / | TPWAG_1 | <i>Potamophylax wagneri</i> | potok Konavočica (izvor) - Vodovode, Palje, Konavle | BCD 268 | BC4-33 |
| / | TMWAG_1 | <i>Micropterna wagneri</i> | potok Konavočica (srednji tok) - Palje, Konavle | BCD 269 | BC4-34 |
| / | THYD_1 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Lika (srednji tok) - Bilaj | BCD 270 | BC4-35 |
| / | TLRHO_1 | <i>Limnephilus rhombicus</i> | rijeka Gacka (srednji tok) - Otočac | BCD 271 | BC4-36 |
| / | THSAX_2 | <i>Hydropsyche saxonica</i> | potok Vrba (izvor) - Muć | BCD 272 | BC4-37 |
| / | TWSUB_1 | <i>Wormaldia subterranea</i> | potok Konavočica (srednji tok) - Palje, Konavle | BCD 273 | BC4-38 |
| / | THFOR_1 | <i>Hydroptila forcipata</i> | rijeka Čabranka (donji tok, ušće) | BCD 274 | BC4-39 |
| / | TROBL_2 | <i>Rhyacophila obliterateda</i> | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija | BCD 275 | BC4-40 |
| / | THMAR_1 | <i>Hydroptila cf. martini</i> | rijeka Gacka (srednji tok) - Otočac | BCD 276 | BC4-41 |
| / | TAPAL_1 | <i>Allotrichia pallicornis</i> | rijeka Čabranka (donji tok, ušće) | BCD 277 | BC4-42 |
| / | TIRO_1 | <i>Ironoquia sp.</i> | potok Peratovica (izvor) - V. Peratovica, Bilogora | BCD 278 | BC4-43 |
| / | TRLOX_2 | <i>Rhyacophila loxias</i> | rijeka Veličanka - uzvodno od Požege | BCD 279 | BC4-44 |
| / | THANG_2 | <i>Hydropsyche cf. angustipenni</i> | potok Dubračina (donji tok)-Tribalj | BCD 280 | BC4-45 |
| / | THTES_2 | <i>Halesus tessellatus</i> | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija | BCD 281 | BC4-46 |
| / | THANG_3 | <i>Hydropsyche angustipennis,</i> | potok Dubračina (donji tok)-Tribalj | BCD 282 | BC4-47 |
| / | TPKLA_2 | <i>Psychomyia klapaleki</i> | rijeka Gacka (srednji tok) - Otočac | BCD 283 | BC4-48 |
| / | TPEXC_1 | <i>Polycentropus excisus</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | BCD 284 | BC4-49 |
| / | TDATR_1 | <i>Diplectrona cf. atra (felix)</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | BCD 285 | BC4-50 |
| / | TDATR_2 | <i>Diplectrona cf. atra (felix)</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | BCD 286 | BC4-51 |
| / | DIPL_1 | <i>Diplectrona cf. atra (felix)</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | BCD 637 | BC9-01 |
| / | DSPH_2 | <i>Diplectrona cf. atra (felix)</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | BCD 638 | BC9-02 |
| / | DSPH_4 | <i>Diplectrona cf. atra (felix)</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | BCD 639 | BC9-03 |
| / | DATH_1 | <i>Diplectrona cf. atra (felix) - MK</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | BCD 640 | BC9-04 |
| / | DATH_3 | <i>Diplectrona cf. atra (felix) -</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, | BCD 641 | BC9-05 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP – Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|---------|--|--|---------|---------------------|
| | | MK | Velika, Papuk | | |
| / | DATH_4 | <i>Diplectrona cf. atra (felix)</i> - MK | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | BCD 642 | BC9-06 |
| / | DATH_6 | <i>Diplectrona cf. atra (felix)</i> - AP | potok Dubočanka - Papuk | BCD 643 | BC9-07 |
| / | DATH_8 | <i>Diplectrona cf. atra (felix)</i> - AP | potok Dubočanka - Papuk | BCD 644 | BC9-08 |
| | DATH_8 | <i>Diplectrona cf. atra (felix)</i> - AP | potok Dubočanka - Papuk | BCD 645 | BC9-09 |
| | DATH_10 | <i>Diplectrona cf. atra (felix)</i> - AP | potok Dubočanka - Papuk | BCD 646 | BC9-10 |
| | DATBH_1 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - AP | Sutjeska, NP utjeska, Jabučica sastavci, Bosna i Hercegovina | BCD 647 | BC9-11 |
| | DATKO_1 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - HI | odujevë Municipality, selo Murgull izvor rijeke Llap kod glavne ceste, Kosovo | BCD 648 | BC9-12 |
| | DATKO_2 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - HI | odujevë Municipality, selo Murgull izvor rijeke Llap kod glavne ceste, Kosovo | BCD 649 | BC9-13 |
| | DATKO_4 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - HI | odujevë Municipality, selo Murgull izvor rijeke Llap kod glavne ceste, Kosovo | BCD 650 | BC9-14 |
| | DATKO_5 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - HI | Drini burim, Pejë Municipality, selo Radac, izvorišno područje rijeka Drini i Bardhë, Kosovo | BCD 651 | BC9-15 |
| | DATKO_6 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - HI | Bajgorë, Mitrovicë Municipality, izvor rijeke Kaçandoll River kod glavne ceste, Kosovo | BCD 652 | BC9-16 |
| | DATMK_1 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - HI | Mavrovo, Rosočki livadi, Kalin izvor, rijeka Rosočka, Makedonija | BCD 653 | BC9-17 |
| | DATMK_2 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - HI | Mavrovo, Rosočki livadi, Kalin izvor, rijeka Rosočka, Makedonija | BCD 654 | BC9-18 |
| | DATMN_1 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - MK | Aksov potok, Andrijevića, Crna Gora | BCD 655 | BC9-19 |
| | DATMN_3 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - MK | Desni pritok Zlorečice, Andrijevića, Crna Gora | BCD 656 | BC9-20 |
| | DATMN_4 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - MK | Rajeva rijeka, Andrijevića, Crna Gora | BCD 657 | BC9-21 |
| | DATMN_5 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - MK | Murinska rijeka, izvor, Crna Gora | BCD 658 | BC9-22 |
| | DATMN_6 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - MK | Murinska rijeka, izvor, Crna Gora | BCD 659 | BC9-23 |
| | DVAAL_1 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - MK | potok u selu Moglicë, Korçë, Opari Albanija | BCD 660 | BC9-24 |
| | DVAAL_2 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - MK | potok u selu Moglicë, Korçë, Opari Albanija | BCD 661 | BC9-25 |
| | DVAAL_3 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - MK | potok u selu Moglicë, Korçë, Opari Albanija | BCD 662 | BC9-26 |
| | DVAAL_4 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - MK | potok u selu Moglicë, Korçë, Opari Albanija | BCD 663 | BC9-27 |
| | DVAAL_5 | <i>Diplectrona cf. atra</i> - MK | potok u selu Moglicë, Korçë, Opari Albanija | BCD 664 | BC9-28 |
| | DFEFR_1 | <i>Diplectrona felix</i> - MK | Leoinassiere, Francuska | BCD 665 | BC9-29 |
| | DFEFR_2 | <i>Diplectrona felix</i> - MK | Leoinassiere, Francuska | BCD 666 | BC9-30 |
| | DFEFR_3 | <i>Diplectrona felix</i> - MK | Leoinassiere, Francuska | BCD 667 | BC9-31 |
| | DFEFR_4 | <i>Diplectrona felix</i> - MK | Leoinassiere, Francuska | BCD 668 | BC9-32 |
| | DATFR_1 | <i>Diplectrona atra</i> - MK | Belvoeer, Doubs, Francuska | BCD 669 | BC9-33 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP – Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|---------|--|---|---------|---------------------|
| | DATFR_2 | <i>Diplectrona atra</i> - MK | Belvoeer, Doubs, Francuska | BCD 670 | BC9-34 |
| | DATFR_3 | <i>Diplectrona atra</i> - MK | Belvoeer, Doubs, Francuska | BCD 671 | BC9-35 |
| | DATFR_4 | <i>Diplectrona atra</i> - MK | Belvoeer, Doubs, Francuska | BCD 672 | BC9-36 |
| / | TBEM_1 | <i>Beremyia sp.</i> | rijeka Cetina - Radmanove Mlinice | BCD 287 | BC4-52 |
| / | TAGA_1 | <i>Agapetinae</i> | potok Vrklješće, izvor - Velika Rakovic, Samoborsko gorje | BCD 288 | BC4-53 |
| / | TLEP_2 | <i>Leptoceridae</i> | rijeka Kupčina - Lazina | BCD 289 | BC4-54 |
| / | TLIM_1 | <i>Limnephilidae</i> | rijeka Kupa - izvor | BCD 290 | BC4-55 |
| / | TBER_1 | <i>Beraeidae</i> | rijeka Čabranka (donji tok, ušće) | BCD 291 | BC4-56 |
| / | TPOT_1 | <i>Potamophylax sp.</i> | rijeka Korana - Plitvička jezera | BCD 292 | BC4-57 |
| / | TLISI_1 | <i>Lithax sp./Silo sp.</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | BCD 293 | BC4-58 |
| / | TSET_1 | <i>Setodes viridis/bulgaricus</i> | rijeka Korana - Bogovolja | BCD 294 | BC4-59 |
| / | TPHA_1 | <i>Psychomia sp.</i> | rijeka Norin, ušće - Metković | BCD 295 | BC4-60 |
| / | TPOT_2 | <i>Potamophylax sp.</i> | rijeka Gacka (izvor) - Tonkovića vrilo | BCD 296 | BC4-61 |
| / | TEARI_1 | <i>Ernodes aricularis</i> - AP | potok Dubočanka - Papuk | BCD 297 | BC4-62 |
| / | TDCHR_1 | <i>Drusus chrysotus</i> - AP | rijeka Dobra - izvor | BCD 298 | BC4-63 |
| / | TEIVK_1 | <i>Ecclisopteryx ivkae</i> - AP | rijeka Cetina - izvor Glavaš | BCD 299 | BC4-64 |
| / | TSNIG_1 | <i>Silo nigricornis</i> - AP | potok Križ - Lazac Lokvarski | BCD 300 | BC4-65 |
| / | THDIN_1 | <i>Hydropsyche dinarica</i> - AP | rijeka Čabranka - most nizvodno od Čabra | BCD 301 | BC4-66 |
| / | TEVIC_1 | <i>Ernodes vicinus</i> - AP | potok Zeleni Vir (izvor) | BCD 302 | BC4-67 |
| / | TBSUB_1 | <i>Brachycentrus subnubilus</i> - AP | rijeka Čabranka - nizvodno od Mandli | BCD 303 | BC4-68 |
| / | TBSCH_1 | <i>Beremyia schmidi</i> - AP | jezero Ciganovac - NP Plitvička jezera | BCD 304 | BC4-69 |
| / | TAGA_2 | <i>Chaetopteryx sp.</i> | potok Vrklješće, izvor - Velika Rakovic, Samoborsko gorje | BCD 308 | BC4-73 |
| / | TONOT_1 | <i>Oecetis notata</i> | rijeka Raša - izvor Grdak | BCD 309 | BC4-74 |
| / | TSPAL_1 | <i>Silo cf. pallipes</i> | potok Mlini (izvor) | BCD 310 | BC4-75 |
| / | TPFLA_2 | <i>Polycentropus flavomaculatus</i> | rijeka Lika (srednji tok) - Bilaj | BCD 311 | BC4-76 |
| / | TLHIT_1 | <i>Lepidostoma hirtum</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | BCD 312 | BC4-77 |
| / | TSIL_1 | <i>Silo sp.</i> - RČ | Konavle izvor Vrelo | BCD 313 | BC4-78 |
| / | THSPA_1 | <i>Hydroptila sparsa</i> | rijeka Neretva (donji tok) - Opuzen | BCD 314 | BC4-79 |
| / | TPLAT_5 | <i>Potamophylax latipennis</i> | Vevčani-Makedonija | BCD 315 | BC4-80 |
| / | TRHIT_2 | <i>Rhyacophila hirticornis</i> | potok Crkveni jarak (srednji tok) | BCD 316 | BC4-81 |
| / | THSPA_2 | <i>Hydroptila sparsa</i> | rijeka Neretva (donji tok) - Opuzen | BCD 317 | BC4-82 |
| / | TAGA_3 | <i>Agapetus sp.</i> | potok Vrklješće, izvor - Velika Rakovic, Samoborsko gorje | BCD 318 | BC5-01 |
| / | TLGRI_1 | <i>Limnephilus griseus</i> | rijeka Krapina (srednji tok) - Krapina Selo | BCD 319 | BC5-02 |
| / | TCALB_2 | <i>Ceraclea albimacula</i> -DC | rijeka Dobra - Novigrad na Dobri | BCD 320 | BC5-03 |
| / | TPROT_2 | <i>Potamophylax rotundipennis</i> | izvor Škodinovac - Bastaji | BCD 321 | BC5-04 |
| / | TRLOX_3 | <i>Rhyacophila loxias</i> | Reč, Mavrovo, Makedonija | BCD 322 | BC5-05 |
| / | THBUB_2 | <i>Hydropsyche bulbifera</i> | rijeka Bednja - Ivanečka Železnica, Ivanec | BCD 323 | BC5-06 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP – Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|----------|--|--|---------|---------------------|
| / | TLINT_2 | <i>Leptocerus interruptus</i> | rijeka Cetina - Radmanove Mlinice | BCD 324 | BC5-07 |
| / | TWCOP_2 | <i>Wormaldia copiosa</i> | rijeka Čabranka (izvor) - Čabar | BCD 325 | BC5-08 |
| / | THINC_1a | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Mirna - Livade | BCD 326 | BC5-09 |
| / | TPLAT_6 | <i>Potamophylax latipennis</i> | rijeka Gacka (izvor) - Tonkovića vrilo | BCD 327 | BC5-10 |
| / | TSFLA_4 | <i>Sericostoma cf. flavicorne</i> | rijeka Voćnska (izvor) - Voćin | BCD 328 | BC5-11 |
| / | TAFUR_2 | <i>Anabolia furcata</i> | potok Jelinska-Gornja Jelinska | BCD 329 | BC5-12 |
| / | TPMON_2 | <i>Philopotamus montanus</i> | potok Šumi (izvor) – Ivančica | BCD 330 | BC5-13 |
| / | TSFLA_5 | <i>Sericostoma cf. flavicorne</i> | potok Konavočica (srednji tok) - Palje, Konavle | BCD 331 | BC5-14 |
| / | TOALB_2 | <i>Odontocerum albicorne</i> | rijeka Dretulja (srednji tok) - Plaški | BCD 332 | BC5-15 |
| / | TAOCH_1a | <i>Agapetus ochripes</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | BCD 333 | BC5-16 |
| / | TRDOR_1a | <i>Rhyacophila dorsalis</i> | rijeka Sutla (srednji tok) - Zelenjak, Kumrovec | BCD 334 | BC5-17 |
| / | TGKLO_1a | <i>Glossosoma cf. klotho</i> | Mala reka, Mavrovo, Makedonija | BCD 335 | BC5-18 |
| / | TTANO_1a | <i>Thremna anomalum</i> | izvor Strežimirske reke, NP Mavrovo, Makedonija | BCD 336 | BC5-19 |
| AC_1 | TLSPA_1 | <i>Limnephilus sparsus</i> | rijeka Lika - izvor | BCD 337 | BC5-1 |
| AC_2 | TMLAT_1 | <i>Micropterna lateralis</i> | rijeka Lika - izvor | BCD 338 | BC5-21 |
| AC_3 | TLEXT_1 | <i>Limnephilus extricatus</i> | rijeka Lika - izvor | BCD 339 | BC5-22 |
| AC_4 | TGNIG_3 | <i>Grammotaulius nigropunctatus</i> | Bijeli potoci - Kamensko, Korenica | BCD 340 | BC5-23 |
| AC_5 | TGPEL_1 | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> | Bijeli potoci - Kamensko, Korenica | BCD 341 | BC5-24 |
| AC_6 | TLVIT_1 | <i>Limnephilus vittatus</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | BCD 342 | BC5-25 |
| AC_7 | TRSCH_1 | <i>Rhyacophila schmidinarca</i> | izvor na Bjelolasici | BCD 343 | BC5-26 |
| AC_8 | TPCON_2 | <i>Plectrocnemia cospresa</i> | izvor na Bjelolasici | BCD 344 | BC5-27 |
| AC_9 | TLLUN_1 | <i>Limnephilus lunatus</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | BCD 345 | BC5-28 |
| AC_10 | TNCIL_1 | <i>Notobia ciliaris</i> | izvor Škodinovac - Bastaji | BCD 346 | BC5-29 |
| AC_11 | TTMIN_1 | <i>Trichostegia minor</i> | rijeka Gacka (izvor) - Mejerovo vrilo | BCD 347 | BC5-30 |
| AC_12 | TAOCH_2 | <i>Agapetus ochripes</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | BCD 348 | BC5-31 |
| AC_13 | TRTRI_5 | <i>Rhyacophila tristis</i> | potok Konavočica (izvor) - Vodovode, Palje, Konavle | BCD 349 | BC5-32 |
| AC_14 | TMASP_2 | <i>Mesophylax cf. aspersus</i> | potok Peratovica (srednji tok) - Bilogora | BCD 350 | BC5-33 |
| AC_15 | THINC_4 | <i>Hydropsyche cf. incognita</i> | rijeka Butišnica (srednji tok) - Golubić (uzvodno) | BCD 351 | BC5-34 |
| AC_16 | TSMIT_2 | <i>Stenophylax cf. mitis</i> | lokva Beli - otok Cres | BCD 352 | BC5-35 |
| AC_17 | TGCON_2 | <i>Glossosoma conformis</i> | potok Bliznec (srednji tok) - javna ustanova PP Medvednica | BCD 353 | BC5-36 |
| AC_18 | TTOCL_2 | <i>Triaenodes ochrellus lefkas</i> | rijeka Mislina (donji tok) - Mlinište | BCD 354 | BC5-37 |
| AC_19 | TSKRA_1 | <i>Synagapetus krawanyi</i> | izvor Škodinovac - Bastaji | BCD 355 | BC5-38 |
| AC_20 | TCFUS_2 | <i>Chaetopteryx fusca</i> - DC | rijeka Dobra - kanjon | BCD 356 | BC5-39 |
| AC_21 | POL_2 | <i>Polycentropus sp.</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | BCD 357 | BC5-40 |
| AC_22 | TMNYC_2 | <i>Micropterna nycterobia</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | BCD 358 | BC5-41 |
| AC_23 | TDCRO_2 | <i>Drusus croaticus</i> | izvor na Bjelolasici | BCD 359 | BC5-42 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP –Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|---------|--|--|---------|---------------------|
| AC_24 | TRTRI_6 | <i>Rhyacophila tristis</i> | izvor Škodinovac - Bastaji | BCD 360 | BC5-43 |
| AC_25 | TDCRO_3 | <i>Drusus croaticus</i> | rijeka Gacka (izvor) - Mejerovo vrilo | BCD 361 | BC5-44 |
| AC_26 | TRLOX_4 | <i>Rhyacophila loxias</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | BCD 362 | BC5-45 |
| AC_27 | TDDIS_1 | <i>Drusus discolor</i> | rijeka Čabranka (izvor) - Čabar | BCD 363 | BC5-46 |
| AC_28 | TCMAJ_2 | <i>Chaetopteryx major</i> | potok Bliznec (srednji tok) - javna ustanova PP Medvednica | BCD 364 | BC5-47 |
| AC_29 | TMLAT_2 | <i>Micropterna lateralis</i> | potok Peratovica (srednji tok) - Bilogora | BCD 365 | BC5-48 |
| AC_30 | TLTIN_2 | <i>Leptocerus tineiformis</i> | jezero Ponikve - otok Krk | BCD 366 | BC5-49 |
| AC_31 | TPNIG_1 | <i>Potamophylax nigricornis</i> | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija | BCD 367 | BC5-50 |
| AC_32 | TPGRA_1 | <i>Phryganea grandis</i> | rijeka Dunav - Zlatna Greda | BCD 368 | BC5-51 |
| AC_33 | TSPUN_1 | <i>Setodes punctatus</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | BCD 369 | BC5-52 |
| AC_34 | TLRHO_2 | <i>Limnephilus rhombicus</i> | potok Štirovača (gornji tok, izvor) - srednji Velebit | BCD 370 | BC5-53 |
| AC_35 | TOLAC_1 | <i>Oecetis lacustris</i> | potok Peratovica (srednji tok) - Bilogora | BCD 371 | BC5-54 |
| AC_36 | TLSPA_2 | <i>Limnephilus sparsus</i> | rijeka Dretulja (srednji tok) - Plaški | BCD 372 | BC5-55 |
| AC_37 | TMTES_2 | <i>Micropterna testacea</i> | rijeka Lika | BCD 373 | BC5-56 |
| AC_38 | TOTES_1 | <i>Oecetis testacea</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 374 | BC5-57 |
| AC_39 | TGPEL_2 | <i>Glyptotaelius pellucidus</i> | potok Jelenska (gornji tok) - Gornja Jelenska | BCD 375 | BC5-58 |
| AC_40 | TLBIN_1 | <i>Limnephilus bipunctatus</i> | rijeka Dunav - Zlatna Greda | BCD 376 | BC5-59 |
| AC_41 | TGLOS_1 | <i>Glossosoma sp.</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | BCD 377 | BC5-60 |
| AC_42 | TBDIR_2 | <i>Beraea dira</i> | potok Mlini (srednji tok) - Ugrini | BCD 378 | BC5-61 |
| AC_43 | TMTES_3 | <i>Micropterna testacea</i> | rijeka Gacka (izvor) - Mejerovo vrilo | BCD 379 | BC5-62 |
| AC_44 | TRSCH_2 | <i>Rhyacophila schmidinarka</i> | rijeka Kupčina - Žumberak | BCD 380 | BC5-63 |
| AC_45 | TCGON_1 | <i>Chaetopteryx gonospina</i> | Pašina vrela - iznad sela Mečenčani | BCD 381 | BC5-64 |
| AC_46 | THSAX_3 | <i>Hydropsyche saxonica</i> | potok Mlini (srednji tok) - Ugrini | BCD 382 | BC5-65 |
| AC_47 | TLING_1 | <i>Limnephilus hirsutus</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | BCD 383 | BC5-66 |
| AC_48 | TOFUR_2 | <i>Oecetis furva</i> | rijeka Mislina (donji tok) - Mlinište | BCD 384 | BC5-67 |
| AC_49 | TRDOP_3 | <i>Rhyacophila dorsalis persimilis</i> | rijeka Mirna - Kotli | BCD 385 | BC5-68 |
| AC_50 | TPLUC_3 | <i>Potamophylax .luctuosus</i> | Pašina vrela - iznad sela Mečenčani | BCD 386 | BC5-69 |
| AC_51 | TRTRI_7 | <i>Rhyacophila tristis</i> | potok Konavočica (izvor) - Vodovode, Palje, Konavle | BCD 387 | BC5-70 |
| AC_52 | TTDIV_2 | <i>Tinodes dives</i> | potok Trsteno - Trsteno | BCD 388 | BC5-71 |
| AC_53 | TACIN_2 | <i>Athripsodes cinereus</i> | rijeka Lika-Gornji Kosinj | BCD 389 | BC5-72 |
| AC_54 | TLAFL_2 | <i>Limnephilus affinis</i> | jezero Ponikve - otok Krk | BCD 390 | BC5-73 |
| AC_55 | TTWAE_2 | <i>Tinodes waeneri</i> | Vransko jezero-otok Cres | BCD 391 | BC5-74 |
| AC_56 | THDIG_2 | <i>Halesus digitatus</i> | rijeka Riječina (izvor) | BCD 392 | BC5-75 |
| AC_57 | THINC_5 | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Voćnska (izvor) - Voćin | BCD 393 | BC5-76 |
| AC_58 | TPKLA_3 | <i>Psychomyia klapaleki</i> | rijeka Zrmanja (donji tok) - most kod Kaštel Žegarskog | BCD 395 | BC5-78 |
| AC_59 | TAETE_2 | <i>Athripsodes aterrimus</i> | rijeka Cetina, kanal Brkljača - Sinjsko | BCD 394 | BC5-77 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP –Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|----------|--|--|---------|---------------------|
| | | | polje | | |
| AC_60 | THINS_2 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | potok Velika Paklenica-Anića kuk | BCD 396 | BC5-79 |
| AC_61 | TTPAL_2 | <i>Tinodes pallidulus</i> | potok Trsteno - Trsteno | BCD 397 | BC6-80 |
| AC_62 | THDIG_3 | <i>Halesus digitatus</i> | rijeka Veličanka - uzvodno od Požege | BCD 398 | BC5-81 |
| AC_63 | THBUB_3 | <i>Hydropsyche bulbifera</i> | rijeka Gacka (srednji tok) - Otočac | BCD 399 | BC5-01 |
| AC_64 | TLING_2 | <i>Limnephilus ignavus</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | BCD 400 | BC5-02 |
| AC_65 | THMOD_2 | <i>Hydropsyche modesta</i> | rijeka Mirna - Livade | BCD 401 | BC5-03 |
| AC_66 | TEKER_3 | <i>Ecclisopteryx keroveci</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | BCD 402 | BC5-04 |
| AC_67 | TRINS_3 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | BCD 403 | BC5-05 |
| AC_68 | THTES_3 | <i>Halesus tessellatus</i> | rijeka Rijeka - Bastaji, Papuk | BCD 404 | BC5-06 |
| AC_69 | TDCRO_4 | <i>Drusus croaticus</i> | rijeka Gacka (izvor) - Mejerovo vrilo | BCD 405 | BC5-07 |
| AC_70 | TLIM_3 | <i>Limnephilidae., F</i> | jama pod sv. Jurom - Biokovo | BCD 406 | BC6-08 |
| AC_71 | TTUNI_2 | <i>Tinodes unicolor</i> | potok Vrba (izvor) - Muć | BCD 407 | BC6-09 |
| AC_72 | TPCON_3 | <i>Plectrocnemia conspersa</i> | potok Plitvice, izvor - Plitvica Selo | BCD 408 | BC6-10 |
| AC_73 | TMIC_3m | <i>Micropterna fissa</i> | Mokre noge, jama - Biokovo | BCD 409 | BC6-11 |
| AC_74 | TSPAL_2 | <i>Silo pallipes</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | BCD 410 | BC6-12 |
| AC_75 | TPIRR_2 | <i>Polycentropus irroratus,</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | BCD 411 | BC6-13 |
| AC_76 | TOALB_3 | <i>Odontocerum albicorne</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | BCD 412 | BC6-14 |
| AC_77 | TCLEP_3f | <i>Cheumatopsyche lepida</i> | rijeka Mura (donji tok) - Goričan | BCD 413 | BC6-15 |
| AC_78 | TSPER_2 | <i>Stenophylax permistus</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | BCD 414 | BC6-16 |
| AC_79 | TACIN_3 | <i>Athripsodes cinereus</i> | rijeka Lika - izvor | BCD 415 | BC6-17 |
| AC_80 | THINS_4 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | rijeka Riječina (izvor) | BCD 416 | BC6-18 |
| AC_81 | TMIC_3f | <i>Micropterna fissa</i> | Mokre noge, jama - Biokovo | BCD 417 | BC6-19 |
| AC_82 | TTUNI_1a | <i>Tinodes unicolor</i> | potok Šumi (izvor) – Ivančica | BCD 418 | BC6-20 |
| AC_83 | TMSEQ_2 | <i>Micropterna sequax</i> | Mokre noge, jama - Biokovo | BCD 419 | BC6-21 |
| AC_84 | TGNER_1 | <i>Glossosoma neretvae</i> | rijeka Neretva - Žitomislić, BiH | BCD 420 | BC6-22 |
| AC_85 | TLHIT_2 | <i>Lepidostoma hirtum</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | BCD 421 | BC6-23 |
| AC_86 | TLIM_4 | <i>Limnephilidae.</i> | Jama Vjetrova - Crnopac | BCD 422 | BC6-24 |
| AC_87 | TMWAG_2 | <i>Micropterna wagneri</i> | Jama pod sv. Jurom - Biokovo | BCD 423 | BC6-25 |
| AC_88 | TGBUN_1 | <i>Glossosoma bunae</i> | rijeka Buna - Mostar, BiH | BCD 424 | BC6-26 |
| AC_89 | THANG_1 | <i>Hydroptila angulata</i> | rijeka Bednja - Ivanečka Železnica, Ivanec | BCD 425 | BC6-27 |
| AC_90 | TGDIS_6 | <i>Glossosoma discophorum</i> | potok Plitvice, izvor - Plitvica Selo | BCD 426 | BC6-28 |
| AC_91 | TRPRAE_1 | <i>Rhyacophila cf.praemosa</i> | potok Jankovac (gornji tok) - zapadno od Orahovca, Papuk | BCD 427 | BC6-29 |
| AC_92 | TTROS_1 | <i>Tinodes rostocki</i> | potok Jankovac (gornji tok) - zapadno od Orahovca, Papuk | BCD 428 | BC6-30 |
| AC_93 | TGNER_2 | <i>Glossosoma neretvae</i> | rijeka Neretva - Žitomislić, BiH | BCD 429 | BC6-31 |
| AC_94 | THCON_2 | <i>Hydropsyche conturbenalis,</i> | potok Bistra (srednji tok) - Bistra, Medvednica | BCD 430 | BC6-32 |
| AC_95 | TACIN_4 | <i>Athripsodes cinereus,</i> | rijeka Korana (srednji tok) - Veljun | BCD 431 | BC6-33 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP – Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|---------|--|--|---------|---------------------|
| AC_96 | TILAM_2 | <i>Ithytrichia lamellaris</i> | rijeka Krapina | BCD 432 | BC6-34 |
| AC_97 | TWOC_3 | <i>Wormaldia occipitalis</i> | izvor Škodinovac - Bastaji | BCD 433 | BC6-35 |
| AC_98 | TOFLA_2 | <i>Oxyethira flavicornis</i> | rijeka Lika (srednji tok) - Bilaj | BCD 434 | BC6-36 |
| AC_99 | THSPA_3 | <i>Hydroptila sparsa</i> | rijeka Bednja - Ivanečka Železnica, Ivanec | BCD 435 | BC6-37 |
| AC_100 | TRAUR_3 | <i>Rhyacophila cf. aurata</i> | rijeka Petrinjčica - Prnjavor Čuntićki | BCD 436 | BC6-38 |
| AC_101 | TASYR_3 | <i>Adicella syriaca</i> | rijeka Krapina (srednji tok) - Krapina Selo | BCD 437 | BC6-39 |
| AC_102 | TDSCH_2 | <i>Drusus schmidi</i> | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija | BCD 438 | BC6-40 |
| AC_103 | TLRED_2 | <i>Lype reducta/phaeopa</i> | rijeka Krapina (srednji tok) - Krapina Selo | BCD 439 | BC6-41 |
| AC_104 | TGDIS_7 | <i>Glossosoma discophorum</i> | rijeka Cetina - Vrilo, Mali Rumin | BCD 440 | BC6-42 |
| AC_105 | TRBAL_3 | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> | potok pritok Cetine (izvor Nela) - Cijljane | BCD 441 | BC6-43 |
| AC_106 | TCTRI_2 | <i>Cyrnus trimaculatus</i> | rijeka Bednja - Ivanečka Železnica, Ivanec | BCD 442 | BC6-44 |
| AC_107 | TPPAL_3 | <i>Potamophylax pallidulus</i> | pritok rijeke Maje, Banovina | BCD 443 | BC6-45 |
| AC_108 | TSPAL_3 | <i>Silo pallipes</i> | rijeka Slunjčica (izvor) | BCD 444 | BC6-46 |
| AC_109 | THTES_4 | <i>Halesus tessellatus</i> | potok Peratovica (srednji tok) - Bilogora | BCD 445 | BC6-47 |
| AC_110 | TDSCH_3 | <i>Drusus schmidi</i> | rijeka Veličanka - uzvodno od Požege | BCD 446 | BC6-48 |
| AC_111 | TPIRR_3 | <i>Polycentropus irroratus</i> , | rijeka Lika-Kosinj | BCD 447 | BC6-49 |
| AC_112 | TLRHO_3 | <i>Limnephilus rhombicus</i> , | izvor Česma - Vrlika | BCD 448 | BC6-50 |
| AC_113 | TCMAJ_3 | <i>Chaetopteryx major</i> | rijeka Rijeka - Bastaji, Papuk | BCD 449 | BC6-51 |
| AC_114 | TOTES_2 | <i>Oecetis testacea</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 450 | BC6-52 |
| AC_115 | TAOCH_3 | <i>Agapetus ochripes</i> | rijeka Lika - izvor | BCD 451 | BC6-53 |
| AC_116 | TDBOT_1 | <i>Drusus botosaneanu</i> | NP Mavrovo, Mavrovska reka, Makedonija | BCD 452 | BC6-54 |
| AC_117 | TSFLA_6 | <i>Sericostoma flavicorne</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | BCD 453 | BC6-55 |
| AC_118 | TDPLI_1 | <i>Drusus plicatus</i> | izvor Galičke reke, Mavrovo, Makedonija | BCD 454 | BC6-56 |
| AC_119 | TWOCI_4 | <i>Wormaldia occipitalis</i> | izvor Napojište - Plitvički Ljeskovac | BCD 455 | BC6-57 |
| AC_120 | TGPEL_4 | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> | izvor Napojište - Plitvički Ljeskovac | BCD 456 | BC6-58 |
| AC_121 | TRSCH_3 | <i>Rhyacophila schmidinarca</i> | izvor Napojište - Plitvički Ljeskovac | BCD 457 | BC6-59 |
| AC_122 | TLLUN_2 | <i>Limnephilus lunatus</i> | potok Plitvice, izvor - Plitvica Selo | BCD 458 | BC6-60 |
| AC_123 | TONOT_2 | <i>Oecetis notata</i> | rijeka Gacka (izvor) - Mejerovo vrilo | BCD 459 | BC6-61 |
| AC_124 | TPFLA_3 | <i>Polycentropus flavomaculatus</i> - DC | rijeka Dobra - Lešće | BCD 460 | BC6-62 |
| AC_125 | THBUL_4 | <i>Hydropsyche bulgaroromanorum</i> | rijeka Gacka (izvor) - Majerovo vrilo | BCD 461 | BC6-63 |
| AC_126 | TLFLA_1 | <i>Limnephilus flavomaculatus</i> | rijeka Gacka (izvor) - Majerovo vrilo | BCD 462 | BC6-64 |
| AC_127 | TPPAL_4 | <i>Potamophylax pallidulus</i> | izvor Napojište - Plitvički Ljeskovac | BCD 463 | BC6-65 |
| AC_128 | TCKEM_1 | <i>Crunoecia kempyi</i> | izvor Napojište - Plitvički Ljeskovac | BCD 464 | BC6-66 |
| AC_129 | TCTRI_3 | <i>Cyrnus trimaculatus</i> | rijeka Dobra - Lešće | BCD 465 | BC6-67 |
| AC_130 | TPCON_4 | <i>Plectrocnemia conspersa</i> | izvor Drakulić rijeke | BCD 466 | BC6-68 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP – Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|---------|--|--|---------|---------------------|
| AC_131 | THINC_6 | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Dobra - Lešće | BCD 467 | BC6-69 |
| AC_132 | TONOT_3 | <i>Oecetis notata</i> | rijeka Dobra - Lešće | BCD 468 | BC6-70 |
| AC_133 | TMAZU_2 | <i>Mystacides azurea</i> | Biokovo, Zagvozd | BCD 469 | BC6-71 |
| AC_134 | TETEN_3 | <i>Enomus tenellus</i> | rijeka Dobra - Trošmrija | BCD 470 | BC6-72 |
| AC_135 | THINS_5 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | potok Plitvice, izvor - Plitvica Selo | BCD 471 | BC6-73 |
| AC_136 | TAVAR_2 | <i>Agrypnia varia</i> | izvor Grude | BCD 473 | BC6-75 |
| AC_137 | TMYS_3 | <i>Mystacides sp.</i> | rijeka Cetina - Čikotina lada | BCD 472 | BC6-74 |
| AC_138 | TMASP_3 | <i>Mesophylax aspersus</i> | izvor Rabac | BCD 474 | BC6-76 |
| AC_139 | TTUNI_3 | <i>Tinodes unicolor</i> | izvor Čerišnjevac - Pazin | BCD 475 | BC6-77 |
| AC_140 | TPKLA_4 | <i>Psychomyia klapaleki</i> | rijeka Zrmanja (srednji tok) - Palanka | BCD 476 | BC6-78 |
| AC_141 | TGDIS_8 | <i>Glossosoma discophorum</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | BCD 477 | BC6-79 |
| AC_142 | THINS_6 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | BCD 478 | BC6-80 |
| AC_143 | TBPUL_1 | <i>Beraea pullata</i> | izvor Napojište - Plitvički Ljeskovac | BCD 478 | BC7-01 |
| AC_144 | TLRED_3 | <i>Lype cf. reducta</i> | izvor Čerišnjevac - Pazin | BCD 479 | BC7-02 |
| AC_145 | TTUNI_4 | <i>Tinodes unicolor</i> | izvor Rabac | BCD 480 | BC7-03 |
| AC_146 | TPCON_5 | <i>Plectrocnemia conspersa</i> | potok Plitvice, izvor - Plitvica Selo | BCD 481 | BC7-04 |
| AC_147 | THINC_7 | <i>Hydropsyche cf. incognita</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | BCD 482 | BC7-05 |
| AC_148 | TOALB_4 | <i>Odontocerum albicorne</i> | rijeka Zrmanja (srednji tok) - Palanka | BCD 483 | BC7-06 |
| AC_149 | TMASP_4 | <i>Mesophylax aspersus, F</i> | izvor Rabac | BCD 484 | BC7-07 |
| AC_150 | TRSCH_4 | <i>Rhyacophila schmidinarca</i> | izvor Napojište - Plitvički Ljeskovac | BCD 485 | BC7-08 |
| AC_151 | THYP_2 | <i>Hydroptila sp.</i> | rijeka Cetina - Čikotina lada | BCD 486 | BC7-09 |
| AC_152 | TAPAL_2 | <i>Allotrichia cf. pallicornis</i> | rijeka Cetina - Čikotina lada | BCD 487 | BC7-10 |
| AC_153 | TRIC_1 | <i>Trichoptera</i> | rijeka Cetina - Čikotina lada | BCD 488 | BC7-11 |
| AC_154 | THYP_3 | <i>Hydroptila sp.</i> | izvor Čerišnjevac - Pazin | BCD 489 | BC7-12 |
| AC_155 | TLIM_4 | <i>Limnephilidae</i> | izvor Ružicov | BCD 490 | BC7-13 |
| AC_156 | THFOR_2 | <i>Hydroptila forcipata</i> | rijeka Cetina - Čikotina lada | BCD 491 | BC7-14 |
| AC_157 | TTWAE_3 | <i>Tinodes waeneri</i> | rijeka Krka - NP Krka, desna obala, pristanište za brodove | BCD 492 | BC7-15 |
| AC_158 | TLMAR_1 | <i>Limnephilus marmoratus</i> | rijeka Krka - NP Krka, desna obala, pristanište za brodove | BCD 493 | BC7-16 |
| AC_159 | TPPUS_3 | <i>Psychomyia pusilla</i> | rijeka Rijeka - Bastaji, Papuk | BCD 494 | BC7-17 |
| AC_160 | TTWAE_4 | <i>Tinodes waeneri</i> | rijeka Krka - NP Krka, desna obala, pristanište za brodove | BCD 495 | BC7-18 |
| AC_161 | TRLOX_5 | <i>Rhyacophila loxias</i> | potok Jankovac (gornji tok) - zapadno od Orahovca, Papuk | BCD 496 | BC7-19 |
| AC_162 | TPPUS_4 | <i>Psychomyia pusilla</i> | potok Dubračina (donji tok)-Tribalj | BCD 497 | BC7-20 |
| AC_163 | TLMAR_2 | <i>Limnephilus marmoratus</i> | rijeka Krka - NP Krka, desna obala, pristanište za brodove | BCD 498 | BC7-21 |
| AC_164 | TPPUS_5 | <i>Psychomyia pusilla</i> | rijeka Žirovnica (gornji tok) - Gvozdansko | BCD 499 | BC7-22 |
| AC_165 | TCTRI_4 | <i>Cyrnus trimaculatus</i> | rijeka Krka - NP Krka, desna obala, pristanište za brodove | BCD 500 | BC7-23 |
| AC_166 | TPPUS_6 | <i>Psychomyia pusilla</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | BCD 501 | BC7-24 |
| AC_167 | TCTRI_5 | <i>Cyrnus trimaculatus</i> | rijeka Krka - NP Krka, desna obala, | BCD 502 | BC7-25 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP – Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|---------|--|--|---------|---------------------|
| | | | pristanište za brodove | | |
| AC_168 | TLIM_5 | <i>Micropterna testacea</i> | Nova velika, jama - Biokovo | BCD 503 | BC7-26 |
| AC_169 | TWSUB_2 | <i>Wormaldia subnigra</i> | izvor Čerišnjevac - Pazin | BCD 504 | BC7-27 |
| AC_170 | TSPIC_2 | <i>Silo piceus</i> | rijeka Cetina - selo Totići | BCD 505 | BC7-28 |
| AC_171 | THINS_7 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | rijeka Cetina - Čikotina lada | BCD 506 | BC7-29 |
| AC_172 | TLIM_6 | <i>Limnephilidae</i> | Baške Oštarije | BCD 507 | BC7-30 |
| AC_173 | TSPIC_3 | <i>Silo piceus</i> | rijeka Cetina - selo Totići | BCD 508 | BC7-31 |
| AC_174 | TLIM_7 | <i>Silo piceus</i> | Lazac - Risnjak | BCD 509 | BC7-32 |
| AC_175 | THYD_2 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Dobra - Lešće | BCD 510 | BC7-33 |
| AC_176 | TDATR_3 | <i>Diplectrona cf. atra (felix)</i> | potok Konavočica (izvor) - Vodovode, Palje, Konavle | BCD 511 | BC7-34 |
| AC_177 | THYD_3 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | BCD 512 | BC7-35 |
| AC_178 | THINC_8 | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Dobra - Lešće | BCD 513 | BC7-36 |
| AC_179 | TOXY_1 | <i>Oxyethira sp</i> | rijeka Dobra - Trošmarija | BCD 514 | BC7-37 |
| AC_180 | TRIC_2 | <i>Ecclisopteryx sp.</i> | Bačkovo, mali potok, Osogovo | BCD 515 | BC7-38 |
| AC_181 | TRIC_3 | <i>Ecclisopteryx dalecarlica</i> | Maleševska planina, Čengino kolo, izvorišno područje, Bregalnice, 1400 m.n.m. Makedonija | BCD 516 | BC7-39 |
| AC_182 | THANL_1 | <i>Hydroptila angulata</i> | rijeka Bednja - Ivanečka Železnica, Ivanec | BCD 517 | BC7-40 |
| AC_183 | TRIC_4 | <i>Ecclisopteryx dalecarlica</i> | Maleševska planina, Čengino kolo, izvorišno područje, Bregalnice, 1400 m.n.m. Makedonija | BCD 518 | BC7-41 |
| AC_184 | TPKLA_5 | <i>Psychomia klapaleki</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | BCD 519 | BC7-42 |
| AC_185 | TRIC_5 | <i>Tinodes sp.</i> | Albanija | BCD 520 | BC7-43 |
| AC_186 | TSFLA_7 | <i>Psychomia sp.</i> | Albanija | BCD 521 | BC7-44 |
| AC_187 | TRIC_6 | <i>Drusus sp.</i> | Kozuuf, Makedonija | BCD 522 | BC7-45 |
| AC_188 | THINS_8 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | potok Konavočica (srednji tok) - Palje, Konavle | BCD 523 | BC7-46 |
| AC_189 | TRIC_7 | <i>Drusus osogovicus</i> | izvor na Duračka reka, Osogovo Mt, Kosovo | BCD 524 | BC7-47 |
| AC_190 | TLRHO_4 | <i>Limnephilus rhombicus</i> | rijeka Gacka (izvor) - Majerovo vrilo | BCD 525 | BC7-48 |
| AC_191 | TDRUS_1 | <i>Drusus sp.</i> | Kozuuf, Makedonija | BCD 526 | BC7-49 |
| AC_192 | TRIC_8 | <i>Drusus plicatus</i> | Pelister, Makedonija | BCD 527 | BC7-50 |
| AC_193 | TRIC_12 | <i>Limniphilidae</i> | Mahovina, Sozina, Limljani, Virpazzan, Crna Gora | BCD 528 | BC7-51 |
| AC_194 | TRIC_9 | <i>Limniphilidae</i> | izvor na Duračka reka, Osogovo Mt, Kosovo | BCD 529 | BC7-52 |
| AC_195 | TRIC_10 | <i>Micropterna nycterobia</i> | Velika Čulimova pećina, špilja - Kijevo | BCD 530 | BC7-53 |
| AC_196 | TRIC_11 | <i>Stenophylax permistus</i> | Bukovac špilja - Delnice | BCD 531 | BC7-54 |
| AC_197 | TRIC_13 | <i>Micropterna wagneri</i> | Spelaeaelicokave, Bridash massif, Albanija, 1840 m.n.m. | BCD 532 | BC7-55 |
| AC_198 | TEKER_4 | <i>Ecclisopteryx keroveci</i> | ušće Radovanske reke u Crni timok, Srbija | BCD 534 | BC7-57 |
| AC_200 | TEKER_5 | <i>Ecclisopteryx keroveci</i> | izvor Radovanske reke, Srbija | BCD 536 | BC7-59 |
| AC_201 | THTIN_1 | <i>Hydroptila cf. tinoides</i> | rijeka Dobra - Jarče polje | BCD 537 | BC7-60 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP – Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|----------|--|--|---------|---------------------|
| AC_202 | TCPSU_1 | <i>Chaopteryx psunjensis</i> | potok Šumetlica - Psunj | BCD 538 | BC7-61 |
| AC_203 | THYD_4 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | BCD 539 | BC7-62 |
| AC_204 | TSBUL_1 | <i>Setodes bulgaricus</i> | rijeka Dobra - Jarče polje | BCD 540 | BC7-63 |
| AC_205 | TILAM_3 | <i>Ithytrichia cf. lamellaris</i> | rijeka Dobra - Jarče polje | BCD 541 | BC7-64 |
| AC_206 | THMOS_1 | <i>Hydropsyche mostarensis</i> | rijeka Krka - HE Miljacka | BCD 542 | BC7-65 |
| AC_207 | THYD_5 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | BCD 543 | BC7-66 |
| AC_208 | TCPSU_2 | <i>Chaopteryx psunjensis</i> | potok Šumetlica - Psunj | BCD 544 | BC7-67 |
| AC_209 | THYD_6 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | BCD 545 | BC7-68 |
| AC_210 | THINC_9 | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Dobra izvor - Mala Dobra | BCD 546 | BC7-69 |
| AC_211 | TCRIP_1 | <i>Ceraclea riparia</i> | rijeka Dobra - Jarče polje | BCD 547 | BC7-70 |
| AC_212 | TPBRE_1 | <i>Plectrocnemia brevis</i> | rijeka Dobra izvor - Mala Dobra | BCD 548 | BC7-71 |
| AC_213 | THINC_10 | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Dobra - Lešće | BCD 549 | BC7-72 |
| AC_214 | THYD_7 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | BCD 550 | BC7-73 |
| AC_215 | TCRIP_2 | <i>Ceraclea riparia</i> | rijeka Dobra - Jarče polje | BCD 551 | BC7-74 |
| AC_216 | THYD_8 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | BCD 552 | BC7-75 |
| AC_217 | THINS_9 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | rijeka Dobra izvor - Mala Dobra | BCD 553 | BC7-76 |
| AC_218 | TITH_1 | <i>Ithytrichia sp.</i> | rijeka Dobra - Jarče polje | BCD 554 | BC7-77 |
| AC_219 | THYD_9 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | BCD 555 | BC7-78 |
| AC_220 | TPCON_6 | <i>Plectrocnemia conspresa</i> | rijeka Dobra izvor - Mala Dobra | BCD 556 | BC7-79 |
| AC_221 | THYD_10 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Krka - Visovac, pristanište na desnoj obali | BCD 557 | BC7-80 |
| AC_222 | TWOCI_5 | <i>Wormaldia occipitalis</i> | rijeka Dobra izvor - Mala Dobra | BCD 558 | BC7-81 |
| AC_223 | TSET_1 | <i>Ceraclea sp.</i> | rijeka Dobra - Novigrad na Dobri | BCD 559 | BC8-1 |
| AC_224 | TLEP_1 | <i>Leptoceridae</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 560 | BC8-2 |
| AC_225 | TRAUR_2 | <i>Rhyacophila aurata</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 561 | BC8-3 |
| AC_226 | TACIN_5 | <i>Athripsodes cinereus</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 562 | BC8-4 |
| AC_227 | TONOT_4 | <i>Oecetis notata</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 563 | BC8-5 |
| AC_228 | TRFAS_2 | <i>Rhyacophila fasciata</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 564 | BC8-6 |
| AC_229 | THTIG_1 | <i>Hydroptila tigurina</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 565 | BC8-7 |
| AC_230 | TSBUL_2 | <i>Setodes bulgaricus</i> | rijeka Dobra - Novigrad na Dobri | BCD 566 | BC8-8 |
| AC_231 | TSPUN_2 | <i>Setodes punctatus</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | BCD 567 | BC8-9 |
| AC_232 | TGPIL_2 | <i>Goera pilosa</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | BCD 568 | BC8-10 |
| AC_233 | THINC_11 | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | BCD 569 | BC8-11 |
| AC_234 | TACIN_6 | <i>Athripsodes cinereus</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 570 | BC8-12 |
| AC_235 | TLIM_4 | <i>Limnephilidae</i> | potok Šumetlica - Psunj | BCD 571 | BC8-13 |
| AC_236 | THFOR_3 | <i>Hydroptila forcipata</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | BCD 571 | BC8-13 |
| AC_237 | TLBAS_3 | <i>Lepidostoma basale</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | BCD 572 | BC8-14 |
| AC_238 | TAALB_2 | <i>Athripsodes albifrons</i> | rijeka Krka - Roški slap | BCD 573 | BC8-15 |
| AC_239 | THSPA_4 | <i>Hydroptila sparsa</i> | rijeka Krka - Roški slap | BCD 574 | BC8-16 |
| AC_240 | TCALB_3 | <i>Ceraclea cf. albumacula</i> | rijeka Cetina - Radmanove Mlinice | BCD 575 | BC8-17 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP – Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|----------|--|--|---------|---------------------|
| AC_241 | TSPIC_4 | <i>Silo cf. piceus</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | BCD 576 | BC8-18 |
| AC_242 | TTBRA_2 | <i>Tinodes braueri</i> | rijeka Krka - Roški slap | BCD 577 | BC8-19 |
| AC_243 | THTIG_2 | <i>Hydroptila tigurina</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | BCD 578 | BC8-20 |
| AC_244 | TMAZU_3 | <i>Mystacides azurea</i> | rijeka Cetina - Radmanove Mlinice | BCD 579 | BC8-21 |
| AC_245 | THFOR_4 | <i>Hydroptila forcipata</i> | rijeka Cetina - Radmanove Mlinice | BCD 580 | BC8-22 |
| AC_246 | TCRIP_3 | <i>Ceraclea riparia</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | BCD 581 | BC8-23 |
| AC_247 | THSIM_1 | <i>Hydroptila cf. simulans</i> | rijeka Krka - Roški slap | BCD 582 | BC8-24 |
| AC_248 | TONOT_5 | <i>Oecetis cf. notata</i> | rijeka Krka - Roški slap | BCD 583 | BC8-25 |
| AC_249 | TRHY_2 | <i>Rhyacophila dorsalis persimilis/palmeni</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 584 | BC8-26 |
| AC_250 | THTIG_3 | <i>Hydroptila tigurina</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | BCD 585 | BC8-27 |
| AC_251 | THYPS_1 | <i>Hydropsyche sp.</i> | rijeka Cetina - Radmanove Mlinice | BCD 586 | BC8-28 |
| AC_252 | TCDIS_2 | <i>Ceraclea dissimilis</i> | rijeka Cetina - Radmanove Mlinice | BCD 587 | BC8-29 |
| AC_253 | THFOR_5 | <i>Hydroptila forcipata</i> | rijeka Krka - Roški slap | BCD 588 | BC8-30 |
| AC_254 | TLHIT_3 | <i>Lepidostoma hirtum</i> | rijeka Krka - Roški slap | BCD 589 | BC8-31 |
| AC_255 | TPPUS_7 | <i>Psychomia pusilla</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | BCD 590 | BC8-32 |
| AC_256 | TSPUN_3 | <i>Setodes punctatus</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | BCD 591 | BC8-33 |
| AC_257 | TNBIM_1 | <i>Neureclipsis bimaculata</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | BCD 592 | BC8-34 |
| AC_258 | TONOT_6 | <i>Oecetis notata</i> | rijeka Cetina - Radmanove Mlinice | BCD 593 | BC8-35 |
| AC_259 | THINC_12 | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | BCD 594 | BC8-36 |
| AC_260 | THYD_11 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Krka - Visovac, pristanište na desnoj obali | BCD 595 | BC8-37 |
| AC_261 | THCON_3 | <i>Hydropsyche conturbenalis</i> | rijeka Sunja - Kukuruzari | BCD 596 | BC8-38 |
| AC_262 | TLRED_4 | <i>Lype reducta</i> | jezero Milanovac - NP Plitvička jezera | BCD 597 | BC8-39 |
| AC_263 | TPPUS_8 | <i>Psychomia pusilla</i> | Proščansko jezero, most - NP Plitvička jezera | BCD 598 | BC8-40 |
| AC_264 | TETEN_5 | <i>Ecnomus tenellus</i> | rijeka Krka - Visovac, pristanište na desnoj obali | BCD 599 | BC8-41 |
| AC_265 | TRDP_1 | <i>Rhyacophila dorsalis plitvicensis</i> | jezero Gavanovac - NP Plitvička jezera | BCD 600 | BC8-42 |
| AC_266 | TAVAR_3 | <i>Agrypnia varia</i> | jezero Kozjak, pristanište - NP Plitvička jezera | BCD 601 | BC8-43 |
| AC_267 | TSFLA_7 | <i>Sericostoma flavicorne</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | BCD 602 | BC8-44 |
| AC_268 | TPFLA_4 | <i>Polycentropus flavomaculatus</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | BCD 603 | BC8-45 |
| AC_269 | THYD_12 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Krka - Visovac, pristanište na desnoj obali | BCD 604 | BC8-46 |
| AC_270 | TASEX_1 | <i>Agraylea sexamaculata</i> | rijeka Sunja - Kukuruzari | BCD 605 | BC8-47 |
| AC_271 | TOALB_5 | <i>Odontocerum albicorne</i> | rijeka Krka - HE Miljacka | BCD 606 | BC8-48 |
| AC_272 | TRTRI_8 | <i>Rhyacophila tristis</i> | slap Labudovac - NP Plitvička jezera | BCD 607 | BC8-49 |
| AC_273 | TASEX_2 | <i>Agraylea sexamaculata</i> | rijeka Sunja - Kukuruzari | BCD 608 | BC8-50 |
| AC_274 | TGPIL_3 | <i>Goera pilosa</i> | rijeka Sunja - Kukuruzari | BCD 609 | BC8-51 |
| AC_275 | THYD_13 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Krka - Visovac, pristanište na desnoj obali | BCD 610 | BC8-52 |
| AC_276 | THSPA_5 | <i>Hydroptila sparsa</i> | rijeka Krka - Roški slap | BCD 611 | BC8-53 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP –Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|----------|--|--|---------|---------------------|
| AC_277 | THSAX_4 | <i>Hydropsyche saxonica</i> | rijeka Milka Trnina | BCD 612 | BC8-54 |
| AC_278 | TRFAS_3 | <i>Rhyacophila fasciata</i> | rijeka Krka - Roški slap | BCD 613 | BC8-55 |
| AC_279 | TLHIT_4 | <i>Lepidostoma hirtum</i> | rijeka Krka - HE Miljacka, zavoj prije centra | BCD 614 | BC8-56 |
| AC_280 | TPROT_3 | <i>Potamophylax rotundipennis</i> | jezero Gavanovac - NP Plitvička jezera | BCD 615 | BC8-57 |
| AC_281 | TDSCH_4 | <i>Drusus schmidi</i> | rijeka Sturba, topole - Livno, BiH | BCD 616 | BC8-58 |
| AC_282 | TWSUB_3 | <i>Wormaldia subnigra</i> | jezero Milanovac - NP Plitvička jezera | BCD 617 | BC8-59 |
| AC_283 | THYD_14 | <i>Hydroptilidae</i> | rijeka Utinja, vodocrpilište Banovina - Pečki | BCD 618 | BC8-60 |
| AC_284 | TOTES_3 | <i>Oecetis testacea</i> | rijeka Sunja - Kukuruzari | BCD 619 | BC8-61 |
| AC_285 | TSFLA_8 | <i>Sericostoma flavicorne</i> | Proščansko jezero, most - NP Plitvička jezera | BCD 620 | BC8-62 |
| AC_286 | TGPEL_5 | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> | izvor Bijela stijena - Petrovec, Petrinja | BCD 621 | BC8-63 |
| AC_287 | TLLUN_3 | <i>Limnephilus lunatus</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | BCD 622 | BC8-64 |
| AC_288 | TTWAE_5 | <i>Tinodes waeneri</i> | rijeka Krka - Visovac, pristanište na desnoj obali | BCD 623 | BC8-65 |
| AC_289 | TRDP_2 | <i>Rhyacophila dorsalis plitvicensis</i> | jezero Gavanovac - NP Plitvička jezera | BCD 624 | BC8-66 |
| AC_290 | TMSEQ_3 | <i>Micropterna sequax</i> | jezero Kozjak, most - NP Plitvička jezera | BCD 625 | BC8-67 |
| AC_291 | TOTES_4 | <i>Oecetis testacea</i> | rijeka Sunja - Kukuruzari | BCD 626 | BC8-68 |
| AC_292 | TWOCI_6 | <i>Wormaldia occipitalis</i> | izvor Bijela stijena - Petrovec, Petrinja | BCD 627 | BC8-69 |
| AC_293 | TASEX_3 | <i>Agraylea sexamaculata</i> | rijeka Sunja - Kukuruzari | BCD 628 | BC8-70 |
| AC_294 | THYP_4 | <i>Hydroptila sp.</i> | potok u selu Pridvorje - Konavle | BCD 637 | BC9-1 |
| AC_295 | TCDIS_3 | <i>Ceraclea dissimilis</i> | jezero Brljan - NP Krka | BCD 638 | BC9-2 |
| AC_296 | TRDP_3 | <i>Rhyacophila dorsalis plitvicensis</i> | slap Labudovac - NP Plitvička jezera | BCD 639 | BC9-3 |
| AC_297 | THANG_4 | <i>Hydropsyche angustipennis</i> | Konavle, Lovorno | BCD 640 | BC9-4 |
| AC_298 | TAFUS_2 | <i>Agapetus cf. fuscipes</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | BCD 641 | BC9-5 |
| AC_299 | THYP_5 | <i>Hydroptila sp.</i> | potok u selu Pridvorje - Konavle | BCD 642 | BC9-6 |
| AC_300 | TRFAS_4 | <i>Rhyacophila fasciata</i> | jezero Brljan - NP Krka | BCD 643 | BC9-7 |
| AC_301 | TAFUS_3 | <i>Agapetus cf. fuscipes</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | BCD 644 | BC9-8 |
| AC_302 | THYP_6 | <i>Hydroptila sp.</i> | potok u selu Pridvorje - Konavle | BCD 645 | BC9-9 |
| AC_303 | THVEC_2 | <i>Hydroptila cf. vectis</i> | potok u selu Pridvorje - Konavle | BCD 646 | BC9-10 |
| AC_304 | TRTRI_9 | <i>Rhyacophila tristis</i> | slap Labudovac - NP Plitvička jezera | BCD 647 | BC9-11 |
| AC_305 | THINS_10 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | jezero Brljan - NP Krka | BCD 648 | BC9-12 |
| AC_306 | THYD_15 | <i>Hydroptilidae</i> | jezero Brljan - NP Krka | BCD 649 | BC9-13 |
| AC_307 | TDSCH_5 | <i>Drusus schmidi, F</i> | rijeka Sturba, most - Livno, BiH | BCD 650 | BC9-14 |
| AC_308 | TDATR_4 | <i>Dipletrona cf. felix (atra)</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | BCD 651 | BC9-15 |
| AC_309 | THYP_7 | <i>Hydroptila sp.</i> | Konavle, Pridvorje | BCD 652 | BC9-16 |
| AC_310 | TRFAS_5 | <i>Rhyacophila fasciata</i> | rijeka Cetina - izvor Glavaš | BCD 653 | BC9-17 |
| AC_311 | THLOT_1 | <i>Hydroptila lotensis</i> | rijeka Petrinjčica - Hrvatski Čuntićki | BCD 654 | BC9-18 |
| AC_312 | TRDOP_4 | <i>Rhyacophila dorsalis persimilis</i> | slap Labudovac - NP Plitvička jezera | BCD 655 | BC9-19 |

PRILOG 1. Popis primjeraka tulara iz kojih je izolirana DNA ovim radom. Kod naziva vrste naznačeno je kojoj osobi ili instituciji pripadaju vaučeri (AP – Ane Previšić, DC – Darko Cerjanec, HI- Halil Ibrahim, MK - Mladen Kučinić). BCD = Barcode zbirka DNA.

| CroBar Fauna kod | DNA kod | VRSTA (prema morfološkoj identifikaciji) | LOKALITET | BCD | BCD-mjesto u kutiji |
|------------------|---------|--|---|---------|---------------------|
| AC_313 | TDSCH_6 | <i>Drusus schmidi</i> - MK | rijeka Sturba, most - Livno, BiH | BCD 656 | BC9-20 |
| AC_314 | THDIG_4 | <i>Halesus digitatus</i> | izvor Crne rijeke - Plitvička jezera | BCD 657 | BC9-21 |
| AC_315 | THYP_8 | <i>Hydroptila sp.</i> | Konavle, Pridvorje | BCD 658 | BC9-22 |
| AC_316 | TPPAL_5 | <i>Potamophylax pallidulus</i> | izvor Crne rijeke - Plitvička jezera | BCD 659 | BC9-23 |
| AC_317 | TSFLA_9 | <i>Sericostoma flavicorne</i> | potok Konavočica (izvor) - Vodovode, Palje, Konavle | BCD 660 | BC9-24 |
| AC_318 | TMSEQ_4 | <i>Micropterna sequax</i> | jezero Kozjak, pristanište - NP Plitvička jezera | BCD 629 | BC8-71 |
| AC_319 | TAFUS_4 | <i>Agapetus cf. fuscipes</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | BCD 630 | BC8-72 |
| AC_320 | TRDP_4 | <i>Rhyacophila dorsalis plitvicensis</i> | slap Labudovac - NP Plitvička jezera | BCD 631 | BC8-73 |
| AC_321 | THTIN_2 | <i>Hydroptila tineoides</i> | rijeka Petrinjčica - Hrvatski Čuntićki | BCD 632 | BC8-74 |
| AC_322 | TCTRI_6 | <i>Cynurus trimaculatus</i> | izvor Čerišnjevac - Pazin | BCD 633 | BC8-75 |
| AC_323 | TLHIT_5 | <i>Lepidostoma hirtum</i> | slap Labudovac - NP Plitvička jezera | BCD 634 | BC8-76 |
| AC_324 | TCDIS_4 | <i>Ceraclea dissimilis</i> | rijeka Petrinjčica - Hrvatski Čuntićki | BCD 635 | BC8-77 |
| AC_325 | TGPIL_4 | <i>Goera pilosa</i> | rijeka Petrinjčica - Hrvatski Čuntićki | BCD 636 | BC8-78 |

PRILOG 2. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta roda *Tinodes*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država iz koje je prikupljen uzorak te radi li se o unikatnom haplotipu ili više primjeraka dijeli isti haplotip. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorka označeni su uzorci dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|-----------|---|------------------|---------------|------------------------------|-----------------|
| | <i>Tinodes antonioi</i> Botosaneanu & Taticchi-Vigano, 1974 (od rednog br. 1-3) | | | | |
| 1. | TTANT_1 | NIP002-16 | Hrvatska | potok Roč (izvor) - Marušići | 1 |
| 2. | TTIN_1 | NIP003-16 | Hrvatska | potok Roč (izvor) - Marušići | |
| 3. | TTIN_2 | NIP004-16 | Hrvatska | potok Roč (izvor) - Marušići | |
| | <i>Tinodes turanicus</i> Martynov, 1927 (redni br. 4) | | | | |
| 4. | 10HMCAD-021 | HMKKT021-10 | Kirgistan | Bozbu-Geb., Umgeb. Bosppek | 3 |
| | <i>Tinodes n. sp. nr. turanicus</i> (od rednog br. 5-18) | | | | |
| 5. | IQCAD135-09 | IQCAD135-09 | Irak | Sulaymaniyah, Kurdistan | 5 |
| 6. | IQCAD144-09 | IQCAD144-09 | Irak | Zalm, Ahmed Awa | |
| 7. | IQCAD145-09 | IQCAD145-09 | Irak | Zalm, Ahmed Awa | |
| 8. | IQCAD146-09 | IQCAD146-09 | Irak | Zalm, Ahmed Awa | |
| 9. | IQCAD147-09 | IQCAD147-09 | Irak | Zalm, Ahmed Awa | |
| 10. | IQCAD148-09 | IQCAD148-09 | Irak | Zalm, Ahmed Awa | |
| 11. | IQCAD149-09 | IQCAD149-09 | Irak | Zalm, Ahmed Awa | |
| 12. | 12IQTRA-0034 | TRIRA034-13 | Irak | Zalm, 800 m E Zalm Village | |
| 13. | 12IQTRA-0035 | TRIRA035-13 | Irak | Zalm, 800 m E Zalm Village | |

PRILOG 2. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta roda *Tinodes*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država iz koje je prikupljen uzorak te radi li se o unikatnom haplotipu ili više primjeraka dijeli isti haplotip. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorka označeni su uzorci dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|---|----------------|------------------|----------------------------|---|-----------------|
| 14. | 12IQTRA-0036 | TRIRA036-13 | Irak | Zalm, 800 m E Zalm Village | |
| 15. | 12IQTRA-0037 | TRIRA037-13 | Irak | Zalm, Ahmad | |
| 16. | 12IQTRA-0039 | TRIRA039-13 | Irak | Zalm, Ahmad | |
| 17. | 12IQTRA-0033 | TRIRA033-13 | Irak | Zalm, 800 m E Zalm Village | |
| 18. | 12IQTRA-0038 | TRIRA038-13 | Irak | Zalm, 800 m E Zalm Village | |
| <i>Tinodes unicolor</i> (Pictet, 1934) (od rednog br. 10-25) | | | | | |
| 19. | TTUNI_1 | CROAA120-18 | Hrvatska | izvor Šumi | 8 |
| 20. | TTUNI_2 | CROTR205-19 | Hrvatska | Vrba, Muć | 9 |
| 21. | TTUNI_3 | CROTR206-19 | Hrvatska | izvor Čerišnjevica | 10 |
| 22. | 10HMCAD-493 | HMKKT493-10 | Austrija | E v Merkenstetten | 11 |
| 23. | TFLAN218-11 | UA-SG-TRICH- D83 | Belgija | Limburg, Noorbeek | 12 |
| 24. | TFLAN219-11 | UA-SG-TRICH- D84 | Belgija | Limburg, Noorbeek | |
| 25. | TFLAN219-11 | BIOUG16521-D08 | Njemačka | Rhineland-Palatinate, Kreis Ahrweiler | |
| <i>Tinodes waeneri</i> (Linnaeus, 1758) (od rednog br. 26-32) | | | | | |
| 26. | TTWAE_1 | NIP001-16 | Hrvatska | potok Roč (izvor) - Marušići | 14 |
| 27. | TTWAE_3 | CROTR034-19 | Hrvatska | rijeka Krka, NP Krka, desna obala, pristanište za brodove | 15 |
| 28. | TTWAE_4 | CROTR159-19 | Hrvatska | rijeka Krka, NP Krka, desna obala, pristanište za brodove | 16 |
| 29. | TTWAE_5 | CROTR164-19 | Hrvatska | jezero Gavanovac - NP Plitvička jezera | 17 |
| 30. | TFLAN171-11 | UA-SG-TRICH-D86 | Belgija | Antwerpen (Antwerp), Bospolder | 18 |
| 31. | 12HMCAD-62 | KJTRI057-13 | Austrija | Lunz am See, Seeausrinn | 19 |
| 32. | GBMIN40244-13 | FN179050 | Belgija | - | 20 |
| <i>Tinodes braueri</i> McLachlan, 1878 (od rednog br. 33-35) | | | | | |
| 33. | TTBRA_1 | NIP005-16 | Hrvatska | rijeka Krupa, Manastir | 21 |
| 34. | TTPAL_1 | NIP006-16 | Hrvatska | potok Roč (izvor), Marušići | 22 |
| 35. | 12HMCAD-068 | BHMKK235-12 | Austrija | St. Konrad-Hausern | 23 |
| <i>Tinodes rostocki</i> McLachlan, 1878 (redni br. 36) | | | | | |
| 36. | 12HMCAD-76 | KJTRI071-13 | Austrija | Lunz, Muehlgraben | 24 |
| <i>Tinodes dives</i> (Pictet, 1834) (rednog br. 37) | | | | | |
| 37. | TTDIV_1 | NIP007-16 | Hrvatska | rijeka Una (izvor) | 25 |
| <i>Tinodes dives consiglioi</i> Botosaneanu, 1980 (od rednog br. 38-42) | | | | | |
| 38. | 07HMCAD-0357 | HMCAD357-08 | Italija | Liguria, Imperia | 26 |
| 39. | 07HMCAD-0359 | HMCAD359-08 | Italija | Liguria, Imperia | 27 |
| 40. | 07HMCAD-0361 | HMCAD361-08 | Italija | Liguria, Imperia | 28 |
| 41. | 07HMCAD-0360 | HMCAD360-08 | Italija | Liguria, Imperia | |
| 42. | 07HMCAD-0358 | HMCAD358-08 | Italija | Liguria, Imperia | 29 |
| <i>Tinodes higashiyamanus</i> Tsuda, 1942 (redni br. 43) | | | | | |
| 43. | AB764093 | GBMIN17824-13 | Japan | Shizuoka | 30 |
| <i>Tinodes provo</i> Ross & Merkley, 1950 (redni br. 44-46) | | | | | |
| 44. | 08OFCAD-1186 | NECAD331-08 | Sjedinjene Američke Države | Arizona, Yavapai Co | 31 |
| 45. | 08OFCAD-1187 | NECAD332-08 | Sjedinjene Američke Države | Arizona, Yavapai Co | 32 |
| 46. | 08OFCAD-1188 | NECAD333-08 | Sjedinjene | Arizona, Yavapai Co | 33 |

PRILOG 2. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta roda *Tinodes*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država iz koje je prikupljen uzorak te radi li se o unikatnom haplotipu ili više primjeraka dijeli isti haplotip. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorka označeni su uzorci dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|-----------|---|------------------|----------------------------|--|-----------------|
| | | | Američke Države | | |
| | <i>Psychomyia flavida</i> Hagen, 1861 (redni br. 47) | | | | |
| 47. | 07EVCAD-0528 | EVCAD528-07 | Kanada | Quebec | 34 |
| | <i>Psychomyia morisitai</i> Tsuda, 1942 (redni br. 48) | | | | |
| 48. | AB764095 | GBMIN17823-13 | Japan | Shizuoka | 35 |
| | <i>Lype diversa</i> (Banks, 1914) (redni br. 49) | | | | |
| 49. | 08DRCAD-049 | DRCAD049-08 | Sjedinjene Američke Države | New York, Montgomery Co | 36 |
| | <i>Lype excisa</i> Mey, 1991 (redni br. 50) | | | | |
| 50. | AB764091 | GBMIN17825-13 | Japan | Shizuoka | 37 |
| | <i>Eoneureclipsis montanus</i> Torii & Nishimoto, 2011 (redni br. 51) | | | | |
| 51. | AB744044 | GBMIN21069-13 | Japan | Ibaraki | 38 |
| | <i>Eoneureclipsis yaeyamaensis</i> Torii & Nishimoto, 2011 (redni br. 52) | | | | |
| 52. | AB764090 | GBMIN17793-13 | Japan | Okinawa, Okinawa, Ishigaki island, rijeka Miyara | 39 |
| | <i>Eoneureclipsis okinawaensis</i> Torii & Nishimoto, 2011 (redni br. 53) | | | | |
| 53. | AB764089 | GBMIN17826-13 | Japan | Okinawa, Okinawa, rijeka Bumi | 40 |

PRILOG 3. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta *Adicella balcanica* i *Adicella cremisa*. Uz svaki primjerak navedena je vrsta, država iz koje je prikupljen uzorak, Sample ID, BOLD Sekvenca ID. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|-----------|--|------------------|---------------|-----------------------------------|-----------------|
| | <i>A. balcanica</i> Botosaneanu & Novak 1965 (redni br. 1) | | | | |
| 1. | TABAL_1 | NIP010-16 | Hrvatska | | 1 |
| | <i>A. cremisa</i> Malicky 1972 (od rednog br. 2-10) | | | | |
| 2. | TACRE_1 | NIP009-16 | Hrvatska | rijeka Krupa, Manastir | 2 |
| 3. | TASYR_1 | NIP008-16 | Hrvatska | rijeka Krapina, Krapina Selo | 3 |
| 4. | | KKCAD417-07 | Mađarska | - | |
| 5. | KKCAD-0425 | HMTRI149-08 | Italija | Friuli-Venezia Giulia, Pordenone | |
| 6. | 08HMCAD-149 | HMTRI176-08 | Italija | Friuli-Venezia Giulia, Pordenone | 4 |
| 7. | 08HMCAD-176 | HMTRI153-08 | Italija | Friuli-Venezia Giulia, Pordenone | 5 |
| 8. | 08HMCAD-153 | HMTRI152-08 | Italija | Friuli-Venezia Giulia, Pordenone | 6 |
| 9. | 08HMCAD-152 | HMTRI151-08 | Italija | Friuli-Venezia Giulia, Pordenone | 7 |
| 10. | 08HMCAD-151 | HMTRI150-08 | Italija | Friuli-Venezia Giulia, Pordenone | 8 |
| | <i>A. filicornis</i> (Pictet, 1834) (od rednog br. 11-13) | | | | |
| 11. | 08HMCAD-150 | BHMKK222-12 | Austrija | Lower Austria, Gaming | 9 |
| 12. | 12HMCAD-059 | OFTRI186-10 | Francuska | Occitanie, Midi-Pyrenees | |
| 13. | 10OFSI-0187 | FBAQU1141-12 | Njemačka | Bavaria, Ammer-Loisach-Huegelland | 10 |

PRILOG 3. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta *Adicella balcanica* i *Adicella cremisa*. Uz svaki primjerak navedena je vrsta, država iz koje je prikupljen uzorak, Sample ID, BOLD Sekvenca ID. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|---|-----------------|------------------|---------------|---------------------------|-----------------|
| <i>A. reducta</i> (McLachlan, 1865) (od rednog br. 14-17) | | | | | |
| 14. | BCZSMAQU00856 | FBAQU1142-12 | Njemačka | Bavaria, Muenchener Ebene | 11 |
| 15. | BCZSMAQU00857 | HMKKT630-10 | Portugal | Serra do Estrela | 12 |
| 16. | HMCAD0810-3 | KKUMN419-10 | Španjolska | Galicia | 13 |
| 17. | 09MNKK0411 | TFLAN061-11 | Belgija | Limburg, Abeek-Lossing | 14 |
| <i>A. syriaca</i> Ulmer, 1907 (od redni br. 18) | | | | | |
| 18. | UA-SG-TRICH-C18 | OFTRI187-10 | Mađarska | Somogy | 15 |

PRILOG 4. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrste *Trichostegia minor*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak te radi li se o unikatnom haplotipu ili više primjeraka dijeli isti haplotip. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= A (odrasli), I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Stadij | Država nalaza | Lokacija | mt DNA haplotip |
|---|-----------------|------------------|------|--------|---------------|--|-----------------|
| <i>Trichostegia minor</i> Curtis, 1834 (od rednog br. 1-11) | | | | | | | |
| 1 | TTMIN_1 | CROAA133-18 | M | A | Hrvatska | Rijeka Gacka, izvor Majerovo vrilo | 1 |
| 2 | PE310 | INTAP263-17 | M | I | Austrija | Franstanz, Giessen | 2 |
| 3 | PE311 | INTAP264-17 | M | I | Austrija | Franstanz, Giessen | |
| 4 | HMCAD13-36 | KJTRI226-13 | M | A | Austrija | Tumpel bei Wehranlage | 3 |
| 5 | 09OFKMK-0082 | OFKMK082-09 | | A | Njemačka | Karinchensee nr. Ferch | 4 |
| 6 | UA-SG-TRICH-D80 | TFLAN188-11 | F | A | Belgija | Hobokense Polder, Hoboken | 5 |
| 7 | UA-SG-TRICH-D94 | TFLAN262-11 | | A | Belgija | Hobokense Polder, Hoboken | 6 |
| 8 | UA-SG-TRICH-D95 | TFLAN263-11 | | A | Belgija | Bospolder, Ekeren | 7 |
| 9 | JSIk-2011F045 | TRIFI585-11 | F | A | Finska | Kalkkimaeki | 8 |
| 10 | RBCAD-2323 | UMNEC454-08 | M | A | Norveška | Tjome, Mostrand | |
| 11 | JSIk-2011F046 | TRIFI586-11 | F | A | Finska | Kalkkimaeki | 9 |
| <i>Agrypnia varia</i> , Fabricius, 1793 (od rednog br. 12-36) | | | | | | | |
| 12 | TAVAR_1 | CROAA013-18 | | | Hrvatska | Rijeka Mura, Goričan | 10 |
| 13 | BCZSMAQU00864 | FBAQU1149-12 | M | | Njemačka | Donauaue 350 m W Giesenau, Donau Fkm 2436,125 [rec | 11 |

PRILOG 4. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrste *Trichostegia minor*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak te radi li se o unikatnom haplotipu ili više primjeraka dijeli isti haplotip. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= A (odrasli), I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Stadij | Država nalaza | Lokacija | mt DNA haplotip |
|---|------------------|------------------|------|--------|-----------------|--|-----------------|
| 14 | GBOL04390 | GBEPT776-14 | M | | Njemačka | Gutendorf/Weimar, Klosterholz | |
| 15 | 07HMCAD-0320 | HMCAD320-08 | F | | Austrija | A-Salzburg, St. Georgen, Waidmoos | |
| 16 | PE143 | INTAP120-17 | M | | Austrija | Stutz | |
| 17 | UA-SG-TRICH-D75 | TFLAN172-11 | M | | Belgija | Genk | |
| 18 | UA-SG-TRICH-D76 | TFLAN173-11 | F | | Belgija | Dilsen-Stokkem | |
| 19 | UA-SG-TRICH-D74 | TFLAN252-11 | | L | Belgija | Gammelelva naturreservat | |
| 20 | BC ZSM AQU 00251 | FBAQU251-09 | M | | Njemačka | Tegernsee, Ufer unterhalb Kaltenbrunn (Gde. Gmund) | 12 |
| 21 | GBOL04395 | GBEPT781-14 | M | | Njemačka | Zehdennick, Eichlerstich, Waldrand | 13 |
| 22 | 07HMCAD-0321 | HMCAD321-08 | F | | Austrija | A-Salzburg, St. Georgen, Waidmoos | 14 |
| 23 | 08HMCAD-032 | HMTRI032-08 | M | | Austrija | Mayrgraben, Lunz am See | 15 |
| 24 | 08HMCAD-271 | HMTRI271-09 | M | | Austrija | Zell/Ybbs | 16 |
| 25 | HMCAD13-9 | KJTRI199-13 | M | | Republika Češka | Blatenska slat` pod | 17 |
| 26 | TRD-TRI88 | TRDTR009-14 | M | | Norveška | Gammelelva naturreservat | 18 |
| 27 | TRD-TRI89 | TRDTR010-14 | M | | Norveška | Gammelelva naturreservat | |
| 28 | TRD-TRI90 | TRDTR011-14 | M | | Norveška | Gammelelva naturreservat | |
| 29 | TRD-TRI91 | TRDTR012-14 | M | | Norveška | Gammelelva naturreservat | |
| 30 | TRD-TRI87 | TRDTR041-14 | M | | Norveška | Gammelelva | |
| 31 | TRD-TRI190 | TRDTR113-15 | F | | Norveška | Genk | |
| 32 | TRD-TRI189 | TRDTR112-15 | F | | Norveška | Gammelelva | 19 |
| 33 | JSIk-20110108 | TRIFI456-11 | M | | Latvia | rijeka Gauja | 20 |
| 34 | ARin-2012F312 | TRIFI842-13 | | L | Finska | Loeyttynsuo lampi | 21 |
| 35 | ARin-2012F314 | TRIFI844-13 | | L | Finska | Virkkala | 22 |
| 36 | ARin-2012F334 | TRIFI864-13 | M | | Finska | Loeyttynsuo lampi | 23 |
| <i>Hagenella clathrate</i> Kolenati, 1848 (od rednog br. 37-47) | | | | | | | |
| 37 | BC ZSM NEU 176 | FBNE176-13 | | A | Njemačka | Bodenwoehr, Breitenbrucker Weiher | 24 |
| 38 | GBOL03362 | GBEPT332-14 | | | Njemačka | Ueberacker | |
| 39 | GBOL03364 | GBEPT334-14 | | | Njemačka | Ueberacker | |
| 40 | PE194 | INTAP167-17 | M | | Austrija | Bizauer Moos/Bach daneben | 25 |
| 41 | JSIk-2011F044 | TRIFI584-11 | M | | Finska | Ahamsuonlampi | 26 |
| 42 | ARin-2012F291 | TRIFI826-12 | | L | Finska | Tappunen | 27 |
| 43 | BCZSMAQU00935 | FBAQU1220-12 | M | | Njemačka | Erlenbruch im Leutstettener Moos, 400 m N Heimaths | 28 |

PRILOG 4. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrste *Trichostegia minor*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak te radi li se o unikatnom haplotipu ili više primjeraka dijeli isti haplotip. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= A (odrasli), I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Stadij | Država nalaza | Lokacija | mt DNA haplotip |
|---|------------------|------------------|------|--------|-----------------|--|-----------------|
| 44 | BC ZSM AQU 00629 | FBCAD059-10 | M | | Njemačka | Grabenartiger Bach zum Randlagg/Bruchwald S Knuapp | 29 |
| 45 | FinnCAD-041 | FINNT031-12 | M | | Norveška | Tormajavri | 30 |
| 46 | JSIk-2012F215 | TRIFI750-12 | F | | Estonia | Nomme | 31 |
| 47 | ARin-2012F287 | TRIFI822-12 | | L | Finska | Jeesioenjoki | 32 |
| <i>Phryganea bipunctata</i> Retzius, 1783 (od rednog br. 48-62) | | | | | | | |
| 48 | BC ZSM AQU 00273 | FBAQU273-09 | F | | Njemačka | Tegernsee, Ufer unterhalb Kaltenbrunn (Gde. Gmund) | 33 |
| 49 | HMCAD1211-170 | BHMKK170-12 | M | | Republika Češka | Plesne jezero | 34 |
| 50 | 07HMCAD-0322 | HMCAD322-08 | M | | Austrija | A-Salzburg, St. Georgen, Waidmoos | |
| 51 | 07HMCAD-0323 | HMCAD323-08 | M | | Austrija | A-Salzburg, St. Georgen, Waidmoos | |
| 52 | 07HMCAD-0331 | HMCAD331-08 | | A | Austrija | Kogelsbach | |
| 53 | GGCAD909-06 | KKCAD550-09 | | | Norveška | Morstadstolen | |
| 54 | TRD-TRI145 | TRDTR068-14 | M | | Norveška | Storaastjoenna | 36 |
| 55 | TRD-TRI146 | TRDTR069-14 | M | | Norveška | Dam ved Engelsaastroea | |
| 56 | TRD-TRI235 | TRDTR158-15 | M | | Norveška | Store Skeistjern | |
| 57 | TRD-TRI232 | TRDTR155-15 | M | | Norveška | Store Skeistjern | |
| 58 | TRD-TRI234 | TRDTR157-15 | M | | Norveška | Store Skeistjern | 37 |
| 59 | TRD-TRI233 | TRDTR156-15 | F | | Norveška | Aasen | 38 |
| 60 | JSIk-20100117 | TRIFI277-11 | | L | Finska | Jeesioejoki | 39 |
| 61 | ARin-20100151 | TRIFI305-11 | | L | Finska | | 40 |
| 62 | JSIk-20110139 | TRIFI487-11 | M | | Finska | Ahmasuonlampi | 41 |
| <i>Phryganea grandis</i> Linnaeus, 1758 (od rednog br. 63-82) | | | | | | | |
| 63 | TPGRA_1 | CROAA134-18 | M | A | Hrvatska | Rijeka Dunav, Zlatna greda | 42 |
| 64 | MM24011 | COLFH083-14 | | A | Finska | Bagaskaer | |
| 65 | BCZSMAQU00939 | FBAQU1224-12 | F | | Njemačka | Donauaue 350 m W Giesenau, Donau Fkm 2436,125 [rec | |
| 66 | BC ZSM AQU 00274 | FBAQU274-09 | M | | Njemačka | Grosser Ostersee, Suedufer bei Mdg. Verbindungsbac | |
| 67 | BC ZSM AQU 00275 | FBAQU275-09 | F | | Njemačka | Tegernsee, Ufer unterhalb Kaltenbrunn (Gde. Gmund) | |
| 68 | UA-SG-TRICH-NA53 | TFLAN036-11 | | L | Belgija | Geel | |
| 69 | UA-SG-TRICH-NA54 | TFLAN037-11 | | L | Belgija | Geel | |
| 70 | UA-SG-TRICH-NA52 | TFLAN116-11 | | L | Belgija | Mol | |
| 71 | UA-SG-TRICH-D77 | TFLAN124-11 | | L | Belgija | Knokke-Heist | |

PRILOG 4. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrste *Trichostegia minor*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak te radi li se o unikatnom haplotipu ili više primjeraka dijeli isti haplotip. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= A (odrasli), I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Stadij | Država nalaza | Lokacija | mt DNA haplotip |
|--|-----------------|------------------|------|--------|---------------|-------------------------|-----------------|
| 72 | UA-SG-TRICH-D79 | TFLAN140-11 | | L | Belgija | Kasterlee | |
| 73 | UA-SG-TRICH-X32 | TFLAN279-11 | | L | Belgija | Ekeren | |
| 74 | Kurs2015-SR2 | ZMBN036-15 | | A | Norveška | Rambjora | |
| 75 | FN600940 | GBMIN35667-13 | | | | | 43 |
| 76 | 10HMCAD-280 | HMKKT280-10 | | A | Austrija | St. Konrad - Hausern | 44 |
| 77 | 08HMCAD-041 | HMTRI041-08 | M | | Austrija | Mayrgraben, Lunz am See | 45 |
| 78 | 08HMCAD-254 | HMTRI254-09 | F | | Austrija | Salzburg, Astenschmeide | 46 |
| 79 | UA-SG-TRICH-B42 | TFLAN028-11 | | L | Belgija | Ranst | 47 |
| 80 | UA-SG-TRICH-D78 | TFLAN130-11 | | L | Belgija | Kortrijk | 48 |
| 81 | JSIk-20110132 | TRIFI480-11 | M | | Finska | Siikalahti | 49 |
| 82 | JSIk-20110133 | TRIFI481-11 | M | | Finska | Siikalahti | 50 |
| <i>Phryganea grandis rotundata</i> Ulmer, 1905 (od rednog br. 83-87) | | | | | | | |
| 83 | ID-10340 | MGCAD523-09 | M | | Mongolija | Arhangay, Ogiy nuur | 51 |
| 84 | ID-10341 | MGCAD524-09 | M | | Mongolija | Arhangay, Ogiy nuur | 52 |
| 85 | ID-10342 | MGCAD525-09 | M | | Mongolija | Arhangay, Ogiy nuur | 53 |
| 86 | ID-10343 | MGCAD526-09 | M | | Mongolija | Arhangay, Ogiy nuur | 54 |
| 87 | ID-10344 | MGCAD527-09 | M | | Mongolija | Arhangay, Ogiy nuur | |
| <i>Lepidostoma hirtum</i> (Fabricius, 1775) (redni br. 88) | | | | | | | |
| 88 | TLHIT_1 | CROAA126-18 | M | | Hrvatska | Rijeka Kupa, Pribanjci | 55 |

PRILOG 5. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Hydroptila*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | stadij | spol | Država | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|--|----------------|------------------|--------|------|----------|------------------------------------|-----------------|
| <i>Hydroptila angulata</i> Mosely, 1922 (od rednog br. 1-2) | | | | | | | |
| 1 | BIOUG16521-D07 | GMGMC788-14 | | | Njemačka | Landskrone | 1 |
| 2 | 10HMCAD-434 | HMKKT434-10 | A | | Italija | Lago di Garda San Felice di Benaco | |
| <i>Hydroptila forcipata</i> Eaton, 1873 (od rednog br. 3-14) | | | | | | | |
| 3 | THFOR_1 | CROAA093-18 | | | Hrvatska | rijeka Čabranka, ušće | 2 |
| 4 | THFOR_3 | CROTR121-19 | | | Hrvatska | rijeka Dobra, Priselci | |
| 5 | THFOR_2 | CROTR095-19 | | | Hrvatska | rijeka Cetina, Čikotina lađa | 3 |
| 6 | THFOR_5 | CROTR131-19 | | | Hrvatska | rijeka Krka, Roški slap | 4 |
| 7 | THFOR_4 | CROTR127-19 | | | Hrvatska | rijeka Cetina, Radmanove mlinice | 5 |

PRILOG 5. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Hydroptila*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | stadij | spol | Država | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|--|------------------|------------------|--------|------|-----------|---|-----------------|
| 8 | BC ZSM AQU 00002 | FBAQU002-09 | A | M | Njemačka | Kleine Isar` Hoehe Volksbad, von Ludwigsbruecke bi | |
| 9 | BIOUG15421-D07 | GMBUE3214-14 | | | Bugarska | Godech, Sofiya | 6 |
| 10 | BIOUG16554-A12 | GMNWL2475-14 | | | Norveška | Sommerlystvegen 22 | 7 |
| 11 | PE181 | INTAP154-17 | A | M | Austrija | Bregenzer Ache | 8 |
| 12 | HLC-25383 | LIMC243-08 | | | Australia | Lizard Island, Queensland | 9 |
| 13 | TRD-TRI156 | TRDTR079-14 | A | M | Norveška | Gaula ved Kvaal | |
| 14 | JSIk-2011F124 | TRIFI664-12 | A | M | Finska | Kukkolankoski, Tornio | 10 |
| <i>Hydroptila lotensis</i> Mosely, 1930 (od rednog br. 15-19) | | | | | | | |
| 15 | THANG_1 | CROAA119-18 | A | F | Hrvatska | rijeka Bednja, Ivanečka Železnica | 11 |
| 16 | THANL_1 | CROAA108-18 | A | M | Hrvatska | rijeka Bednja, Ivanečka Železnica | 12 |
| 17 | THYD_13 | CROTR185-19 | A | | Hrvatska | potok Pecki, Banovina | |
| 18 | THLOT_1 | CROTR255-19 | A | | Hrvatska | rijeka Petrinjčica, Hrvatski Čuntić | |
| 19 | JSIk-2011F106 | TRIFI646-12 | | | Finska | Kukkolankoski | 13 |
| <i>Hydroptila martini</i> Marshall, 1977 (od rednog br. 20-29) | | | | | | | |
| 20 | THMAR_1 | CROAA094-18 | | | Hrvatska | rijeka Gacka, Otičac | 14 |
| 21 | THYD_5 | CROTR087-19 | | | Hrvatska | rijeka Rudnica | 15 |
| 22 | THYD_7 | CROTR088-19 | | | Hrvatska | rijeka Rudnica | |
| 23 | THYD_8 | CROTR141-19 | | | Hrvatska | rijeka Rudnica | |
| 24 | THYP_8 | CROTR170-19 | | | Hrvatska | Konavle, Pridvorje | |
| 25 | 10HMCAD-148 | HMKKT148-10 | A | | Crna Gora | Podgorica | 16 |
| 26 | PE302 | INTAP256-17 | A | M | Austrija | Franstanz, Giessen | 17 |
| 27 | PE303 | INTAP257-17 | A | M | Austrija | Franstanz, Giessen | 18 |
| 28 | PE304 | INTAP258-17 | A | M | Austrija | Franstanz, Giessen | 19 |
| 29 | 12HMCAD-83 | KJTRI078-13 | A | M | Austrija | Lunz, Seehof | 20 |
| <i>Hydroptila phaon</i> Malicky, 1976 (od rednog br. 30-31) | | | | | | | |
| 30 | THPHA_1 | CROTR232-19 | A | M | Hrvatska | potok Marušići, izvor | 21 |
| 31 | TPHAK_1 | | A | | Hrvatska | rijeka Vitunjčica, izvor | 22 |
| <i>Hydroptila simulans</i> Mosely, 1920 (od rednog br. 32-40) | | | | | | | |
| 32 | THSIM_1 | CROTR129-19 | A | M | Hrvatska | rijeka Krka, Roški slap | 23 |
| 33 | JSIk-2011F103 | TRIFI643-12 | A | M | Finska | Kukkolankoski, Tornio | |
| 34 | KC559532 | GBA20482-14 | | | | | 24 |
| 35 | GBOL11654 | GBEPT2171-15 | A | | Njemačka | Ahrweiler, Niederzissen, Bausenberg, horseshoe crater | 25 |
| 36 | FM998352 | GBMH7851-10 | | | | | 26 |
| 37 | 10HMCAD-214 | HMKKT214-10 | A | | Austrija | Zell bei Waidhofen/Ybbs | 27 |
| 38 | JSIk-2011F104 | TRIFI644-12 | A | M | Finska | Kukkolankoski, Tornio | 28 |
| 39 | JSIk-2011F105 | TRIFI645-12 | A | M | Finska | Kukkolankoski, Tornio | 29 |
| 40 | JSIk-2011F108 | TRIFI648-12 | A | F | Finska | Kukkolankoski, Tornio | 30 |
| <i>Hydroptila sparsa</i> Curtis, 1834 (od rednog br. 41-54) | | | | | | | |
| 41 | THSPA_1 | CROAA124-18 | A | F | Hrvatska | rijeka Neretva, Opuzen | 31 |
| 42 | THYP_6 | CROTR196-19 | | | Hrvatska | Konavle, Pridvorje | 32 |
| 43 | THYD_12 | CROTR184-19 | | | Hrvatska | rijeka Krka, Visovac | 33 |
| 44 | THSPA_4 | CROTR156-19 | | | Hrvatska | rijeka Krka, Roški slap | |
| 45 | GBOL13136 | GBMIX1986-15 | A | | Njemačka | Mayen-Koblenz, Winingen, Moesltal, Blumslay, Wald | |
| 46 | UA-SG-TRICH-C65 | TFLAN137-11 | L | | Belgija | Maaseik | |

PRILOG 5. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Hydroptila*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | stadij | spol | Država | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|--|------------------|------------------|--------|------|------------------|--|-----------------|
| 47 | UA-SG-TRICH-C13 | TFLAN141-11 | L | | Belgija | Kasterlee | |
| 48 | ARin-2014F086 | TRIFI1104-14 | L | | Finska | Vanhankaupunginkosk | |
| 49 | BC ZSM AQU 00606 | FBCAD036-10 | A | M | Njemačka | Isar oh Muendung Schleipferbach | |
| 50 | BC ZSM AQU 00607 | FBCAD037-10 | A | M | Njemačka | Weisse Laaber `Walk`, Suedrand Dietfurt a.d. Altmu | |
| 51 | KY225428 | GBMIN91666-1 | | | Velika Britanija | | 34 |
| 52 | 12HMCAD-36 | KJTRI031-13 | A | M | Italija | Risorgive del Vinchiaruzzo | 35 |
| 53 | JSIk-2011F101 | TRIFI641-12 | A | M | Finska | Liuhanvuolle | 36 |
| 54 | KY225427 | GBMH18003-19 | | | | | 37 |
| <i>Hydroptila tigurina</i> Ris, 1894 (od rednog br. 55-57) | | | | | | | |
| 55 | THTIG_1 | CROTR146-19 | A | M | Hrvatska | rijeka Mrežnica, Belavići | 38 |
| 56 | THTIG_2 | CROTR182-19 | A | F | Hrvatska | rijeka Dobra, Priselci | 39 |
| 57 | THTIG_3 | CROTR183-19 | A | M | Hrvatska | rijeka Dobra, Priselci | 40 |
| <i>Hydroptila tineoides</i> Dalman, 1819 (od rednog br. 58-66) | | | | | | | |
| 58 | TH TIN_1 | CROTR085-19 | A | M | Hrvatska | rijeka Dobra, Jarče | 41 |
| 59 | THID_3 | CROTR102-19 | A | M | Hrvatska | rijeka Rudnica, izvor | 42 |
| 60 | THID_6 | CROTR139-19 | A | F | Hrvatska | rijeka Rudnica, izvor | |
| 61 | TH TIN_2 | CROTR231-19 | A | M | Hrvatska | rijeka Petrinjčica, Prnjavor Čuntički | 43 |
| 62 | BCZSMAQU00903 | FBAQU1188-12 | A | F | Njemačka | Vorflutgraben Nord uh Muendung Ableitungsgraben No | 44 |
| 63 | FinnCAD-084 | FINNT054-12 | A | M | Norveška | Sametijohka ved Sameti Malaise trap 8 | 45 |
| 64 | 10HMCAD-177 | HMKKT177-10 | A | | Italija | Lago di Garda San Felice di Benaco | 46 |
| 65 | 12HMCAD-69 | KJTRI064-13 | A | M | Austrija | Lunz am See, Seeausrinn | 47 |
| 66 | JSIk-2011F117 | TRIFI657-12 | A | M | Finska | Kokonkoski | 48 |
| <i>Hydroptila vectis</i> Curtis, 1834 (od rednog br. 67-77) | | | | | | | |
| 67 | THVEC_1 | CROAA091-18 | A | M | Hrvatska | rijeka Bednja, Ivanečka Železnica | 49 |
| 68 | THVEC_2 | CROTR168-19 | A | M | Hrvatska | Potok u Konavlima, Pridvorje | 50 |
| 69 | THYD_3 | CROTR215-19 | A | | Hrvatska | potok Čerišnjevac, izvor, Pazin | 51 |
| 70 | KY225466 | GBMH18025-19 | A | | - | | 52 |
| 71 | 10HMCAD-178 | HMKKT178-10 | A | | Italija | Lago di Garda San Felice di Benaco | 53 |
| 72 | 08HMCAD-036 | HMTRI036-08 | A | | Libanon | Tasse | 54 |
| 73 | 12HMCAD-39 | KJTRI034-13 | A | M | Italija | Vivaro, Pordenone | |
| 74 | 12HMCAD-85 | KJTRI080-13 | A | M | Austrija | Ewixangraben, S. of Wang | 55 |
| 75 | JSIk-2011F113 | TRIFI653-12 | A | M | Estonia | Odalaetsi, Kihelkonna | 56 |
| 76 | JSIk-2011F114 | TRIFI654-12 | A | M | Estonia | Odalaetsi, Kihelkonna | |
| 77 | JSIk-2011F115 | TRIFI655-12 | A | F | Estonia | Odalaetsi, Kihelkonna | 57 |
| <i>Glossosoma conformis</i> Neboiss, 1963 (redni br. 78) | | | | | | | |
| 78 | CROTR210-19 | TGCON_2 | A | F | Hrvatska | potok Bliznec, Medvednica | 58 |

PRILOG 6. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Orthotrichia*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak te radi li se o unikatnom haplotipu ili više primjeraka dijeli isti haplotip. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni Br. | BOLD Sekvenca ID | ID uzorka | stadij | spol | Država | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|--|------------------|----------------|--------|------|----------------------------|---|-----------------|
| <i>Orthotrichia angustella</i> (McLachlan, 1865) (od rednog br. 1-2) | | | | | | | |
| 1 | THYP_1 | CROAA068-18 | A | | Hrvatska | rijeka Kupa, Jamnička Kiselica | 1 |
| 2 | JSIk-2013F055 | TRIFI980-13 | A | M | Rusija | Stenki, Belgorod | 2 |
| <i>Orthotrichia costalis</i> Curtis, 1834 (od rednog br. 3-13) | | | | | | | |
| 3 | THSPA_5 | CROTR184-19 | A | M | Hrvatska | rijeka Krka, Roški slap | 3 |
| 4 | THYD_10 | CROTR224-19 | A | M | Hrvatska | rijeka Krka, Visovac | 4 |
| 5 | THYD_11 | CROTR184-19 | A | F | Hrvatska | rijeka Krka, Visovac | 5 |
| 6 | BC ZSM AQU 00065 | FBAQU065-09 | A | M | Njemačka | Kiesweiher W Steigsee, SO Irgertsheim | 6 |
| 7 | UA-SG-TRICH-C15 | TFLAN146-11 | L | | Belgija | De Panne, De 3 Vijvers | 7 |
| 8 | UA-SG-TRICH-C67 | TFLAN147-11 | A | | Belgija | De Panne, De 3 Vijvers | 8 |
| 9 | UA-SG-TRICH-C17 | TFLAN150-11 | A | | Belgija | De Panne, De 3 Vijvers | 9 |
| 10 | UA-SG-TRICH-X14 | TFLAN248-11 | A | | Belgija | Oudenaarde, Oude Scheldearm | 10 |
| 11 | ARin-2014F089 | TRIFI1107-14 | L | | Finska | Vanhankaupunginkoski, Helsinki | 11 |
| 12 | JSIk-2011F129 | TRIFI669-12 | A | F | Finska | Huuma, Kotka | 12 |
| 13 | JSIk-2011F130 | TRIFI670-12 | A | M | Finska | Mellijaervi, Juupajoki | 13 |
| <i>Orthotrichia tragetti</i> Mosely, 1930 (od rednog br. 14-19) | | | | | | | |
| 14 | TOTRA_1 | CROAA069-18 | A | M | Hrvatska | jezero Kutu, Badžule | 14 |
| 15 | 12HMCAD-38 | KJTRI033-13 | A | M | Italija | Vivaro, Pordenone | 15 |
| 16 | TVTRI0062-A | RUSST134-12 | A | F | Rusija | Lotos Lake, Khasanskyi | 16 |
| 17 | JSIk-2013F088 | TRIFI1013-13 | A | M | Finska | Matalajaervi, Espoo | 17 |
| 18 | JSIk-2013F057 | TRIFI982-13 | A | F | Rusija | Stenki, Belgorod | 18 |
| 19 | JSIk-2013F058 | TRIFI983-13 | A | F | Rusija | Stenki, Belgorod | |
| <i>Orthotrichia aegerfasciella</i> Chambers, 1873 (od rednog br. 20-21) | | | | | | | |
| 20 | 10USCAD-070 | USCAD070-10 | | | Sjedinjene Američke Države | Little Manatee River SP | 19 |
| 21 | BIOUG35052-H03 | OPPQG2724-17 | A | | Kanada | Frontenac Provincial Park | 20 |
| <i>Orthotrichia baldufi</i> Kingsolver & Ross, 1961 (redni br. 22) | | | | | | | |
| 22 | OPPQE2986-17 | BIOUG34738-H09 | | | Kanada | Frontenac Provincial Park | 21 |
| <i>Orthotrichia shawkah</i> Malicky & Chantaramongkol, 2007 (redni br. 23) | | | | | | | |
| 23 | HMTRI009-08 | HMTRI009-08 | A | | | | 22 |
| <i>Orthotrichia</i> sp. (od rednog br. 24- 25) | | | | | | | |
| 24 | 04INCAD-240 | INCAD240-10 | A | | Indonezija | Marawas pritok rijeke Tondono, across from hydroe | 23 |
| 25 | EPAVT9 | LTUT1340-14 | L | | Australija | VXH Macalister R at Glencairn, Kick | 24 |
| <i>Glossosoma conformis</i> Neboiss, 1963 (redni br. 26) | | | | | | | |
| 26 | CROTR210-19 | TGCON_2 | A | F | Hrvatska | potokBliznec, Medvednica | 25 |

PRILOG 7. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Ithytrichia*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak te radi li se o unikatnom haplotipu ili više primjeraka dijeli isti haplotip. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | stadij | spol | Država | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|---|---------------|------------------|--------|------|----------|---|-----------------|
| <i>Ithytrichia lamellaris</i> Eaton, 1873 (od rednog br. 1- 22) | | | | | | | |
| 1 | TILAM_1 | CROAA067-18 | A | M | Hrvatska | rijeka Raša, dolina | 1 |
| 2 | TILAM_2 | CROTR200-19 | A | M | Hrvatska | rijeka Krapina | 2 |
| 3 | TILAM_3 | CROTR138-19 | A | M | Hrvatska | rijeka Dobra, poljeJarče | 3 |
| 4 | TITH_1 | CROTR143-19 | A | F | Hrvatska | rijeka Dobra, polje Jarče | 4 |
| 5 | BCZSMAQU00904 | FBAQU1189-12 | A | M | Njemačka | Donauaue 350 m W Giesenu, Donau Fkm 2436,125 [rec | 5 |
| 6 | FinnCAD-055 | FINNT005-12 | A | M | Norveška | Smaerijohka ved Sameri, Malaise trap 8 | 6 |
| 7 | TRD-TRI172 | TRDTR095-14 | A | M | Norveška | Nidelva ved Tiller bru | 7 |
| 8 | 10HMCAD-218 | HMKKT218-10 | A | | Austrija | Seeausrinn bei Lunz | 8 |
| 9 | KM225305 | GBA20494-14 | | | | | 9 |
| 10 | GBOL03917 | GBEPT588-14 | L | | Njemačka | Passade | 10 |
| 11 | GBOL03918 | GBEPT589-14 | L | | Njemačka | Passade | |
| 12 | GBOL03921 | GBEPT592-14 | L | | Njemačka | Passade | |
| 13 | JQ239821 | GBMIN18621-13 | | | | | 12 |
| 14 | 12HMCAD-33 | KJTRI028-13 | A | M | Italija | Risorgive del Vinchiaruzzo | 13 |
| 15 | NIVA_TER_64 | BARCO064-14 | | | Norveška | | 14 |
| 16 | TRD-TRI172 | TRDTR095-14 | | M | Norveška | Nidelva ved Tiller bru | 15 |
| 17 | JSik-20090068 | TRIFI173-10 | | M | Finska | Neulajoki | 16 |
| 18 | JSik-20090069 | TRIFI174-10 | | M | Finska | Neulajoki | |
| 19 | JSik-20090070 | TRIFI175-10 | | M | Finska | Vanhankaupunginkoski | |
| 20 | 10HMCAD-517 | HMKKT517-10 | A | | Austrija | Seeausrinn bei Lunz | 18 |
| 21 | 10HMCAD-519 | HMKKT519-10 | A | | Austrija | Seeausrinn bei Lunz | 19 |
| 22 | 10HMCAD-518 | HMKKT518-10 | A | | Austrija | Seeausrinn bei Lunz | 20 |
| <i>Ithytrichia clavata</i> Morton, 1905 (redni br.23) | | | | | | | |
| 23 | JSik-2014F169 | TRIFI1184-15 | | | Finska | Vehkakoski, Tampere | 21 |
| <i>Ithytrichia</i> sp. Eaton, 1873 (redni br.24) | | | | | | | |
| 24 | 10BBEPT-0262 | BBEPT263-10 | | | Kanada | Red Deer Trail Red Loop, Prince Albert NP | 22 |
| <i>Glossosoma conformis</i> Neboiss, 1963 (redni br.25) | | | | | | | |
| 25 | TGCON_2 | CROTR210-19 | A | F | Hrvatska | potok Bliznec, Medvednica | 23 |

PRILOG 8. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Oxyethira*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID number, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak te radi li se o unikatnom haplotipu ili više primjeraka dijeli isti haplotip. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | stadij | spol | Država | Lokacija | mt DNA haplotip |
|---|----------------|------------------|--------|------|------------|---|-----------------|
| <i>Oxyethira flavicornis</i> Pictet, 1834 (od rednog br. 1- 14) | | | | | | | |
| 1 | TOFLA_1 | CROAA050-18 | | | Hrvatska | rijeka Sava, Drenje Brdovečko | 1 |
| 2 | THYD_1 | CROAA095-18 | | | Hrvatska | rijeka Lika, Bilaj | 2 |
| 3 | TOFLA_2 | CROTR062-19 | | | Hrvatska | rijeka Lika, Bilaj | 3 |
| 4 | TOXY_1 | CROTR103-19 | | | Hrvatska | rijeka Dobra, Trošmarija | 4 |
| 5 | GBOL11602 | GBEPT2119-15 | A | | Njemačka | Laacher See | 5 |
| 6 | TRD-TRI141 | TRDTR064-14 | A | M | Norveška | Nidelva ved Tiller bru | 6 |
| 7 | GBOL11616 | GBEPT2133-15 | A | | Njemačka | Laacher See | 7 |
| 8 | BCZSMAQU00936 | FBAQU1221-12 | | M | Njemačka | Starnberger See, Ostufer 1 km NNW Pischetsried (Gd) | 8 |
| 9 | KY225389 | GBMH17998-19 | | | | | 9 |
| 10 | TRD-TRI138 | TRDTR037-14 | A | M | Norveška | Jonsvatnet ved Flaten | 10 |
| 11 | TRD-TRI140 | TRDTR039-14 | A | F | Norveška | Jonsvatnet ved Flaten | |
| 12 | TRD-TRI139 | TRDTR038-14 | A | M | Norveška | Jonsvatnet ved Flaten | 11 |
| 13 | JSIk-20090054 | TRIFI159-10 | A | M | Finska | Osmankajaervi | 12 |
| 14 | JSIk-20090055 | TRIFI160-10 | A | M | Finska | Partakko | 13 |
| <i>Oxyethira falcata</i> Morton, 1893 (od rednog br. 15- 28) | | | | | | | |
| 15 | THYP_4 | CROTR166-19 | A | | Hrvatska | Konavle, Pridvorje | 14 |
| 16 | THYP_5 | CROTR167-19 | A | | Hrvatska | Konavle, Pridvorje | 15 |
| 17 | THYP_7 | CROTR169-19 | A | | Hrvatska | Konavle, Pridvorje | 16 |
| 18 | 08HMCAD-133 | HMTRI133-08 | A | M | Italija | SW of Vivaro | 17 |
| 19 | JSIk-20090009 | TRIFI114-10 | A | M | Finska | Askasiok puro | 18 |
| 20 | JSIk-20090020 | TRIFI125-10 | A | M | Finska | Vaeinoenlammen puro | 19 |
| 21 | JSIk-20100002 | TRIFI206-10 | A | M | Finska | Tomuttirova 2 | 20 |
| 22 | JSIk-20100005 | TRIFI209-10 | A | M | Finska | Veitikielas | |
| 23 | JSIk-20100013 | TRIFI213-10 | A | M | Finska | Skalvejavri | |
| 24 | JSIk-20100014 | TRIFI214-10 | A | M | Finska | Skalvejavri | |
| 25 | MGon-2010-0002 | TRIFI344-11 | A | M | Španjolska | River Cuerpo del Hombre | 22 |
| 26 | MGon-2010-0001 | TRIFI345-11 | A | M | Španjolska | River Cuerpo del Hombre | 23 |
| 27 | JSIk-20110193 | TRIFI636-11 | A | F | Finska | Ruostesuo (M2) | 24 |
| 28 | JSIk-20110194 | TRIFI637-11 | A | F | Finska | Ruostesuo (M2) | 25 |
| <i>Oxyethira simplex</i> Ris, 1897 (redni br. 29) | | | | | | | |
| 29 | 10HMCAD-147 | HMKKT147-10 | S | | Crna Gora | Podgorica | 26 |
| <i>Oxyethira tristella</i> Klapalek, 1895 (redni br. 30) | | | | | | | |
| 30 | JSIk-20100021 | TRIFI348-11 | A | M | Finska | Kisko | 27 |
| <i>Glossosoma conformis</i> Neboiss, 1963 (redni br. 31) | | | | | | | |
| 31 | TGCON_2 | CROTR210-19 | A | F | Hrvatska | Bliznec, Medvednica | 28 |

PRILOG 9. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Micropterna*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima označene su DNA sekvence dobivene ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Stadij | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|---|----------------|------------------|--------|------|---------------|-----------------------------|-----------------|
| <i>Micropterna wagneri</i> Malicky, 1971 (od rednog br. 1- 3) | | | | | | | |
| 1. | TMWAG_1 | NIPM001-17 | A | M | Hrvatska | Potok u selu Palje, Konavle | 1 |
| 2. | TPWAG_1 | NIPM002-17 | A | F | Hrvatska | Potok u selu Palje, Konavle | 2 |

PRILOG 9. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Micropterna*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima označene su DNA sekvence dobivene ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Stadij | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|--|----------------|------------------|--------|------|---------------|---|-----------------|
| 3. | TRIC_13 | CROTR108-19 | A | M | Albanija | Spelaeacelicokave, jama, Bridash massif, 1840 m.n.m, Albanija | 3 |
| <i>M. nycterobia</i> McLachlan, 1875 (od rednog br. 4- 25) | | | | | | | |
| 4. | TMIC_1 | NIPM003-17 | A | M | Hrvatska | Rijeka Zrmanja - izvor | 4 |
| 5. | TMNYC_1 | NIPM006-17 | A | M | Hrvatska | Rijeka Krupa - Manastir | 5 |
| 6. | TMNYC_2 | CROTR016-19 | A | M | Hrvatska | izvor na Keljevo brdo - Korenica | |
| 7. | TRIC_10 | CROTR174-19 | A | F | Hrvatska | Velika Čulimova pećina, špilja - Kijevo | |
| 8. | TLIM_3 | CROTR055-19 | A | F | Hrvatska | jama pod sv. Jurom, Biokovo | 6 |
| 9. | TMSEQ_4 | CROTR226-19 | A | M | Hrvatska | Mokre noge, jama, Biokovo | 7 |
| 10. | 07HMCAD-0172 | HMCAD172-08 | A | M | Grčka | Passhoehé NE Karies | 8 |
| 11. | 07HMCAD-0174 | HMCAD174-08 | A | M | Grčka | Passhoehé NE Karies | |
| 12. | 07HMCAD-0175 | HMCAD175-08 | A | M | Grčka | Passhoehé NE Karies Lakonien Parnon, Peloponnese | |
| 13. | 08HMCAD-107 | HMTRI107-08 | A | M | Grčka | Konitsa, N. Grčka, Near Albania | |
| 14. | 07HMCAD-0173 | HMCAD173-08 | A | M | Grčka | Passhoehé NE Karies Lakonien Parnon, Peloponnese | 9 |
| 15. | 07HMCAD-0171 | HMCAD171-08 | A | M | Grčka | Passhoehé NE Karies | 10 |
| 16. | 10HMCAD-113 | HMKKT113-10 | A | | Grčka | Kastorias | 11 |
| 17. | TMWAG_2 | CROTR055-19 | A | M | Hrvatska | Jama pod sv. Jurom, jama, Biokovo | 12 |
| 18. | BIOUG17228-F01 | GMGML065-14 | ? | ? | Njemačka | Landskrone, Kreis Ahrweiler | 13 |
| 19. | 10HMCAD-572 | HMKKT572-10 | A | | Austrija | St. Konrad - Hausern | 14 |
| 20. | 10HMCAD-268 | HMKKT268-10 | A | | Austrija | St. Konrad - Hausern | 15 |
| 21. | HMCAD0111-107 | HMKKT924-11 | A | M | Italija | Valle della Rovina, Entraque, Piedmont | 16 |
| 22. | BCZSMAQU00923 | FBAQU1208-12 | L | ? | Njemačka | Einsiedelbach oberhalb Einmuendung Eichelbach, am, Bavaria | 17 |
| 23. | 10ESCAD-010 | ESCAD010-10 | A | F | Španjolska | Rio Guadalquivir, Nacimiento | 18 |
| 24. | 10ESCAD-006 | ESCAD006-10 | A | M | Španjolska | Rio Guadalquivir, Nacimiento | 19 |
| 25. | HMCAD0810-13 | HMKKT640-10 | A | M | Portugal | Tras-os-Montes, Milhao | 20 |
| <i>M. testacea</i> (Gmelin, 1789) (od rednog br. 26- 38) | | | | | | | |
| 26. | TMTES_2 | CROTR026-19 | | | Hrvatska | Rijeka Lika | 21 |
| 27. | 12HMCAD-052 | BHMKK233-12 | A | M | Italija | Abruzzi, Rieti, Mte Terminillo | 22 |
| 28. | HMCAD0111-108 | HMKKT925-11 | A | M | Italija | Valle della Rovina, Entraque, Cuneo, Piedmont | 23 |
| 29. | TLIM_5 | CROTR098-19 | | | Hrvatska | Nova velika, jama, Biokovo | 24 |
| 30. | 10ESCAD-011 | ESCAD011-10 | A | M | Španjolska | Nacimiento, Rio Guadalquivir, Jaen, Andalusia | |
| 31. | 10ESCAD-012 | ESCAD012-10 | A | M | Španjolska | Nacimiento, Rio Guadalquivir, Jaen, Andalusia | |
| 32. | 10ESCAD-013 | ESCAD013-10 | A | M | Španjolska | Nacimiento, Rio Guadalquivir, Jaen, Andalusia | |
| 33. | 10ESCAD-015 | ESCAD015-10 | A | M | Španjolska | Nacimiento, Rio Segura, Jaen, Andalusia | |
| 34. | TMTES_3 | CROTR028-19 | A | | Hrvatska | Rijeka Gacka, izvor, Mejervo vrilo | 25 |
| 35. | TMTES_1 | NIPM008-17 | A | F | Hrvatska | Rijeka Lika, Bilaj, Gospić | |
| 36. | 10HMCAD-077 | HMKKT077-10 | A | ? | Republika | Sumava, Horni Plana Olsina village | |

PRILOG 9. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Micropterna*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima označene su DNA sekvence dobivene ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Stadij | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|---|--------------------|------------------|--------|------|-----------------|--|-----------------|
| | | | | | Češka | (Langebrucke) | |
| 37. | 10ESCAD-014 | ESCAD014-10 | A | M | Španjolska | Nacimiento, Rio Segura, Jaen, Andalusia | |
| 38. | 12HMCAD-143 | KJTRI133-13 | A | M | Švicarska | Chalet de la Dole, Cheserex | 26 |
| <i>M. lateralis</i> (Stephens, 1837) (od rednog br. 39- 47) | | | | | | | |
| 39. | TMLAT_1 | CROTR002-19 | A | M | Hrvatska | Rijeka Lika, izvor | 27 |
| 40. | R358-4 Micro. lat. | AILG044-10 | L | | Rumunjska | Nera: Babii | 28 |
| 41. | GBEPT617-14 | KX294231 | L | ? | Njemačka | Lower Saxony, Schierpkebach | 29 |
| 42. | 10HMCAD-063 | HMKKT063-10 | A | | Češka | Sumava, Churanov Wetterstation | 30 |
| 43. | 10HMCAD-084 | HMKKT084-10 | A | | Češka | Sumava, Horni Plana Olsina village (Langebrucke) | 31 |
| 44. | TLIM_2 | NIPM005-17 | A | M | Hrvatska | Dretulja- Plaški | |
| 45. | 10HMCAD-035 | HMKKT035-10 | A | ? | Hrvatska | Exit from motorway, Ogulin | |
| 46. | 10HMCAD-306 | HMKKT306-10 | A | ? | Hrvatska | Exit from motorway, Ogulin | |
| 47. | 10HMCAD-307 | HMKKT307-10 | A | ? | Hrvatska | Exit from motorway, Ogulin | 32 |
| 48. | GBOL03947 | GBEPT618-14 | L | ? | Njemačka | Schierpkebach, Lower Saxony | |
| 49. | MI_BBT130724_01 | GST398-15 | A | ? | Njemačka | Breitenbach (first order stream), Hesse | |
| 50. | 12HMCAD-77 | KJTRI072-13 | A | M | Austrija | Lunz Pressireith, | |
| <i>M. sequax</i> McLachlan, 1875 (od rednog br. 48- 77) | | | | | | | |
| 51. | TMLAT_2 | | A | M | Hrvatska | Potok Peratovica | 33 |
| 52. | ID-07901 | MGCAD378-08 | A | M | Mongolija | Gantigiin Cold Spring 26.5 km NW of Moron | 34 |
| 53. | HMCAD1211-164 | BHMKK164-12 | A | ? | Republika Češka | Maly Polec, Churanov, Sumava | 35 |
| 54. | TMSEQ_3 | CROTR239-19 | A | M | Hrvatska | jezero Kozjak, prstanište - NP Plitvička jezera | |
| 55. | TMSEQ_2 | CROTR051-19 | A | M | Hrvatska | jezero Kozjak, most - NP Plitvička jezera | 36 |
| 56. | TMSEQ_1 | NIPM007-17 | A | M | Hrvatska | Potok Marušić, izvor, Roč, Istra | 37 |
| 57. | 07HMCAD-0122 | HMCAD122-08 | A | F | Grčka | Passhoeh NE Karies | |
| 58. | 07HMCAD-0124 | HMCAD124-08 | A | M | Grčka | Passhoeh NE Karies | 38 |
| 59. | 07HMCAD-0125 | HMCAD125-08 | A | M | Grčka | Passhoeh NE Karies | |
| 60. | TRIC_12 | | A | M | Crna Gora | | 39 |
| 61. | 08HMCAD-109 | HMTRI109-08 | A | F | Grčka | N. Grčka, Near Albania, Konitsa | 40 |
| 62. | TMIC_2 | NIPM004-17 | A | F | Hrvatska | Rijeka Una, izvor | 41 |
| 63. | 07HMCAD-0123 | HMCAD123-08 | A | F | Grčka | Passhoeh NE Karies, Lakonien Parmon, Peloponnese | 42 |
| 64. | 10HMCAD-112 | HMKKT112-10 | A | | Grčka | Kozani | 43 |
| 65. | 07HMCAD-0126 | HMCAD126-08 | A | M | Grčka | Passhoeh NE Karies | 44 |
| 66. | 07HMCAD-0127 | HMCAD127-08 | A | M | Grčka | Passhoeh NE Karies | 45 |
| 67. | JSIk-2011F091 | TRIFI631-11 | M | A | Finska | Rapola | 46 |
| 68. | ARin-2012F261 | TRIFI796-12 | | L | Finska | Myllykylae | 47 |
| 69. | ARin-2013F004 | TRIFI929-13 | | L | Finska | Isolaehde | 48 |

PRILOG 9. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Micropterna*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima označene su DNA sekvence dobivene ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Stadij | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mt DNA haplotip |
|--|----------------|------------------|--------|------|---------------|-------------------------------------|-----------------|
| 70. | NIVA_TER_13 | BARCO013-14 | | | Norveška | | 49 |
| 71. | ARin-2012F346 | TRIFI876-13 | A | | Finska | Melko pumppaamo | 50 |
| 72. | FinnCAD-008 | FINNT018-12 | A | M | Norveška | Gargia Fjellstue | 51 |
| 73. | HMCAD0111-97 | HMKKT914-11 | A | M | San Marino | Rio delta Fratta | 52 |
| 74. | 09HMCAD-0123 | HMCAD488-09 | A | | Austrija | Tirol | 53 |
| 75. | TRD-TRI68 | ODTRI086-14 | A | M | Norveška | Skei vestre nordre | 54 |
| 76. | TRD-TRI69 | ODTRI087-14 | A | M | Norveška | Skei vestre nordre | 55 |
| <i>M. fissa</i> McLachlan, 1875 (od rednog br. 78- 80) | | | | | | | |
| 77. | TMIC_3m | CROTR045-19 | A | M | Hrvatska | Mokre noge, jama, Biokovo | 56 |
| 78. | TMIC_3f | CROTR050-19 | A | F | Hrvatska | Mokre noge, jama, Biokovo | 57 |
| 79. | 12HMCAD-049 | BHMKK197-12 | A | ? | Italija | NW, MP Maremma, Grosseto, Orbetello | 58 |
| <i>Halesus tessellatus</i> (Rambur, 1842) (redni br. 81) | | | | | | | |
| 80. | THDIG_1 | NIPM009-17 | A | M | Hrvatska | Rijek Zrmanja - izvor | 59 |

PRILOG 10. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Rhyacophila* te *Anabolia furcata* kao vanjska vrsta. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mtDNA haplotip |
|---|----------------|------------------|------|---------------|--|----------------|
| <i>Rhyacophila aurata</i> Brauer, 1857 (od rednog br. 1-21) | | | | | | |
| 1 | TRAUR_1 | CROTR144-19 | M | Hrvatska | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupa | 1 |
| 2 | TRAUR_2 | CROTR145-19 | M | Hrvatska | rijeka Mrežnica - Belavići | 2 |
| 3 | FBCAD072-10 | BC ZSM AQU 00642 | M | Njemačka | Arzbach a.d. Strassenquerung zwischen Sudelfeld un | 3 |
| 4 | HMKKT139-10 | 10HMCAD-139 | | Italija | Friuli (PN), Vivaro: Magredi | 4 |
| 5 | HMKKT145-10 | 10HMCAD-145 | | Austrija | Zell/Ybbs (Waidhofen) | 5 |
| 6 | HMKKT198-10 | 10HMCAD-198 | | Austrija | Ybbs bei Lunz | |
| 7 | HMKKT413-10 | 10HMCAD-413 | | Austrija | Zell/Ybbs (Waidhofen) | |
| 8 | HMKKT484-10 | 10HMCAD-484 | | Austrija | Ybbs bei Lunz | |
| 9 | HMKKT486-10 | 10HMCAD-486 | | Austrija | Ybbs bei Lunz | |
| 10 | HMKKT607-10 | 10HMCAD-607 | | Austrija | Ybbs bei Lunz | |
| 11 | HMKKT941-11 | HMCAD0111-124 | M | Austrija | St. Konrad-Hausern | |
| 12 | HMTRI348-09 | 08HMCAD-348 | M | Austrija | Zell/Ybbs | |
| 13 | HMKKT410-10 | 10HMCAD-410 | | Italija | Friuli (PN), Vivaro: Magredi | 6 |

PRILOG 10. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Rhyacophila* te *Anabolia furcata* kao vanjska vrsta. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mDNA haplotipi |
|--|----------------|------------------|------|------------------|---|----------------|
| 14 | HMKKT412-10 | 10HMCAD-412 | | Austrija | Zell/Ybbs (Waidhofen) | 7 |
| 15 | HMKKT483-10 | 10HMCAD-483 | | Austrija | Ybbs bei Lunz | 8 |
| 16 | HMKKT485-10 | 10HMCAD-485 | | Austrija | Ybbs bei Lunz | 9 |
| 17 | HMTRI141-08 | 08HMCAD-141 | M | Italija | SW of Vivaro, Friuli-Venezia Giulia | 10 |
| 18 | HMTRI270-09 | 08HMCAD-270 | F | Austrija | Zell/Ybbs | |
| 19 | HMTRI140-08 | 08HMCAD-140 | M | Italija | SW of Vivaro, Friuli-Venezia Giulia | 11 |
| 20 | HMTRI142-08 | 08HMCAD-142 | M | Italija | SW of Vivaro, Friuli-Venezia Giulia | 12 |
| 21 | HMTRI143-08 | 08HMCAD-143 | F | Italija | SW of Vivaro, Friuli-Venezia Giulia | |
| <i>Rhyacophila balcanica</i> Radovanović, 1953 (od rednog br. 22-23) | | | | | | |
| 22 | TRBAL_1 | - | M | Hrvatska | rijeka Una (izvor) | 13 |
| 23 | 08HMCAD-031 | HMTRI031-08 | M | Hrvatska | izvor rijeke Rike, Krka, Knin | 14 |
| <i>Rhyacophila cabrankensis</i> Malicky, Previšić & Kučinić, 2007 (redni br. 24) | | | | | | |
| 24 | TRCAB_1 | CROAA089-18 | M | Hrvatska | rijeka Čabranka (izvor) - Čabar | 15 |
| <i>Rhyacophila dorsalis</i> Curtis, 1834 (od rednog br. 25-71) | | | | | | |
| 25 | GBMIN91774-17 | KY225465 | | Velika Britanija | | 16 |
| 26 | HMKKT199-10 | 10HMCAD-199 | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | 17 |
| 27 | | | | | | 18 |
| 28 | HMTRI156-08 | 08HMCAD-156 | M | Italija | SW of Vivaro | 19 |
| 29 | KJTRI130-13 | 12HMCAD-140 | M | San Marino | Ca Chiavella | 20 |
| 30 | KKCAD502-09 | ESCAD909-22 | | Španjolska | Ter Sant Pau | 21 |
| 31 | KKCAD595-09 | GGCAD909-51 | | Faeroe Islands | Dalsa, Vidareidi, Vidoy | 22 |
| 32 | KKCAD596-09 | GGCAD909-52 | M | Faeroe Islands | Dalsa, Vidareidi, Vidoy | |
| 33 | BHMKK219-12 | 12HMCAD-035 | M | Italija | Maira torrent | 23 |
| 34 | BHMKK246-12 | 12HMCAD-061 | M | Francuska | Mercantour, Saorge S. | |
| 35 | HMTRI450-09 | HM09Rh4a | | Italija | Casalgrasso CN | |
| 36 | HMKKT775-10 | HMCAD0810-148 | M | Italija | Sangone torrent | |
| 37 | INTAP087-17 | PE104 | M | Austrija | Vorarlberg, Stutz | 24 |
| 38 | INTAP088-17 | PE105 | M | Austrija | Vorarlberg, Stutz | 25 |
| 39 | TRDOR_1 | CROTR257-19 | M | Hrvatska | Sutla - Zelenjak, Kumrovec | 26 |
| 40 | TRDOR_2 | CROAA060-18 | M | Hrvatska | izvor Čabranke | 27 |
| 41 | TRDOP_4 | CROTR262-19 | M | Hrvatska | Labudovac, Plitvička jezera | |
| 42 | TRHY_2 | CROTR263-19 | F | Hrvatska | rijeka Mrežnica - Belavići | |
| 43 | TRDOP_1 | CROAA033-18 | M | Hrvatska | rijeka Kupa, Brod na Kupa | |
| 44 | TRDOP_2 | CROAA034-18 | M | Hrvatska | rijeka Kupa, Pribanji | |
| 45 | FBAQU067-09 | BC ZSM AQU 00067 | M | Njemačka | Donau bei Fkm 2469,8 rechts, UW Staustufe | |

PRILOG 10. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Rhyacophila* te *Anobolia furcata* kao vanjska vrsta. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mtDNA haplotipi |
|--|----------------|------------------|------|---------------|--|-----------------|
| | | | | | Bergheim | |
| 46 | FBCAD073-10 | BC ZSM AQU 00643 | M | Njemačka | Alz an Wehranlage mit Ausleitung bei Bruecke der B | |
| 47 | GBEPT1469-14 | GBOL08671 | | Njemačka | Breitmaehderbach, Erkheim | |
| 48 | HMKKT088-10 | 10HMCAD-088 | | Češka | Modrava, Zidovsky les Judenwald, Kameralni slat | |
| 49 | HMKKT200-10 | 10HMCAD-200 | | Austrija | Turrach, Mayerbruggersiedlung | |
| 50 | HMKKT492-10 | 10HMCAD-492 | | Austrija | Turrach, Mayerbruggersiedlung | |
| 51 | HMTRI154-08 | 08HMCAD-154 | M | Italija | SW of Vivaro | |
| 52 | HMTRI157-08 | 08HMCAD-157 | M | Italija | SW of Vivaro | |
| 53 | HMTRI253-09 | 08HMCAD-253 | M | Italija | Friuli, Vivaro | |
| 54 | HMTRI265-09 | 08HMCAD-265 | M | Austrija | Zell/Ybbs | |
| 55 | HMTRI338-09 | 08HMCAD-338 | M | Austrija | Zell/Ybbs | |
| 56 | HMTRI339-09 | 08HMCAD-339 | M | Austrija | Zell/Ybbs | |
| 57 | HMTRI340-09 | 08HMCAD-340 | M | Austrija | Zell/Ybbs | |
| 58 | TFLAN089-11 | UA-SG-TRICH-A14 | | Belgija | Voeren | |
| 59 | TFLAN090-11 | UA-SG-TRICH-A15 | | Belgija | Voeren | |
| 60 | HMKKT146-10 | 10HMCAD-146 | | Austrija | Zell/Ybbs (Waidhofen) | |
| 61 | HMKKT487-10 | 10HMCAD-487 | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | |
| 62 | HMKKT488-10 | 10HMCAD-488 | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | |
| 63 | HMKKT490-10 | 10HMCAD-490 | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | |
| 64 | HMKKT491-10 | 10HMCAD-491 | | Austrija | Turrach, Mayerbruggersiedlung | |
| 65 | HMKKT969-11 | HMCAD0111-152 | M | Austrija | St. Konrad-Hausern | |
| 66 | HMTRI155-08 | 08HMCAD-155 | M | Italija | SW of Vivaro | |
| 67 | HMTRI158-08 | 08HMCAD-158 | F | Italija | SW of Vivaro | |
| 68 | TRDP_2 | CROTR258-19 | M | Hrvatska | rijeka Sunja - Kukuruzari | 28 |
| 69 | TRDP_3 | CROTR259-19 | M | Hrvatska | jezero Labudovac - Plitvička jazera | 29 |
| 70 | TRDP_1 | CROTR259-19 | M | Hrvatska | jezero Gavanovac, Plitvička jezera | 30 |
| 71 | TRDP_4 | CROTR261-19 | M | Hrvatska | Labudovac, Plitvička jazera | 31 |
| <i>Rhyacophila fasciata</i> Hagen, 1859 (od rednog br. 72-129) | | | | | | |
| 72 | TRFAS_1 | CROTR264-19 | | Hrvatska | potok Zeleni Vir (izvor) | 32 |
| 73 | TRFAS_2 | CROTR116-19 | | Hrvatska | Mrežnica, Belavići | 33 |
| 74 | BARCO030-14 | NIVA_TER_30 | | Norveška | | 34 |
| 75 | BARCO082-14 | NIVA_TER_82 | | Norveška | | 35 |
| 76 | GST460-15 | Rf_BBU130618 | | Njemačka | Breitenbach (first order) | |

PRILOG 10. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Rhyacophila* te *Anobolia furcata* kao vanjska vrsta. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mDNA haplotipi |
|-----------|---------------|------------------|------|---------------|--|----------------|
| | | _03 | | | stream) | |
| 77 | TFLAN017-11 | UA-SG-TRICH-A16 | | Belgija | Beersel | |
| 78 | BARCO017-14 | NIVA_TER_17 | | Norveška | | |
| 79 | GST457-15 | Rf_BBT130828_01 | | Njemačka | Breitenbach (first order stream) | |
| 80 | GST459-15 | Rf_BBU130618_01 | | Njemačka | Breitenbach (first order stream) | |
| 81 | GST461-15 | Rf_BBU130618_04 | | Njemačka | Breitenbach (first order stream) | |
| 82 | HMKKT086-10 | 10HMCAD-086 | | Češka | Modrava, Zidovsky les Judenwald, Kameralni slat | |
| 83 | TFLAN018-11 | UA-SG-TRICH-A17 | | Belgija | Beersel | |
| 84 | BGMAY355-11 | CCDB-09363-B11 | | Bugarska | Iskar River, upstream Dolni Pasarel village, Rapid | 36 |
| 85 | BGMAY356-11 | CCDB-09363-B12 | | Bugarska | Iskar River, upstream Dolni Pasarel village, Rapid | 37 |
| 86 | FBAQU371-09 | BC ZSM AQU 00371 | F | Njemačka | Moorgraben/Bach, Ostrand Wendlinger Filze/Nordteil | 38 |
| 87 | FBCAD074-10 | BC ZSM AQU 00644 | F | Njemačka | Westlicher Quellarm des Morsbachs mit Quellteich, | 39 |
| 88 | FINNT042-12 | FinnCAD-058 | F | Norveška | Gargiaveien, Gargiaelvsnev Storeng, Malaise trap 2 | 40 |
| 89 | GBA21694-14 | KM225308 | | | | 41 |
| 90 | GBEPT337-14 | GBOL03367 | | Njemačka | Ueberacker | 42 |
| 91 | GBEPT496-14 | GBOL03607 | | Njemačka | Breitenbach (First-order stream) | 43 |
| 92 | GBEPT499-14 | GBOL03610 | | Njemačka | Breitenbach (First-order stream) | |
| 93 | GBEPT500-14 | GBOL03611 | | Njemačka | Breitenbach (First-order stream) | |
| 94 | GBEPT497-14 | GBOL03608 | | Njemačka | Breitenbach (First-order stream) | 44 |
| 95 | GBEPT498-14 | GBOL03609 | | Njemačka | Breitenbach (First-order stream) | 45 |
| 96 | GBMH18001-19 | KY225476 | | | | 46 |
| 97 | GBMH18611-19 | MF347395 | | | | 47 |
| 98 | GBMH18612-19 | MF347396 | | | | 48 |
| 99 | GBMH18613-19 | MF347397 | | | | 49 |
| 100 | GBMIN18619-13 | JQ239825 | | | | 50 |
| 101 | GST454-15 | Rf_BBT130616_01 | | Njemačka | Breitenbach (first order stream) | 51 |

PRILOG 10. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Rhyacophila* te *Anabolia furcata* kao vanjska vrsta. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mDNA haplotipi |
|--|----------------|------------------|------|---------------|--|----------------|
| 102 | GST455-15 | Rf_BBT130720_01 | | Njemačka | Breitenbach (first order stream) | 52 |
| 103 | GST456-15 | Rf_BBT130728_01 | | Njemačka | Breitenbach (first order stream) | 53 |
| 104 | GST458-15 | Rf_BBT130828_02 | | Njemačka | Breitenbach (first order stream) | 54 |
| 105 | HMKKT197-10 | 10HMCAD-197 | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | 55 |
| 106 | HMKKT480-10 | 10HMCAD-480 | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | |
| 107 | HMKKT287-10 | 10HMCAD-287 | | Austrija | St. Konrad - Hausern | |
| 108 | HMKKT479-10 | 10HMCAD-479 | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | |
| 109 | HMKKT595-10 | 10HMCAD-595 | | Austrija | St. Konrad - Hausern | |
| 110 | HMKKT606-10 | 10HMCAD-606 | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | |
| 111 | HMKKT481-10 | 10HMCAD-481 | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | |
| 112 | HMKKT594-10 | 10HMCAD-594 | | Austrija | St. Konrad - Hausern | |
| 113 | HMKKT597-10 | 10HMCAD-597 | | Austrija | St. Konrad - Hausern | 57 |
| 114 | HMKKT598-10 | 10HMCAD-598 | | Austrija | St. Konrad - Hausern | 58 |
| 115 | HMKKT482-10 | 10HMCAD-482 | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | 59 |
| 116 | HMKKT825-11 | HMCAD0111-8 | M | Francuska | St. Pancrasse | 60 |
| 117 | KKUMN469-10 | 09MNKK0461 | M | Španjolska | Rio Vernal, Valle de Anso, N of Anso at picnic area, rt. HU-V-2024 | 61 |
| 118 | OFTRI336-10 | 10OFCAD-002 | | Francuska | Garonne nr.Benque, 6km NW. Bagneres de Luchon | 62 |
| 119 | TFLAN070-11 | UA-SG-TRICH-A01 | | Belgija | Voeren | 63 |
| 120 | TFLAN072-11 | UA-SG-TRICH-A06 | | Belgija | Voeren | |
| 121 | TFLAN074-11 | UA-SG-TRICH-A08 | | Belgija | Voeren | |
| 122 | TMIX037-15 | fw46 | | Njemačka | North Rhine-Westphalia | 65 |
| 123 | TRDTR059-14 | TRD-TRI122 | M | Norveška | | 66 |
| 124 | TRDTR026-14 | TRD-TRI123 | F | Norveška | | |
| 125 | TRIFI254-10 | JSIk-20100068 | | Finska | Vaarainjoki | 67 |
| 126 | TRIFI852-13 | ARin-2012F322 | | Finska | Purkuputaanoja | |
| 127 | TRIFI255-10 | JSIk-20100072 | | Finska | Vaarainjoki | 68 |
| 128 | TRIFI701-12 | ARin-2011F161 | | Finska | Sorsaoja | 69 |
| 129 | TRIFI853-13 | ARin-2012F323 | | Estonia | Moeldrioja | 70 |
| <i>Rhyacophila hirticornis</i> McLachlan, 1879 (od rednog br. 130-139) | | | | | | |
| 130 | TRHIT_1 | CROTR265-19 | M | Hrvatska | potok Šumi, Izvor | 71 |
| 131 | FBCAD076-10 | BC ZSM AQU 00646 | F | Njemačka | Quellablauf Hubertusbrunnen beim | 72 |

PRILOG 10. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Rhyacophila* te *Anobolia furcata* kao vanjska vrsta. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mtDNA haplotipi |
|---|----------------|------------------|------|---------------|--|-----------------|
| | | | | | Breirtenau-/Geiss | |
| 132 | HMKKT195-10 | 10HMCAD-195 | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | 73 |
| 133 | HMKKT478-10 | 10HMCAD-478 | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | |
| 134 | HMKKT782-10 | HMCAD0810-155 | M | Austrija | Dunkelsteiner Wald Halterbach, 1.6 km SE. Paltmul | |
| 135 | INTAP075-17 | PE087 | | Austrija | Riedbach | 74 |
| 136 | INTAP080-17 | PE096 | M | Austrija | Stutz | 75 |
| 137 | INTAP102-17 | PE121 | M | Austrija | Stutz | 76 |
| 138 | KJTRI190-13 | 12HMCAD-200 | M | Austrija | Purgstall | 77 |
| 139 | FBCAD076-10 | BC ZSM AQU 00646 | F | Njemačka | Quellablauf Hubertusbrunnen beim Breirtenau-/Geiss | 78 |
| <i>Rhyacophila laevis</i> Pictet, 1834 (od rednog br. 140-147) | | | | | | |
| 140 | FBAQU373-09 | BC ZSM AQU 00373 | | Njemačka | Quellbach vom Kogelkopf-Nordhang, 3,2 km NNO Marie | 79 |
| 141 | HMKKT278-10 | 10HMCAD-278 | | Austrija | St. Konrad - Hausern | 80 |
| 142 | HMKKT772-10 | HMCAD0810-145 | M | Grčka | Vironia. Ramna site | 81 |
| 143 | HMKKT780-10 | HMCAD0810-153 | M | Austrija | Seebergsattel | 82 |
| 144 | HMTRI018-08 | 08HMCAD-018 | M | Austrija | Mayrgraben, Lunz am See | 83 |
| 145 | KJTRI065-13 | 12HMCAD-70 | M | Austrija | Lunz, Gstetten | 84 |
| 146 | HMTRI030-08 | 08HMCAD-030 | M | Rumunjska | Apuseni Mountains, Rimetea | 85 |
| 147 | KKUMN452-10 | 09MNKK0444 | M | Španjolska | Barranco del Asieso, ca. 2 km E rt A-136, N of Biescas | 86 |
| <i>Rhyacophila loxias</i> Schmid, 1970 (od rednog br. 148-152) | | | | | | |
| 148 | TRLOX_2 | - | M | Hrvatska | rijeka Veličanka - uzvodno od Požege | 87 |
| 149 | TRARM_1 | - | M | Makedonija | NP Mavrovo, Sastav reke, Makedonija | 88 |
| 150 | HMTRI204-09 | 08HMCAD-204 | | Grčka | Serron, Vironia Ramna | 89 |
| 151 | HMTRI300-09 | 08HMCAD-300 | M | Grčka | Serron | 90 |
| 152 | HMTRI397-09 | HM09RH40 | | Grčka | Serron | 91 |
| <i>Rhyacophila nubila</i> Zetterstedt, 1840 (od rednog br. 153-187) | | | | | | |
| 153 | TRDP_1 | CROTR267-19 | M | Hrvatska | rijeka Petrinjčica - Prnjavor Čuntićki | 92 |
| 154 | TRAUR_3 | CROTR198-19 | M | Hrvatska | rijeka Petrinjčica - Prnjavor Čuntićki | 93 |
| 155 | BARCO059-14 | NIVA_TER_59 | | Norveška | | 94 |
| 156 | FBAQU1455-13 | GBOL00299 | F | Njemačka | `Apfelstaedt` bei Ingersleben | |
| 157 | NWCAD010-08 | 08NWCAD-010 | F | Norveška | NWCAD010-08 | |
| 158 | NWCAD049-10 | 09TECAD-015 | | Norveška | Skanglehaugen | |

PRILOG 10. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Rhyacophila* te *Anabolia furcata* kao vanjska vrsta. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mtDNA haplotipi |
|---|----------------|------------------|------|---------------|--|-----------------|
| 159 | FBAQU1409-13 | BCZSM_EPH_0174 | M | Njemačka | Emse bei Winterstein | 95 |
| 160 | FBAQU1451-13 | GBOL00295 | M | Njemačka | `Apfelstaedt` bei Ingersleben | 96 |
| 161 | FBAQU1453-13 | GBOL00297 | M | Njemačka | `Apfelstaedt` bei Ingersleben | |
| 162 | GBEPT1453-14 | GBOL08655 | | Njemačka | Lohbach | |
| 163 | FBAQU1454-13 | GBOL00298 | M | Njemačka | `Apfelstaedt` bei Ingersleben | |
| 164 | FBCAD078-10 | BC ZSM AQU 00648 | M | Njemačka | Altmuehl oberhalb Bruecke Groesdorf, 1,2 km N Kipf | |
| 165 | GBEPT1457-14 | GBOL08659 | | Njemačka | Vils bei Trasslberg | |
| 166 | GBEPT1646-14 | GBOL-08753 | | Njemačka | Otterbach Pegelhaus, Kart. Lfh | 97 |
| 167 | HMKKT028-10 | 10HMCAD-028 | | Rumunjska | Geb. Monti Mare Sud | 98 |
| 168 | IQCAD065-09 | IQCAD-0065 | | Irak | Ahmed Awa | 99 |
| 169 | IQCAD066-09 | IQCAD-0066 | | Irak | Ahmed Awa | 100 |
| 170 | IQCAD068-09 | IQCAD-0068 | | Irak | Chami Razan Area | 101 |
| 171 | IQCAD067-09 | IQCAD-0067 | | Irak | Ahmed Awa | 102 |
| 172 | KJTRI314-13 | VARCAD-29 | M | Rusija | Mostovskii District, 4 km upstream at the Bystryi | 103 |
| 173 | KKNEA036-09 | ESCAD909-78 | M | SAD | Logan Creek | 104 |
| 174 | NWCAD038-10 | 09TECAD-004 | | Norveška | Skanglehaugen (P2) | 105 |
| 175 | NWCAD065-10 | 09TECAD-031 | | Norveška | Skanglehaugen (P1) | 106 |
| 176 | ODTRI019-14 | TRD-TRI1 | M | Norveška | | 107 |
| 177 | ODTRI020-14 | TRD-TRI2 | M | Norveška | | 108 |
| 178 | TRDTR076-14 | TRD-TRI153 | M | Norveška | | 109 |
| 179 | TRDTR138-15 | TRD-TRI215 | F | Norveška | near Tiller bridge | 110 |
| 180 | TRDTR139-15 | TRD-TRI216 | M | Norveška | | 111 |
| 181 | TRDTR140-15 | TRD-TRI217 | M | Norveška | near Kvaal | 112 |
| 182 | TRIFI1016-13 | JSIk-2013F091 | M | Finska | Tyryinvirta | 113 |
| 183 | TRIFI1017-13 | JSIk-2013F092 | M | Finska | Tyryinvirta | 114 |
| 184 | TRIFI1018-13 | JSIk-2013F093 | F | Finska | Tyryinvirta | 115 |
| 185 | TRIFI256-10 | JSIk-20100075 | M | Finska | Konttakoengaes | 116 |
| 186 | TRIFI732-12 | ARin-2011F192 | | Finska | Oulanka, Merenoja | 117 |
| 187 | TRIFI848-13 | ARin-2012F318 | | Finska | Ylaekoengaes, Borssejokisuu | 118 |
| <i>Rhyacophila obliterata</i> McLachlan, 1863 (od rednog br. 188-198) | | | | | | |
| 188 | TROBL_1 | | M | Kosovo | Guriikuq, Kosovo | 119 |
| 189 | TROBL_2 | | M | Hrvatska | Kutjevačka rijeka, gornji tok | 120 |
| 190 | FINNT061-12 | FinnCAD-060 | M | Norveška | Kautokeinoelva at Maze | 121 |
| 191 | TRIFI703-12 | ARin-2011F163 | L | Finska | Oulanka, Merenoja | |
| 192 | TRIFI965-13 | ARin-2013F040 | L | Finska | Caarajaeervih | |
| 193 | GBEPT794-14 | GBOL04408 | M | Njemačka | Friedrichchroda, Kuhles Tal, Schilfwasser | 122 |
| 194 | GBEPT795-14 | GBOL04409 | | Njemačka | Friedrichchroda, Kuhles Tal, Schilfwasser | 123 |
| 195 | GBEPT796-14 | GBOL04410 | M | Njemačka | Friedrichchroda, Kuhles Tal, Schilfwasser | 124 |

PRILOG 10. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Rhyacophila* te *Anobolia furcata* kao vanjska vrsta. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mtDNA haplotipi |
|---|-----------------|------------------|------|---------------|--|-----------------|
| 196 | GBEPT797-14 | GBOL04411 | M | Njemačka | Friedrichchroda, Kuhles Tal, Schilfwasser | |
| 197 | GBEPT798-14 | GBOL04412 | M | Njemačka | Friedrichchroda, Kuhles Tal, Schilfwasser | |
| 198 | HMTRI415-09 | HM09Rh43 | A | Grčka | Ramna site | 125 |
| <i>Rhyacophila palmeni</i> McLachlan, 1879 (od rednog br. 199-206) | | | | | | |
| 199 | TRPAL_1 | - | M | Grčka | Trigona (MKZ), Village, Kardista | 126 |
| 200 | TRPAL_3 | - | M | Kosovo | KM 10 Manastir: Pejë Municipality | 127 |
| 201 | TRPAL_4 | - | M | Grčka | Fthiotida, Iti-Geb, Pervoli | 128 |
| 202 | TRPAL_5 | - | M | Grčka | rijeka Aroanios, Achaias (Achaea), Krinofita | 129 |
| 203 | TRPAL_6 | - | M | Kosovo | Pika 2 | 130 |
| 204 | TRPAL_7 | CROAA030-18 | M | Hrvatska | rijeka Kupa, Pribanjci | 131 |
| 205 | 08HMCAD-183 | HMTRI183-08 | M | Grčka | Kastori, Peloponnese | 132 |
| 206 | 12HMCAD-99 | KJTRI094-13 | M | Grčka | Metsovo | 133 |
| <i>Rhyacophila polonica</i> McLachlan, 1879 (od rednog br. 207-210) | | | | | | |
| 207 | TRHY_1 | | M | Hrvatska | Zeleni vir | 134 |
| 208 | TRPOL_1a | | M | Kosovo | Mushtisht | 135 |
| 209 | 08HMCAD-033 | HMTRI033-08 | M | Austrija | Mayrgraben, Lunz am See | 136 |
| 210 | HMKKT856-11 | HMCAD0111-39 | M | Austrija | Praemorsa-Bach hinter Presslireith | |
| <i>Rhyacophila praemorsa</i> McLachlan, 1879 (od rednog br. 211-214) | | | | | | |
| 211 | TRPRAE_1 | CROTR058-19 | M | Hrvatska | potok Jankovac (gornji tok) - zapadno od Orahovca, Papuk | 137 |
| 212 | FBAQU280-09 | BC ZSM AQU 00280 | L | Njemačka | Quellen Hohlbauernwaldbach 1,5 km SW Oberbreitenau | 138 |
| 213 | GBMIX1702-15 | GBOL12187 | A | Njemačka | Oberallgaeu: Baeche oh Grasgehren-A zw. Balderschw | 139 |
| 214 | INTAP243-17 | PE288 | M | Austrija | | 140 |
| <i>Rhyacophila schmidinarica</i> Urbanič, Krušnik & Malicky, 2000 (od rednog br. 215-218) | | | | | | |
| 215 | HMTRI029-08 | 08HMCAD-029 | M | Hrvatska | Bužim, Velebit | 141 |
| 216 | TRSCH_1 | CROTR007-19 | M | Hrvatska | izvor na Bjelolasici | 142 |
| 217 | TRSCH_3 | CROTR070-19 | M | Hrvatska | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac | 143 |
| 218 | TRSCH_4 | CROTR084-19 | F | Hrvatska | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac | |
| <i>Rhyacophila simulatrix</i> McLachlan, 1879 (od rednog br. 219-228) | | | | | | |
| 219 | BHMKK208-12 | 12HMCAD-042 | M | Austrija | Rohrwiesteich | 144 |
| 220 | HMKKT281-10 | 10HMCAD-281 | A | Austrija | St. Konrad - Hausern | |
| 221 | HMKKT585-10 | 10HMCAD-585 | | Austrija | St. Konrad - Hausern | |
| 222 | HMKKT586-10 | 10HMCAD-586 | | Austrija | St. Konrad - Hausern | |
| 223 | HMKKT587-10 | 10HMCAD-587 | | Austrija | St. Konrad - Hausern | |
| 224 | HMKKT155-10 | 10HMCAD-155 | A | Francuska | Mercantour NP, Saorge E | 145 |

PRILOG 10. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Rhyacophila* te *Anabolia furcata* kao vanjska vrsta. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mtDNA haplotipi |
|---|----------------|------------------|------|---------------|--|-----------------|
| 225 | HMKKT726-10 | HMCAD0810-99 | M | Italija | Squaneto, Valla torrent | |
| 226 | HMKKT584-10 | 10HMCAD-584 | | Austrija | St. Konrad - Hausern | 146 |
| 227 | HMKKT922-11 | HMCAD0111-105 | M | Francuska | Maurioun N | 147 |
| 228 | HMKKT964-11 | HMCAD0111-147 | M | Austrija | St. Konrad-Hausern | 148 |
| <i>Rhyacophila torrentium</i> FJ Pictet, 1834 (od rednog br. 229-246) | | | | | | |
| 229 | TRTOR_1 | - | F | Hrvatska | potok Zeleni Vir (izvor) | 149 |
| 230 | BHMKK159-12 | HMCAD1211-159 | M | Austrija | Teischnitzbach bei | 150 |
| 231 | HMKKT474-10 | 10HMCAD-474 | | Austrija | Ybbs bei Lunz | |
| 232 | INTAP156-17 | PE183 | M | Austrija | Brandnertal, vic. Brand, Schattenlaganterhuette | |
| 233 | HMKKT193-10 | 10HMCAD-193 | A | Austrija | Ybbs bei Lunz | 151 |
| 234 | HMKKT473-10 | 10HMCAD-473 | | Austrija | Ybbs bei Lunz | 152 |
| 235 | HMKKT475-10 | 10HMCAD-475 | | Austrija | Ybbs bei Lunz | 153 |
| 236 | HMTRI173-08 | 08HMCAD-173 | M | Austrija | | |
| 237 | HMTRI174-08 | 08HMCAD-174 | M | Austrija | | |
| 238 | HMKKT951-11 | HMCAD0111-134 | M | Austrija | St. Konrad-Hausern | 154 |
| 239 | HMTRI172-08 | 08HMCAD-172 | F | Austrija | | 155 |
| 240 | HMTRI195-09 | 08HMCAD-195 | M | Austrija | | 156 |
| 241 | HMTRI196-09 | 08HMCAD-196 | F | Austrija | | |
| 242 | INTAP115-17 | PE137 | M | Austrija | Stutz | 157 |
| 243 | INTAP116-17 | PE138 | M | Austrija | Stutz | 158 |
| 244 | INTAP117-17 | PE139 | F | Austrija | Stutz | |
| 245 | INTAP157-17 | PE184 | M | Austrija | Brandnertal, vic. Brand, Schattenlaganterhuette | |
| 246 | KJTRI037-13 | 12HMCAD-42 | M | Austrija | Hollersbachtal | 159 |
| <i>Rhyacophila tristis</i> Pictet, 1834 (od rednog br. 247-263) | | | | | | |
| 247 | TRTRI_1 | | M | Kosovo | Pika 6, Deçan | 160 |
| 248 | TRTRI_2 | | M | Kosovo | Kujavqe | 161 |
| 249 | TRTRI_4 | CROAA098-18 | M | Hrvatska | izvor potoka vodov, Konavle | 162 |
| 250 | TRTRI_5 | CROTR011-19 | F | Hrvatska | izvor potoka vodov, Konavle | 163 |
| 251 | BHMKK229-12 | 12HMCAD-020 | M | Austrija | Lunz am See | |
| 252 | FBAQU1394-13 | BCZSM_EPH_0159 | A | Njemačka | oh Woebbel, Napte | |
| 253 | FBAQU375-09 | BC ZSM AQU 00375 | I | Njemačka | Isar Fkm 252, oberhalb Kruener Wehr, zwischen Stau | |
| 254 | TRTRI_6 | CROTR018-19 | M | Hrvatska | Škodinovac, izvor, Papuk | 164 |
| 255 | TRTRI_7 | CROTR031-19 | M | Hrvatska | zvor potoka u selu Vodovođa, Konavle | 165 |
| 256 | TRTRI_8 | CROTR250-19 | M | Hrvatska | Labudovac, Plitvička jazera | 166 |
| 257 | TRTRI_9 | CROTR236-19 | F | Hrvatska | Labudovac, Plitvička jazera | 167 |
| 258 | FBAQU130-09 | BC ZSM AQU | M | Njemačka | Mitternacher Ohe N | 168 |

PRILOG 10. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Rhyacophila* te *Anabolia furcata* kao vanjska vrsta. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, I=imago, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Država nalaza | Lokacija nalaza | mtDNA haplotipi |
|--|----------------|------------------|------|---------------|--|-----------------|
| | | 00130 | | | Zehrmuehle (Gde. Schoenberg), | |
| 259 | FBCAD081-10 | BC ZSM AQU 00651 | M | Njemačka | Arzbach a.d. Strassenquerung zwischen Sudelfeld un | 169 |
| 260 | HMKKT843-11 | HMCAD0111-26 | M | Portugal | Covao da Ponte | 170 |
| 261 | HMTRI463-09 | HM09Rh22a | A | Italija | Borro Stream | 171 |
| 262 | KKCAD194-07 | KKCAD-0229 | | Italija | ex-Molino Tais, Lavesio Stream | 172 |
| 263 | KKUMN428-10 | 09MNKK0420 | M | Španjolska | Rio Toxa, Fervenza do Toxa | 173 |
| <i>Rhyacophila vulgaris</i> Pictet, 1834 (od rednog br. 264-281) | | | | | | |
| 264 | TRVUL_1 | CROAA031-18 | M | Hrvatska | Kupčina, gornji tok, Vrabac | 174 |
| 265 | FBAQU377-09 | BC ZSM AQU 00377 | M | Njemačka | Isar Fkm 247, Hoehe Wallgau | 175 |
| 266 | GBMIX1704-15 | GBOL12189 | A | Njemačka | Oberallgaeu: Baeche oh Grasgehren-A zw. Balderschw | 176 |
| 267 | HMKKT054-10 | 10HMCAD-054 | A | Austrija | Rankweil: Weitried/Landesforstgarten | 177 |
| 268 | HMKKT331-10 | 10HMCAD-331 | | Austrija | Rankweil: Weitried/Landesforstgarten | |
| 269 | HMKKT332-10 | 10HMCAD-332 | | Austrija | Rankweil: Weitried/Landesforstgarten | |
| 270 | HMTRI448-09 | HM09Rh23a | A | Italija | Re, Prato Nuovo stream | |
| 271 | HMKKT128-10 | 10HMCAD-128 | A | Austrija | Klostertal, Nenzigast Alpe | 178 |
| 272 | HMKKT194-10 | 10HMCAD-194 | A | Austrija | Seeausrinn bei Lunz | 179 |
| 273 | HMKKT329-10 | 10HMCAD-329 | | Austrija | Rankweil: Weitried/Landesforstgarten | 180 |
| 274 | HMKKT330-10 | 10HMCAD-330 | | Austrija | Rankweil: Weitried/Landesforstgarten | 181 |
| 275 | HMKKT476-10 | 10HMCAD-476 | | Austrija | Seeausrinn bei Lunz | 182 |
| 276 | HMKKT477-10 | 10HMCAD-477 | | Austrija | Seeausrinn bei Lunz | 183 |
| 277 | KKCAD218-07 | KKCAD-0232 | | Austrija | Kogelsbach | |
| 278 | HMKKT938-11 | HMCAD0111-121 | M | Austrija | St. Konrad-Hausern | 184 |
| 279 | INTAP065-17 | PE077 | F | Austrija | Sonntag | |
| 280 | INTAP217-17 | PE256 | M | Austrija | Flexenpass | 185 |
| 281 | KJTRI121-13 | 12HMCAD-131 | M | Austrija | Salzburg City, Thumegger Bezirk | 186 |
| <i>Anabolia furcata</i> Brauer, 1857 (redni br. 282) | | | | | | |
| 282 | TAFUR_1 | CROAA002-18 | M | Hrvatska | potok Jankovac (gornji tok) - zapadno od Orahovca, Papuk | 187 |

PRILOG 11. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Chaetopteryx* te *Eclysopteryx keroveci* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, morfološka identifikacija, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza | mtDNA localities |
|---|-----------------|------------------|---------------------|---|------------------|
| <i>C. fusca</i> Brauer, 1857 (od rednog br. 1-2) | | | | | |
| 1. | TCFUS_1 | CROAA082-18 | Hrvatska | izvor Zagorske Mrežnice | 1 |
| 2. | 08HMCAD-333 | HMTRI333-09 | Austrija | Lower Austrija, Rohrwiesteich | 2 |
| <i>C. villosa</i> (Fabricius, 1798) (redni br. 3) | | | | | |
| 3. | 07HMCAD-0134 | HMCAD134-08 | Austrija | Lower Austrija, Sarleinsbac | 3 |
| <i>C. bosniaca</i> Marinkovic-Gospodnetić, 1959 (od rednog br. 4-5) | | | | | |
| 4. | TAAPF_2 | CROAA081-18 | Hrvatska | Cetina, izvor Glavaš | 4 |
| 5. | CBxED0104 | | Bosna i Hercegovina | Livno, rijeka Sturba | 5 |
| <i>C. gessneri</i> McLachlan, 1876 (redni br. 6) | | | | | |
| 6. | 07HMCAD- 0177 | HMCAD177-08 | Italija | Umbria, Perugia, Fium Nera above Visso | 6 |
| <i>C. moretii</i> Lodovici and Valle 2007 (rednog br. 7) | | | | | |
| 7. | HM09Cm7 | HMTRI421-09 | Italija | Belluno, Val Canzoi, Veneto | 7 |
| <i>Chaetopterygopsis maclachlani</i> (Stein,1874) (redni br. 8) | | | | | |
| 8. | 08HMCAD-331 | HMTRI331-09 | Austrija | Lower Austrija, Rohrwiesteich | 8 |
| <i>C. rugulosa</i> Kolenati, 1848 (od rednog br. 9-27) | | | | | |
| 9. | TCSCH_2 | CROAA077-18 | Hrvatska | izvor Škodinovac, Bastaji | 9 |
| 10. | TCSCH_1 | CROAA003-18 | Hrvatska | Jankovac (izvor) - zapadno od Orahovca, Papuk | 10 |
| 11. | TCPSU_1f | CROTR110-19 | Hrvatska | Šumetlica, izvor, Psunj | |
| 12. | TCPSU_2m | CROTR111-19 | Hrvatska | Šumetlica, izvor, Psunj | |
| 13. | CRRDG0103 | HGCAD036-10 | Slovenija | Pohorje Mts., vodotok kod Lukanja | |
| 14. | CRREE0102 | HGCAD068-10 | Hrvatska | Medvecina izvor Mrzlak kod Sljemena | 11 |
| 15. | CRREE0301 | HGCAD069-10 | Hrvatska | Medvecina potok Bliznac Podsljeme | |
| 16. | CRREE0201 | HGCAD071-10 | Hrvatska | Kraljičin Zdenac, izvor | |
| 17. | CRRDG0101 | HGCAD074-10 | Slovenija | Planina Pohorje., vodotok kod Lukanj | |
| 18. | CRREE0101 | HGCAD035-10 | Hrvatska | Medvecina izvor Mrzlak kod Sljemena | |
| 19. | CRRDG0102 | HGCAD073-10 | Hrvatska | Planina Pohorje., vodotok kod Lukanj | |
| 20. | CRRDJ0602 | HGCAD063-10 | Austrija | potok u regiji Ausserneuwald, Unterber | |
| 21. | CRRDJ0601 | HGCAD065-10 | Austrija | potok u regiji Ausserneuwald, Unterber | |
| 22. | CRRDJ0502 | HGCAD067-10 | Austrija | potok u regiji Ausserneuwald, Unterber | |
| 23. | CRRDJ0501 | HGCAD032-10 | Austrija | potok u regiji Ausserneuwald, Unterber | |
| 24. | CRRDJ0603 | HGCAD033-10 | Austrija | Pflenzengreith, gornji tok vodotoka Schöcklbac | |
| 25. | CRRDJ0302 | HGCAD072-10 | Austrija | Sommeralm, potok Mixnitzbach | 12 |
| 26. | CRREF0101 | HGCAD070-10 | Hrvatska | Žumberak, Ribička kuca, Slapnica | 13 |
| 27. | TAGA_3 | CROAA122-18 | Hrvatska | Potok Vrklješće, Samoborsko gorje | 14 |
| <i>C. noricum</i> Malicky, 1976 (od rednog br. 28-36) | | | | | |
| 28. | CRNDI0204 | HGCAD078-10 | Austrija | Saualpe, springs of the Klippitzbach stream near Klippitztörl | 15 |
| 29. | CRNDI0203 | HGCAD039-10 | Austrija | Saualpe, izvor potoka Klippitzbach, | 19 |
| 30. | CRNDI0301 | | Austrija | Klippitztörl | |
| 31. | CRNDI0202 | | Austrija | Saualpe,potok Klieningbach, Klientin | |
| 32. | CRNDI0201 | | Austrija | Saualpe,potok Klieningbach, Klientin | |

PRILOG 11. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Chaetopteryx* te *Eclysopteryx keroveci* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, morfološka identifikacija, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza | mt DNA bazalitis |
|---|-------------------------------------|------------------|---------------|--|------------------|
| 33. | CRNDI0304 | HGCAD076-10 | Austrija | Saulape, izvor potoka Löllingbach, | 20 |
| 34. | CRNDI0303 | HGCAD041-10 | Austrija | Stranac | |
| 35. | CRNDI0302 | | Austrija | Saulape, potok Klieningbach, Klienin | |
| 36. | CRNDI0101 | | Austrija | Saulape, potok Klieningbach, Klienin | |
| <i>C. mecsekensis</i> Nógrádi, 1986 (od rednog br. 37-40) | | | | | |
| 37. | CRMKB0401 | | Mađarska | Planina MecsekVár valley, Pásztor izvor | 22 |
| 38. | CRMKB0301 | HGCAD027-10 | Mađarska | Planina MecsekVár valley, Pásztor izvor | 23 |
| 39. | CRMKB0101 | HGCAD060-10 | | | |
| 40. | CRMKB0201 | | Mađarska | Planina MecsekVár valley, Pásztor izvor | 24 |
| <i>C. clara</i> McLachlan, 1876 (od rednog br. 41-45) | | | | | |
| 41. | CCxEA0105 | HGCAD011-10 | Slovenija | Ljubljana, Mostec park, Przanec strea | 25 |
| 42. | CCxEA0104 | HGCAD015-10 | Slovenija | Ljubljana, Mostec park, Przanec strea | |
| 43. | CCxEA0103 | HGCAD012-10 | Slovenija | Ljubljana, Mostec park, Przanec strea | |
| 44. | CCxEA0102 | HGCAD013-10 | Slovenija | Ljubljana, Mostec park, Przanec strea | |
| 45. | CCxEA0101 | HGCAD014-10 | Slovenija | Ljubljana, Mostec park, Przanec strea | |
| <i>C. goricensis</i> Malicky and Krušnik, 1986 (od rednog br. 46-50) | | | | | |
| 46. | CGREG0304 | HGCAD003-10 | Slovenija | izvor kod mjesta Čekovnik | 26 |
| 47. | CGREG0303 | HGCAD004-10 | Slovenija | izvor kod mjesta Čekovnik | |
| 48. | CGREG0302 | HGCAD005-10 | Slovenija | izvor kod mjesta Čekovnik | |
| 49. | CGREG0301 | HGCAD007-10 | Slovenija | izvor kod mjesta Čekovnik | |
| 50. | CGREG0105 | HGCAD010-10 | Slovenija | izvor potoka Lokavscek, Predmeja | 27 |
| <i>C. irinae</i> Krušnik & Malicky, 1986 (od rednog br. 51-55) | | | | | |
| 51. | CIxEI0105 | HGCAD018-10 | Slovenija | potok Susica, Misliče | 28 |
| 52. | CIxEI0103 | HGCAD021-10 | Slovenija | potok Susica, Misliče | |
| 53. | CIxEI0102 | HGCAD019-10 | Slovenija | potok Susica, Misliče | |
| 54. | CIxEI0104 | HGCAD020-10 | Slovenija | potok Susica, Misliče | 29 |
| 55. | CIxEI0101 | HGCAD017-10 | Slovenija | potok Susica, Misliče | |
| <i>C. buchari</i> Kučinić, Szivák & Delić, 2013 (od rednog br. 56-63) | | | | | |
| 56. | CxxEC0503 | HGCAD085-10 | Hrvatska | potok kod mjesta Pecki | 30 |
| 57. | CxxEC0502 | HGCAD086-10 | Hrvatska | potok kod mjesta Pecki | |
| 58. | CxxEC0501 | HGCAD087-10 | Hrvatska | potok kod mjesta Pecki | |
| 59. | CxxEC0701 | HGCAD046-10 | Hrvatska | Mečencani, izvor Pašina vrela | |
| 60. | CxxEC0601 | HGCAD042-10 | Hrvatska | Gora, izvor kod Gor | 31 |
| 61. | CxxEC0202 | HGCAD043-10 | Hrvatska | Hrvatski Čuntic, Marica tocak, izvor | 32 |
| 62. | | | Hrvatska | potok Križ (izvor) - Petrinja | 33 |
| 63. | CxxEC0401 | HGCAD045-10 | Hrvatska | Šuplji Kamen, Slabinja, izvor | 34 |
| <i>C. papukensis</i> Oláh & Szivák, 2012 (od rednog br. 64-67) | | | | | |
| 64. | CRMEB0104 | | Hrvatska | potok Jankovac Slatinski Drenovac, Papuk | 35 |
| 65. | det. <i>C. rugulosa mecsekensis</i> | HGCAD056-10 | Hrvatska | potok Jankovac Slatinski Drenovac, Papuk | |
| 66. | CRMEB0102 | | Hrvatska | potok Jankovac Slatinski Drenovac, Papuk | 36 |
| 67. | det. <i>C. rugulosa mecsekensis</i> | HGCAD055-10 | Hrvatska | potok Jankovac Slatinski Drenovac, Papuk | 37 |
| <i>C. schmidi</i> Botosaneanu, 1957 (od rednog br. 68-78) | | | | | |

PRILOG 11. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Chaetopteryx* te *Eclysopteryx keroveci* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, morfološka identifikacija, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza | mtDNA localities |
|---|-------------------------------------|---------------------------|---------------|---|------------------|
| 68. | CRSGE0101 | | Srbija | Planina Derdapotok u dolini sjeverno od Golubinij | 38 |
| 69. | CRSGE0102 | | Srbija | Derdap Mts., stream valley N of Golubinij | |
| 70. | det. <i>C. rugulosa mecsekensis</i> | HGCAD054-10 | Hrvatska | potok Jankovac, izvor Slatinski Drenovac, Papuk | |
| 71. | det. <i>C. rugulosa mecsekensis</i> | HGCAD029-10 | Hrvatska | potok Jankovac, izvor Slatinski Drenovac, Papuk | |
| 72. | CRMEB0103 | det. <i>C. papukensis</i> | Hrvatska | potok Jankovac Slatinski Drenovac, Papuk | |
| 73. | CRMEB0101 | det. <i>C. papukensis</i> | Hrvatska | potok Jankovac Slatinski Drenovac, Papuk | |
| 74. | CMREI0105 | HGCAD022-10 | Hrvatska | Kompanj | 39 |
| 75. | CRSGE0201 | | Srbija | Planina Derdap, Donji Milankovac, izvor Grgeci | 40 |
| 76. | CRSJF0101 | | Rumunjska | Izvor u dolini Cerna kod Tatu | 41 |
| 77. | CRSGE0203 | | Srbija | Derdap Mts., Donji Milankovac, Grgeci , izvor | 42 |
| <i>C. aproka</i> Olah, 2011 (od rednog br. 79-80) | | | | | |
| 78. | CAXJC0101 | | Rumunjska | Ignis Mts., springs near Desesti-Statiunea Izvoar | 43 |
| 79. | CAXJC0103 | | Rumunjska | Ignis Mts., springs near Desesti-Statiunea Izvor | 44 |
| <i>C. major</i> McLachlan, 1876 (od rednog br. 81-85) | | | | | |
| 80. | TCMAJ 1 | CROAA103-18 | Hrvatska | potok Šumetlice, izvor - Pšunj | 45 |
| 81. | CMJDJ0101 | HGCAD092-10 | Austrija | Aspang Markt, Hottmannsgraben valle | 46 |
| 82. | CMJKB0101 | HGCAD091-10 | Mađarska | Planina Mecsek,, Vár valley, izvor Pásztor | 47 |
| 83. | CMJKB0102 | | Mađarska | Planina Mecsek,, Vár valley, izvor Pásztor | |
| 84. | CMJKB0104 | | Mađarska | Planina Mecsek,, Vár valley, izvor Pásztor | 48 |
| <i>C. gonospina</i> Marinković-Gospodnetić, 1966 (od rednog br. 86-87) | | | | | |
| 85. | MKGo_01 | HGCAD053-10 | Hrvatska | Petrinja, izvor Križ | 49 |
| 86. | MKGo_02 | HGCAD052-10 | Hrvatska | Petrinja, izvor Križ | 50 |
| <i>Eclysopteryx keroveci</i> Previšić, Graf & Vitecek, 2014 (od rednog br. 88-89) | | | | | |
| 87. | TED_1 | CROAA059-18 | Hrvatska | Rijeka Veličanka | 51 |
| 88. | TEKER 1 | CROTR041-19 | Hrvatska | rijeka Dretulja - Plaški | 52 |

PRILOG 12. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Potamophylax* te *Limnephilus sparsus* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza | mDNA haplotip |
|--|--------------|------------------|------------------|--|---------------|
| <i>Potamophylax cingulatus</i> Stephens, 1837 (od rednog br. 1-61) | | | | | |
| 1 | TPCIN_1 | CROAA087-18 | Hrvatska | potok Šumi (izvor) – Ivančica | 1 |
| 2 | BHMKK238-12 | 12HMCAD-092 | Češka | | 2 |
| 3 | FBAQU1402-13 | BCZSM_EPH_0167 | Njemačka | e Hummersen, Lonaubach | 3 |
| 4 | FBAQU1512-13 | GBOL00356 | Njemačka | Strassenbruecke B 68, Aabach | 4 |
| 5 | GBA28643-15 | KM411441 | Norveška | | 5 |
| 6 | GBA28644-15 | KM411442 | Velika Britanija | | 6 |
| 7 | GBA28645-15 | KM411443 | Velika Britanija | | 7 |
| 8 | GBA28646-15 | KM411444 | Velika Britanija | | 8 |
| 9 | GBA28647-15 | KM411445 | Velika Britanija | | 9 |
| 10 | GBA28648-15 | KM411446 | Velika Britanija | | 10 |
| 11 | GBA28649-15 | KM411447 | Velika Britanija | | 11 |
| 12 | GBA28650-15 | KM411448 | Island | | 12 |
| 13 | GBA28651-15 | KM411449 | Norveška | | 13 |
| 14 | GBEPT1410-14 | GBOL08612 | Njemačka | Wirlbach bei Umelsdorf, Kart. Lhf | 14 |
| 15 | GBEPT583-14 | GBOL03912 | Njemačka | Holzminde | |
| 16 | GBEPT584-14 | GBOL03913 | Njemačka | Holzminde | 15 |
| 17 | GST416-15 | Pci_BBT130828_01 | Njemačka | Emergence Trap T2 | 16 |
| 18 | HMKKT091-10 | 10HMCAD-091 | Češka | Sumava, Churanov Wetterstation | 17 |
| 19 | HMKKT093-10 | 10HMCAD-093 | Češka | Sumava, Zelezna Ruda Svaroh / Zwercheck | 18 |
| 20 | GBEPT287-14 | GBOL03317 | Njemačka | Nationalpark Bayerischer Wald | |
| 21 | HMKKT246-10 | 10HMCAD-246 | Češka | Sumava, Jezerni slat (det <i>P. cingulatus alpinus</i>) | |
| 22 | HMKKT362-10 | 10HMCAD-362 | Češka | Sumava, Churanov Wetterstation | |
| 23 | HMKKT094-10 | 10HMCAD-094 | Austrija | Tirol, 5 km N Otz Fuchswiesen Filz | 19 |
| 24 | HMKKT150-10 | 10HMCAD-150 | Austrija | Salzburg, Koppl, Guggenthal | 20 |
| 25 | HMKKT151-10 | 10HMCAD-151 | Austrija | Carinthia, NP Hohe Tauern Dosental bei Mallnitz, P | 21 |
| 26 | KKCAD394-07 | KKCAD-0422 | | | |
| 27 | HMKKT167-10 | 10HMCAD-167 | Francuska | Mercantour NP, Saorge E | 22 |
| 28 | HMKKT168-10 | 10HMCAD-168 | Francuska | Mercantour NP, Saorge E | |
| 29 | HMKKT422-10 | 10HMCAD-422 | Francuska | Mercantour NP, Saorge E | |
| 30 | HMKKT363-10 | 10HMCAD-363 | Češka | Sumava, Churanov Wetterstation | 23 |
| 31 | HMKKT421-10 | 10HMCAD-421 | Francuska | Mercantour NP, Saorge E | 24 |
| 32 | HMKKT921-11 | HMCAD0111-104 | Italija | Valle della Rovina | 25 |
| 33 | HMKKT930-11 | HMCAD0111-113 | Austrija | St. Konrad-Hausern | 26 |
| 34 | HMKKT931-11 | HMCAD0111-114 | Austrija | St. Konrad-Hausern | 27 |
| 35 | INTAP095-17 | PE114 | Austrija | Stutz | 28 |
| 36 | INTAP113-17 | PE135 | Austrija | Stutz | 29 |
| 37 | INTAP114-17 | PE136 | Austrija | Stutz | 30 |
| 38 | INTAP128-17 | PE151 | Austrija | Naturfreundehaus | 31 |
| 39 | KKCAD494-09 | ESCAD909-14 | Španjolska | | 32 |
| 40 | KKCAD580-09 | GGCAD909-36 | Island | | 33 |
| 41 | KKCAD581-09 | GGCAD909-37 | Island | | |
| 42 | KKCAD587-09 | GGCAD909-43 | Island | | |

PRILOG 12. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Potamophylax* te *Limnephilus sparsus* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza | mtDNA haplotip |
|---|----------------|------------------|----------------------------|--|----------------|
| 43 | KKNEA041-09 | ESCAD909-83 | Sjedinjene Američke Države | Reynolds Creek, Logan Pass | 34 |
| 44 | TRDTR073-14 | TRD-TRI150 | Norveška | TRDTR073-14 | |
| 45 | TRDTR146-15 | TRD-TRI223 | Norveška | near Bjoerkly | |
| 46 | ZMBN011-15 | Kurs2015-AF5 | Norveška | ZMBN011-15 | |
| 47 | KKCAD563-09 | GGCAD909-19 | Norveška | Natlandsfjellet | |
| 48 | NWCAD006-08 | 08NWCAD-006 | Norveška | NWCAD006-08 (det <i>P. latipennis</i>) | |
| 49 | KKNEA043-09 | ESCAD909-85 | Sjedinjene Američke Države | Inlet to N. Twin Lake | 35 |
| 50 | NWCAD054-10 | 09TECAD-020 | Norveška | Skanglehaugen | 36 |
| 51 | NWCAD055-10 | 09TECAD-021 | Norveška | Skanglehaugen | 37 |
| 52 | TFLAN073-11 | UA-SG-TRICH-A20 | Belgija | | 38 |
| 53 | TRDTR147-15 | TRD-TRI224 | Norveška | near Tiller bridge | 39 |
| 54 | TRDTR148-15 | TRD-TRI225 | Norveška | near Tiller bridge | 40 |
| 55 | TRDTR149-15 | TRD-TRI226 | Norveška | near Tiller bridge | 41 |
| 56 | TRDTR150-15 | TRD-TRI227 | Norveška | | 42 |
| 57 | TRDTR151-15 | TRD-TRI228 | Norveška | | |
| 58 | TRIFI566-11 | JSIk-2011F026 | Finska | Melkonieni | 43 |
| 59 | TRIFI567-11 | JSIk-2011F027 | Finska | Melkonieni | 44 |
| 60 | TRIFI912-13 | ARin-2012F382 | Finska | Vaerrioe | 45 |
| 61 | KKCAD586-09 | GGCAD909-42 | Island | | 46 |
| <i>Potamophylax cingulatus alpinus</i> Tobias, 1994 (od rednog br. 62-67) | | | | | |
| 62 | FBAQU1228-12 | BCZSMAQU00943 | Njemačka | Sport Scheck Allwetteranlage, Krafraum (weitere I | 47 |
| 63 | FBCAD066-10 | BC ZSM AQU 00636 | Njemačka | Jachen bei Muehle, 1 km SSW Jachenau | 48 |
| 64 | FBCAD067-10 | BC ZSM AQU 00637 | Njemačka | Arberbach zum Teufelsbach, oh Arberhuetten, 3,4 km | 49 |
| 65 | GBEPT1412-14 | GBOL08614 | Njemačka | Wenzenbach Zuechmuehl, Kart. Lfh | 50 |
| 66 | GBEPT1715-14 | GBOL09297 | Njemačka | Wenzenbach Zuechmuehl | 51 |
| 67 | GBEPT1743-14 | GBOL09325 | Njemačka | Geltnach | 52 |
| <i>Potamophylax latipennis</i> (Curtis, 1834) (od rednog br. 68-97) | | | | | |
| 68 | TPLAT_1 | CROAA027-18 | Hrvatska | rijeka Una, Srb | 53 |
| 69 | TPLAT_2 | CROAA028-18 | Hrvatska | rijeka Dretulja (izvor) | 54 |
| 70 | TPLAT_3 | CROAA078-18 | Hrvatska | rijeka Zrmanja (izvor) | 55 |
| 71 | TPLAT_4 | CROAA079-18 | Hrvatska | rijeka Riječina (izvor) | 56 |
| 72 | TPROT_2 | CROTR207-19 | Hrvatska | rijeka Gacka, izvor Tonkovića vrilo | 57 |
| 73 | BHMCK185-12 | HMCAD1211-185 | Austrija | | 58 |
| 74 | INTAP094-17 | PE113 | Austrija | Stutz | |
| 75 | BHMCK188-12 | HMCAD1211-188 | Austrija | Zollner See NW | 59 |
| 76 | BHMCK226-12 | 12HMCAD-091 | Češka | | 60 |
| 77 | CZCAD064-10 | CZCAD0810-64 | Španjolska | Vega de la Penouta-Sta Maria del Puerto Somiedo | 61 |

PRILOG 12. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Potamophylax* te *Limnephilus sparsus* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza | mtDNA haplotip |
|--|----------------|------------------|------------------|--------------------------------|----------------|
| 78 | GBA21660-14 | KC559564 | | | 62 |
| 79 | GBEPT1408-14 | GBOL08610 | Njemačka | Schwarze Laaber, Kart. Lfh | 63 |
| 80 | GBEPT1409-14 | GBOL08611 | Njemačka | Elsas | 64 |
| 81 | GBMH17808-19 | KY225399 | | | 65 |
| 82 | GBMIN91741-17 | KY225398 | Velika Britanija | | 66 |
| 83 | HMCAD264-08 | 07HMCAD-0264 | Njemačka | Truppenubungsplatz Wildflecken | 67 |
| 84 | HMKKT092-10 | 10HMCAD-092 | Češka | Sumava, Churanov Wetterstation | 68 |
| 85 | HMKKT364-10 | 10HMCAD-364 | Češka | Sumava, Churanov Wetterstation | 69 |
| 86 | KKUMN271-10 | 09MNKK0271 | Švedska | | 70 |
| 87 | TRDTR145-15 | TRD-TRI222 | Norveška | near Tiller bridge | |
| 88 | NWCAD034-08 | 08NWCAD-034 | Norveška | det. <i>P. cingulatus</i> | 71 |
| 89 | NWCAD050-10 | 09TECAD-016 | Norveška | Skanglehaugen (P5) | 72 |
| 90 | TRDTR074-14 | TRD-TRI151 | Norveška | | 73 |
| 91 | TRDTR075-14 | TRD-TRI152 | Norveška | | |
| 92 | TRDTR144-15 | TRD-TRI221 | Norveška | near Tiller bridge | 74 |
| 93 | TRIFI1058-14 | ARin-2014F040 | Finska | Rommaeno | 75 |
| 94 | TRIFI1059-14 | ARin-2014F041 | Finska | Rommaeno | 76 |
| 95 | TRIFI647-12 | JSik-2011F107 | Finska | | 77 |
| 96 | TRIFI728-12 | ARin-2011F188 | Finska | Peerajoki | 78 |
| 97 | TRIFI862-13 | ARin-2012F332 | Finska | Katlankoski | 79 |
| <i>Potamophylax luctuosus</i> Piller & Mitterpacher, 1783 (od rednog br. 98-127) | | | | | |
| 98 | TPLUC_1 | CROTR282-19 | Hrvatska | Kupa - Pribanjci | 80 |
| 99 | TPLUC_2 | CROAA113-18 | Hrvatska | Kutjevačka rijeka, gornji tok | 81 |
| 100 | AILG035-10 | R364-3 Pot. luc. | Rumunjska | Barzava: Secu | 82 |
| 101 | AILG036-10 | R367-4 Pot. luc. | Rumunjska | Nera: Poneasca | 83 |
| 102 | AILG037-10 | R357-6 Pot. luc. | Rumunjska | Nera: Babii | |
| 103 | BHMKK212-12 | 12HMCAD-074 | Rumunjska | Judetul Alba | 84 |
| 104 | GST417-15 | Plu_BBT130525_01 | Njemačka | Emergence Trap T2 | 85 |
| 105 | GST418-15 | Plu_BBU130616_01 | Njemačka | Emergence Trap Lower Reach | |
| 106 | GST424-15 | Plu_BBT130511_01 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 107 | GST425-15 | Plu_BBT130511_02 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 108 | GST426-15 | Plu_BBT130521_01 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 109 | GST428-15 | Plu_BBT130521_03 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 110 | GST429-15 | Plu_BBT130523_02 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 111 | GST431-15 | Plu_BBT130530_01 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 112 | GST432-15 | Plu_BBT130530_02 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 113 | GST436-15 | Plu_BBT130622_01 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 114 | GST420-15 | Plu_BBT130513_02 | Njemačka | Emergence Trap T2 | 86 |
| 115 | GST419-15 | Plu_BBT130513_01 | Njemačka | Emergence Trap T2 | 87 |
| 116 | GST433-15 | Plu_BBT130530_03 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 117 | GST434-15 | Plu_BBT130604_01 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 118 | GST435-15 | Plu_BBT130606_01 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 119 | GST437-15 | Plu_BBT130704_01 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 120 | GST421-15 | Plu_BBT130513_03 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |

PRILOG 12. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Potamophylax* te *Limnephilus sparsus* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza | mtDNA haplotip |
|---|----------------|------------------|---------------|---|----------------|
| 121 | GST422-15 | Plu_BBT130513_04 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 122 | GST423-15 | Plu_BBT130513_05 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 123 | GST427-15 | Plu_BBT130521_02 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 124 | GST430-15 | Plu_BBT130525_02 | Njemačka | Emergence Trap T2 | |
| 125 | HMKKT253-10 | 10HMCAD-253 | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | 88 |
| 126 | HMKKT734-10 | HMCAD0810-107 | Austrija | Dunkelsteiner Wald Halterbach, 1 km S. Paltnul | 89 |
| 127 | HMKKT944-11 | HMCAD0111-127 | Austrija | St. Konrad-Hausern | 90 |
| <i>Potamophylax nigricornis</i> (Pictet, 1834) (od rednog br. 128-155) | | | | | |
| 128 | TPNIG_1 | CROTR022-19 | Hrvatska | rijeka Kutjevačka, gornji tok | 91 |
| 129 | BHMKK198-12 | 12HMCAD-057 | Austrija | Tirol NP Hohe Tauern, E. Lucknerhaus | 92 |
| 130 | BHMKK223-12 | 12HMCAD-067 | Austrija | St. Konrad-Hausern | 93 |
| 131 | DRCAD573-10 | DRCAD0810-159 | Austrija | Dunkelsteiner Wald Halterbach, 1 km N. Paltnul | 94 |
| 132 | GBEPT336-14 | GBOL03366 | Njemačka | Nationalpark Bayerischer Wald | |
| 133 | HMKKT080-10 | 10HMCAD-080 | Češka | Modrava, Zidovsky les Judenwald, Kameralni slat | |
| 134 | KJTRI203-13 | HMCAD13-13 | Češka | Kameralni slat | |
| 135 | FBAQU1387-13 | BCZSM_EPH_0152 | Njemačka | Treuenbrietzen, Wendewasser | 95 |
| 136 | HMKKT067-10 | 10HMCAD-067 | Češka | Sumava, Churanov Wetterstation | 96 |
| 137 | HMTRI167-08 | 08HMCAD-167 | Austrija | | 97 |
| 138 | JPCAD484-08 | 08JPCAD-484 | Norveška | Lomtjern (bog) | 98 |
| 139 | TRIFI1132-15 | ARin-2014F117 | Finska | Toskaljaervi | |
| 140 | JPCAD485-08 | 08JPCAD-485 | Norveška | Lomtjern (bog) | 99 |
| 141 | TRIFI1131-15 | ARin-2014F116 | Finska | Vongoivanraeystaes | |
| 142 | TRIFI1133-15 | ARin-2014F118 | Finska | Vongoivanraeystaes | |
| 143 | TRIFI1134-15 | ARin-2014F119 | Finska | Tyyroja, Palustriella L. | |
| 144 | TRIFI1136-15 | ARin-2014F121 | Finska | Pisavaara, Sorvanulkki | |
| 145 | TRIFI1206-15 | JSIk-2014F191 | Finska | Tyyroja | |
| 146 | TRIFI1207-15 | JSIk-2014F192 | Finska | Tyyroja | |
| 147 | TRIFI1135-15 | ARin-2014F120 | Finska | Pisavaara, Sorvanulkki | 100 |
| 148 | TRIFI1137-15 | ARin-2014F122 | Finska | Huttuoja | 101 |
| 149 | TRIFI1138-15 | ARin-2014F123 | Finska | Huttuoja | 102 |
| 150 | TRIFI257-10 | JSIk-20100077 | Estonia | Hinni Kanjon | 103 |
| 151 | TRIFI258-10 | JSIk-20100078 | Estonia | Hinni Kanjon | 104 |
| 152 | TRIFI635-11 | JSIk-2011F095 | Finska | Uopajanpuro | 105 |
| 153 | TRIFI797-12 | ARin-2012F262 | Finska | Ailigas | 106 |
| 154 | TRIFI798-12 | ARin-2012F263 | Finska | Kiljavan lahteikkoe | 107 |
| 155 | TFLAN015-11 | UA-SG-TRICH-B54 | Belgija | | 108 |
| <i>Potamophylax pallidulus</i> (Klapalek, 1899) (od rednog br. 156-159) | | | | | |
| 156 | TPPAL_1 | CROAA114-18 | Hrvatska | Rakov potok, Medvednica | 109 |
| 157 | TPPAL_4 | CROTR136-19 | Hrvatska | izvor Napojište | 110 |
| 158 | TPPAL_5 | CROTR171-19 | Hrvatska | izvor Crne rijeke, Plitvice | 111 |
| 159 | HM09Ppa8 | HMTRI418-09 | Grčka | Biabies site, Serron | 112 |

PRILOG 12. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Potamophylax* te *Limnephilus sparsus* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza | mDNA haplotip |
|--|----------------|------------------|---------------|---|---------------|
| <i>Potamophylax rotundipennis</i> (Brauer, 1857) (od rednog br. 160-169) | | | | | |
| 160 | TPROT_1 | CROAA016-18 | Hrvatska | rijeka Sava - Drenje Brdovečko | 113 |
| 161 | TPROT_3 | CROTR186-19 | Hrvatska | jezero Gavanovac - NP Plitvička jezera | 114 |
| 162 | FBAQU1229-12 | BCZSMAQU00944 | Njemačka | Einsiedelbach oberhalb Einmuendung Eichelbach, am | 115 |
| 163 | HMKKT234-10 | 10HMCAD-234 | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | 116 |
| 164 | HMKKT541-10 | 10HMCAD-541 | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | |
| 165 | HMKKT859-11 | HMCAD0111-42 | Njemačka | Bad Koenigshofen im Grabfeld | 117 |
| 166 | TRIFI458-11 | JSIk-20110110 | Finska | Myllyjoki | 118 |
| 167 | TRIFI800-12 | ARin-2012F265 | Finska | Kaijanpuro | 119 |
| 168 | TRIFI859-13 | ARin-2012F329 | Finska | Katlankoski | 120 |
| 169 | TRIFI863-13 | ARin-2012F333 | Finska | Katlankoski | |
| <i>Limnephilus sparsus</i> Curtis, 1834 (redni br. 170) | | | | | |
| 170 | TLSPA_2 | CROTR025-19 | Hrvatska | Dretulja, Plaški | 121 |

PRILOG 13. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Triaenodes* te *Mystacides longicornis* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Kratice označavaju F= ženka, M= mužjak, A=adult i L=ličinka

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Stadij | Država nalaza | Lokacija nalaza | mDNA haplotip |
|---|----------------|------------------|------|--------|---------------|---------------------------------------|---------------|
| <i>Triaenodes ochreellus lefkas</i> (od rednog br. 1-2) | | | | | | | |
| 1. | TTOCL_1 | NIPTR001-17 | M | A | Hrvatska | Rijeka Neretva Opuzen | 1 |
| 2. | TTOCL_2 | CROTR015-19 | F | A | Hrvatska | rijeka Mislina (donji tok) - Mlinište | 2 |
| <i>Triaenodes ochreellus ochreellus</i> McLachlan, 1877 (od rednog br. 3-4) | | | | | | | |
| 3. | 09MNKK0409 | KKUMN417-10 | M | A | Španjolska | Galicia | 3 |
| 4. | 09MNKK0410 | KKUMN418-10 | M | A | Španjolska | Galicia | |
| <i>Triaenodes bicolor</i> (Curtis, 1834) (od rednog br. 5-22) | | | | | | | |
| 5. | JSIk-20090076 | TRIFI181-10 | M | A | Finska | Lapland | 4 |
| 6. | ARin-20100174 | TRIFI319-11 | / | L | Finska | Uusimaa | 5 |
| 7. | NIVA_TER_39 | BARCO039-14 | ? | ? | Norveška | | 6 |
| 8. | 07HMCAD-0237 | HMCAD237-08 | ? | ? | Austrija | | |
| 9. | 07HMCAD-0238 | HMCAD238-08 | ? | ? | Austrija | | |

PRILOG 13. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Triaenodes* te *Mystacides longicornis* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Kratice označavaju F= ženka, M= mužjak, A=adult i L=ličinka

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Stadij | Država nalaza | Lokacija nalaza | mDNA haploip |
|--|-----------------|-------------------------------|------|--------|---------------|--|--------------|
| 10. | NZCAD909-85 | KKCAD701-09 | M | A | Poljska | | 8 |
| 11. | NZCAD909-86 | KKCAD702-09 | M | A | Poljska | | |
| 12. | NZCAD909-93 | KKCAD709-09 | M | A | Poljska | | |
| 13. | TRD-TRI76 | ODTRI094-14 | M | A | Norveška | Nord-Trondelag | 9 |
| 14. | TRD-TRI77 | ODTRI095-14 | F | A | Norveška | Nord-Trondelag | 10 |
| 15. | ARin-20100170 | TRIFI317-11 | / | L | Finska | Southern Savonia | 11 |
| 16. | JSIk-20090080 | TRIFI185-10 | / | L | Finska | Kymenlaakso | 12 |
| 17. | JSIk-20090078 | TRIFI183-10 | / | L | Finska | Kymenlaakso | 13 |
| 18. | JSIk-20090079 | TRIFI184-10 | / | L | Finska | Kymenlaakso | 14 |
| 19. | ARin-20100171 | TRIFI318-11 | / | L | Finska | Southern Savonia | 15 |
| 20. | ARin-20100168 | TRIFI342-11 | / | L | Finska | Southern Savonia | 16 |
| 21. | JSIk-20100093 | TRIFI271-10; GBMIN35596-13 | / | L | Finska | Kymenlaakso | 17 |
| 22. | UA-SG-TRICH-C50 | TFLAN117-11 | / | L | Belgija | Mol, Antwerpen (Antwerp) | 18 |
| <i>Triaenodes detruncatus</i> Martynov, 1924 (od rednog br. 23-26) | | | | | | | |
| 23. | ARin-2011F165 | TRIFI705-12 | / | L | Finska | Nylandia, Vanhankaupunginkoski | 19 |
| 24. | ARin-2011F170 | TRIFI710-12 | / | L | Finska | Tavastia australis, Tainionvirta | 20 |
| 25. | JSIk-20100206 | TRIFI332-11 | M | A | Finska | Kajaani, Nuasjaervi | 21 |
| 26. | FN600955 | GBMIN35594-13 | ? | ? | ? | ? | 22 |
| <i>Triaenodes pellectus</i> Ulmer, 1908 (od rednog br. 27-31) | | | | | | | |
| 27. | TVTRI0036 | RUSST107-12 | M | A | Rusija | Vinogradovka River, under bridge, Khasanskyi | 23 |
| 28. | 11TVCAD-170 | KJTRI653-13 | M | A | Rusija | Kuchelinovo, Maksimov`s Campground, Pond, Primorye, Shkotovsky Dist. | 24 |
| 29. | 10OFSI-0238 | OFTRI237-10 | ? | A | Japan | L. Akan-panke, Hokkaido | 25 |
| 30. | 09HMCAD-0245 | HMCAD610-09 | ? | A | Tajland | Muang Pai Resort | 26 |
| 31. | 10OFSI-0236 | OFTRI235-10 | ? | A | Japan | Saiwai Bridge, Eniwa, Hokkaido | 27 |
| <i>Triaenodes reuteri</i> McLachlan, 1880 (od rednog br. 32-33) | | | | | | | |
| 32. | JSIk-20110157 | TRIFI505-11 | F | A | Estonija | Austla, Saaremaa | 28 |
| 33. | 11TVCAD-169 | KJTRI665-13 | M | A | Rusija | Primorye, Nakhodka Dist., Volchanets Lake | 29 |
| <i>Triaenodes simulans</i> Tjeder, 1929 (od rednog br. 34-46) | | | | | | | |
| 34. | JSIk-20110158 | TRIFI506-11 | M | A | Latvija | river Gauja | 30 |
| 35. | GBOL06252 | GBEPT1017-14 | ? | ? | Njemačka | Spree bei Doebbrick | 31 |
| 36. | HMCAD0111-35 | HMKKT852-11 | M | A | Austrija | Waidhofen an der Ybbs | |
| 37. | 10HMCAD-036 | HMKKT036-10 | ? | A | Rumunjska | Hunedoara, SW 2am, NE Salciva, am Mores, | 32 |

PRILOG 13. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Triaenodes* te *Mystacides longicornis* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Kratice označavaju F= ženka, M= mužjak, A=adult i L=ličinka

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Stadij | Država nalaza | Lokacija nalaza | mDNA haploip |
|-----------|--|------------------|------|--------|---------------|--|--------------|
| | | | | | | Transylvania | |
| 38. | ARin-2014F043 | TRIFI1061-14 | ? | A | Finska | Laesaekoski, Itae-Suomi, Savonia australis | 33 |
| 39. | ARin-20100180 | TRIFI322-11 | / | L | Finska | Ilomantsi | 34 |
| 40. | ID-05004 | MGCAD266-08 | M | A | Mongolija | Delger Moron Gol, 12.0 km W of Moron, Hovsgol | 35 |
| 41. | ID-04603 | MGCAD238-08 | F | A | Mongolija | Egiin gol 12.7 km SW of Teshig | 36 |
| 42. | ID-05003 | MGCAD265-08 | F | A | Mongolija | Delger Moron Gol, 12.0 km W of Moron, Hovsgol | 37 |
| 43. | ID-05005 | MGCAD267-08 | M | A | Mongolija | Delger Moron Gol, 12.0 km W of Moron, Hovsgol | 38 |
| 44. | ID-05006 | MGCAD268-08 | M | A | Mongolija | Delger Moron Gol, 12.0 km W of Moron, Hovsgol | 39 |
| 45. | ID-05007 | MGCAD269-08 | M | A | Mongolija | Delger Moron Gol, 12.0 km W of Moron, Hovsgol | 40 |
| 46. | ID-05008 | MGCAD270-08 | F | A | Mongolija | Delger Moron Gol, 12.0 km W of Moron, Hovsgol | 41 |
| | <i>Triaenodes unanimitis</i> McLachlan, 1877 (od rednog br. 47-61) | | | | | | |
| 47. | 10OFSI-0240 | OFTRI239-10 | ? | A | Švedskaden | 10km W Bollstabruk | 42 |
| 48. | 11TVCAD-001 | RUSST001-12 | M | A | Rusija | Lotos lake in Khasan | 43 |
| 49. | TVTRI0025 | RUSST096-12 | M | A | Rusija | Utinoye Lake at Andreevka Village | |
| 50. | 11TVCAD-014 | RUSST014-12 | M | A | Rusija | Perevoznaya wet meadow & small stream | 44 |
| 51. | TVTRI0126 | RUSST200-12 | M | A | Rusija | marshes of Perevoznaya Village, at Tyurneva`s hous | |
| 52. | 10OFSI-0241 | OFTRI240-10 | ? | A | Švedska | An. Forsed, Vasternorrland | 45 |
| 53. | TVTRI0072 | RUSST147-12 | M | A | Rusija | Lotos Lake | 46 |
| 54. | TVTRI0088 | RUSST156-12 | M | A | Rusija | Lotos Lake | 47 |
| 55. | TVTRI0145 | RUSST219-12 | M | A | Rusija | Artyomovka River, lower part | 48 |
| 56. | TVTRI0227 | RUSST301-12 | F | A | Rusija | eastern shore, kordon Vostochnyi | 49 |
| 57. | JSIk-20090081 | TRIFI186-10 | F | A | Finska | Osmankajaervi | 50 |
| 58. | JSIk-20090082 | TRIFI187-10 | M | A | Finska | Osmankajaervi | 51 |
| 59. | 10OFSI-0242 | OFTRI241-10 | ? | A | Japan | Chitose Lake, Hokkaido | 52 |
| 60. | 10OFSI-0243 | OFTRI242-10 | ? | A | Japan | W Asajino, Hokkaido | 53 |
| 61. | 10OFSI-0244 | OFTRI243-10 | ? | A | Japan | Daiichi-usakuma Bridge, Hokkaido | 54 |
| | <i>Mystacides longicornis</i> (Linnaeus, 1758) (redni br. 62) | | | | | | |
| 62. | TMYS_1 | CROAA015-18 | F | A | Hrvatska | rijeka Drava – Gornji | 55 |

PRILOG 13. Popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Triaenodes* te *Mystacides longicornis* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Kratice označavaju F= ženka, M= mužjak, A=adult i L=ličinka

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Stadij | Država nalaza | Lokacija nalaza | mtDNA haploip |
|-----------|-----------|------------------|------|--------|---------------|-----------------|---------------|
| | | | | | | Hrašćan | |

PRILOG 14. Taksonomski popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Agapetus* i *Synagpetus* te *Glossosoma bifidum* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Kratice označavaju F= ženka, M= mužjak, A=adult i L=ličinka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | spol | Država | Lokacija | mtDNA haploip |
|--|------------------|------------------|------|------------|---|---------------|
| <i>Agapetus cf. fuscipes</i> (od rednog br. 1-4) | | | | | | |
| 1 | TAFUS_1 | NIP011-17 | M | Hrvatska | izvor Ljute, Konavle | 1 |
| 2 | TAFUS_2 | CROTR225-19 | M | Hrvatska | izvor Ljute, Konavle | 2 |
| 3 | TAFUS_3 | CROTR230-19 | F | Hrvatska | izvor Ljute, Konavle | 3 |
| 4 | TAFUS_4 | CROTR216-19 | M | Hrvatska | izvor Ljute, Konavle | 4 |
| <i>Agapetus fuscipes</i> Curtis, 1834 (od rednog br. 5-41) | | | | | | |
| 5 | | GST336-15 | A | Njemačka | Hesse, Breitenbach (first order stream) | 5 |
| 6 | | GST339-15 | A | Njemačka | Hesse, Breitenbach (first order stream) | 6 |
| 7 | Afu_BBT130616_04 | GST343-15 | A | Njemačka | Hesse, Breitenbach (first order stream) | 7 |
| 8 | 09MNKK0437 | KKUMN445-10 | M | Španjolska | Aragon, small calcareous river, 1.8 km E Barbenuta | 8 |
| 9 | GBOL03938 | GBEPT609-14 | - | Njemačka | Saxony-Anhalt | 9 |
| 10 | Afu_BBT130616_03 | GST342-15 | A | Njemačka | Hesse, Aragon, small calcareous river, 1.8 km E Barbenuta | 10 |
| 11 | GBOL03601 | GBEPT490-14 | A | Njemačka | Hesse, Schlitz | 11 |
| 12 | GBOL03937 | GBEPT608-14 | A | Njemačka | Saxony-Anhalt | 12 |
| 13 | GBOL03939 | GBEPT610-14 | A | Njemačka | Saxony-Anhalt | 13 |
| 14 | GBOL03940 | GBEPT611-14 | A | Njemačka | Saxony-Anhalt | 14 |
| 15 | GBOL03597 | GBEPT486-14 | | Njemačka | Hesse, Schlitz | 15 |
| 16 | Afu_BBT130525_03 | GST337-15 | A | Njemačka | Hesse, Breitenbach (first order stream) | 16 |
| 17 | Afu_BBT130525_04 | GST338-15 | A | Njemačka | Breitenbach (first order stream) | 17 |
| 18 | Afu_BBT130616_02 | GST341-15 | A | Njemačka | Breitenbach (first order stream) | 18 |

PRILOG 14. Taksonomski popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Agapetus* i *Synagpetus* te *Glossosoma bifidum* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Kratice označavaju F= ženka, M= mužjak, A=adult i L=ličinka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | spol | Država | Lokacija | mtDNA haploip |
|---|------------------|------------------|------|----------|---|---------------|
| 19 | PE286 | INTAP241-17 | M | Austria | Vorarlberg | 19 |
| 20 | UA-SG-TRICH-D04 | TFLAN243-11 | - | Belgija | Oost-Vlaanderen (East Flanders), Sassegembeer, Brakel | 20 |
| 21 | BCZSMAQU00859 | FBAQU1144-12 | M | Njemačka | Bavaria, Muenchener Ebene (T/S), Muenchen | 21 |
| 22 | GBOL03936 | GBEPT607-14 | - | Njemačka | Saxony-Anhalt | 22 |
| 23 | Afu_BBT130525_01 | GST335-15 | A | Njemačka | Hesse,Breitenbach (first order stream) | 23 |
| 24 | Afu_BBT130616_06 | GST345-15 | A | Njemačka | Hesse,Breitenbach (first order stream) | 24 |
| 25 | Afu_BBQ130729_02 | GST347-15 | A | Njemačka | Hesse,Breitenbach (first order stream) | 25 |
| 26 | Afu_BBQ130729_04 | GST349-15 | A | Njemačka | Hesse,Breitenbach (first order stream) | 26 |
| 27 | Afu_BBQ130729_05 | GST350-15 | A | Njemačka | Hesse,Breitenbach (first order stream) | 27 |
| 28 | fw50 | TMIX040-15 | | Njemačka | North Rhine-Westphalia | 28 |
| 29 | GBOL03599 | GBEPT488-14 | A | Njemačka | Hesse, Schlitz | 29 |
| 30 | GBOL03600 | GBEPT489-14 | A | Njemačka | Hesse, Schlitz | 30 |
| 31 | Afu_BBQ130729_03 | GST348-15 | A | Njemačka | Hesse,Breitenbach (first order stream) | 31 |
| 32 | UA-SG-TRICH-D03 | TFLAN242-11 | L | Belgija | Oost-Vlaanderen (East Flanders), Sassegembeer | 32 |
| 33 | DRCAD0810-164 | DRCAD578-10 | M | Portugal | Serra do Estrela, Erada | 33 |
| 34 | GBOL12163 | GBMIX1678-15 | | Njemačka | Bavaria | 34 |
| 35 | Afu_BBQ130729_01 | GST346-15 | | Njemačka | Hesse,Breitenbach (first order stream) | 35 |
| 36 | HMCAD0111-7 | HMKKT824-11 | M | Austria | Lower Austria | 36 |
| 37 | UA-SG-TRICH-D05 | TFLAN244-11 | - | Belgija | Oost-Vlaanderen (East Flanders), Sassegembeer, Brakel | 37 |
| 38 | GBOL03598 | GBEPT487-14 | A | Njemačka | Hesse, Schlitz | 38 |
| 39 | Afu_BBT130616_01 | GST340-15 | A | Njemačka | Hesse,Breitenbach (first order stream) | 39 |
| 40 | Afu_BBT130616_05 | GST344-15 | A | Njemačka | Hesse,Breitenbach (first order stream) | 40 |
| 41 | PE287 | INTAP242-17 | M | Austria | Vorarlberg | 41 |
| <i>Agapetus ochripes</i> Curtis, 1834 (od rednog br. 42-68) | | | | | | |
| 42 | TAOCH_2 | CROTR010-19 | A | Hrvatska | Gospin potok, Papuk | 42 |
| 43 | TAOCH_3 | CROTR199-19 | A | Hrvatska | rijeka Lika, izvor | |
| 44 | BC ZSM AQU 00005 | FBAQU005-09 | A | Njemačka | Kleine Isar` Hoehe Volksbad, von Ludwigsbruecke bi | |
| 45 | GBOL03966 | GBEPT637-14 | | Njemačka | Saxony-Anhalt, Saxony-Anhalt, Freiberger Mulde | 43 |
| 46 | BIOUG16205-E12 | GMNWJ2946-14 | A | Norveška | Sor-Trondelag, Trondheim, Sor-Trondelag, Trondheim, | 44 |

PRILOG 14. Taksonomski popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Agapetus* i *Synagpetus* te *Glossosoma bifidum* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Kratice označavaju F= ženka, M= mužjak, A=adult i L=ličinka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | spol | Država | Lokacija | mtDNA haploip |
|--|------------------|------------------|------|----------|---|---------------|
| | | | | | Sommerlystvegen 22 | |
| 47 | 07HMCAD-0162 | HMCAD162-08 | - | Austrija | Fischa-Ursprung bei Haschendorf | 45 |
| 48 | 10HMCAD-463 | HMKKT463-10 | - | Austrija | Seeausrinn bei Lunz | 46 |
| 49 | 10HMCAD-464 | HMKKT464-10 | - | Austrija | Seeausrinn bei Lunz | 47 |
| 50 | JSIk-2011F030 | TRIFI570-11 | A | Finska | Karhunkoski | 48 |
| 51 | ARin-2012F229 | TRIFI764-12 | A | Finska | Peranganjoki | 49 |
| 52 | 10HMCAD-190 | HMKKT190-10 | - | Austrija | Seeausrinn bei Lunz | 50 |
| 53 | 10HMCAD-461 | HMKKT461-10 | - | Austrija | Seeausrinn bei Lunz | 51 |
| 54 | 10HMCAD-625 | HMKKT625-10 | M | Austrija | Seeausrinn bei Lunz | 52 |
| 55 | GBOL03963 | GBEPT634-14 | M | Njemačka | Saxony-Anhalt, Freiburger Mulde | 53 |
| 56 | 07HMCAD-0170 | HMCAD170-08 | M | Austrija | Fischa-Ursprung bei Haschendorf | 54 |
| 57 | GBOL03964 | GBEPT635-14 | M | Njemačka | Saxony-Anhalt, Freiburger Mulde | 55 |
| 58 | BIOUG16205-F01 | GMNWJ2947-14 | M | Norveška | Sor-Trondelag, Trondheim, Sommerlystvegen 22 | 56 |
| 59 | BIOUG16622-A11 | GMNWM738-14 | F | Norveška | Sor-Trondelag, Trondheim, Sommerlystvegen 22 | 57 |
| 60 | TRD-TRI202 | TRDTR125-15 | F | Norveška | near Tiller bridge | 58 |
| 61 | ARin-2012F228 | TRIFI763-12 | F | Finska | Peranganjoki | 59 |
| 62 | BC ZSM AQU 00249 | FBAQU249-09 | A | Njemačka | Grosser Ostersee, Suedufer bei Mdg. Verbind ungsbac | 60 |
| 63 | GBOL03962 | GBEPT633-14 | A | Njemačka | Saxony-Anhalt, Freiburger Mulde | 61 |
| 64 | GBOL03967 | GBEPT638-14 | - | Njemačka | Saxony-Anhalt, Freiburger Mulde | 62 |
| 65 | 07HMCAD-0164 | HMCAD164-08 | - | Austrija | Fischa-Ursprung bei Haschendorf | 63 |
| 66 | BIOUG16205-G02 | GMNWJ2960-14 | A | Norveška | Sor-Trondelag, Trondheim, Sommerlystvegen 22 | 64 |
| 67 | BIOUG16553-D09 | GMNWL2413-14 | A | Norveška | Sor-Trondelag, Trondheim, Sommerlystvegen 22 | 65 |
| 68 | BIOUG16553-D11 | GMNWL2415-14 | A | Norveška | Sor-Trondelag, Trondheim, Sommerlystvegen 22 | 66 |
| <i>Agapetus nimbulus</i> McLachlan, 1879 (od rednog br. 69-76) | | | | | | |
| 69 | GBOL12937 | GBMIX1882-15 | A | Njemačka | Bavaria, Buchenhain, Isarufer - E.ON Buchenhain | 67 |
| 70 | HMCAD0111-101 | HMKKT918-11 | M | Italija | Piedmont, Cuneo, Valdieri N, Vallone Scumbes | 68 |
| 71 | 08HMCAD-252 | HMTRI252-09 | M | Italija | Friuli, Vivaro | 69 |
| 72 | PE317 | INTAP270-17 | F | Austrija | Vorarlberg, Franstanz, Giessen | 70 |
| 73 | BC ZSM AQU 00345 | FBAQU345-09 | | Njemačka | Bavaria, Karwendelgebirge (Vorkarwendel) (Av/A), Bad Toelz-Wolfratshausen | 71 |
| 74 | 12HMCAD-35 | KJTRI030-13 | M | Italija | Pordenone, Cordenons, Risorgive del Vinchiaruzzo | 72 |
| 75 | BCZSMAQU008 61 | FBAQU1146-12 | M | Njemačka | Bavaria, Muenchener Ebene (T/S), Muenchen, Kernbach, Unterlauf bis Muendung in den Seebach, s | 73 |

PRILOG 14. Taksonomski popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Agapetus* i *Synagpetus* te *Glossosoma bifidum* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Kratice označavaju F= ženka, M= mužjak, A=adult i L=ličinka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | spol | Država | Lokacija | mtDNA haploip |
|---|------------------|------------------|------|-----------|--|---------------|
| 76 | 12HMCAD-78 | KJTRI073-13 | M | Austria | Inferior, Lunz, Seeausrinn | 74 |
| <i>Agapetus slavorum</i> Botosaneanu, 1960 (od rednog br. 77-82) | | | | | | |
| 77 | 07HMCAD-0291 | HMCAD291-08 | M | Grčka | Peloponnese, CR Peloponnes, Lakonien Parnon, Passhoehe NE Karies | 75 |
| 78 | 07HMCAD-0292 | HMCAD292-08 | | | | 76 |
| 79 | KKCAD-0407 | KKCAD466-07 | M | Grčka | Peloponnese, CR Peloponnes, Lakonien Parnon, Passhoehe NE Karies | 77 |
| 80 | 07HMCAD-0294 | HMCAD294-08 | M | Grčka | Peloponnese, CR Peloponnes, Lakonien Parnon, Passhoehe NE Karies | 78 |
| 81 | 07HMCAD-0295 | HMCAD295-08 | M | Grčka | Peloponnese, CR Peloponnes, Lakonien Parnon, Passhoehe NE Karies | 79 |
| 82 | 07HMCAD-0293 | HMCAD293-08 | M | Grčka | Peloponnese, CR Peloponnes, Lakonien Parnon, Passhoehe NE Karies | 80 |
| <i>Agapetus delicatulus</i> McLachlan, 1884 (od rednog br. 83-87) | | | | | | |
| 83 | 09HMCAD-0195 | HMCAD560-09 | L | Francuska | Aude, Albieres | 81 |
| 84 | 09HMCAD-0196 | HMCAD561-09 | L | Francuska | Aude, Albieres | 82 |
| 85 | 09HMCAD-0197 | HMCAD562-09 | L | Francuska | Aude, Albieres | 83 |
| 86 | 10HMCAD-188 | HMKKT188-10 | A | Austria | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | 84 |
| 87 | HM09Adel8 | HMTRI467-09 | A | Italija | Cairo Montenotte SV, Ferrania, Ferranietta stream | 85 |
| <i>Agapetus laniger</i> Pictet, 1834 (od rednog br. 88-91) | | | | | | |
| 88 | TALAN_1 | NIPAG001-17 | M | | rijeka Drava, Goričan | 86 |
| 89 | BC ZSM AQU 00069 | FBAQU069-09 | F | Njemačka | Bavaria, Donaumoos (T/S), Neuburg-Schrobenhausen, Donau bei Fkm 2469,8 rechts, UW Staustufe Bergheim | 87 |
| 90 | BCZSMAQU00860 | FBAQU1145-12 | M | Njemačka | Bavaria, Suedliche Frankenalb (SL), Eichstaett, Sulz [Altmuehl-Ausleitung] in Beilngries, unterer | 88 |
| 91 | 10HMCAD-104 | HMKKT104-10 | A | Italija | Casalgrasso (CN), Po river at bridge prov. Road nd | 89 |
| <i>Synagapetus moselyi</i> (Ulmer, 1938) (redni br. 92) | | | | | | |
| 92 | TSMOS_1 | NIPAG003-17 | | Hrvatska | potok Crkveni jarak (srednji tok) | 90 |
| <i>Synagapetus krawanyi</i> Ulmer, 1939 (od rednog br. 93-99) | | | | | | |
| 93 | TSKRA_1 | CROTR153-19 | | Hrvatska | izvor Škodinovac - Bastaji | 91 |
| 94 | TAGA_1 | CROTR213-19 | | Hrvatska | potok Vrklješće, izvor - Velika Rakovic, Samoborsko gorje | |
| 95 | TAGA_2 | NIPAG002-17 | | Hrvatska | potok Vrklješće, izvor - Velika Rakovic, Samoborsko gorje | 92 |
| 96 | 10HMCAD-460 | HMKKT460-10 | M | Austria | Solling Schlarassingbach bei | 93 |

PRILOG 14. Taksonomski popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Agapetus* i *Synagpetus* te *Glossosoma bifidum* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima u koloni ID uzorak označeni su uzorci dobiveni ovim radom. Kratice označavaju F= ženka, M= mužjak, A=adult i L=ličinka.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | spol | Država | Lokacija | mtDNA haplotip |
|---|------------------|------------------|------|----------|--|----------------|
| | | | | | Gaisberg | |
| 97 | 10HMCAD-187 | HMKKT187-10 | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | 94 |
| 98 | HMCAD0810-189 | HMKKT816-10 | A | Austrija | Carinthia, Seebergsattel | 95 |
| 99 | 10HMCAD-459 | HMKKT459-10 | A | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg | 96 |
| <i>Synagapetus padanus</i> (Bertuetti, Lodovici, & Valle, 2004) (od rednog br.100 -101) | | | | | | |
| 100 | 09HMCAD-0238 | HMCAD603-09 | L | Italija | Val Ronchi, Sorg Picolotta | 97 |
| 101 | 09HMCAD-0240 | HMCAD605-09 | L | Italija | Val Ronchi, Sorg Picolotta | 98 |
| <i>Synagapetus dubitans</i> (McLachlan, 1879) (redni br. 102) | | | | | | |
| 102 | BC ZSM AQU 00658 | FBCAD088-10 | L | Njemačka | Bavaria, Suedliche Frankenalb (SL), Quellbach zur Altmuehl bei Strassenbruecke Groesdo | 99 |
| <i>Glossosoma bifidum</i> (redni br. 103) | | | | | | |
| 103 | TGBIF_1 | NIPAG004-17 | M | Hrvatska | rijeka Kupčina (izvor, gornji tok) - Žumberak | 100 |

PRILOG 15. Taksonomski popis korištenih DNA barkod sekvenci za filogenetsku analizu vrsta iz roda *Lepidostoma* te *Crunoecia kempnyi* kao vanjske vrste. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, spol (oznaka F za ženku i M za mužjaka), država i točna lokacija iz koje je prikupljen. Zadebljanim slovima ID uzorka označeni su haplotipovi dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Spol | Država nalaza | Lokacija |
|--|------------------|------------------|------|---------------|-------------------------------------|
| <i>Lepidostoma basale</i> Kolenati 1848 (od rednog br.1-8) | | | | | |
| 1 | TLBAS_1 | CROAA024-18 | F | Hrvatska | Pašina vrela - iznad sela Mečenčani |
| 2 | TLBAS_2 | CROAA025-18 | M | Hrvatska | Pašina vrela - iznad sela Mečenčani |
| 3 | TLBAS_3 | CROTR122-19 | M | Hrvatska | rijeka Grab, izvor - Sinj |
| 4 | ARin-2012F243 | TRIFI778-12 | M | Estonija | Piusa, Orava |
| 5 | 12HMCAD-094 | BHMKK262-12 | | Ceška | Volary, Mala niva Lenora |
| 6 | 12HMCAD-070 | BHMKK259-12 | F | Austrija | St. Konrad-Hausern |
| 7 | BC ZSM AQU 00039 | FBAQU039-09 | | Njemačka | Straubing-Bogen |

| | | | | | |
|---|---------------------|-------------------|---|---------------------|-------------------------------------|
| 8 | 10ESCAD-021 | ESCAD021-10 | | Šanjolska | Rio Monachil |
| <i>Lepidostoma hirtum</i> Fabricius, 1775 (od rednog br.9-19) | | | | | |
| 9 | TLHIT_1 | CROAA126-18 | | Hrvatska | rijeka Kupa, Pribanji |
| 10 | TLHIT_2 | CROTR053-19 | | Hrvatska | rijeka Rudnica, izvor |
| 11 | TLHIT_3 | CROTR132-19 | | Hrvatska | rijeka Krka, Roški slap |
| 12 | TLHIT_4 | CROTR235-19 | | Hrvatska | rijeka Krka, HE Miljacka |
| 13 | TLHIT_5 | CROTR218-19 | | Hrvatska | slap Labudovac, NP Plitvička jazera |
| 14 | BC ZSM AQU 00123 | FBAQU123-09 | | Njemačka | Muehlbach 1,9 km SO Isarmuend |
| 15 | BIOUG16591- F11 | GMNWL2943- 14 | | Norveška | Trondheim |
| 16 | BHMKK182-12 | HMCAD1211- 182 | M | Austrija | Tschachoritsch |
| 17 | 12HMCAD-093 | BHMKK250-12 | | Češka | Volary, Mala niva Lenora |
| 18 | 10HMCAD-138 | HMKKT138-10 | | Italija | |
| 19 | KY225421 | GBMIN91694- 17 | | Velika Britanija | |
| <i>Crunoecia kempnyi</i> Morton, 1901 (redni br.20) | | | | | |
| 20 | TCKEM_1 | CROTR074-19 | M | Hrvatska | Cetina, selo Totići |

PRILOG 16. Taksonomski popis korištenih DNA barkod sekvenci prilikom povezivanja mužjaka i ženki vrste *Rhyacophila schmidinarica*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak te radi li se o unikatnom haplotipu ili više primjeraka dijeli isti haplotip. Životni stadij se odnosi na A= odrasli, L=ličinka te oznake spola M=mužjak, F=ženka. Zadebljanim slovima ID uzorka označeni su haplotipovi dobiveni ovim radom.

| Redni br. | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Stadij | Spol | Država nalaza | Lokacija |
|---|----------------|------------------|--------|------|------------------|--|
| <i>Rhyacophila schmidinarica</i> Urbanič, Krušnik & Malicky, 2000 (od rednog br.1 -4) | | | | | | |
| 1 | HMTRI029-08 | 08HMCAD-029 | A | M | Hrvatska | Bužim, Velebit |
| 2 | TRSCH_1 | CROTR007-19 | A | M | Hrvatska | izvor na Bjelolasici |
| 3 | TRSCH_3 | CROTR070-19 | A | M | Hrvatska | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac |
| 4 | TRSCH_4 | CROTR084-19 | A | F | Hrvatska | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac |
| <i>Rhyacophila hirticornis</i> McLachlan, 1879 (od rednog br.5 -12) | | | | | | |
| 5 | FBCAD076-10 | BC ZSM AQU 00646 | A | F | Njemačka | Quellablauf Hubertusbrunnen beim Breirtenau-/Geiss |
| 6 | HMKKT195-10 | 10HMCAD-195 | A | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg |
| 7 | HMKKT478-10 | 10HMCAD-478 | | | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg |
| 8 | HMKKT782-10 | HMCAD0810-155 | A | M | Austrija | Dunkelsteiner Wald Halterbach, 1.6 km SE. Palmul |
| 9 | INTAP075-17 | PE087 | L | | Austrija | Riedbach |
| 10 | INTAP080-17 | PE096 | A | M | Austrija | Stutz |
| 11 | INTAP102-17 | PE121 | A | M | Austrija | Stutz |
| 12 | KJTRI190-13 | 12HMCAD-200 | A | M | Austrija | Purgstall |
| <i>Plectrocnemia conspersa</i> (Curtis, 1834) (redni br.13) | | | | | | |
| 13 | TPCON_2 | CROTR008-19 | | M | Hrvatska | izvor na Bjelolasici |

PRILOG 17. Taksonomski popis korištenih DNA barkod sekvenci prilikom povezivanja mužjaka i ženki vrste *Hydropsyche angustipennis*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID number, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima označene su DNA barkod sekvence dobivene ovim radom.

| | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza |
|--|----------------------------|------------------|---------------|---|
| <i>Hydropsyche angustipennis</i> (Curtis, 1834) (od rednog br.1 -5) | | | | |
| 1 | THANG_1 | CROAA119-18 | Hrvatska | Baranjska Karašica, Popovac |
| 2 | THANG_2 , ženka | CROAA108-18 | Hrvatska | potok Dubračina, Tribalj |
| 3 | THANG_3 , mužjak | CROAA109-18 | Hrvatska | potok Dubračina, Tribalj |
| 4 | | HMTRI453-09 | Italija | |
| 5 | | HMKKT531-10 | Poljska | |
| <i>Hydropsyche bulbifera</i> McLachlan, 1878 (od rednog br.6 -7) | | | | |
| 6 | THBUB_1 | CROAA005-18 | Hrvatska | potok Bistra, Medvednica |
| 7 | THBUB_3 | CROTR039-19 | Hrvatska | Gacka-Otočac |
| <i>Hydropsyche bulgaromanorum</i> Malicky, 1977 (od rednog br.8 -10) | | | | |
| 8 | THBUL_1 | CROAA056-18 | Hrvatska | rijeka Dunav - Zlatna Greda |
| 9 | THBUL_2 | CROAA055-18 | Hrvatska | rijeka Dunav - Zlatna Greda |
| 10 | | HMCAD009-07 | | |
| <i>Hydropsyche contubernalis</i> McLachlan, 1865 (od rednog br.11 -14) | | | | |
| 11 | TCHE_1 | CROAA076-18 | Hrvatska | Drava, Goričan |
| 12 | THCON_2 | CROTR269-19 | Hrvatska | potok Bistra |
| 13 | THCON_1 | CROAA006-18 | Hrvatska | rijeka Sava (srednji tok) - Orle |
| 14 | THCON_3 | CROTR219-19 | Hrvatska | Sunja, Kukuruzari |
| <i>Hydropsyche dinarica</i> Marinkovic-Gospodnetić, 1979 (redni br.15) | | | | |
| 15 | THDIN_1 | CROTR150-19 | Hrvatska | Čabranka, most nizvodno od Čabra |
| <i>Hydropsyche fulvipes</i> (Curtis, 1834) (redni br.16) | | | | |
| 16 | THINS_8 | CROTR163-19 | Hrvatska | Palje brdo-Konavle |
| <i>Hydropsyche guttata</i> Pictet, 1834 (od rednog br.17 -19) | | | | |
| 17 | GBOL12175 | GBMIX1690-15 | Njemačka | Lkr. Muehldorf am Inn: Inn bei Muehldorf Fkm etwa |
| 18 | 07HMCAD-0008 | HMCAD008-07 | Austrija | Kleinpochlarn,Rindfleischberg |
| 19 | UA-SG-TRICH-X03 | TFLAN228-11 | Belgija | Voeren |
| <i>Hydropsyche incognita</i> Pitsch, 1993 (od rednog br.20-22) | | | | |
| 20 | THINC_3 | CROAA123-18 | Hrvatska | rijeka Toplica - Batinjani, Papuk |
| 21 | THINC_5 | CROTR036-19 | Hrvatska | rijeka Voćinska |
| 22 | THINC_11 | CROTR119-19 | Hrvatska | Dobra - Priselci, ušće |
| <i>Hydropsyche instabilis</i> (Curtis, 1834) (od rednog br.23 -31) | | | | |
| 23 | THINS_2 | CROTR238-19 | Hrvatska | potok Velika Paklenica-Anića kuk |
| 24 | THINS_5 | CROTR270-19 | Hrvatska | Plitvička jezera, potok Plitvice |
| 25 | THINS_6 | CROTR091-19 | Hrvatska | izvor Grab |
| 26 | THINS_7 | CROTR151-19 | Hrvatska | Cetina, Čikotina lađa |
| 27 | THINS_3 | CROTR162-19 | Hrvatska | Gospin potok, Papuk |
| 28 | THINS_9 | CROTR142-19 | Hrvatska | Dobra - izvor |
| 29 | THINS_10 | CROTR242-19 | Hrvatska | Krka - Miljacka |
| 30 | THINS_4 | CROTR201-19 | Hrvatska | izvor Rječine |
| 31 | THYD_1 | CROAA053-18 | Hrvatska | Crna Mlaka |
| <i>Hydropsyche modesta</i> Navas, 1925 (od rednog br.32 -33) | | | | |
| 32 | THMOD_1 | CROAA046-18 | Hrvatska | Sava-Drenje Brdovečko |
| 33 | | HMKKT224-10 | | |

PRILOG 17. Taksonomski popis korištenih DNA barkod sekvenci prilikom povezivanja mužjaka i ženki vrste *Hydropsyche angustipennis*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID number, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima označene su DNA barkod sekvence dobivene ovim radom.

| | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija nalaza |
|--|-----------------|------------------|---------------|-----------------------------------|
| <i>Hydropsyche mostarensis</i> Klapalek, 1898 (od rednog br.34 -35) | | | | |
| 34 | THMOS_1 | CROTR086-19 | Hrvatska | Krka - Miljacka |
| 35 | | HMTRI106-08 | | |
| <i>Hydropsyche ornatula</i> McLachlan, 1878 (od rednog br.36 -38) | | | | |
| 36 | 08JPCAD-441 | JPCAD441-08 | Mađarska | Belavar |
| 37 | ID-02104 | MGCAD119-08 | Mongolija | Selenge gol 7.8 km NW Zuunburen |
| 38 | | XJDQD365-18 | Kina | Bashibaiyi |
| <i>Hydropsyche pellucidula</i> (Curtis, 1834) (od rednog br. 39 -41) | | | | |
| 39 | THYD_1 | CROTR271-19 | Hrvatska | Crna Mlaka |
| 40 | THPEL_2 | CROTR155-19 | Hrvatska | Ponikve- otok Krk |
| 41 | THINC_1a | CROTR194-19 | Hrvatska | Mirna- Livade |
| <i>Hydropsyche saxonica</i> McLachlan, 1884 (od rednog br.42 -46) | | | | |
| 42 | THSAX_1 | CROAA070-18 | Hrvatska | potok Vrba, Muć |
| 43 | THSAX_2 | CROTR149-19 | Hrvatska | potok Vrba, Muć |
| 44 | THSAX_3 | CROTR202-19 | Hrvatska | potok Mlini, Ugrini |
| 45 | THINC_3 | CROAA123-18 | Hrvatska | rijeka Toplica - Batinjani, Papuk |
| 46 | THSAX_4 | CROTR229-19 | Hrvatska | rijeka Milka Trnina |
| <i>Plectrocnemia conspersa</i> (Curtis, 1834) (redni br. 47) | | | | |
| 47 | TPCON_2 | CROTR008-19 | Hrvatska | Bjelolasica izvor |

PRILOG 18. Taksonomski popis korištenih DNA barkod sekvenci prilikom povezivanja ličinke i odraslog primjerka vrste *Glossosoma discophorum*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID number, naziv vrste prema morfološkoj identifikaciji, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima označene su DNA barkod sekvence dobivene ovim radom.

| | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija |
|--|----------------|------------------|---------------|---------------------------------------|
| <i>G. bifidum</i> McLachlan, 1879 (od rednog br. 1 -2) | | | | |
| 1. | TGBIF_1 | NIPAG004-17 | Hrvatska | rijeka Kupčina, izvor, Žumberak |
| 2. | 12HMCAD-34 | KJTRI029-13 | Italija | Risorgive del Vinchiaruzzo |
| <i>G. conformis</i> Neboiss, 1963 (od rednog br. 3 -8) | | | | |
| 3. | TGCON_1 | CROTR210-19 | Hrvatska | potok Bliznec, Medvednica |
| 4. | TGCON_2 | CROTR014-19 | Hrvatska | potok Bliznec, Medvednica |
| 5. | | GBEPT574-14 | Njemačka | Freiberger Mulde |
| 6. | GBOL03905 | GBEPT576-14 | Njemačka | Freiberger Mulde |
| 7. | HM09Glco8 | HMTRI422-09 | Španjolska | vic.Pontaut, Val de Rio Toran |
| 8. | 10HMCAD-189 | HMKKT189-10 | Austrija | Solling Schlarassingbach bei Gaisberg |
| <i>G. discophorum</i> Klapalek, 1902 (od rednog br. 9 -16) | | | | |
| 9. | TGDIS_1 | CROAA004-18 | Hrvatska | rijeka Tounjčica (izvor) |
| 10. | TGDIS_2 | CROAA035-18 | Hrvatska | izvor Vitunjčice |
| 11. | TGDIS_3 | CROAA036-18 | Hrvatska | izvor Slunjčice |
| 12. | TGDIS_4 | CROAA036-18 | Hrvatska | izvor Une |
| 13. | TGDIS_5 | CROAA064-18 | Hrvatska | Mali Rumin |
| 14. | TGDIS_6 | CROTR057-19 | Hrvatska | izvor potoka Plitvice |

PRILOG 18. Taksonomski popis korištenih DNA barkod sekvenci prilikom povezivanja ličinke i odraslog primjerka vrste *Glossosoma discophorum*. Uz svaki primjerak navedeno je ID uzorka, BOLD Sekvenca ID number, naziv vrste prema morfološkoj identifikaciji, država i točna lokacija iz koje je prikupljen uzorak. Zadebljanim slovima označene su DNA barkod sekvence dobivene ovim radom.

| | ID uzorka | BOLD Sekvenca ID | Država nalaza | Lokacija |
|--|------------------|-------------------------|----------------------|--|
| 15. | TGDIS_7 | CROTR063-19 | Hrvatska | Mali Rumin |
| 16. | TGDIS_8 | CROTR090-19 | Hrvatska | izvor Grab |
| <i>G. neretvae</i> Marinković, 1988 (od rednog br. 17 -19) | | | | |
| 17. | HMCAD1211-157 | BHMKK157-12 | Crna Gora | Alipasini izvori |
| 18. | TGNER_1 | CROTR052-19 | Bosna i Hercegovina | rijeka Neretva - Žitomislčić |
| 19. | TGNER_2 | CROTR059-19 | Bosna i Hercegovina | rijeka Neretva - Žitomislčić |
| <i>G. klotho</i> Malicky, 2003 (od rednog br. 20 -21) | | | | |
| 20. | TGKLO_3a | CROTR093-19 | Kosovo | rijeka Bistrica, Te Manastir Mulla, Pejë, |
| 21. | 12HMCAD-120 | KJTRI110-13 | Bugarska | Pirin, Gotse Deltschev |
| <i>Agapetus ochripes</i> (redni br. 22) | | | | |
| 22. | TAOCH_2 | CROTR010-19 | Hrvatska | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorka | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|----------|---|--|--|---------|
| 1. | 1. | TRAUR_1 | <i>Rhyacophila aurata</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | <i>Rhyacophila aurata</i> 97.87 | 1 |
| 2. | | TRAUR_2 | <i>Rhyacophila aurata</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | <i>Rhyacophila aurata</i> 98.72 | |
| 3. | 2. | TRBAL_1 | <i>Rhyacophila balcanica</i> | rijeka Una (izvor) | <i>Rhyacophila balcanica</i> 96.24 | 2 |
| 4. | 3. | TRCAB_1 | <i>Rhyacophila cabrankensis</i> | rijeka Čabranka (izvor) - Čabar | <i>Rhyacophila vulgaris</i> 97.61 | 3 |
| 5. | 4. | TRDOR_2 | <i>Rhyacophila dorsalis</i> | rijeka Čabranka (izvor) - Čabar | <i>Rhyacophila dorsalis</i> 100 | 4 |
| 6. | | TRDPL_2 | <i>Rhyacophila dorsalis</i> | rijeka Sunja - Kukuruzari | <i>Rhyacophila dorsalis</i> 100 | |
| 7. | | TRDOP_1 | <i>Rhyacophila dorsalis persimilis</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | <i>Rhyacophila dorsalis</i> 99.68 | |
| 8. | | TRHY_2 | <i>Rhyacophila dorsalis persimilis</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | <i>Rhyacophila dorsalis persimilis</i> 98.4 | |
| 9. | | TRDOP_2 | <i>Rhyacophila dorsalis persimilis</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | <i>Rhyacophila dorsalis</i> 100 | |
| 10. | | TRDPL_3 | <i>Rhyacophila dorsalis plitvicensis</i> | slap Labudovac - NP Plitvička jezera | <i>Rhyacophila dorsalis persimilis</i> 99.8 | |
| 11. | | TRDPL_1 | <i>Rhyacophila dorsalis plitvicensis</i> | jezero Gavanovac –NP Plitvička jezera | <i>Rhyacophila dorsalis</i> 100 | |
| 12. | | TRDPL_5 | <i>Rhyacophila dorsalis plitvicensis</i> | slap Labudovac - NP Plitvička jezera | <i>Rhyacophila dorsalis</i> 100 | |
| 13. | | TRDPL_4 | <i>Rhyacophila dorsalis plitvicensis</i> | slap Labudovac - NP Plitvička jezera | <i>Rhyacophila dorsalis persimilis</i> 98.91 | |
| 14. | | 5. | TRDP_1 | <i>Rhyacophila nubila</i> | rijeka Petrinjčica - Prnjavor Čuntićki | |
| 15. | TRAUR_3 | | <i>Rhyacophila nubila</i> | rijeka Petrinjčica - Prnjavor Čuntićki | <i>Rhyacophila nubila</i> 99.69 | |
| 16. | 6. | TRFAS_1 | <i>Rhyacophila fasciata</i> | potok Zeleni Vir (izvor) | <i>Rhyacophila fasciata</i> 97.33 | 6 |
| 17. | | TRFAS_2 | <i>Rhyacophila fasciata</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | <i>Rhyacophila fasciata</i> 96.62 | |
| 18. | 7. | TRHIT_1 | <i>Rhyacophila hirticornis</i> | potok Šumi (izvor) – Ivančica | <i>Rhyacophila hirticornis</i> 83.22 | 7 |
| 19. | 8. | TRLAE_1 | <i>Rhyacophila laevis</i> | potok Šumi (izvor) – Ivančica | <i>Rhyacophila laevis</i> 97.76 | 8 |
| 20. | 9. | TRDOR_1 | <i>Rhyacophila loxias</i> | rijeka Sutla - Zelenjak, Kumrovec | <i>Rhyacophila loxias</i> 97.07 | 9 |
| 21. | | TRLOX_2 | <i>Rhyacophila loxias</i> | rijeka Veličanka - uzvodno od Požege | <i>Rhyacophila loxias</i> 86.84 | 10 |
| 22. | 10. | TRPAL_7 | <i>Rhyacophila palmeni</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | <i>Rhyacophila palmeni</i> 96.39 | 11 |
| 23. | 11. | TRHY_1 | <i>Rhyacophila polonica</i> | potok Zeleni Vir (izvor) | <i>Rhyacophila polonica</i> 99.21 | 12 |
| 24. | 12. | TRPRAE_1 | <i>Rhyacophila praemosa</i> | potok Jankovac (gornji tok) - zapadno od Orahovca, Papuk | <i>Rhyacophila praemosa</i> 98.72 | |
| 25. | 13. | TRSCH_1 | <i>Rhyacophila schmidinarica</i> | izvor na Bjelolasici | <i>Rhyacophila schmidinarica</i> 94.04 | 13 |
| 26. | | TRSCH_3 | <i>Rhyacophila schmidinarica</i> | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac | <i>Rhyacophila schmidinarica</i> 95.14 | |
| 27. | | TRSCH_4 | <i>Rhyacophila schmidinarica</i> | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac | <i>Rhyacophila schmidinarica</i> 96.13 | |
| 28. | 14. | TRTOR_1 | <i>Rhyacophila torrentium</i> | potok Zeleni Vir (izvor) | <i>Rhyacophila torrentium</i> - 99.54 | 14 |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorka | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN | |
|------------|---------|---------|--------------------------------------|--|--|----------------------------------|----|
| 29. | 15. | TRTRI_4 | <i>Rhyacophila tristis</i> | potok Konavočica (izvor) – Vodovođe, Palje, Konavle | <i>Rhyacophila tristis</i> 97.15 | 15 | |
| 30. | | TRTRI_7 | <i>Rhyacophila tristis</i> | potok Konavočica (izvor) – Vodovođe, Palje, Konavle | <i>Rhyacophila tristis</i> 97.71 | | |
| 31. | | TRTRI_6 | <i>Rhyacophila tristis</i> | izvor Škodinovac - Bastaji | <i>Rhyacophila tristis</i> 100 | | |
| 32. | | 16. | TRTRI_8 | <i>Rhyacophila tristis</i> | slap Labudovac - NP Plitvička jezera | <i>Rhyacophila tristis</i> 99.53 | 16 |
| 33. | | | TRTRI_9 | <i>Rhyacophila tristis</i> | slap Labudovac - NP Plitvička jezera | <i>Rhyacophila tristis</i> 99.52 | |
| 34. | | | TRTRI_5 | <i>Rhyacophila tristis</i> | potok Konavočica (izvor) – Vodovođe, Palje, Konavle | <i>Rhyacophila tristis</i> 99.47 | |
| 35. | | TRTRI_6 | <i>Rhyacophila tristis</i> | izvor Škodinovac - Bastaji | <i>Rhyacophila tristis</i> 100 | | |
| 36. | 16. | TAFUS_1 | <i>Agapetus cf. fuscipes</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | <i>Agapetus slavorum</i> 87.56 | 17 | |
| 37. | | TAFUS_4 | <i>Agapetus cf. fuscipes</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | <i>Agapetus slavorum</i> 87.87 | | |
| 38. | | TAFUS_2 | <i>Agapetus cf. fuscipes</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | <i>Agapetus slavorum</i> 87.73 | | |
| 39. | | TAFUS_3 | <i>Agapetus cf. fuscipes</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | <i>Agapetus slavorum</i> 88.24 | | |
| 40. | 17. | TALAN_1 | <i>Agapetus laniger</i> | rijeka Mura (donji tok) - Goričan | <i>Agapetus laniger</i> 99.85 | 18 | |
| 41. | 18. | TAOCH_2 | <i>Agapetus ochripes</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | <i>Agapetus ochripes</i> 100 | 19 | |
| 42. | | TAOCH_3 | <i>Agapetus ochripes</i> | rijeka Lika - izvor | <i>Agapetus ochripes</i> 100 | | |
| | 19. | TSKRA_1 | <i>Synagapetus krawanyi</i> | izvor Škodinovac - Bastaji | <i>Agapetus krawanyi</i> 99.35 | 20 | |
| 43. | | TAGA_1 | <i>Synagapetus krawanyi</i> | potok Vrkljišće, izvor - Velika Rakovic, Samoborsko gorje | <i>Agapetus krawanyi</i> 99.03 | | |
| 44. | 20. | TSMOS_1 | <i>Synagapetus moselyi</i> | potok Crkveni jarak - gornji tok | <i>Synagapetus lusitanicus</i> 86.42 | 21 | |
| 45. | 21. | TGBIF_1 | <i>Glossosoma bifidum</i> | rijeka Kupčina (izvor, gornji tok) - Žumberak | <i>Glossosoma bifidum</i> 98.32 | 22 | |
| 46. | 22. | TGCON_1 | <i>Glossosoma conformis</i> | potok Bliznec (srednji tok) - javna ustanova PP Medvednica | <i>Glossosoma conformis</i> 99.84 | 23 | |
| 47. | | TGCON_2 | <i>Glossosoma conformis</i> | potok Bliznec (srednji tok) - javna ustanova PP Medvednica | <i>Glossosoma conformis</i> 100 | | |
| 48. | 23. | TGDIS_1 | <i>Glossosoma discophorum</i> | rijeka Tounjčica (izvor) | <i>Glossosoma neretvae</i> 99.08 | 24 | |
| 49. | | TGDIS_2 | <i>Glossosoma discophorum</i> | rijeka Vitunjčica (izvor) | <i>Glossosoma neretvae</i> 98.88 | | |
| 50. | | TGDIS_3 | <i>Glossosoma discophorum</i> | rijeka Slunjčica (izvor) | <i>Glossosoma neretvae</i> 98.88 | | |
| 51. | | TGDIS_4 | <i>Glossosoma discophorum</i> | rijeka Una (izvor) | <i>Glossosoma neretvae</i> 98.49 | | |
| 52. | | TGDIS_5 | <i>Glossosoma discophorum</i> | rijeka Cetina - Vrilo, Mali Rumin | <i>Glossosoma neretvae</i> 99.54 | | |
| 53. | | TGDIS_6 | <i>Glossosoma discophorum</i> | potok Plitvice, izvor - Plitvica Selo | <i>Glossosoma neretvae</i> 99.67 | | |
| 54. | | TGDIS_7 | <i>Glossosoma discophorum</i> | rijeka Cetina - Vrilo, Mali Rumin | <i>Glossosoma neretvae</i> 99.84 | | |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorka | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|---------|-----------------------------------|--|--|---------|
| 55. | | TGDIS_8 | <i>Glossosoma discophorum</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | <i>Glossosoma neretvae</i> 100 | |
| 56. | 24. | TRIC_1 | <i>Agraylea sexmaculata</i> | rijeka Cetina - Čikotina lađa | <i>Agraylea sexmaculata</i> 99.2 | 25 |
| 57. | | TASEX_2 | <i>Agraylea sexmaculata</i> | rijeka Sunja - Kukuruzari | <i>Agraylea sexmaculata</i> 99.37 | |
| 58. | | TASEX_3 | <i>Agraylea sexmaculata</i> | rijeka Sunja - Kukuruzari | <i>Agraylea sexmaculata</i> 100 | |
| 59. | 25. | TAPAL_1 | <i>Allotrichia pallicornis</i> | rijeka Čabranka (donji tok, ušće) | <i>Allotrichia pallicornis</i> 99.68 | 26 |
| 60. | | TAPAL_2 | <i>Allotrichia pallicornis</i> | rijeka Cetina - Čikotina lađa | <i>Allotrichia pallicornis</i> 99.68 | |
| 61. | 26. | THANL_1 | <i>Hydroptila lotensis</i> | rijeka Bednja - Ivanečka Železnica, Ivanec | <i>Hydroptila lotensis</i> 99.84 | 27 |
| 62. | | THANL_2 | <i>Hydroptila lotensis</i> | rijeka Bednja - Ivanečka Železnica, Ivanec | <i>Hydroptila lotensis</i> 98.87 | |
| 63. | | THYD_14 | <i>Hydroptila lotensis</i> | rijeka Utinja, Pecki, vodocrpilište Banovina | <i>Hydroptila lotensis</i> 99.84 | |
| 64. | | THLOT_1 | <i>Hydroptila lotensis</i> | rijeka Petrinjčica - Hrvatski Čuntički | <i>Hydroptila lotensis</i> 99.68 | |
| 65. | 27. | THFOR_1 | <i>Hydroptila forcipata</i> | rijeka Čabranka (donji tok, ušće) | <i>Hydroptila forcipata</i> 100 | 28 |
| 66. | | THFOR_2 | <i>Hydroptila forcipata</i> | rijeka Cetina - Čikotina lađa | <i>Hydroptila forcipata</i> 99.82 | |
| 67. | | THFOR_3 | <i>Hydroptila forcipata</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | <i>Hydroptila forcipata</i> 100 | |
| 68. | | THFOR_4 | <i>Hydroptila forcipata</i> | rijeka Cetina - Radmanove Mlinice | <i>Hydroptila forcipata</i> 100 | |
| 69. | | THFOR_5 | <i>Hydroptila forcipata</i> | rijeka Krka - Roški slap | <i>Hydroptila forcipata</i> 100 | |
| 70. | 28. | THMAR_1 | <i>Hydroptila martini</i> | rijeka Gacka (srednji tok) - Otočac | <i>Hydroptila martini</i> 99.51 | 29 |
| 71. | | THYD_5 | <i>Hydroptila martini</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | <i>Hydroptila martini</i> 100 | |
| 72. | | THYD_7 | <i>Hydroptila martini</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | <i>Hydroptila martini</i> 100 | |
| 73. | | THYD_8 | <i>Hydroptila martini</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | <i>Hydroptila martini</i> 99.84 | |
| 74. | | THYP_8 | <i>Hydroptila martini</i> | potok u selu Pridvorje - Konavle | <i>Hydroptila martini</i> 98.55 | |
| 75. | 29. | THPHA_1 | <i>Hydroptila phaon</i> | potok Roč (izvor) - Marušići | <i>Hydroptila occulta</i> 85.51 | 30 |
| 76. | | TPKL_1 | <i>Hydroptila phaon</i> | rijeka Vitunjčica (izvor) | <i>Hydroptila occulta</i> 85.41 | |
| 77. | | TPHA_1 | <i>Hydroptila phaon</i> | rijeka Norin, ušće - Metković | <i>Hydroptila occulta</i> 84.95 | |
| 78. | 30. | THSIM_1 | <i>Hydroptila simulans</i> | rijeka Krka - Roški slap | <i>Hydroptila simulans</i> 99.53 | 31 |
| 79. | 31. | THSPA_1 | <i>Hydroptila sparsa</i> | rijeka Neretva (donji tok) - Opuzen | <i>Hydroptila sparsa</i> 99.38 | 32 |
| 80. | | THSPA_4 | <i>Hydroptila sparsa</i> | rijeka Krka - Roški slap | <i>Hydroptila sparsa</i> 99.52 | |
| 81. | | THYD_13 | <i>Hydroptila sparsa</i> | rijeka Krka - Visovac, pristanište na desnoj obali | <i>Hydroptila sparsa</i> 100 | |
| 82. | | THYP_6 | <i>Hydroptila sparsa</i> | potok u selu Pridvorje - Konavle | <i>Hydroptila sparsa</i> 99.33 | |
| 83. | 32. | THTIG_1 | <i>Hydroptila tigurina</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | <i>Hydroptila sp.</i> 85.38 | 33 |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorka | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|---------|--------------------------------|--|--|---------|
| 84. | | THTIG_2 | <i>Hydroptila tigurina</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | <i>Hydroptila sp.</i> 85.38 | |
| 85. | | THTIG_3 | <i>Hydroptila tigurina</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | <i>Hydroptila sp.</i> 85.38 | |
| 86. | 33. | THTIN_1 | <i>Hydroptila tineoides</i> | rijeka Dobra - Jarče polje | <i>Hydroptila tineoides</i> 99.52 | 34 |
| 87. | | THTIN_3 | <i>Hydroptila tineoides</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | <i>Hydroptila tineoides</i> 98.54 | |
| 88. | | THYD_6 | <i>Hydroptila tineoides</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | <i>Hydroptila tineoides</i> 100 | |
| 89. | | THTIN_2 | <i>Hydroptila tineoides</i> | rijeka Petrinjčica - Hrvatski Čuntički | <i>Hydroptila tineoides</i> 99.64 | |
| 90. | 34. | THVEC_1 | <i>Hydroptila vectis</i> | rijeka Bednja - Ivanečka Železnica, Ivanec | <i>Hydroptila vectis</i> 99.52 | 35 |
| 91. | | THVEC_2 | <i>Hydroptila vectis</i> | potok u selu Pridvorje - Konavle | <i>Hydroptila vectis</i> 97.16 | 36 |
| 92. | | THYD_3 | <i>Hydroptila vectis</i> | izvor Čerišnjevac - Pazin | <i>Hydroptila vectis</i> 94.94 | 37 |
| 93. | | THYP_3 | <i>Hydroptila vectis</i> | izvor Čerišnjevac - Pazin | <i>Hydroptila vectis</i> 94.05 | |
| 94. | 35. | TILAM_1 | <i>Ithytrichia lamellaris</i> | rijeka Raša (srednji tok) - dolina Raše | <i>Ithytrichia lamellaris</i> 100 | 38 |
| 95. | | TILAM_2 | <i>Ithytrichia lamellaris</i> | rijeka Krapina (srednji tok) - Krapina Selo | <i>Ithytrichia lamellaris</i> 100 | |
| 96. | | TILAM_3 | <i>Ithytrichia lamellaris</i> | rijeka Dobra - Jarče polje | <i>Ithytrichia lamellaris</i> 100 | |
| 97. | | TITH_1 | <i>Ithytrichia lamellaris</i> | rijeka Dobra - Jarče polje | <i>Ithytrichia lamellaris</i> 100 | |
| 98. | 36. | THYP_1 | <i>Orthotrichia angustella</i> | rijeka Kupa (donji tok) - Jamnička Kiselica | <i>Orthotrichia angustella</i> 100 | 39 |
| 99. | 37. | THYD_12 | <i>Orthotrichia costalis</i> | rijeka Krka - Visovac, pristanište na desnoj obali | <i>Orthotrichia costalis</i> 99.84 | 40 |
| 100. | | THSPA_5 | <i>Orthotrichia costalis</i> | rijeka Krka - Roški slap | <i>Orthotrichia costalis</i> 100 | |
| 101. | | THYD_11 | <i>Orthotrichia costalis</i> | rijeka Krka - Visovac, pristanište na desnoj obali | <i>Orthotrichia costalis</i> 100 | |
| 102. | 38. | TOTRA_1 | <i>Orthotrichia tragetti</i> | jezero Kuti -Badžule | <i>Orthotrichia tragetti</i> 99.85 | 41 |
| 103. | 39. | THYP_4 | <i>Oxyethira falcata</i> | potok u selu Pridvorje - Konavle | <i>Oxyethira falcata</i> 99.4 | 42 |
| 104. | | THYP_5 | <i>Oxyethira falcata</i> | potok u selu Pridvorje - Konavle | <i>Oxyethira falcata</i> 98.38 | |
| 105. | | THYP_7 | <i>Oxyethira falcata</i> | potok u selu Pridvorje - Konavle | <i>Oxyethira falcata</i> 98.8 | |
| 106. | 40. | TOFLA_1 | <i>Oxyethira flavicornis</i> | rijeka Sava - Durenje Brdovečko | <i>Oxyethira flavicornis</i> 98.88 | 43 |
| 107. | | THID_1 | <i>Oxyethira flavicornis</i> | rijeka Lika (srednji tok) - Bilaj | <i>Oxyethira flavicornis</i> 99.84 | |
| 108. | | TOFLA_2 | <i>Oxyethira flavicornis</i> | rijeka Lika (srednji tok) - Bilaj | <i>Oxyethira flavicornis</i> 99.68 | |
| 109. | | TOXY_1 | <i>Oxyethira flavicornis</i> | rijeka Dobra - Trošmarija | <i>Oxyethira flavicornis</i> 100 | |
| 110. | 41. | TPMON_1 | <i>Philopotamus montanus</i> | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija | <i>Philopotamus montanus</i> 91.52 | 44 |
| 111. | | TPMON_2 | <i>Philopotamus montanus</i> | potok Šumi (izvor) – Ivančica, Ivančica | <i>Philopotamus montanus</i> 99.84 | |
| 112. | 42. | TPVAR_1 | <i>Philopotamus variegatus</i> | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija | <i>Philopotamus variegatus</i> 98.91 | 45 |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorka | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|---------|--------------------------------------|--|--|---------|
| 113. | 43. | TWCOP_2 | <i>Wormaldia copiosa</i> | rijeka Čabranka (izvor) - Čabar | <i>Wormaldia copiosa</i> 99.84 | 46 |
| 114. | 44. | TWOCI_1 | <i>Wormaldia occipitalis</i> | potok Bliznec (srednji tok) - javna ustanova PP Medvednica | <i>Wormaldia occipitalis</i> 99.23 | 47 |
| 115. | | TWOCI_4 | <i>Wormaldia occipitalis</i> | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac | <i>Wormaldia occipitalis</i> 99.20 | |
| 116. | | TWOC_3 | <i>Wormaldia occipitalis</i> | izvor Škodinovac - Bastaji | <i>Wormaldia occipitalis</i> 99.67 | |
| 117. | | TWOCI_6 | <i>Wormaldia occipitalis</i> | izvor Bijela stijena, Petrovac, Petrinja | <i>Wormaldia occipitalis</i> 99.37 | |
| 118. | 45. | TWPUL_1 | <i>Wormalidia pulla</i> | potok Bliznec (srednji tok) - javna ustanova PP Medvednica | <i>Wormalidia pulla</i> 98.92% | 48 |
| 119. | 46. | TWSUB_1 | <i>Wormaldia subnigra</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | <i>Wormaldia subnigra</i> - 99.39 | 49 |
| 120. | | TWSUP_2 | <i>Wormaldia subnigra</i> | izvor Čerišnjevac - Pazin | <i>Wormaldia subnigra</i> 99.52 | |
| 121. | | TWSUB_3 | <i>Wormaldia subnigra</i> | jezero Milanovac - NP Plitvička jezera | <i>Wormaldia subnigra</i> 99.61 | |
| 122. | 47. | TWSUB_2 | <i>Wormaldia subterranea</i> | potok Konavočica (srednji tok) - Palje, Konavle | <i>Wormaldia subnigra</i> 98.56 | 50 |
| 123. | 48. | TCLEP_2 | <i>Cheumatopsyche lepida</i> | rijeka Mirna - Livade | <i>Cheumatopsyche lepida</i> 100 | 51 |
| 124. | 49. | TDATR_1 | <i>Diplectrona sp. nov 1</i> | potok Kopačica (izvor) - Palje, Konavle | <i>Diplectrona atra</i> 90.85 | 52 |
| 125. | | TDATR_2 | <i>Diplectrona sp. nov 1</i> | potok Kopačica (izvor) –Vodovođe, Palje, Konavle | <i>Diplectrona atra</i> 90.98 | |
| 126. | | TDATR_3 | <i>Diplectrona sp. nov 1</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | <i>Diplectrona atra</i> 90.98 | |
| 127. | | TDATR_4 | <i>Diplectrona sp. nov 1</i> | rijeka Ljuta (izvor) - Konavle | <i>Diplectrona atra</i> 90.75 | |
| 128. | 50. | DATH_1 | <i>Diplectrona sp. nov. 2</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | <i>Diplectrona atra</i> : 88.76 | 53 |
| 129. | | DATH_3 | <i>Diplectrona sp. nov. 2</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | <i>Diplectrona atra</i> : 88.76 | |
| 130. | | DATH_4 | <i>Diplectrona sp. nov. 2</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | <i>Diplectrona atra</i> : 88.76 | |
| 131. | | DATH_6 | <i>Diplectrona sp. nov. 2</i> | potok Dubočanka - Papuk | <i>Diplectrona atra</i> : 88.7 | |
| 132. | | DATH_8 | <i>Diplectrona sp. nov. 2</i> | potok Dubočanka - Papuk | <i>Diplectrona atra</i> : 88.76 | |
| 133. | | DATH_9 | <i>Diplectrona sp. nov. 2</i> | potok Dubočanka - Papuk | <i>Diplectrona atra</i> : 88.76 | |
| 134. | | DATH_10 | <i>Diplectrona sp. nov. 2</i> | potok Dubočanka - Papuk | <i>Diplectrona atra</i> : 89.36 | |
| 135. | 51. | THANG_1 | <i>Hydropsyche angustipennis</i> | rijeka Baranjska Karašica (donji tok) - Popovac | <i>Hydropsyche angustipennis</i> 100 | 54 |
| 136. | | THANG_2 | <i>Hydropsyche angustipennis</i> | potok Dubračina, Tribalj | <i>Hydropsyche angustipennis</i> 99.16 | |
| 137. | | THANG_3 | <i>Hydropsyche angustipennis</i> | potok Dubračina, Tribalj | <i>Hydropsyche angustipennis</i> 99.13 | |
| 138. | 52. | THBUL_1 | <i>Hydropsyche bulbifera</i> | potok Bistra (srednji tok) - Bistra, Medvednica | <i>Hydropsyche bulbifera</i> - 98.31 | 55 |
| 139. | | THBUL_3 | <i>Hydropsyche bulbifera</i> | rijeka Gacka (srednji tok) - Otočac | <i>Hydropsyche bulbifera</i> 100 | 56 |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorak | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|----------|--|--|--|---------|
| 140. | 53. | THBUL_1a | <i>Hydropsyche bulgaromanorum</i> | rijeka Dunav - Zlatna Greda | <i>Hydropsyche bulgaromanorum</i> 99.84 | 57 |
| 141. | | THBUL_2 | <i>Hydropsyche bulgaromanorum</i> | rijeka Dunav - Zlatna Greda | <i>Hydropsyche bulgaromanorum</i> 98.59 | |
| 142. | 54. | THCON_1 | <i>Hydropsyche conturbenalis</i> | rijeka Sava (srednji tok) - Orle | <i>Hydropsyche conturbenalis</i> - 100 | 58 |
| 143. | | TCHE_1 | <i>Hydropsyche conturbenalis</i> | rijeka Mura (donji tok) - Goričan | <i>Hydropsyche contubernalis</i> 99.84 | |
| 144. | | THCON_2 | <i>Hydropsyche conturbenalis</i> | potok Bistra (srednji tok) - Bistra, Medvednica | <i>Hydropsyche contubernalis</i> 99.52 | |
| 145. | | THCON_3 | <i>Hydropsyche conturbenalis</i> | Rijeka Sunja - Kukuruzari | <i>Hydropsyche contubernalis</i> 100 | |
| 146. | 55. | THDIN_1 | <i>Hydropsyche dinarica</i> | rijeka Čabranka (izvor) - most nizvodno od Čabra | <i>Hydropsyche dinarica</i> 93.5 | 59 |
| 147. | 56. | THINS_8 | <i>Hydropsyche fulvipes</i> | potok Konavočica (srednji tok) - Palje, Konavle | <i>Hydropsyche fulvipes</i> 98.15 | 60 |
| 148. | 57. | THINC_5 | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Voćnska (izvor) - Voćin | <i>Hydropsyche incognita</i> 100 | 61 |
| 149. | | THINC_3 | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Toplica - Batinjani, Papuk | <i>Hydropsyche incognita</i> 99.25 | |
| 150. | | THINC_11 | <i>Hydropsyche incognita</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | <i>Hydropsyche incognita</i> 99.84 | |
| 151. | 58. | THINS_3 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | rijeka Cetina - Čikotina lađa | <i>Hydropsyche instabilis</i> 100 | 62 |
| 152. | | THINS_2 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | potok Velika Paklenica-Anića kuk | <i>Hydropsyche instabilis</i> 100 | |
| 153. | | THINS_4 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | rijeka Riječina (izvor) | <i>Hydropsyche instabilis</i> 100 | |
| 154. | | THINS_5 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | potok Plitvice, izvor - Plitvica Selo | <i>Hydropsyche instabilis</i> 99.84 | |
| 155. | | THINS_6 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | <i>Hydropsyche instabilis</i> 100 | |
| 156. | | THINS_7 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | rijeka Cetina - Čikotina lađa | <i>Hydropsyche instabilis</i> 99.98 | |
| 157. | | THINS_9 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | rijeka Dobra -izvor | <i>Hydropsyche instabilis</i> 100 | |
| 158. | | THINS_10 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | jezero Brljan – NP Krka | <i>Hydropsyche instabilis</i> 100 | |
| 159. | | THINS_11 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | jezero Crna Mlaka | <i>Hydropsyche instabilis</i> 99.58 | |
| 160. | | THYD_1 | <i>Hydropsyche instabilis</i> | jezero Crna Mlaka | <i>Hydropsyche instabilis</i> 100 | |
| 161. | | 59. | THMOD_1 | <i>Hydropsyche modesta</i> | rijeka Sava - Drenje Brdovečko | |
| 162. | 60. | THMOS_1 | <i>Hydropsyche mostarensis</i> | rijeka Krka - HE Miljacka | <i>Hydropsyche mostarensis</i> 99.34 | 64 |
| 163. | 61. | THINC_1a | <i>Hydropsyche pellucidula pellucidula</i> | jezero Crna Mlaka | <i>Hydropsyche pellucidula</i> 100 | 65 |
| 164. | | THINS_1 | <i>Hydropsyche pellucidula</i> | izvor Vitunjčice | <i>Hydropsyche pellucidula</i> 100 | |
| 165. | | THPEL_2 | <i>Hydropsyche pellucidula</i> | jezero Ponikve - otok Krk | <i>Hydropsyche pellucidula</i> 98.2 | |
| 166. | | THPEL_1 | <i>Hydropsyche pellucidula</i> | rijeka Mirna - Livade | <i>Hydropsyche pellucidula</i> 99.82 | |
| 167. | 62. | THSAX_2 | <i>Hydropsyche saxonica</i> | potok Vrba (izvor) - Muć | <i>Hydropsyche saxonica</i> 100 | 66 |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorka | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|---------|-------------------------------------|--|--|---------|
| 168. | | THSAX_3 | <i>Hydropsyche saxonica</i> | potok Mlini (srednji tok) – Ugrini | <i>Hydropsyche saxonica</i> 100 | |
| 169. | | THSAX_4 | <i>Hydropsyche saxonica</i> | rijeka Milka Trnina | <i>Hydropsyche saxonica</i> 100 | |
| 170. | | THSAX_1 | <i>Hydropsyche saxonica</i> | rijeka Toplica - Batinjani, Papuk | <i>Hydropsyche saxonica</i> 99.84 | |
| 171. | 63. | TCTRI_1 | <i>Cyrnus trimaculatus</i> | rijeka Lika (srednji tok) - Bilaj | <i>Cyrnus trimaculatus</i> 99.84 | 67 |
| 172. | | TPFLA_2 | <i>Cyrnus trimaculatus</i> | rijeka Lika (srednji tok) - Bilaj | <i>Cyrnus trimaculatus</i> 99.84 | |
| 173. | | TCTRI_3 | <i>Cyrnus trimaculatus</i> | rijeka Dobra - Lešće | <i>Cyrnus trimaculatus</i> 100 | |
| 174. | | TCTRI_4 | <i>Cyrnus trimaculatus</i> | rijeka Bednja - Ivanečka Železnica, Ivanec | <i>Cyrnus trimaculatus</i> 100 | |
| 175. | | TCTRI_5 | <i>Cyrnus trimaculatus</i> | rijeka Krka - NP Krka, desna obala, pristanište za brodove | <i>Cyrnus trimaculatus</i> 99.68 | |
| 176. | | TCTRI_6 | <i>Cyrnus trimaculatus</i> | izvor Čerišnjevac - Pazin | <i>Cyrnus trimaculatus</i> 99.84 | |
| 177. | 64. | TPOL_1a | <i>Neureclipsis bimaculata</i> | jezero Crna Mlaka | <i>Neureclipsis bimaculata</i> 100 | 68 |
| 178. | 65. | TPBRE_1 | <i>Plectrocnemia brevis</i> | rijeka Dobra izvor - Mala Dobra | <i>Plectrocnemia brevis</i> 98.39 | 69 |
| 179. | 66. | TPCON_2 | <i>Plectrocnemia conspersa</i> | izvor na Bjelolasci | <i>Plectrocnemia conspersa</i> 100 | 70 |
| 180. | | TPCON_4 | <i>Plectrocnemia conspersa</i> | izvor Drakulić rijeke | <i>Plectrocnemia conspersa</i> 100 | |
| 181. | | TPCON_5 | <i>Plectrocnemia conspersa</i> | izvor potoka Plitvice | <i>Plectrocnemia conspersa</i> 99.75 | |
| 182. | | TPCON_6 | <i>Plectrocnemia conspersa</i> | rijeka Dobra izvor - Mala Dobra | <i>Plectrocnemia conspersa</i> 99.83 | |
| 183. | 67. | TPEXC_1 | <i>Polycentropus excisus</i> | rijeka Ljuta (srednji tok) - Konavle | <i>Polycentropus excisus</i> (99.67%) | 71 |
| 184. | | POL_2 | <i>Polycentropus excisus</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | <i>Polycentropus excisus</i> 99.67 | |
| 185. | 68. | TPFLA_3 | <i>Polycentropus flavomaculatus</i> | rijeka Dobra - Lešće | <i>Polycentropus flavomaculatus</i> 99.84 | 72 |
| 186. | | TPCON_1 | <i>Polycentropus flavomaculatus</i> | rijeka Zrmanja (izvor) | <i>Polycentropus flavomaculatus</i> 99.67 | |
| 187. | | TPLE_1 | <i>Polycentropus flavomaculatus</i> | potok Mlini (izvor) | <i>Polycentropus flavomaculatus</i> 99.83 | |
| 188. | 69. | TPIRR_1 | <i>Polycentropus irroratus</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | <i>Polycentropus irroratus</i> 99.85 | 73 |
| 189. | | TPIRR_2 | <i>Polycentropus irroratus</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | <i>Polycentropus irroratus</i> , 99.84 | |
| 190. | | TPFLA_1 | <i>Polycentropus irroratus</i> | rijeka Butišnica (srednji tok) - Golubić (uzvodno) | <i>Polycentropus irroratus</i> 99.35 | |
| 191. | 70. | TPSCH_1 | <i>Polycentropus schmidi</i> | potok između Gvozdenskog i Rujevca | <i>Polycentropus schmidi</i> - 99.69 | 74 |
| 192. | 71. | TETEN_1 | <i>Ecnomus tenellus</i> | Vransko jezero-otok Cres | <i>Ecnomus tenellus</i> 100 | 75 |
| 193. | | TETEN_2 | <i>Ecnomus tenellus</i> | jezero Kuti -Badžule | <i>Ecnomus tenellus</i> 99.69 | |
| 194. | | TETEN_3 | <i>Ecnomus tenellus</i> | rijeka Dobra - Trošmarija | <i>Ecnomus tenellus</i> 100 | |
| 195. | | TETEN_5 | <i>Ecnomus tenellus</i> | rijeka Krka - Visovac, pristanište na desnoj obali | <i>Ecnomus tenellus</i> 99.69 | |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorka | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|----------|------------------------------------|--|--|---------|
| 196. | 72. | TLRED_1 | <i>Lype reducta</i> | rijeka Krupa (donji tok) - Manastir | <i>Lype reducta</i> 100 | 76 |
| 197. | | TLRED_3 | <i>Lype reducta</i> | izvor Čerišnjevac - Pazin | <i>Lype reducta</i> 97.97 | |
| 198. | | TLRED_4 | <i>Lype reducta</i> | jezero Milanovac - NP Plitvička jezera | <i>Lype reducta</i> 99.07 | |
| 199. | 73. | TPKLA_1 | <i>Psychomyia klapaleki</i> | rijeka Vitunjčica (izvor) | <i>Psychomyia morisitai</i> 86.41, <i>Paduniella sp.</i> 86.41 | 77 |
| 200. | | TPKLA_2 | <i>Psychomyia klapaleki</i> | rijeka Gacka (srednji tok) - Otočac | <i>Psychomyia morisitai</i> 85.69 | |
| 201. | 74. | TPPUS_2 | <i>Psychomyia pusilla</i> | Mura, Martin na Muri | <i>Psychomyia pusilla</i> 100 | 78 |
| 202. | | TPPUS_3 | <i>Psychomyia pusilla</i> | rijeka Rijeka - Bastaji, Papuk | <i>Psychomyia pusilla</i> 100 | |
| 203. | | TPPUS_5 | <i>Psychomyia pusilla</i> | potok između Gvozdenskog i Rujavica | <i>Psychomyia pusilla</i> 100 | |
| 204. | | TPPUS_6 | <i>Psychomyia pusilla</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupu | <i>Psychomyia pusilla</i> 98.21 | |
| 205. | | TPPUS_7 | <i>Psychomyia pusilla</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | <i>Psychomyia pusilla</i> 100 | |
| 206. | | TPPUS_8 | <i>Psychomyia pusilla</i> | Prošćansko jezero, most - NP Plitvička jezera | <i>Psychomyia pusilla</i> 100 | |
| 207. | 75. | TPPUS_4 | <i>Psychomyia sp.</i> | potok Dubračina, Tribalj | <i>Psychomyia pusilla</i> 90.32 | 79 |
| 208. | | TPPUS_1 | <i>Psychomyia sp.</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | <i>Psychomyia pusilla</i> 90.55 | |
| 209. | 76. | TTANT_1 | <i>Tinodes antonioi</i> | potok Roč (izvor) - Marušići | <i>Tinodes n. sp. nr. turanicus</i> 89.1 | 80 |
| 210. | | TTIN_1 | <i>Tinodes antonioi</i> | potok Roč (izvor) - Marušići | <i>Tinodes n. sp. nr. turanicus</i> 89.1 | |
| 211. | | TTIN_2 | <i>Tinodes antonioi</i> | potok Roč (izvor) - Marušići | <i>Tinodes n. sp. nr. turanicus</i> 88.75 | |
| 212. | 77. | TTBRA_1 | <i>Tinodes braueri</i> | rijeka Krupa (donji tok) - Manastir | <i>Tinodes braueri</i> 98.59 | 81 |
| 213. | | TTBRA_2 | <i>Tinodes braueri</i> | rijeka Krka - Roški slap | <i>Tinodes braueri</i> 99.84 | |
| 214. | 78. | TTDIV_1 | <i>Tinodes dives</i> | rijeka Una (izvor) | <i>Tinodes dives</i> 98.37 | 82 |
| 215. | 79. | TTPAL_1 | <i>Tinodes pallidulus</i> | potok Roč (izvor) - Marušići | <i>Tinodes pallidulus</i> 97.82 | 83 |
| 216. | | TTPAL_2 | <i>Tinodes pallidulus</i> | potok Trsteno - Trsteno | <i>Tinodes pallidulus</i> 99.68 | |
| 217. | | TRIC_5 | <i>Tinodes pallidulus</i> | rijeka Krka - HE Miljacka | <i>Tinodes pallidulus</i> 99.52 | |
| 218. | 80. | TTROS_1 | <i>Tinodes rostocki</i> | potok Jankovac (gornji tok) - zapadno od Orahovca, Papuk | <i>Tinodes rostocki</i> 100 | 84 |
| 219. | 81. | TTUNI_1a | <i>Tinodes unicolor</i> | potok Šumi (izvor) – Ivančica | <i>Tinodes unicolor</i> 100 | 85 |
| 220. | | TTUNI_2 | <i>Tinodes unicolor</i> | potok Vrba (izvor) - Muć | <i>Tinodes unicolor</i> 98.94 | |
| 221. | | TTUNI_3 | <i>Tinodes unicolor</i> | izvor Čerišnjevac - Pazin | <i>Tinodes unicolor</i> 99.82 | |
| 222. | | TTUNI_4 | <i>Tinodes unicolor</i> | izvor Rabac | <i>Tinodes unicolor</i> 99.52 | |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorak | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|----------|---------------------------------|--|--|---------|
| 223. | | TPKLA_4 | <i>Tinodes unicolor</i> | izvor Rabac | <i>Tinodes unicolor</i> 99.55 | |
| 224. | 82. | TTWAE_1 | <i>Tinodes waeneri</i> | potok Roč (izvor) - Marušići | <i>Tinodes waeneri</i> 99.69 | 86 |
| 225. | | TTWAE_3 | <i>Tinodes waeneri</i> | rijeka Krka - NP Krka, desna obala, pristanište za brodove | <i>Tinodes waeneri</i> 98.71 | |
| 226. | | TTWAE_4 | <i>Tinodes waeneri</i> | rijeka Krka - NP Krka, desna obala, pristanište za brodove | <i>Tinodes waeneri</i> 98.71 | |
| 227. | | TTWAE_5 | <i>Tinodes waeneri</i> | jezero Gavanovac, Plitvička jezera | <i>Tinodes waeneri</i> 98.21 | |
| 228. | | TTWAE_2 | <i>Tinodes waeneri</i> | Vransko jezero, otok Cres | <i>Tinodes waeneri</i> 98.37 | |
| 229. | | 83. | TAVAR_1 | <i>Agrypnia varia</i> | rijeka Mura (donji tok) - Goričan | |
| 230. | TAVAR_2 | | <i>Agrypnia varia</i> | izvor Grude | <i>Agrypnia varia</i> 99.84 | |
| 231. | TAVAR_3 | | <i>Agrypnia varia</i> | jezero Kozjak, pristanište - NP Plitvička jezera | <i>Agrypnia varia</i> 99.81 | |
| 232. | 84. | TPBIN_1 | <i>Phryganea bipunctata</i> | Drava, Gornji Hrašćan | <i>Phryganea bipunctata</i> 100 | 88 |
| 233. | 85. | TPGRA_1 | <i>Phryganea grandis</i> | rijeka Dunav - Zlatna Greda | <i>Phryganea grandis</i> 99.05 | 89 |
| 234. | 86. | TTMIN_1 | <i>Trichostegia minor</i> | Gacka izvor, Mejervo vrilo | <i>Trichostegia minor</i> 98.93 | 90 |
| 235. | 87. | TMSET_1 | <i>Micrasema setiferum</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | <i>Micrasema setiferum</i> 100 | 91 |
| 236. | | TMICRA_1 | <i>Micrasema setiferum</i> | rijeka Čabranka (donji tok, ušće) | <i>Micrasema setiferum</i> 99.62 | |
| 237. | | TMICA_2 | <i>Micrasema setiferum</i> | rijeka Korana (srednji tok) - Veljun | <i>Micrasema setiferum</i> 99.84 | |
| 238. | 88. | TBMON_1 | <i>Brachycentrus montanus</i> | rijeka Čabranka (donji tok, ušće) | <i>Brachycentrus montanus</i> 99.05 | 92 |
| 239. | | TBSUB_1 | <i>Brachycentrus subnubilus</i> | rijeka Čabranka - nizvodno od Mandli | <i>Brachycentrus montanus</i> 100 | |
| 240. | 89. | TAAUR_1 | <i>Allogamus auricollis</i> | rijeka Una (izvor) | <i>Allogamus auricollis</i> 96.83 | 93 |
| 241. | 90. | TAFUR_1 | <i>Anabolia furcata</i> | potok Jankovac (gornji tok) - zapadno od Orahovca, Papuk | <i>Anabolia furcata</i> 99.85%, <i>Anabolia laevis</i> 99.39 % | 94 |
| 242. | 91. | TAAPF_1 | <i>Annitella apfelbecki</i> | rijeka Zrmanja (izvor) | <i>Annitella esparraguera</i> 95.69 | 95 |
| 243. | 92. | TAAPF_2 | <i>Chaetopteryx bosniaca</i> | rijeka Cetina (izvor) - Glavaš | <i>Chaetopteryx sp.</i> 98.87 | 96 |
| 244. | 93. | TCFUS_1 | <i>Chaetopteryx fusca</i> | izvor Žagorske Mrežnice | <i>Chaetopteryx villosa x sahlbergi</i> 99.68 | |
| 245. | 94. | TCMAJ_1 | <i>Chaetopteryx major</i> | potok Šumetlica (izvor) - Psunj | <i>Chaetopteryx major</i> 99.35 | 97 |
| 246. | 95. | TCSCH_1 | <i>Chaetopteryx rugulosa</i> | potok Jankovac (izvor) - zapadno od Orahovca, Papuk | <i>Chaetopteryx rugulosa</i> 99.08 | 98 |
| 247. | | TCSCH_2 | <i>Chaetopteryx rugulosa</i> | izvor Škodinovac - Bastaji. | <i>Chaetopteryx rugulosa rugulosa</i> 98.58 | |
| 248. | | TCPSU_1f | <i>Chaetopteryx rugulosa</i> | potok Šumetlica - Psunj | <i>Chaetopteryx sp iz HR</i>) 97.97 | |
| 249. | | TCPSU_2m | <i>Chaetopteryx rugulosa</i> | potok Šumetlica - Psunj | <i>Chaetopteryx sp iz HR rugulosa</i>) 99.85 | |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorka | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|---------|-------------------------------------|--|--|---------|
| 250. | | TAGA_3 | <i>Chaetopteryx rugulosa</i> | potok Vrklješće, izvor - Velika Rakovic, Samoborsko gorje | <i>Chaetopteryx rugulosa rugulosa</i> 100 | 99 |
| 251. | | TAGA_2 | <i>Chaetopteryx rugulosa</i> | potok Vrklješće, izvor - Velika Rakovic, Samoborsko gorje | <i>Chaetopteryx rugulosa rugulos</i> 99.08 | |
| 252. | 96. | TDCRO_1 | <i>Drusus croaticus</i> | rijeka Vitunjčica (izvor) | <i>Drusus monticola</i> 92.9 | 100 |
| 253. | | TDRU_1 | <i>Drusus croaticus</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | <i>Drusus monticola</i> 93.40 | |
| 254. | | TDCRO_2 | <i>Drusus croaticus</i> | izvor na Bjelolasici | <i>Drusus monticola</i> 93.69 | |
| 255. | | TDCRO_3 | <i>Drusus croaticus</i> | Gacka izvor, Mejervo vrilo | <i>Drusus monticola</i> 93.63 | |
| 256. | | TDCRO_4 | <i>Drusus croaticus</i> | Gacka izvor, Mejervo vrilo | <i>Drusus monticola</i> 93.43 | |
| 257. | 97. | TDCHR_1 | <i>Drusus chrysotus</i> | izvor Dobre | <i>Drusus chrysotus</i> 94.28 | 101 |
| 258. | 98. | TDDIS_1 | <i>Drusus discolor</i> | rijeka Čabranka (izvor) - Čabar | <i>Drusus discolor</i> 98.87 | 102 |
| 259. | 99. | TDSCH_1 | <i>Drusus schmidi</i> | potok Jankovac (izvor) - zapadno od Orahovca, Papuk | <i>Drusus schmidi</i> 100 | 103 |
| 260. | | TDSCH_3 | <i>Drusus schmidi</i> | rijeka Veličanka - uzvodno od Požege | <i>Drusus schmidi</i> 99.67 | |
| 261. | 100. | TDVES_1 | <i>Drusus vespertinus</i> | rijeka Una (izvor) | <i>Drusus vespertinus</i> 97.99 | 104 |
| 262. | 101. | TEIVK_1 | <i>Ecclisopteryx ivkae</i> | rijeka Cetina (izvor) - Glavaš | <i>Ecclisopteryx ivkae</i> 100 | 105 |
| 263. | 102. | TEKER_1 | <i>Ecclisopteryx keroveci</i> | rijeka Dretulja (srednji tok) - Plaški | <i>Ecclisopteryx keroveci</i> 98.93% | 106 |
| 264. | | TED_1 | <i>Ecclisopteryx keroveci</i> | rijeka Veličanka - uzvodno od Požege | <i>Ecclisopteryx keroveci</i> 98.91 | |
| 265. | | TEKER_3 | <i>Ecclisopteryx keroveci</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | <i>Ecclisopteryx keroveci</i> 99.05 | |
| 266. | 103. | TGPEL_1 | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> | Bijeli potoci - Kamensko, Korenica | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> 99.52 | 107 |
| 267. | | TGPEL_2 | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> | potok Jelinska-Gornja Jelinska | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> 99.81 | |
| 268. | | TRBAL_3 | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> | potok pritok Cetine (izvor Nela) - Cijljane | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> 99.36 | |
| 269. | | TGPAL_4 | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> 100 | |
| 270. | | TGPEL_5 | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> | izvor Bijela stijena, Petrovac, Petrinja | <i>Glyphotaelius pellucidus</i> 99.22 | |
| 271. | 104. | TGNIG_3 | <i>Grammotaulius nigropunctatus</i> | Bijeli potoci - Kamensko, Korenica | <i>Grammotaulius nigropunctatus</i> 99.84 | 108 |
| 272. | 105. | THDIG_1 | <i>Halesus digitatus</i> | rijeka Zrmanja (izvor) | <i>Halesus digitatus</i> 100 | 109 |
| 273. | | THDIG_3 | <i>Halesus digitatus</i> | rijeka Veličanka - uzvodno od Požege | <i>Halesus digitatus</i> 99.68 | |
| 274. | | THDIG_2 | <i>Halesus digitatus</i> | rijeka Riječina (izvor) | <i>Halesus digitatus</i> 99.68 | |
| 275. | | THDIG_4 | <i>Halesus digitatus</i> | izvor Crne rijeke - Plitvička jezera | <i>Halesus digitatus</i> 99.84 | |
| 276. | | | THTES_1 | <i>Halesus digitatus</i> | rijeka Bosut (donji tok) - lokacija na cesti Rokovci - Andrijaševci | |
| 277. | | THTES_2 | <i>Halesus digitatus</i> | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija | <i>Halesus digitatus</i> 99.36 | |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorka | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|---------|-----------------------------------|--|--|---------|
| 278. | | THTES_3 | <i>Halesus digitatus</i> | rijeka Rijeka - Bastaji, Papuk | <i>Halesus digitatus</i> 99.68 | |
| 279. | | THTES_4 | <i>Halesus digitatus</i> | potok Peratovica (srednji tok) - Bilogora | <i>Halesus digitatus</i> 99.52 | |
| 280. | 106. | TATES_1 | <i>Halesus tessellatus</i> | rijeka Krapina (srednji tok) - Krapina Selo | <i>Halesus tessellatus</i> 99.84 | 110 |
| 281. | 107. | TIDUB_1 | <i>Ironoquia dubia</i> | rijeka Drava (srednji tok) - Terezino Polje | <i>Ironoquia dubia</i> 99.23 | 111 |
| 282. | | TIRO_1 | <i>Ironoquia dubia</i> | potok Peratovica (izvor) - V. Peratovica, Bilogora | <i>Ironoquia dubia</i> 99.16 | |
| 283. | 108. | TLAFI_1 | <i>Limnephilus affinis</i> | rijeka Kupa (donji tok) - Brest | <i>Limnephilus affinis</i> 100 | 112 |
| 284. | 109. | TLAUR_1 | <i>Limnephilus auricula</i> | rijeka Una (gornji tok) - Srb | <i>Limnephilus auricula</i> 100 | 113 |
| 285. | 110. | TLBIN_1 | <i>Limnephilus bipunctatus</i> | rijeka Dunav - Zlatna Greda | <i>Limnephilus bipunctatus</i> 99.24 | 114 |
| 286. | 111. | TLEXT_1 | <i>Limnephilus extricatus</i> | rijeka Lika (izvor) | <i>Limnephilus extricatus</i> 99.84 | 115 |
| 287. | 112. | TLFLU_1 | <i>Limnephilus flavicornis</i> | rijeka Odra (donji tok) - livade Selce | <i>Limnephilus flavicornis</i> 100 | 116 |
| 288. | | TLFLU_2 | <i>Limnephilus flavicornis</i> | rijeka Kupa (donji tok) - Brest | <i>Limnephilus flavicornis</i> 100 | |
| 289. | | TLFLA_1 | <i>Limnephilus flavomaculatus</i> | rijeka Gacka (izvor) - Mejerovo vrilo | <i>Limnephilus flavicornis</i> 99.19 | |
| 290. | 113. | TLGRA_1 | <i>Limnephilus graecus</i> | jezero Kuti - Komin | <i>Limnephilus graecus</i> 99.85 | 117 |
| 291. | | TLGRA_2 | <i>Limnephilus graecus</i> | Neretva, Opuzen | <i>Limnephilus graecus</i> 99.85 | |
| 292. | 114. | TLGRI_1 | <i>Limnephilus griseus</i> | rijeka Krapina (srednji tok) - Krapina Selo | <i>Limnephilus griseus</i> 100 | 118 |
| 293. | 115. | TLIGN_1 | <i>Limnephilus ignavus</i> | rijeka Dretulja (srednji tok) - Plaški | <i>Limnephilus ignavus</i> 99.07 | 119 |
| 294. | | TLING_2 | <i>Limnephilus ignavus</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | <i>Limnephilus ignavus</i> 99.21 | |
| 295. | 116. | TLINC_2 | <i>Limnephilus hirsutus</i> | potok Vrba (izvor) - Muć | <i>Limnephilus hirsutus</i> 98.7 | 120 |
| 296. | | TLHIR_1 | <i>Limnephilus hirsutus</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | <i>Limnephilus hirsutus</i> 99.68 | |
| 297. | | TLIM_6 | <i>Limnephilus hirsutus</i> | izvor Ružicov | <i>Limnephilus hirsutus</i> (99.36%) | |
| 298. | 117. | TLLUN_1 | <i>Limnephilus lunatus</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | <i>Limnephilus lunatus</i> 99.51 | 121 |
| 299. | | TLLUN_2 | <i>Limnephilus lunatus</i> | potoka Plitvice, izvor - Plitvica Selo | <i>Limnephilus lunatus</i> 100 | |
| 300. | | TLLUN_3 | <i>Limnephilus lunatus</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | <i>Limnephilus lunatus</i> 99.84 | |
| 301. | 118. | TGNIG_1 | <i>Limnephilus marmoratus</i> | rijeka Mirna - Kotli | <i>Limnephilus marmoratus</i> 99.85 | 122 |
| 302. | | TGNIG_2 | <i>Limnephilus marmoratus</i> | rijeka Raša - izvor Grdak | <i>Limnephilus marmoratus</i> 98.9 | |
| 303. | | TLMAR_1 | <i>Limnephilus marmoratus</i> | rijeka Krka - NP Krka, desna obala, pristanište za brodove | <i>Limnephilus marmoratus</i> 99.84 | |
| 304. | | TLMAR_2 | <i>Limnephilus marmoratus</i> | rijeka Krka - NP Krka, desna obala, pristanište za brodove | <i>Limnephilus marmoratus</i> 99.84 | |
| 305. | 119. | TLROM_1 | <i>Limnephilus rhombicus</i> | rijeka Gacka (srednji tok) - Otočac | <i>Limnephilus rhombicus</i> 99.84 | 123 |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorak | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|----------|-------------------------------|---|--|---------|
| 306. | | TLRHO_2 | <i>Limnephilus rhombicus</i> | potok Štirovača (gornji tok, izvor) - srednji Velebit | <i>Limnephilus rhombicus</i> 99.84 | |
| 307. | | TLRHO_5 | <i>Limnephilus rhombicus</i> | rijeka Gacka (izvor) - Mejerovo vrilo | <i>Limnephilus rhombicus</i> 99.36 | |
| 308. | | TLIM_8 | <i>Limnephilus rhombicus</i> | Baške Oštarije | <i>Limnephilus rhombicus</i> 99.84 | |
| 309. | 120. | TLSPA_1 | <i>Limnephilus sparsus</i> | rijeka Lika (izvor) | <i>Limnephilus sparsus</i> 100 | 124 |
| 310. | | TLSPA_2 | <i>Limnephilus sparsus</i> | rijeka Dretulja (srednji tok) - Plaški | <i>Limnephilus sparsus</i> 100 | |
| 311. | 121. | TLVIT_1 | <i>Limnephilus vittatus</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | <i>Limnephilus vittatus</i> 99.84 | 125 |
| 312. | 122. | TMASP_3 | <i>Mesophylax aspersus</i> | izvor Rabac | <i>Mesophylax aspersus</i> 99.38 | 126 |
| 313. | | TMASP_4 | <i>Mesophylax aspersus</i> | izvor Rabac | <i>Mesophylax aspersus</i> 100 | |
| 314. | | TMLAT_1 | <i>Micropterna lateralis</i> | rijeka Lika (izvor) | <i>Stenophylax lateralis</i> 98.46 | |
| 315. | 123. | TMLAT_1f | <i>Micropterna lateralis</i> | rijeka Lika (izvor) | <i>Stenophylax lateralis</i> 100 | 127 |
| 316. | | TMLAT_2 | <i>Micropterna lateralis</i> | potok Peratovica (srednji tok) - Bilogora | <i>Stenophylax lateralis</i> 99.84 | |
| 317. | | TLIM_2 | <i>Micropterna lateralis</i> | rijeka Dretulja (srednji tok) - Plaški | <i>Stenophylax lateralis</i> 100 | |
| 318. | 124. | TMIC_3m | <i>Micropterna fissa</i> | jama Mokre noge, Biokovo | <i>Micropterna fissa</i> 99.68 | 128 |
| 319. | | TMIC_3f | <i>Micropterna fissa</i> | jama Mokre noge, Biokovo | <i>Micropterna fissa</i> 99.37 | |
| 320. | | TMIC_1 | <i>Micropterna nycterobia</i> | izvor Zrmanje | <i>Stenophylax nycterobius</i> 98.89 | |
| 321. | | TMNYC_1 | <i>Micropterna nycterobia</i> | rijeka Krupa (donji tok) - Manastir | <i>Stenophylax nycterobius</i> - 99.23 | |
| 322. | | TMNYC_2 | <i>Micropterna nycterobia</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | <i>Stenophylax nycterobius</i> 100 | |
| 323. | 125. | TMWAG_2 | <i>Micropterna nycterobia</i> | jama pod sv. Jurom, Biokovo | <i>Stenophylax nycterobius</i> 99.52 | |
| 324. | | TLIM_3 | <i>Micropterna nycterobia</i> | jama pod sv. Jurom, Biokovo | <i>Stenophylax nycterobius</i> 99.19 | |
| 325. | | TMSEQ_2 | <i>Micropterna nycterobia</i> | jama Amfora, Biokovo | <i>Stenophylax nycterobius</i> 99.84 | |
| 326. | | TRIC_10 | <i>Micropterna nycterobia</i> | Velika Čulimova pećina, špilja - Kijevo | <i>Stenophylax nycterobius</i> 98.76 | |
| 327. | | TMWAG_2 | <i>Micropterna nycterobia</i> | Jama pod sv. Jurom - Biokovo | <i>Stenophylax nycterobius</i> 99,52 | 129 |
| 328. | | TMIC_2 | <i>Micropterna sequax</i> | rijeka Una (izvor) | <i>Stenophylax sequax</i> 98.51 | |
| 329. | 126. | TMSEQ_1 | <i>Micropterna sequax</i> | potok Roč-Marušić - srednji tok kod Mosta | <i>Stenophylax sequax</i> - 99.85 | 130 |
| 330. | | TMSEQ_3 | <i>Micropterna sequax</i> | jezero Kozjak, most- NP Plitvička jezera | <i>Stenophylax sequax</i> 99.54 | |
| 331. | | TMSEQ_4 | <i>Micropterna sequax</i> | jezero Kozjak, pristanište - NP Plitvička jezera | <i>Stenophylax sequax</i> 98.9 | |
| 332. | 127. | TMTES_1 | <i>Micropterna testacea</i> | rijeka Lika (srednji tok) - Bilaj | <i>Stenophylax testaceus</i> 99.52 | 131 |
| 333. | | TMTES_2 | <i>Micropterna testacea</i> | rijeka Lika | <i>Stenophylax testaceus</i> 99.53 | |
| 334. | | TMTES_3 | <i>Micropterna testacea</i> | rijeka Gacka (izvor) - Majerovo vrilo | <i>Stenophylax testaceus</i> 100 | |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorka | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|---------|-----------------------------------|--|--|---------|
| 335. | | TLIM_5 | <i>Micropterna testacea.</i> | jama Nova velika, Biokovo | <i>Stenophylax testaceus</i> 99.2 | |
| 336. | 128. | TMWAG_1 | <i>Micropterna wagneri</i> | potok Konavočica (srednji tok) - Palje, Konavle | <i>Stenophylax sequax</i> 90.38 | 132 |
| 337. | | TPWAG_1 | <i>Micropterna wagneri</i> | izvor potoka u selu Vodovođe, Konavle | <i>Stenophylax sequax</i> 90.94 | |
| 338. | 129. | TPCIN_1 | <i>Potamophylax cingulatus</i> | potok Šumi (izvor) – Ivančica | <i>Potamophylax cingulatus alpinus</i> 98.17 | 133 |
| 339. | 130. | TPLAT_1 | <i>Potamophylax latipennis</i> | rijeka Una (gornji tok) - Srb | <i>Potamophylax cingulatus</i> 94.33 | 134 |
| 340. | | TPLAT_2 | <i>Potamophylax latipennis</i> | rijeka Dretulja (izvor) | <i>Potamophylax cingulatus</i> 93.81 | |
| 341. | | TPLAT_3 | <i>Potamophylax latipennis</i> | rijeka Zrmanja (izvor) | <i>Potamophylax cingulatus</i> 94.53 | |
| 342. | | TPLAT_4 | <i>Potamophylax latipennis</i> | rijeka Riječina (izvor) | <i>Potamophylax cingulatus</i> 94.44 | |
| 343. | | TPROT_2 | <i>Potamophylax latipennis</i> | rijeka Rijeka - Bastaji, Papuk | <i>Potamophylax latipennis</i> 99.68 | |
| 344. | 131. | TPLUC_1 | <i>Potamophylax luctuosus</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanji | <i>Potamophylax luctuosus</i> 97.8 | 135 |
| 345. | | TPLUC_2 | <i>Potamophylax luctuosus</i> | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija | <i>Potamophylax luctuosus</i> 99.2 | |
| 346. | 132. | TPNIG_1 | <i>Potamophylax nigricornis</i> | rijeka Velika rijeka (Kutjevačka rijeka) (izvor) - Krndija | <i>Potamophylax nigricornis</i> 99.52 | 136 |
| 347. | 133. | TPPAL_1 | <i>Potamophylax pallidus</i> | potok Rakov potok (izvor) - Medvednica | <i>Potamophylax pallidus</i> 90.64 | 137 |
| 348. | | TPPAL_4 | <i>Potamophylax pallidus</i> | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac | <i>Potamophylax pallidus</i> 97.88 | 138 |
| 349. | | TPPAL_5 | <i>Potamophylax pallidus</i> | izvor Crne rijeke - Plitvička jezera | <i>Potamophylax pallidus</i> 98.6 | |
| 350. | 134. | TPROT_1 | <i>Potamophylax rotundipennis</i> | rijeka Sava - Drenje Brdovečko | <i>Potamophylax rotundipennis</i> - 97.45 | 139 |
| 351. | | TPROT_3 | <i>Potamophylax rotundipennis</i> | jezero Gavanovac, Plitvička jezera | <i>Potamophylax rotundipennis</i> 99.2 | |
| 352. | 135. | TRALP_1 | <i>Rhadicoleptus alpestris</i> | potok Peratovica (srednji tok) - Bilogora | <i>Rhadicoleptus alpestris</i> 99.05 | 140 |
| 353. | | TMAS_1 | <i>Rhadicoleptus alpestris</i> | potok Peratovica (srednji tok) - Bilogora | <i>Rhadicoleptus alpestris</i> 99.19 | |
| 354. | | TMAS_2 | <i>Rhadicoleptus alpestris</i> | potok Peratovica (srednji tok) - Bilogora | <i>Rhadicoleptus alpestris</i> 99.20 | |
| 355. | | TMASP_1 | <i>Rhadicoleptus alpestris</i> | potok Peratovica (srednji tok) - Bilogora | <i>Rhadicoleptus alpestris</i> 99.53 | |
| 356. | 136. | TSMIT_1 | <i>Stenophylax mitis</i> | rijeka Zrmanja (izvor) | <i>Stenophylax mitis</i> 99.69 | 141 |
| 357. | | TSMIT_2 | <i>Stenophylax mitis</i> | lokva Beli - otok Cres | <i>Stenophylax mitis</i> 99.67 | |
| 358. | 137. | TSPER_1 | <i>Stenophylax permistus</i> | rijeka Una (izvor) | <i>Stenophylax permistus</i> 99.85 | 142 |
| 359. | | TSPER_2 | <i>Stenophylax permistus</i> | izvor na Keljevo brdo - Korenica | <i>Stenophylax permistus</i> 100 | |
| 360. | | TLIM_4 | <i>Stenophylax permistus.</i> | Jama Vjetrova, Crnopac | <i>Stenophylax permistus</i> 100 | |
| 361. | | TRIC_11 | <i>Stenophylax permistus</i> | Bukovac špilja - Delnice | <i>Stenophylax permistus</i> 100 | |
| 362. | 138. | TSVIB_1 | <i>Stenophylax vibex</i> | rijeka Mirna - Kotli | <i>Stenophylax vibex</i> 94.28 | 143 |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorak | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|----------|----------------------------------|--|--|---------|
| 363. | 139. | TGPIL_1a | <i>Goera pilosa</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | <i>Goera pilosa</i> 100 | 144 |
| 364. | | TSNIG_1 | <i>Goera pilosa</i> | potok Križ - Petrinja | <i>Goera pilosa</i> 100 | |
| 365. | | TGPIL_2 | <i>Goera pilosa</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | <i>Goera pilosa</i> 99.68 | |
| 366. | | TGPIL_3 | <i>Goera pilosa</i> | Rijeka Sunja - Kukuruzari | <i>Goera pilosa</i> 99.53 | |
| 367. | | TGPIL_4 | <i>Goera pilosa</i> | rijeka Petrinjčica - Hrvatski Čuntićki | <i>Goera pilosa</i> 99.84 | |
| 368. | 140. | TSIL_1 | <i>Silo sp.</i> | potok Konavočica (izvor) - Palje, Konavle | <i>Lithax obscurus</i> 90.48 | 145 |
| 369. | 141. | TSPAL_1 | <i>Silo pallipes</i> | potok Mlini (izvor) | <i>Silo pallipes</i> 98.83 | 146 |
| 370. | | TSPAL_2 | <i>Silo pallipes</i> | Gospin potok - Šumarska kuća Duboka, Velika, Papuk | <i>Silo pallipes</i> 100 | |
| 371. | | TSPAL_3 | <i>Silo pallipes</i> | rijeka Slunjčica (izvor) | <i>Silo pallipes</i> 98.87 | |
| 372. | 142. | TSPIC_1 | <i>Silo piceus</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | <i>Silo piceus</i> 99.54 | 147 |
| 373. | | TSPIC_2 | <i>Silo piceus</i> | Cetina, selo Totići | <i>Silo piceus</i> 96.13 | |
| 374. | | TSPIC_3 | <i>Silo piceus</i> | Cetina, selo Totići | <i>Silo piceus</i> 96.42 | |
| 375. | | TLIM_7 | <i>Silo piceus</i> | Cetina, selo Totići | <i>Silo piceus</i> 96.15 | |
| 376. | 143. | TCKEM_1 | <i>Crunoecia kempnyi</i> | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac | <i>Crunoecia kempnyi</i> 96.67 | 148 |
| 377. | 144. | TLBAS_2 | <i>Lepidostoma basale</i> | Pašina vrela - iznad sela Mečenčani | <i>Lepidostoma basale</i> 99.66 | 149 |
| 378. | | TLBAS_1 | <i>Lepidostoma basale</i> | Pašina vrela - iznad sela Mečenčani | <i>Lepidostoma basale</i> 99.84 | |
| 379. | | TLBAS_3 | <i>Lepidostoma basale</i> | rijeka Grab, izvor - Sinj | <i>Lepidostoma basale</i> 99.22 | |
| 380. | 145. | TLHIT_1 | <i>Lepidostoma hirtum</i> | rijeka Kupa (srednji tok) - Pribanjci | <i>Lepidostoma hirtum</i> 99.84 | 150 |
| 381. | | TLHIT_2 | <i>Lepidostoma hirtum</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | <i>Lepidostoma hirtum</i> 100 | |
| 382. | | TLHIT_3 | <i>Lepidostoma hirtum</i> | rijeka Krka - Roški slap | <i>Lepidostoma hirtum</i> 100 | |
| 383. | | TLHIT_4 | <i>Lepidostoma hirtum</i> | rijeka Krka - HE Miljacka | <i>Lepidostoma hirtum</i> 99.29 | |
| 384. | | TLHIT_5 | <i>Lepidostoma hirtum</i> | jezero Labudovac - Plitvička jezera | <i>Lepidostoma hirtum</i> 99.2 | |
| 385. | | TLHIT_5 | <i>Lepidostoma hirtum</i> | rijeka Cetina - Radmanove Mlinice | <i>Lepidostoma hirtum</i> 98.80 | |
| 386. | | TCALB_3 | <i>Lepidostoma hirtum</i> | rijeka Cetina - Radmanove Mlinice | <i>Lepidostoma hirtum</i> 98.52 | |
| 387. | 146. | TABAL_1 | <i>Adicella balcanica</i> | rijeka Krupa (donji tok) - Manastir | <i>Adicella cremisa</i> 88.07 | 151 |
| 388. | 147. | TASYR_1 | <i>Adicella cremisa</i> | rijeka Krapina (srednji tok) - Krapina Selo | <i>Adicella cremisa</i> 100 | 152 |
| 389. | | TACRE_1 | <i>Adicella cremisa</i> | rijeka Zrmanja (srednji tok) - Palanka | <i>Adicella cremisa</i> 99.6 | |
| 390. | 148. | TAALB_1 | <i>Athripsodes albifrons</i> | rijeka Una (donji tok) - Hrvatska Dubica | <i>Athripsodes albifrons</i> 100 | 153 |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorka | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|---------|--------------------------------------|---|--|---------|
| 391. | | TAALB_2 | <i>Athripsodes albifrons</i> | rijeka Krka - Roški slap | <i>Athripsodes albifrons</i> 99.22 | |
| 392. | 149. | TAATE_1 | <i>Athripsodes aterrimus</i> | rijeka Mura (donji tok) - Goričan | <i>Athripsodes aterrimus</i> 99.1 | 154 |
| 393. | | TAETE_2 | <i>Athripsodes aterrimus</i> | kanal Brkljača, Sinjsko polje | <i>Athripsodes aterrimus</i> 100 | |
| 394. | 150. | TABIL_1 | <i>Athripsodes bilineatus</i> | Pašina vrela - iznad sela Mečenčani | <i>Athripsodes bilineatus</i> 100 | 155 |
| 395. | 151. | TACIN_1 | <i>Athripsodes cinereus</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | <i>Athripsodes cinereus</i> - 99.85 | 156 |
| 396. | | TACIN_2 | <i>Athripsodes cinereus</i> | rijeka Lika - Kosinj | <i>Athripsodes cinereus</i> 99.64 | |
| 397. | | TACIN_3 | <i>Athripsodes cinereus</i> | vrelo Lika | <i>Athripsodes cinereus</i> 99.63 | |
| 398. | | TACIN_4 | <i>Athripsodes cinereus</i> | rijeka Korana - Veljun | <i>Athripsodes cinereus</i> 99.84 | |
| 399. | | TACIN_5 | <i>Athripsodes cinereus</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | <i>Athripsodes cinereus</i> 98.56 | |
| 400. | | TACIN_5 | <i>Athripsodes cinereus</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | <i>Athripsodes cinereus</i> 98.36 | |
| 401. | 152. | TADAL_1 | <i>Athripsodes dalmatinus</i> | rijeka Cetina, kanal Brkljača - Sinjsko polje | <i>Athripsodes bilineatus</i> 88.33 | 157 |
| 402. | 153. | TCDIS_1 | <i>Ceraclea dissimilis</i> | rijeka Kupa (donji tok) - Jamnička Kiselica | <i>Ceraclea dissimilis</i> 100 | 158 |
| 403. | | TCDIS_3 | <i>Ceraclea dissimilis</i> | jezero Brljan, NP Krka | <i>Ceraclea dissimilis</i> 99.69 | |
| 404. | | TCDIS_4 | <i>Ceraclea dissimilis</i> | rijeka Petrinjčica - Hrvatski Čuntićki | <i>Ceraclea dissimilis</i> 99.36 | |
| 405. | 154. | TCRIP_3 | <i>Ceraclea riparia</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | <i>Ceraclea riparia</i> 99.51 | 159 |
| 406. | | TSET_1 | <i>Ceraclea riparia</i> | rijeka Dobra - Novigrad na Dobri | <i>Ceraclea riparia</i> 99.35 | |
| 407. | 155. | TLTIN_1 | <i>Leptocerus tineiformis</i> | rijeka Bednja - Ivanečka Železnica, Ivanec | <i>Leptocerus tineiformis</i> 100 | 160 |
| 408. | 156. | TMAZU_1 | <i>Mystacides azurea</i> | rijeka Korana (srednji tok) - Veljun | <i>Mystacides azurea</i> 99.49 | 161 |
| 409. | | TMAZU_2 | <i>Mystacides azurea</i> | Biokovo, Zagvozd | <i>Mystacides azurea</i> 99.21 | |
| 410. | | TMAZU_3 | <i>Mystacides azurea</i> | rijeka Cetina - Radmanove Mlinice | <i>Mystacides azurea</i> 99.53 | |
| 411. | | TMNIG_1 | <i>Mystacides azurea</i> | rijeka Petrinjčica - Prnjavor Čuntićki | <i>Mystacides azurea</i> 99.17 | |
| 412. | 157. | TMYS_3 | <i>Mystacides niger</i> | rijeka Cetina - Čikotina lađa | <i>Mystacides niger</i> 99.61 | 162 |
| 413. | 158. | TMYS_1 | <i>Mystacides longicornis</i> | rijeka Drava (srednji tok) - Gornji Hrašćan | <i>Mystacides longicornis</i> - 99.85 | 163 |
| 414. | 159. | TOEC_1 | <i>Oecetis furva</i> | jezero Crna Mlaka | <i>Oecetis furva</i> 100 | 164 |
| 415. | | TOFUR_2 | <i>Oecetis furva</i> | rijeka Mislina-Mlinište | <i>Oecetis furva</i> 98.87 | |
| 416. | 160. | TOLAC_1 | <i>Oecetis lacustris</i> | potok Peratovica (srednji tok) - Bilogora | <i>Oecetis lacustris</i> 99.68 | 165 |
| 417. | 161. | TONOT_2 | <i>Oecetis notata</i> | rijeka Gacka (izvor) - Mejerovo vrilo | <i>Oecetis notata</i> 99.84 | 166 |
| 418. | | TONOT_3 | <i>Oecetis notata</i> | rijeka Dobra - Lešće | <i>Oecetis notata</i> 100 | |
| 419. | 162. | TONOT_5 | <i>Oecetis notata</i> | rijeka Krka - Roški slap | <i>Oecetis notata</i> 94.2 | 167 |

PRILOG 19. Popis primjeraka tulara iz Hrvatske koji su DNA barkodirani. Uz svaki primjerak s jedinstvenim DNA kodom navedena je morfološki određena svojta i svojta određena korištenjem alata BOLD baze (BOLD Id Engine). Br. OTU-sa i BIN-ova kojima pripada pojedini uzorak. Zadebljanim slovima označen je novi unos svojte u BOLD bazu.

| Br. uzorak | Br. OTU | DNA kod | Vrsta (određena morfološki) | Lokalitet | Taksonomska oznaka i postotak genetske sličnosti s najrodnijom sekvencom u BOLD bazi (%) | Br. BIN |
|------------|---------|---------|------------------------------------|---|--|---------|
| 420. | 163. | TONOT_4 | <i>Oecetis testacea</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | <i>Oecetis testacea</i> 100 | 168 |
| 421. | | TONOT_6 | <i>Oecetis testacea</i> | rijeka Cetina - Radmanove Mlinice | <i>Oecetis testacea</i> 100 | |
| 422. | | TOTES_1 | <i>Oecetis testacea</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | <i>Oecetis testacea</i> 100 | |
| 423. | | TOTES_2 | <i>Oecetis testacea</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | <i>Oecetis testacea</i> 100 | |
| 424. | | TOTES_4 | <i>Oecetis testacea</i> | potok Zeleni Vir (izvor) | <i>Oecetis testacea</i> 99.37 | |
| 425. | | TLEP_1 | <i>Oecetis testacea</i> | rijeka Mrežnica – Belavići | <i>Oecetis testacea</i> 100 | |
| 426. | 164. | TSBUL_1 | <i>Setodes bulgaricus</i> | rijeka Dobra - Jarče polje | <i>Setodes viridis</i> 99.84 | 169 |
| 427. | | TSBUL_2 | <i>Setodes bulgaricus</i> | rijeka Dobra - Novigrad na Dobri | <i>Setodes viridis</i> 99.67 | |
| 428. | 165. | TSPUN_3 | <i>Setodes punctatus</i> | rijeka Dobra, ušće - Priselci | <i>Setodes punctatus</i> 100 | 170 |
| 429. | 166. | TTOCL_1 | <i>Triaenodes ochrellus lefkas</i> | rijeka Neretva (donji tok) - Opuzen | <i>Triaenodes ochrellus</i> 90.48 | 171 |
| 430. | | TTOCL_2 | <i>Triaenodes ochrellus lefkas</i> | rijeka Mislina-Mlinište | <i>Triaenodes ochrellus</i> 90.63 | |
| 431. | 167. | TOALB_1 | <i>Odontocerum albicorne</i> | rijeka Kupa (gornji tok) - Brod na Kupi | <i>Odontocerum albicorne</i> 97.24 | 172 |
| 432. | | TOALB_2 | <i>Odontocerum albicorne</i> | rijeka Dretulja (srednji tok) - Plaški | <i>Odontocerum albicorne</i> 96.81 | |
| 433. | | TOALB_3 | <i>Odontocerum albicorne</i> | rijeka Rudnica, izvor - Ožanići | <i>Odontocerum albicorne</i> 97.4 | |
| 434. | 168. | TSFLA_1 | <i>Sericostoma flavicorne</i> | rijeka Tounjčica, izvor | <i>Sericostoma flavicorne</i> 99.72 | 173 |
| 435. | | TSFLA_2 | <i>Sericostoma flavicorne</i> | rijeka Krupa - Manastir | <i>Sericostoma flavicorne</i> 99.69 | |
| 436. | | TSFLA_3 | <i>Sericostoma flavicorne</i> | rijeka Pakra - Kusonje | <i>Sericostoma flavicorne</i> 99.37 | |
| 437. | 169. | TBPUL_1 | <i>Beraea pullata</i> | izvor Napojište – Plitvički Ljeskovac | <i>Beraea pullata</i> 99.84 | 174 |
| 438. | 170. | TBSCH_1 | <i>Beraemyia schmidi</i> | jezero Ciganovac - NP Plitvička jezera | <i>Beraemyia hrabei</i> 95.52 | 175 |
| 439. | 171. | TERN_1 | <i>Ernodes articularis</i> | Biokovo selo, Gornja podgora | <i>Ernodes articularis</i> 99.08 | 176 |
| 440. | | TEARI_1 | <i>Ernodes articularis</i> | potok Dubočanka - Papuk | <i>Ernodes articularis</i> 99.69 | |

9. ŽIVOTOPIS

Ime i prezime: **Andela Ćukušić**

Mjesto i datum rođenja: Split, 22. srpnja 1986. godine

Adresa stanovanja: Pujanke 30, 21 000 Split (boravište: Odvojak Kopačevskog puta 34 , 10 000 Zagreb)

e-mail: andela.cukusic2@gmail.com

Obrazovanje:

| | |
|---------------|---|
| 2013. - danas | Poslijediplomski doktorski studij biologije Sveučilište u Zagrebu, PMF |
| 2008. - 2011. | Diplomski sveučilišni studij ekologije i zaštite prirode (Magistra ekologije i zaštite prirode) Sveučilište u Zagrebu, PMF, Biološki odsjek, Naslov diplomskog rada: „Faunističke, ekološke i biogeografske značajke špiljskih pauka iz porodica Agelenidae i Nesticidae (Araneae) na području Hrvatske“ |
| 2005. - 2008. | Preddiplomski sveučilišni studij znanosti o okolišu (Prvostupnica znanosti o okolišu) Sveučilište u Zagrebu, PMF, Biološki odsjek, Rooseveltov trg 6, Zagreb |
| 2001.- 2005. | IV. Gimnazija Marko Marulić, Split |

Radno iskustvo:

| | |
|------------------------------------|--|
| siječanj 2019.- danas | Ministarstvo zaštite okoliša i energetike, Zagreb Stručna suradnica u Zavodu za zaštitu okoliša i prirode |
| siječanj 2018. – prosinac 2018. | Hrvatska agencija za okoliš i prirodu , Zagreb Stručna suradnica u Odjela za ocjenu prihvatljivosti zahvata za prirodu |
| studeni 2013.- prosinac 2017. | Geonatura d.o.o. za stručne poslove zaštite prirode, Zagreb Stručna suradnica za slatkovodnu faunu beskraljješnjaka te faunu šišmiša |
| listopad 2012. - listopad 2013. | Hrvatski prirodoslovni muzej (HPM), Zagreb Kustos pripravnik u Zoologijskom odjelu |
| listopad 2013. – listopad 2016. | Prirodoslovno-matematički fakultet, Sveučilište u Zagrebu Asistentica na Zoologijskom zavodu Biološkog odsjeka PMF-a |

Stručno usavršavanje:

| | |
|----------------|--|
| rujan 2016. | Radionica „Determination course for Hydrobiologists – Caddisflies (Trichoptera)“ Water Research Institute (WRI), Bratislava, Slovačka |
| svibanj 2015. | Radionica „Workshop of Molecular Techniques for the study of Trichoptera Rutgers University, New Brunswick, SAD |
| prosinac 2014. | Položen stručni ispit za muzejsko zvanje kustosa Muzejski dokumentacijski centar, Zagreb, Hrvatska |
| 2010.-2012. | Stručni seminar o zaštiti špilja i podzemne faune, Stručni seminar o speleološkom katastru, Stručni seminar o izradi topografskih nacрта u speleološkim objektima |
| travanj 2007. | položen ispit za; Speleolog pripravnik SO PDS „Velebit“, Komisija za speleologiju HPS |

Znanstveno-stručni projekti:

| | |
|-----------------------------|---|
| prosinac 2018. - u trajanju | DNA barkodiranje bioindikatorskih vrsta slatkovodnih ekosustava – povezivanje ABOL-CROBOL inicijativa |
| 2017 – u trajanju | DNA barkodiranje bioraznolikosti hrvatske faune Projekt Hrvatske zaklade za znanost, Nositelj: Sveučilište u Zagrebu, Prirodoslovno-matematički fakultet |
| 2017.-2018. | Aktivni nadzor bjesnoće u šišmiša-bitan faktor za procjenu buduće prijetnje Projekt Hrvatske zaklade za znanost, Nositelj: Veterinarski institut u Zagrebu |
| 2014.-2016. | Projekt integracije u EU Natura 2000 (NIP) Terensko istraživanje i laboratorijska analiza novoprikupljenih inventarizacijskih podataka za taksonomsku skupinu Trichoptera |

Popis radova:Knjige:

- Čuković T., Čukušić A., Rnjak D. 2017. **Biospelologija**. U: G. Rnjak (ur.) **Spelologija**. Planinarsko društvo sveučilišta Velebit, Hrvatski planinarski savez, Hrvatska gorska služba spašavanja, Speleološko društvo Velebit, Zagreb 622-673.
- Jalžić B., Bedek J., Bilandžija H., Bregović P., Cvitanović H., Čuković, T., Čukušić A., Dražina T., Đud L., Gottstein S., Hmura D., Kljaković-Gašpić F., Komerički A., Kutleša P., Lukić M., Malenica M., Miculinić K., Ozimec R., Pavlek M., Raguž N., Slapnik R., Štamol V. 2013. **The Cave Type Localities Atlas of Croatian Fauna VOLUME II**. Hrvatsko biospelološko društvo, Zagreb.

Znanstveni radovi:

- Šimić I., Lojkić I., Krešić N., Cliquet F., Picard-Meyer E., Wasniewski M., Čukušić A., Zrnčić V., Bedeković T. 2018: **Molecular and serological survey of lyssaviruses in Croatian bat populations**. BMC Veterinary Research (14) 274; 1 doi:10.1186/s12917-018-1592-z
- Čukušić A., Čuk R., Previšić A., Podnar M., Delić A., Kučinić M. 2017. **DNA barcoding and first records of two rare Adicella species (Trichoptera, Leptoceridae) in Croatia**. Biologia, Section Zoology 72/7: 796—806. DOI: 10.1515/biolog-2017-0087
- Kučinić M., Čukušić A., Žalac S., Podnar M., Akimbekova N., Kambarovich Akhmetov K., Moldazhanovna Zhumadina S., Vučković I. 2017. **First DNA barcoding and new records of Mediterranean caddisfly species *Micropterna wagneri* Mal. (Trichoptera, Limnephilidae) in Croatia with note on DNA barcoding and diversity of genus *Micropterna* in Croatia**. Natura Croatica 26, 1; 81-98.
- Kučinić M., Čukušić A., Podnar M., Landeka M., Plavec H., Plantak M., Akimbekova N., Žalac S. 2016. **The first record of *Tinodes antonioi* Botosaneanu & Taticchi-Viganò, 1974 (Insecta, Trichoptera) in Croatia with DNA barcoding and ecological data and notice of biodiversity and distribution of the genus *Tinodes* in Croatia**. Natura Croatica., Vol. 25, No. 1., 131–149, Zagreb.

Priopćenja na kongresima

- Čukušić A., Podnar M., Lešić M., Kučinić M. **First steps of systematically DNA barcoding in Croatia - example of caddisfly fauna (Trichoptera)**. 2019. Book of Abstracts ABOL meeting, Wiena.

- **Ćukušić A.**, Podnar Lešić M., Kučinić M. 2017. **Why DNA barcoding?** - The example of the caddisfly fauna (Trichoptera) of Croatia. Zbornik sažetaka / Book of Abstracts 2. Simpozij o biologiji slatkih voda / 2nd Symposium on Freshwater Biology, Zagreb (Hrvatska).
- Kučinić M., **Ćukušić A.**, Ćuk R., Cerijanec D., Vučković I., Crnčan P., Mihoci I., Plavec H., Previšić A., Landeka M., Delić A., Žalac S., Podnar M, Bučar M., Gjuršin B. 2016. **Trichoptera research within project “EU Natura 2000 Integration Project – NIP“ after two years.** Book of Abstracts Central European Symposium for Aquatic Macroinvertebrate (CESAMIR). Pecs, Mađarska, 102.
- **Ćukušić A.**, Podnar Lešić M., Kučinić M., 2016. **DNA barcoding caddisflies (Trichoptera) fauna in Croatia.** Book of Abstracts Central European Symposium for Aquatic Macroinvertebrate (CESAMIR). Pecs, Mađarska, 98.
- Jalžić B., Bregović P., Čuković T., **Ćukušić A.**, Hmura D., Kutleša P., Pavlek M. 2016. **Comprehensive Database of the Cave Type Localities of Croatian Fauna,** Zbornik sažetaka/Book of Abstracts 1. Dinarski biospeleološki simpozij (1st Dinaric Symposium on Subterranean Biology), Zagreb, Hrvatska.
- **Ćukušić A.**, Ćuk R., Vučković I., Cerijanec D., Mihoci I., Crnčan P., Delić A., Bučar M., Landeka M., Gjurašin B., Kučinić M. 2015. **Trichoptera research within project “EU Natura 2000 Integration Project - NIP”.** Book of abstracts of The 15th International Symposium on Trichoptera, New Brunswick, USA.
- **Ćukušić A.**, Đud L. 2013. **Atlas špiljskih tipskih lokaliteta Republike Hrvatske, Svezak 2, Knjiga sažetaka,** Skupspeleologa hrvatske – Momjan, Hrvatska.
- **Ćukušić A.**, Pavlek M, Ozimec 2012. **Raspodjela i raznolikost špiljskih pauka iz porodica Agelenidae i Nesticidae (Araneae) u podzemnim objektima Hrvatske.** Skup speleologa Hrvatske, Drežnik grad, Rakovica, Hrvatska.