come pure altri campioni raccolti da località negli Appennini (Toscana meridionale) ben oltre il confine della presunta distribuzione di *C. c. italicus*. I dati genetici indicano un'origine recente della sottospecie italica, che probabilmente si differenza da popolazioni rimaste isolate in Italia meridionale durante l'ultimo massimo glaciale, fino all'inizio dell'Olocene. La distribuzione originale di *C. c. italicus* è ignota, poichè le popolazioni appenniniche di questa specie erano già state eradicate prima delle seconda guerra mondiale. I risultati delle analisi genetiche indicano tuttavia chiaramente che popolazioni di *C. c. italicus* permangono non solo all'interno delle aree protette di Castelporziano, Gargano and Orsomarso, ma anche in Toscana meridionale. E' possibile che caprioli con aplotipi mitocondriali di tipo italico siano in fase di espansione territoriale verso la Toscana settentrionale e l'Emilia-Romagna. In queste aree popolazioni di caprioli di orgini diverse, anche in conseguenza di reintroduzioni e ripopolamenti, sono attualmente in contatto e possono ibridare, mettendo così a rischio l'integrità genetica della sottospecie endemica *C. c. italicus*. La conservazione delle attuali popolazioni di capriolo italico è premessa indispensabile per il loro utilizzo per progetti di reintroduzione in aree vocate dell'Appennino centro-meridionale. Un piano d'azione è strumento essenziale per definire le azioni di conservazione prioritarie per le popolazioni relitte di capriolo italico e per lo sviluppo di una politica di reintroduzione nell'Italia meridionale.

Genetica delle popolazioni di cinghiale in Italia (Sus scrofa)

Ricerche (in parte non ancora pubblicate) svolte presso il Laboratorio di genetica dell'INFS ed in collaborazione con altri istituti, hanno evidenziato la presenza di un aplotipo mitocondriale distribuito esclusivamente in Italia, ed assente in qualsiasi altra popolazione di cinghiale o di maiale nel mondo (Larson *et al.* 2007). Questo aplotipo è geneticamente molto divergente da qualsiasi altro aplotipo mitocondriale ad indicare una sua antica origine, certamente in aree di rifugio glaciale nella penisola italiana. Questo aplotipo è assente nelle altre popolazioni di cinghiale, indicando che l'espansione delle popolazioni italiane dalle aree di rifugio non ha mai superato la barriera geografica costituita dalle Alpi. Inoltre, l'aplotipo italiano non è stato fino ad ora identificato in nessuna popolazione di maiale, indicando che quelle popolazioni di cinghiale italiane non sono mai state addomesticate, oppure che l'aplotipo è andato perso nel corso dei processi di addomesticamento. Tuttavia questo aplotipo non è presente esclusivamente nelle poche aree attualmente popolate da cinghiali autoctoni, ma è distribuito (con frequenze variabili) dall'Appennino settentrionale alla Puglia. Questo aplotipo probabilmente testimonia il differenziamento e l'antico isolamento geografico e genetico di popolazioni di cinghiale maremmano (formalmente identificate come sottospecie *Sus scrofa majori*), che sono andate perse in conseguenza dell'ibridazione con maiali o con cinghiali reintrodotti di origine alloctona.

Distinzione genetica e sistematica della lepre italica (Lepus corsicanus)

La lepre italica (*Lepus corsicanus*), in passato distribuita in Italia centro-meridionale, Sicilia ed introdotta in Corsica prima del 16° secolo (Vigne 1992), fu descritta nel 1898 dal naturalista inglese W. E. de Winton come specie distinta dalla lepre comune (*Lepus europaeus*) sulla base di alcuni caratteri morfologici esterni osservati su esemplari conservati in collezioni museali. Tuttavia, successivamente e per tutto il secolo scorso, il *taxon* fu declassato a sottospecie di *L. europaeus*, e fu considerato estinto in conseguenza dell'ibridazione con la lepre comune, immessa massicciamente a fini venatori anche in

Italia centro-meridionale (Toschi 1965). Una revisione di reperti museali italiani del genere *Lepus*, raccolti verso la fine del 1800, e la descrizione di nuovi caratteri morfologici diagnostici, ha consentito recentemente di riconfermare lo status di buona specie del *taxon* (Palacios 1996). Questa rivalutazione ha permesso, inoltre, di attribuire a *L. corsicanus* alcuni esemplari raccolti recentemente (1974-1975) in Calabria, e successivamente in Sicilia nel 1994-1996 (Lo Valvo *et al.* 1997). La conferma della presenza di popolazioni di questa specie endemica ha stimolato l'avvio di un nuovo programma di ricerca, avviato dall'INFS nel 1990, finalizzato a documentare le distinzioni tassonomiche ed ecologiche esistenti tra *L. corsicanus* e *L. europaeus*, ed a definire distribuzione geografica e consistenza delle popolazioni di lepre italica nella penisola ed in Sicilia. Le ricerche di genetic molecolare, sono finalizzate a: 1) descrivere la variabilità genetica esistente nelle popolazioni di lepre italica; 2) ricostruire le relazioni filogenetiche fra lepre italica ed altre specie italiane e nord africane del genere *Lepus*; 3) delineare un'ipotesi di evoluzione e speciazione del genere *Lepus* in Europa, nell'ambito degli eventi climatici e biogeografici che hanno caratterizzato il Pleistocene; 4) definire marcatori genetici e protocolli di laboratorio che, in associazione ad altri caratteri morfologici e morfometrici, consentano di identificare con precisione esemplari di lepre italica (eventualmente utilizzando campioni e procedure di genetica non-invasiva) ed eventuali ibridi interspecifici. I risultati delle analisi filogenetiche indicano quindi che lepre italica e comune hanno una lunga storia di evoluzione indipendente e sembrano essere riproduttivamente isolate in natura. Queste osservazioni: distinti e diagnostici aplotipi mitocondriali; assenza di flusso genico mitocondriale; concordanza fra caratteri molecolari e morfologici (che sono fra di loro indipendenti), indicano che la lepre italica è specie distinta. La distribuzione attuale della lepre italica nella penisola è estremamente frammentata. Molte popolazioni di questa specie sopravvivono a bassa densità principalmente in aree protette e in parchi nazionali, dove la lepre italica è riuscita a sopravvivere alla caccia ed alla competizione con le lepri comune. Nonostante i massicci rilasci di lepri comuni in Sicilia durante gli ultimi 20 anni, *L. corsicanus* è l'unica specie di lepre presente nell'isola. E' quindi plausibile supporre che la lepre comune non sia adattata alle peculiari condizioni ambientali e climatiche della Sicilia e non riesca a sopravvivere in ambienti di tipo Mediterraneo. Attualmente il limite settentrionali della distribuzione della lepra italica si colloca nella estrema parte meridionale della Provincia di Grosseto. Non si può escludere che fattori climatici ed ambientali rappresentino il limite all'espansione della specie a nord dell'areale attuale o di quello storico. L'isolamento riproduttivo espone le popolazioni a rischi di diminuzione di vitalità.

Genetica delle popolazioni e conservazione delle specie italiane di Alectoris

Le sette specie esistenti di *Alectoris* (Galliformes, Phasianidae) hanno distribuzione essenzialmente allopatriche in Eurasia e Cina, con la parziale eccezione di due specie (*A. melanocephala* e *A. philbyi*) che sono parzialmente simpatriche in Arabia meridionale. Le *Alectoris* sono suddivise in tre linee filogenetiche che includono: (1) le specie Eurasiatiche di origine più recente (*chukar*, *magna* e *philbyi*); (2) le specie distribuite in Europa occidentale, di origine intermedia (*rufa* e *graeca*); e (3) le specie più antiche e geneticamente più divergenti del nord Africa ed Arabia (*barbara* e *melanocephala*; Randi 1996, Randi & Lucchini 1998). Le specie Mediterranee *A. rufa*, *graeca* e *chukar* sono di origine più recente e non hanno potuto evolvere l'isolamento riproduttivo e compatibilità ecologica. Alcune specie di *Alectoris* possono ibridare in natura. Sono state descritte tre

zone di contatto parapatrico: (1) tra *A. rufa* e *A. graeca* nelle Alpi Marittime francesi (2) tra *A. chukar* e *A. graeca* nei versanti sud-occidentali dei Monti Rhodopi al confine fra Bulgaria e Grecia e (3) tra chukar e *A. magna* in Cina centrale. Studi genetici hanno individuato introgressione di geni di pernice rossa in popolazioni Alpine di coturnice fino a circa 150 km dalla zona di contatto (Randi & Bernard-Laurent 1998, Randi & Bernard-Laurent 1999). Tuttavia, l'estensione della zona di introgressione è minore di quanto atteso sulla base della diffusione di geni neutrali, e quindi è possibile che la diffusione dei genomi ibridi nelle Alpi sia contrastata dalla selezione naturale (Randi & Bernard-Laurent 1998). Le popolazioni di coturnice sono state tradizionalemente suddivise in quattro sottospecie: *A. g. graeca* (distribuita in Grecia, Albania e nei Balcani sud-occidentali), *A. g. saxatilis* (nei Balcani nord-orientali, nelle Alpi Dinariche e nelle Alpi), *A. g. orlandoi* (limitata agli Appennini centro-meridionali), e la sottospecie siciliana *A. g. whitakeri*. Le basi genetiche e filogenetiche di questa classificazione sogno ignote. Scopo di questo studio è di: (1) identificare le principali suddivisioni genetiche fra le popolazioni di coturnice utilizzando marcatori mitocondriali e nucleari (microsatelliti); (2) ricostruire l'evoluzione delle popolazioni di questa specie; e (3) sviluppare linee di conservazione per le popolazioni di coturnice. sono stati raccolti ed analizzati oltre 700 campioni di tessuti o penne da popolazioni di coturnice distribuite nelle Alpi, Appennini e Sicilia in Italia, in Albania ed in Grecia. I risultati ottenuti indicano l'esistenza di significative distanze genetiche, e mostrano una profonda separazione fra le coturnici di Sicilia e tutte le altre popolazioni campionate nelle Alpi, Appennini, Albania e Grecia. Questa suddivisione genetica fa sì che tutte le coturnici campionate in Sicilia e nelle Alpi possano essere correttamente identificate esclusivamente sulla base dei loro genotipi, ed ignorando la loro origine geografica. La divergenza genetica fra queste popolazioni suggerisce che le popolazioni siciliane di coturnici possano essere rimaste geneticamente isolate dalle altre popolazioni della penisola italiana per più di 200.000 anni, cioè fin dall'inizio della glaciazione del Riss. Possiamo quindi supporre che la Sicilia stia ospitando una delle più antiche popolazioni di coturnici, che sono rimaste isolate in questo rifugio glaciale, e che non hanno mai contribuito alla ricolonizzazione degli Appennini e delle Alpi. Le popolazioni alpine di coturnice sono geneticamente distinte da un'insieme più indistinto di popolazioni che comprende le coturnici degli Appennini e dei Balcani. Le piccole distanze genetiche suggeriscono che le popolazioni degli Appennini siano state connesse con le popolazioni del versante orientale tramite il corridoio costituito dal ponte terreste dell'Adriatico, che si ridusse e poi scomparve solo all'inizio dell'Olocene. Questi risultati sono solo parzialmente concordanti con l'attuale tassonomia intraspecifica di *A. graeca*. L'esistenza di una sottospecie Appenninica (*A. g. orlandoi*) non è confermata da questi dati. Tuttavia, il limitato numero di campioni albanesi analizzati, e l'impossibilità di ottenere materiale da zone di importanza critica come le Alpi Dinariche ed i Balcani, rende prematuro ricavare conclusioni definitive. Attualmente le popolazioni di coturnice appenninica sono totalmente isolate geograficamente e geneticamente, ed evolvono indipendentemente da ogni altra popolazione. Quindi è prudente trattarle come una unità indipendente di gestione in attesa di ulteriori analisi genetiche. I risultati delle analisi genetiche invece evidenziano conclusivamente l'unicità delle popolazioni siciliane di coturnice (*A. g. whitakeri*), che possono essere identificate come unità di evoluzione indipendente (Evolutionary Significant Unit ESU, Moritz 1994).

Conclusioni generali

L'applicazione di metodiche di genetica molecolare ha consentito, nella realizzazione di questo programma di ricerca, di identificare popolazioni endemiche di ungulati (capriolo italico), di lagomorfi (lepre italica) e di galliformi (coturnice siciliana) dotate di caratteristiche uniche e peculiari, che testimoniano la loro antica origine in aree di rifugio glaciali in Italia. Alcune di queste popolazioni sono sottoposte a costante rischio di ibridazione con nuclei di popolazioni conspecifiche, di origine alloctona, rilasciate in natura. Le residue popolazioni di capriolo italico presenti in Toscana meridionale rischiano di scomparire rapidamente in conseguenza dell'ibridazione con caprioli europei reintrodotti in molte aree adiacenti. I massicci ripopolamenti di lepri europee effettuati da decenni in aree che dovrebbero ospitare esclusivamente lepri italiche, hanno probabilmente contribuito al declino ed alla frammentazione delle popolazioni di *Lepus corsicanus*. I continui rilasci di pernici rosse e di coturnici allevate e spesso ibridate con la chukar, mettono a rischio l'integrità genetica delle popolazioni locali. E' pertanto necessario sviluppare strategie nazionali di conservazione delle popolazioni endemiche di ungulati e galliformi, in particolare evitando la creazione e la diffusione di genotipi ibridi e la traslocazione di animali di origine alloctona.

Pubblicazioni:

1) Randi E, Mucci N, Barilani M. (2007) Variabilità genetica delle popolazione selvatiche e conservazione dei ceppi autoctoni nazionali, sia ai fini di una corretta gestione degli ungulati che ai fini della conservazione, produzione e ripopolamento della piccola selvaggina. In: Lucifero M, Genghini M (2007). Valorizzazione agro-forestale e faunistica dei territori collinari e montani. INFS, MIPAF, STERNA. Ed. Grafiche 3B, Toscanella di Dozza (BO)

2) Larson *et al.* (2007). Phylogeny and ancient DNA of Sus provides insights into neolithic expansion in Island Southeast Asia and Oceania. Proceedings of the National Academy of Science, 104: 24834–4839

MONITORAGGIO DELLA POPOLAZIONE ITALIANA DI LUPO (*CANIS LUPUS*) TRAMITE TECNICHE DI GENETICA NON-INVASIVA

Responsabile: *E. Randi*

Collaboratori: *N. Mucci*
E. Fabbri
C. Greco
R. Caniglia
C. Casti

Finanziamenti: *MATTM Biodiversità-I*
Regione Emilia-Romagna
Regione Umbria
Parco Nazionale delle Foreste Casentinesi
Provincia di Grosseto
Provincia di Siena
Parco Naturale della Maremma

La popolazione di lupo in Italia è andata soggetta, negli ultimi due secoli, ad una progressiva riduzione in termini di consistenza e di distribuzione sul territorio. A partire dai primi anni '80 l'areale distributivo della popolazione si è naturalmente riesteso fino ad interessare nuovamente la dorsale appenninica settentrionale (Emilia Romagna, Toscana,

Marche) arrivando fino alle Alpi Occidentali (Liguria, Piemonte, Valle d'Aosta) in Lombardia, in Francia e in Svizzera. Il ritorno del lupo in aree dove da decenni era scomparso, ripropone inevitabilmente complesse problematiche gestionali, legate fondamentalmente ai possibili conflitti con le attività zootecniche e venatorie. Allo scopo di costruire una base di dati che documentino la distribuzione della popolazione di lupo in alcune aree dell'Appennino centro-settentrionale sono state avviate, e proseguite nel 2007 le attività di monitoraggio genetico non-invasivo che si sono svolte con la partecipazione di circa 150 collaboratori: il Corpo Forestale dello Stato, guardie ecologiche provinciali, dipendenti degli uffici faunistici provinciali, e volontari. Le analisi genetiche del DNA estratto da questi campioni sono state utilizzate per il censimento ed il monitoraggio della popolazione dilupo nelle aree di studio. Si è ulteriormente sviluppata la ricerca di marcatori genetici che consentano di identificare ibridi fra lupo e cane. Il problema dell'ibridazione è infatti un aspetto cruciale per la conservazione e gestione del Lupo in Italia. Su questi aspetti sono in corso due dottorati di ricerca presso l'INFS in collaborazione con l'Università di Bologna. Sono state attivate convenzioni di ricerca per il monitoraggio delle popolazioni di lupo in Regione Umbria, la Provincia di Grosseto ed il Parco della Maremma. Si sono avviate tesi di laurea presso i parchi regionali del Corno alle Scale, di Monte Sole e dei due laghi in Provincia di Bologna. Le convenzioni stipulate con gli enti che hanno aderito al progetto prevedono la realizzazione di analisi genetiche a partire dalla raccolta di campioni biologici di presunto lupo nell'area di studio al fine di: - tipizzare il genotipo dei lupi presenti nell'area di studio in base ai campioni raccolti; - determinare il sesso dei lupi presenti nell'area di studio in base ai campioni raccolti; - monitorare eventuali casi di dispersione di lupi in ambito regionale; - monitorare la presenza di eventuali ibridi lupo-cane nella popolazione; - monitorare la eventuale presenza di cani vaganti e/o rinselvatichiti che frequentino le stesse aree di pertinenza del lupo.

Il lupo in Provincia di Grosseto

Dal 2004 ad oggi il Laboratorio di genetica dell'INFS ha analizzato 120 campioni biologici di canidi, comprendenti tracce di urina su neve, peli e campioni fecali in raccolti in prossimità di predazioni, tracce di sangue e resti di carcasse appartenenti a presunti lupi, rinvenuti all'interno del territorio della Provincia di Grosseto, del Parco Faunistico del Monte Amiata (GR) o provenienti dal Museo di Storia Naturale della Maremma. I campioni sono risultati appartenere in parte alla popolazione italiana di lupo (*Canis lupus*), ma sono stati identificati anche alcuni individui ibridi. Il Laboratorio di genetica dell'INFS ha analizzato il DNA estratto da 46 campioni di sangue prelevati da cani "grossetani" o "maremmani", selezionati sulla base della distribuzione geografica (zone con presenza, anche storica, del lupo) e della razza (cani da pastore o di cacciatori operanti nelle aree di San Martino sul Fiora, Santa Caterina, Semproniano, Catabbio, Roccalbegna e Manciano). Le analisi hanno permesso di osservare che tutti gli individui geneticamente tipizzati appartengono alla popolazione dei cani domestici (*Canis familiaris*), ed i risultati ottenuti hanno contribuito ad arricchire il dataset di campioni di cani certi dell'INFS da utilizzare come esemplari di riferimento per l'identificazione della specie o popolazione di appartenenza dei canidi analizzati.

Il lupo nel Parco Naturale della Maremma

E' stato analizzato il DNA estratto da circa 80 campioni fecali raccolti all'interno del Parco Regionale della Maremma, permettendo di identificare 9 differenti genotipi, di cui 5 femmine e 4 maschi, che presentano tracce genetiche di ibridazione, a seguito di passati episodi di ibridazione con cani. I dati genetici sono stati utilizzati per effettuare una stima preliminare dei rapporti di parentela. Da tale analisi si e' potuto identificare la probabile coppia di riproduttori ed i loro possibili figli, con un'alta probabilità di attribuzione e nessuna incompatibilità.

Monitoraggio della presenza del lupo in Emilia Romagna

Durante il 2007, nel corso dell'attività di monitoraggio, sono stati raccolti e consegnati al Laboratorio di Genetica dell'INFS un totale di 1100 campioni fecali di presunto lupo provenienti da tutte le aree di studio. I campioni di lupo sono riconducibili ad un totale di 93 distinti genotipi, di cui 31 nuovi, mai campionati in precedenza, 36 ricampionati degli anni precedenti e 26 campionati in precedenza anche in aree diverse dalle aree dell'ultimo campionamento. Questi ultimi hanno permesso di identificare la presenza di almeno 8 casi di presunta dispersione, per lo più a carico di individui maschi e quasi sempre in direzione Sud est-Nord ovest. I genotipi sessati con certezza includono 52 maschi e 41 femmine. I risultati relativi a queste analisi sono stati comunicati alle rispettive amministrazioni, rispettando la prevista scadenza trimestrale. I campioni fecali analizzati nel corso del 2007 consentono di disegnare una mappa aggiornata della distribuzione dei campioni di cane vaganti e/o rinselvatichiti identificati nel corso dell'intero progetto ed una ricostruzione del numero dei possibili branchi di lupo e delle loro probabili localizzazioni. Nel corso del 2007, inoltre, sono state analizzate 8 carcasse di canide: una di esse è risultata appartenere ad un esemplare femmina di ibrido lupo-cane già identificato mediante le analisi genetiche di campioni non invasivi dal 2002 al 2006 tra le province di Bologna e Firenze, mentre le restanti 7 sono risultate riconducibili a 7 diversi lupi (4 femmine e 3 maschi), di cui 3 (1 femmina e 2 maschi) già precedentemente campionati in provincia di Bologna durante il 2007 grazie al monitoraggio non invasivo, e 4 (3 femmine e 1 maschio) mai campionati in precedenza nell'area di studio.

Monitoraggio della popolazione di lupo nel Parco Nazionale delle Foreste Casentinesi

Questo progetto ha fornito precise indicazioni sul numero e localizzazione dei branchi di lupi presenti nel territorio del Parco. L'analisi dei dati genetici ha consentito la pianificazione e realizzazione di sessioni di wolf-howling, che hanno fornito risultati sostanzialmente concordanti con i dati genetici. In collaborazione con il gruppo di lavoro sul lupo dell'INFS il personale del parco ha avviato la stesura di un opuscolo informativo sull lupo:

Greco C, Caniglia R, Agostini N, Randi E (et al.) Il lupo nel Parco nazionale delle Foreste Csentinesi (titolo provvisorio).

Pubblicazioni:

1) Fabbri E *et al.* (2007) From the Apennines to the Alps: Colonization genetics of the naturally expanding Italian wolf (*Canis lupus*) population. Molecular Ecology. 16: 1661–

1671.
Santini A, Lucchini V, Fabbri E, Randi E (2007) Ageing and environmental factors affect PCR success in wolf (*Canis lupus*) excremental DNA samples. Molecular Ecology Notes, 7, 955–961

EVOLUZIONE, BIOGEOGRAFIA E TASSONOMIA DELLE POPOLAZIONI ITALIANE DEL GENERE *LEPUS*

Responsabile: *E. Randi*
Collaboratori: *N. Mucci*
C. Mengoni
Finanziamenti: *MIPAF*
Provincia di Grosseto

Questo studio è proseguito nel corso dell'anno, permettendo di identificare lo *status* tassonomico, la distribuzione geografica e la consistenza della specie endemica italiana *Lepus corsicanus*. Le attività sono state finanziate dal Ministero delle Politiche Agricole e Forestali e dalla Provincia di Grosseto. In particolare nel 2007 è stato completato, anche grazie alle attività svolte tramite una tesi di laurea (C. Mengoni; Università di Bologna ed un tirocinio (F. Saccani; Università di Reggio Emilia) lo sviluppo di un protocollo di analisi genetica che consente: -) la tipizzazione di singole mutazioni del genoma mitocondriale e ad alcuni geni nucleari; -) l'analisi di loci microsatellite. Tale protocollo rende possibile: identificare campioni biologici (anche non-invasivi) appartenenti a tutte le specie del genere *Lepus* presenti in Italia (lepre variabile, lepre italica, lepre europea, lepre sarda); identificare i genotipi individuali di campioni campioni biologici (anche non-invasivi) di lepre italica e lepre europea; determinare la presenza di lepre italica tramite analisi di campioni non-invasivi; identificare eventuali genotipi ibridi, cioò originati da incrocio fra lepre europea e Queste metodologie sono a disposizione delle attività dell'INFS per il monitoraggio e la conservazione della lepre italica, anche nell'ambito delle azioni previste dal Piano d'azione nazionale (MATTM-INFS), e sono state utilizzate per tipizzare circa 200 campioni di lepri inviati dall'amministrazione provinciale di Grosseto ed altri, al Laboratorio di genetica dell'INFS. I risultati di queste ricerche sono riportati nella tesi di laurea in Scienze Biologiche (Università di Bologna) della Dr. Chiara Mengoni: Distinzione genetica e sistematica delle tre specie di lepri in Italia (*Lepus corsicanus, Lepus europaeus, Lepus timidus*), e nella pubblicazione:

Randi E, Mengoni C, Mucci N (2007). Genetica della lepre italica (*Lepus corsicanus*): evoluzione, speciazione ed assenza di ibridazione interspecifica. Atti delle Giornate internazionali sulla lepre italica. Piaggine (SA), 9-11 novembre 2007;

Il Laboratorio di genetica dell'INFS partecipa al progetto internazionale GlobalLepus che si propone di ricostruire una filogenesi affidabile di tutte le specie viventi del genere *Lepus*, basata su un programma di esteso sequenziamento di geni mitocondriali e nucleari. Questa filogenesi dovrà risolvere gli svariati problemi di sistematica e nomenclatura tassonomica delle specie di *Lepus* che ancora sono controversi.

BIODIVERSITÀ-I. MONITORAGGIO GENETICO DELLE POPOLAZIONI DI CARNIVORI MINACCIATI

Responsabile: *E. Randi*
Collaboratori: *N. Mucci*

E. Fabbri
C. Greco
R. Caniglia
C. Casti
F. Davoli
M. De Barba

Finanziamenti: *MATTM*
Provincia Autonoma di Trento

Il campionamento genetico non-invasivo è uno strumento efficace che contribuisce al censimento e monitoraggio delle popolazioni di specie elusive di carnivori che non possono essere facilmente osservati o catturati. La genetica non-invasiva consiste nell'analisi di DNA estratto da campioni raccolti sul campo (ad es., penne, peli, escrementi) e che non richiedono la cattura degli animali. Le analisi genetiche consentono di identificare la specie (o l'origine ibrida), il genotipo individuale ed il sesso di ogni campione. I campioni sono georeferenziati e quindi i genotipi individuali sono mappati sul territorio. Perciò i dati genetici sono integrabili in banche di dati geografici ed ambientali. I risultati del monitoraggio genetico consentono di identificare direttamente il numero minimo degli individui presenti nell'area e nel periodo di studio. Appropriati schemi di campionamento e metodologie di analisi statistica consentono poi di stimare le dimensioni (censimento), il rapporto sessi, le relazioni di parentela, la dispersione, il turn-over, oltre che, naturalmente, la variabilità genetica delle popolazioni. Gli scopi del presente programma di monitoraggio genetico delle popolazioni di carnivori minacciati sono: 1) ottimizzare protocolli di laboratorio che consentano di ottenere genotipi individuali affidabili a partire da DNA estratto da campioni biologici non-invasivi; 2) identificare marcatori molecolari e procedure di analisi genetica e statistica che consentano di perfezionare l'identificazione di ibridi fra specie selvatiche e corrispettive forme domestiche: lupo x cane; gatto selvatico x gatto domestico; 3) sviluppare banche di dati di genetica non-invasiva che siano utilizzabili per approfondire alcuni aspetti particolarmente rilevanti per la conservazione dei carnivori in Italia. Nel corso del 2007 si sono sviluppate in particolare le seguenti attività:

Elaborazione di un protocollo di monitoraggio genetico per la popolazione di orso bruno (Ursus arctos) da realizzarsi nell'ambito del PACOBACE e del PATOM

L'Istituto Nazionale per la Fauna Selvatica ha avviato con le Province Autonome ed alle Regioni firmatarie del Piano d'Azione per la Conservazione dell'Orso Bruno sulle Alpi centro-orientali (PACOBACE) ed ad altri soggetti che operano in materia di ricerca sull'Orso bruno nelle Alpi centro orientali, un programma coordinato di monitoraggio dell'Orso bruno nelle Alpi. Un programma analogo è stato avviato con tutti gli enti interessati in Abruzzo (PATOM). L'attivazione di tali programmi di monitoraggio è specificamente prevista dalla direttiva "Habitat" (art. 7). Nell'ambito di questi accordi, il Laboratorio di genetica ha realizzato:

1) un protocollo per il monitoraggio genetico non-invasivo di campioni di orso bruno, finalizzato a: identificare la gran parte degli individui presenti nelle aree di campionamento, determinare il sesso degli individui identificati, identificare i nuovi nati ed i genitori. I risultati ottenuti tramite l'applicazione di questo protocollo i possono permettere di analizzare i tassi di natalità e mortalità della popolazione e l'eventuale immigrazione di nuovi individui. L'efficacia del campionamento non-invasivo e la sua

applicabilità in ambiente alpino ed appenninico aprono la possibilità alla stima dei parametri di popolazione. Infatti, i campioni raccolti sul campo, associati all'identità genetica conferitagli in seguito alle analisi, possono essere usati come catture e ricatture per stimare il numero di individui presenti nella popolazione tramite metodi di elaborazione statistica;

2) supportato, in convenzione con la Provincia Autonoma di Trento ed il Parco Naturale Adamello Brenta la realizzazione di un piano di campionamento non-invasivo e di analisi genetica di circa 500 campioni raccolti nel 2007. Il progetto è stato realizzato anche tramite le attività della Dr. Marta De Barba (dottorato presso l'Università dell'Idaho, USA; Prof. Lisette Waits); le analisi di laboratorio dei campioni organici inviati dalle Amministrazioni interessate, sono state effettuate assicurando un elevato standard dei protocolli di laboratorio, con esplicite soglie di affidabilità dei risultati (sempre superiori al 95%), massima condivisione e trasparenza nella comunicazione dei dati, e la restituzione alle Amministrazioni dei risultati in tempi rapidi (entro 4 settimane per le analisi urgenti; entro 4 mesi per le analisi ordinarie); i risultati sono stati inseriti in una banca dati centralizzata, consultabile ed utilizzabile dalle Amministrazioni coinvolte, che permette la comparazione dei risultati a scala dell'intero arco alpino ("Progetto sperimentale per il monitoraggio genetico dell'Orso bruno attraverso tecniche non invasive" in collaborazione con la Provincia autonoma di Trento e con il Parco Naturale dell'Adamello-Brenta).

Monitoraggio della popolazione di orso bruno marsicano (Ursus arctos marsicanus) tramite tecniche di genetica non-invasiva
Responsabile: *E. Randi*
Collaboratori: *F. Davoli*
Finanziamenti: *MATTM- PATOM*
Regione Friuli Venezia Giulia
Provincia Autonoma di Trento

Il Laboratorio di genetica dell'INFS ha avviato da alcuni anni un progetto di monitoraggio genetico della popolazione di orso bruno presente nell'Appennino abruzzese (in collaborazione con il Ministero delle Politiche Agricole e Forestali – Gestione ex Azienda di Stato per le Foreste Demaniali - Ufficio Amministrazione di Castel di Sangro, per l'esecuzione di una ricerca scientifica connessa all'attuazione delle azioni previste nel progetto Life Natura 99, e per la realizzazione del "Conteggio genetico non invasivo sulla popolazione di orso bruno marsicano nell'ambito del Programma di azioni urgenti per l'orso"; in collaborazione con l'Università di Roma "La Sapienza", Prof. L. Boitani). Gli obiettivi di questi progetti sono di: identificare il numero minimo di orsi presenti nell'area di studio; stimare le dimensioni della popolazione; determinare ove possibile le relazioni di parentela, la dispersione ed il turn-over; misurare la variabilità genetica nella popolazione e stimarne la dinamica nel futuro. Dall'inizio del progetto (anno 2000) sono stati identificati 68 distinti genotipi di orso bruno marsicano. I risultati ottenuti in questo studio, ed in accordo con altri recentemente pubblicati (Paetkau *et al.*, 1998; 2000; Waits *et al.*, 2000), indicano come i livelli di varibilità genetica nell'orso morsicano siano tra i più bassi osservati tra le popolazioni di orso bruno. La bassa variabilità genetica non permette stime accurate delle relazioni di parentela nella popolazione appenninica di orso, a meno che il numero di loci analizzati non diventi proibitivamente elevato (probabilmente qualche decina). Nell'ambito dei programmi coordinati dal PATOM, il Laboratorio di genetica dell'INFS ha effettuato nel corso del 2007 analisi genetiche

utilizzando il protocollo non-invasivo standard di campioni di sangue prelevati da esemplari di orso bruno catturati e rilasciati muniti di radiocollare seguenti campioni biologici; campioni di peli raccolti occasionalmente nel corso di attività di campo; campioni di peli raccolti in trappole appositamente attivate nel corso di uno studio pilota realizzato dal Dipartimento BAU dell'Università di Roma "La Sapienza", nell'ambito del PATOM ed in collaborazione con Il parco nazionale d'Abruzzo e con l'Ufficio Biodiversità del FS di Castel di Sangro. I risultati di queste analisi sono stati comunicati ai partner (Dipartimento BAU e CFS) e sono stati inseriti nella banca dati genetica centralizzata allestita su incarico del MATTM presso il nostro Istituto, restando a disposizione delle attività di coordinamento e gestione del PATOM.

Identificazione genetica degli orsi (Ursus arctos) presenti in Regione Friuli Venezia Giulia tramite tecniche di genetica non-invasiva
Responsabile: *E. Randi*
Collaboratori: *F. Davoli*
Finanziamenti: *MATTM- PACOBACE*
Regione Friuli Venezia Giulia

Le attività inerenti questo argomento, finanziate da convenzione con la Regione Friuli Venezia Giulia, sono proseguite nel corso dell'anno consentendo di identificare 11 distinti genotipi (tutti maschi) corrispondenti ad 11 orsi che hanno frequentato nel corso degli ultimi anni le aree orientali del Friuli Venezia Giulia confinanti con la Slovenia.

Elaborazione di una bozza di protocollo di monitoraggio genetico per la popolazione italiana di lupo (Canis lupus) da inserire nel "Manuale per il monitoraggio delle popolazioni di lupo" (INFS-UNIROMA-MATTM)

Il protocollo di monitoraggio genetico della popolazione di lupo sviluppa i seguenti argomenti. E' possibile affiancare alle tecniche di studio della specie "di campo" più usuali e tradizionali (*snowtracking*, *radiotracking*, *wolf-howling*) tecniche molecolari capaci di ricavare informazioni genetiche da tracce biologiche che il lupo lascia dietro di sé (feci, peli, urina, saliva, tracce di sangue) senza la necessità della cattura o della manipolazione dell'animale stesso evitando così qualsiasi disturbo o danno alla popolazione. Tale capacità nasce appunto dalla possibilità di estrarre sufficiente DNA per le analisi genetiche da tracce biologiche che ne contengono minime quantità e fortemente degradato. La forza di questo nuovo approccio molecolare, genericamente indicato "genetica non-invasiva", è pertanto quella di consentire un monitoraggio genetico *in vivo* della popolazione. Dal DNA estratto è infatti possibile, grazie allo sviluppo dell'amplificazione in vitro del DNA (PCR) e utilizzando opportuni marcatori molecolari, determinare con certezza la specie, il sesso ed il profilo genetico individuale dell'animale a cui il campione appartiene; in secondo luogo, è possibile valutare rapporti di parentela esistenti tra i genotipi unici identificati. Nel caso del lupo, i campioni non invasivi che vengono raccolti sono soprattutto di natura fecale. Le feci, infatti, possono essere trovate abbastanza agevolmente in quanto molto spesso utilizzate dal lupo per la marcatura del territorio e quindi vengono deposte in luoghi relativamente facili da individuare e con una certa periodicità. Il DNA estratto dai campioni fecali proviene dalle poche cellule di sfaldamento dell'endotelio intestinale che restano nel campione a seguito della peristalsi del bolo alimentare. L'integrazione di tutte le informazioni di natura genetica e quelle provenienti dal campo va a costituire una banca dati preziosissima per migliorare le

conoscenze sulla biologia del lupo. Da queste informazioni, infatti, è possibile determinare la distribuzione della specie nell'area, di censirla, valutare gli home range individuali e dei branchi nonché la dispersione dei singoli individui, stimarne il rapporto sessi e il successo riproduttivo. E' possibile anche caratterizzarne i branchi e il *turn-over* degli stessi, nonché monitorare in tempo reale il problema dell'ibridazione del lupo con il suo corrispettivo domestico, il cane. Accanto allo studio della dinamica attuale e dell'ecologia delle popolazioni selvatiche, l'indagine genetica non-invasiva consente inoltre di accumulare dati sulla variabilità genetica e sulla storia demografica passata a cui queste popolazioni sono andate soggette.

Elaborazione del progetto di ricerca e di monitoraggio: "Distribuzione e stima della consistenza numerica delle popolazioni di lontra (Lutra lutra) presenti in Basilicata (2007-2009)", da realizzarsi nell'ambito della definizione di un Piano d'azione nazionale per la conservazione della Lontra (progetto avviato in collaborazione ed in convenzione con l'Osservatorio Faunistico della Regione Basilicata

Responsabile: *E. Randi*
Collaboratori: *N. Mucci*
R. Cocilova
Finanziamenti: *MATTM*

La lontra (*Lutra lutra*) è un importante indicatore della qualità delle acque e dei bacini idrografici. La presenza della specie, e la sua attiva conservazione, esercita effetti positivi a cascata sui componenti degli ecosistemi di acqua dolce. Le popolazioni di lontra presenti in Basilicata costituiscono una porzione importante ed essenziale per la conservazione della specie nel nostro Paese. Tuttavia, lo status e la dinamica di queste popolazioni, le caratteristiche ambientali e la disponibilità di risorse trofiche, il peso dei fattori di rischio ambientali ed antropici sono poco conosciuti. Pertanto, nell'ambito di un più generale accordo di programma (in fase di definizione) fra l'Assessorato all'Ambiente della Regione Basilicata e l'Istituto Nazionale per la Fauna Selvatica (INFS) viene avviata una convenzione di ricerca con il Laboratorio di genetica dell'INFS per la realizzazione di un programma triennale di studio e di monitoraggio denominato: "La lontra in Basilicata". Il programma prevede la realizzazione delle seguenti attività principali: definizione di un network di raccolta (collaboratori locali qualificati) e di un sistema di catalogazione elettronica e cartografica di tutti i dati (georeferiti) di presenza della specie; il rilevamento e catalogazione dei bacini idrografici di presenza della specie; implementazione di protocolli di identificazione della presenza e stima della consistenza delle popolazioni, tramite: rilevamento delle tracce e dei siti di deposizione, sistemi di foto- e video-trappolaggio, raccolta degli spraints e gel, identificazione genetica (analisi del DNA fingerprinting); avvio di rilevamenti che consentano di descrivere la struttura delle principali popolazioni di lontra in aree di studio di particolare rilevanza (delimitazione territoriale; consistenza numerica, rapporto sessi, identificazione degli eventi riproduttivi e dei nuclei familiari), realizzati anche tramite tecniche di genetica non-invasiva; analisi della struttura geografica delle popolazioni, effettuata mediante approccio integrato cartografico e genetico (landscape genetics), al fine di valutare le conseguenze demografiche (connettività) e genetiche (flusso genico) della frammentazione spaziale; avvio di uno studio sulla qualità degli habitat (ripariali ed acquatici) e sull'ecologia trofica della specie (inclusa l'analisi degli escrementi per la descrizione della dieta), in aree di particolare rilevanza, al fine identificare i principali fattori di rischio per la conservazione

delle popolazioni; definizione di protocolli di monitoraggio dei principali parametri che consentano di descrivere accuratamente i trend demografici delle popolazioni di lontra in Basilicata. L'avvio e le varie fasi di realizzazione del progetto prevedono l'organizzazione di alcuni corsi di qualificazione tecnica del personale (incluse eventuali tesi di laurea e di dottorato, da definire tramite programmi di collaborazione con le università) coinvolto nel lavoro di campo. La realizzazione del progetto proseguirà nel triennio 2007-2009 anche utilizzando un finanziamento erogato dalla Regione Basilicata. La banca dati ed il sistema di monitoraggio consentirà di identificare i principali fattori di rischio e fornirà alla pubblica amministrazione (Regione, Province, Parchi nazionali, regionali ed altre aree protette) gli strumenti indispensabili per definire una strategia regionale di conservazione pienamente integrata nel Piano d'azione nazionale per la conservazione della lontra (in fase di elaborazione, Ministero dell'Ambiente e della Tutela del Territorio e delle Acque, INFS). Il piano d'azione indicherà le azioni pratiche che sarà necessario realizzare concretamente per migliorare lo stato di conservazione della lontra in Basilicata (ed in Italia). Nel 2007 è stata ospitato un ricercatore spagnolo presso il Laboratorio di genetica.

ANALISI DELLA DIVERSITÀ GENETICA IN POPOLAZIONI DI GATTO SELVATICO (*FELIS SILVESTRIS*)

Responsabile: *E. Randi*
Collaboratori: *R. Oliveira*
F. Davoli
Finanziamenti: *MATTM*
Università di Oporto
~~*Parco Nazionale delle Foreste Casentinesi*~~

È proseguita la ricerca di marcatori genetici che consentano di identificare ibridi tra Gatto selvatico e domestico. Continua il programma di dottorato di ricerca in collaborazione con l'Università di Oporto (Portogallo), per lo studio della variabilità genetica nelle popolazioni europee di Gatto selvatico. E' stata avviata una collaborazione con la prof. Lesile Lyons (Università di Davis, USA) per la definizione di un protocollo di identificazione degli ibridi fra gatto selvatici e gatto domestico. All'interno di questo programma nel 2007 è stato avviata una collaborazione con il Parco Nazionale delle Foreste Casentinesi:

Espansione dell'areale appenninico di Felis silvestris silvestris: il gatto selvatico nelle Foreste Casentinesi

Responsabile: *E. Randi*
Collaboratori: *F. Davoli*
Finanziamenti: *Parco Nazionale delle Foreste Casentinesi*

Recentissime foto ed analisi genetiche di campioni biologici non-invasisi hanno accertato la presenza di una popolazione di gatto selvatico nel nord delle Marche (Montefeltro) e nelle Foreste Casentinesi. I dati indicano una fase di espansione settentrionale oltre il confine storico della distribuzione del gatto selvatico, rafforzando il ruolo delle Foreste Casentinesi. Il programma si propone di sviluppare uno studio approfondito, multidisciplinare (trappolamento fotografico; trappolamento meccanico; campionamenti non-invasivi), a lungo termine, su un fenomeno biogeografico-ecologico di alto interesse zoologico e conservazionistico, in collaborazione le Riserve Naturali UTB, il Coordinamento Territorio Ambiente CFS del Parco, il Museo di Ecologia di Meldola,

l'Università degli Studi di Perugia.

MONITORAGGIO GENETICO DEL LEOPARDO DELLE NEVI (*PANTHERA UNCIA*) NEL PARCO NAZIONALE DEL SAGARMATHA IN NEPAL.

Responsabile: *E. Randi*
Collaboratori: *N. Mucci*
Finanziamenti: *CNR*

Negli ultimi anni, il ritorno del leopardo delle nevi (*Panthera uncia*) nel Parco Nazionale del Sagarmatha in Nepal, è stato documentato da diverse testimonianze locali e dal ritrovamento delle tracce di marcatura del territorio. L'avvistamento di questi animali è però un evento estremamente raro, sia a causa del loro carattere elusivo, sia a causa della vastità dei territori che occupano. In questo progetto sono stati utilizzati campioni fecali trovati sul terreno, presumibilmente appartenenti a leopardi della neve presenti nell'area, con lo scopo di ottenere le informazioni sul numero di individui presenti nell'area di studio. L'analisi del mtDNA dei campioni raccolti nel 2007 ha consentito di individuare la presenta del leopardo *Panthera pardus* in simpatria con l'accertata presenza del leopardoi delle nevi *Panthera uncia* e di *Prionailurus bengalensis.* Senza le identificazioni genetiche la presenza di *Panthera pardus* e *Prionailurus bengalensis non sarebbe stata accertata. Inoltre parte degli escrementi raccolti (ed utilizzato come indicatori di presenze oltre che per l0'analisi della dieta) sarebbe stat erroneamente attribuita a leopardo delle nevi.* L'analisi dei microsatelliti ha permesso di individuare 7 individui: 4 individui appartenenti alla specie *Panthera uncia*, 2 individui appartenenti alla specie *Panthera pardus* e 1 individuo appartenente alla specie *Prionailurus bengalensis.* A differenza di quanti è stato finora riportato dalle testimonianze locali, il leopardo delle ~~nevi non è l'unico grande felino che abita l'area del Parco Nazionale del Sagarmatha;~~ nonostante l'elevata altitudine anche il lepopardo e il gatto leopardo del Bengala, in base ai risultati genetici ottenuti, risultano presenti in questi aree. L'incremento del campionamento nelle sessioni future potrà sicuramente aggiungere informazioni sia sulla presenza di questo felino, sia sulla presenza del *Prionailurus bengalensis*, che comunque risulta una specie ampiamente distribuita in molte zone dell'Asia. Un'altra informazione di grande importanza riguarderà sicuramente la determinazione del sesso dei genotipi utilizzati; al momento è ancora in corso la ricerca di un marcatore per la determinazione del sesso che sia utilizzabile con DNA scarso e degradato.

ANALISI GENETICHE A SUPPORETO DELL'APPLICAZIONE DELLA CONVENZIONE DI WASHINGTON CITES

Responsabile: *E. Randi*
Collaboratori: *N. Mucci*
Finanziamenti: *MATTM*

Nel 2006 si è continuato a svolgere attività diagnostica, a supporto dell'applicazione della Convenzione di Washington – CITES, in collaborazione con la Direzione Conservazione della Natura del Ministero dell'Ambiente e della Tutela del Territorio e del Mare, ed in particolare con la Commissione Scientifica CITES, oltre che con l'Autorità di Gestione CITES presso il Ministero delle Politiche Agricole. Le analisi genetiche consentono la verifica delle dichiarazioni degli allevatori che richiedono certificazioni di nascita in cattività di specie CITES. L'attività di controllo genetico della riproduzione in cattività delle specie CITES svolta dal Laboratorio di genetica dell'INFS consente di garantire: - la realizzazione di analisi di DNA *fingerprinting* finalizzate ad ottenere l'identificazione

individuale in esemplari di specie di Appendice I e II della CITES sequestrati e/o confiscati dall'Autorità Giudiziaria; - la realizzazione di analisi di DNA *fingerprinting* in esemplari di specie di Appendice I e II della CITES relativi alle dichiarazioni di nascita o riproduzione in cattività per il controllo e la conseguente certificazione delle relazioni di parentela dichiarate dai proprietari;- la realizzazione di analisi genetiche in gruppi allevati di individui di specie inserite in programmi di conservazione internazionale, anche in confronto alla di genotipi individuali ed alla variabilità genetica delle popolazioni naturali; - il continuo aggiornamento dei sistemi di *markers* molecolari disponibili, e lo sviluppo di nuove metodiche di analisi genetica che consentono di effettuare l'identificazione individuale degli esemplari campionati presenti nella banca del DNA, in modo tale che essi siano riconoscibili in qualsiasi contesto e situazione, e che le loro presunte relazioni di parentela possano essere obiettivamente verificate; - il supporto tecnico alle attività di campionamento svolte dal Corpo Forestale dello Stato (CFS); il supporto tecnico-scientifico alla Commissione Scientifica CITES ed alla Direzione Conservazione della Natura per l'adempimento degli obblighi nazionali e internazionali connessi con la tutela delle specie faunistiche inserite nelle Appendici della Convenzione di Washington

FILOGEOGRAFIA DELLO SCOIATTOLO (*SCIURUS VULGARIS*)

Responsabile: *E. Randi*
Collaboratori: *A. Grill*
Finanziamenti: *EU Programma Marie Curie*

E' stato concluso un progetto finanziato della Unione Europea, tramite una borsa di studio Marie-Curie, per lo studio della diversità genetica e filogeografia delle popolazioni italiane ed europee di scoiattolo comune. Nel corso dei due anni di permanenza presso il Laboratorio di genetica dell'Istituto Nazionale per la Fauna Selvatica, la Dr.ssa Andrea Grill, titolare della borsa di studio assegnatale nell'ambito del progetto GLIRES, contratto MEIF-CT-2005-514699, programma Marie Curie Intra – European Fellowships, ha completato il sequenziamento nucleotidico di geni mitocondriali e nucleari in un ampio numero di campioni di scoiattolo, *Sciurus vulgaris*, ottenuti da varie regioni degli Appennini centrali e meridionali e dalla regione alpina. Inoltre sono stati raccolti ed analizzati molti campioni provenienti da regioni mai studiate fino ad ora, come, per esempio, la Russia e la Cina. E' stato infine raccolto ed analizzato materiale museale, proveniente da collezioni in Europa ed in Asia. Le sequenze nucleotidiche del DNA mitocondriale sono state integrate con genotipizzazioni a loci microsatelliti. I due insiemi di dati hanno consentito di descrivere ed analizzare la variabilità genetica nelle popolazioni di scoiattolo, sia a livello mitocondriale (marcatore aploide ed uniparentale a trasmissione genetica materna) che a livello del genoma nucleare (i microsatelli sono, infatti, marcatori genetici cromosomici, diploidi ed a trasmissione genetica biparentale). Questo set di dati ha consentito di ottenere una ricostruzione della distribuzione geografica della variabilità genetica e della struttura filogeografica delle popolazioni di scoiattolo, in un ambito territoriale che copre quasi l'intera distribuzione della specie, dal Portogallo all'Asia. La grande maggioranza degli individui analizzati possedeva sequenze mitocondriali fra di loro molto simili. Anche i campioni provenienti da regioni geograficamente molto distanti, come la Siberia e la Cina, sono apparsi geneticamente molto simili. Questi campioni sono pure risultati molto simili alle popolazioni europee. Il risultato più rilevante è quindi dato dalla grande distanza genetica che, in contrasto, è stata rilevata fra le popolazioni calabresi e tutte le altre popolazioni mondiali di scoiattolo. Le popolazioni di scoiattolo in Calabria, infatti presentano distanze genetiche che possono

essere comparate con le distanze genetiche esistenti fra altre specie di scoiattolo, come per esempio, lo scoiattolo del Giappone, oppure lo scoiattolo del Nord America. Da questo punto di vista, la popolazione di scoiattolo calabrese potrebbe essere considerata come una specie distinta e nuova. I risultati delle analisi dei loci microsatellite indicano inoltre che il flusso genico fra le popolazioni di scoiattolo in Calabria, e le altre popolazioni in Appennino centro-meridionale, è praticamente nullo, suggerendo che gli scoiattoli calabresi sono geneticamente e, quindi, riproduttivamente isolati, o che il flusso genico fra di loro è molto limitato. Al fine di analizzare le eventuali conseguenze genetiche dovute all'introduzione dello scoiattolo grigio, *Sciurus carolinenesis*, in alcune aree alpine in nord Italia, sulle popolazioni autoctone di scoiattolo rosso, sono stati analizzati campioni provenienti dalle province di Genova e Torino, utilizzando i medesimi marcatori mitocondriali e microsatellite che sono stati utilizzati per le analisi di genetica delle popolazioni e di filogeografia. I risultati ottenuti non mostrano alcun effetto evidente di ibridazione fra le due specie. Infatti, nessuno degli scoiattoli autoctoni analizzati conteneva sequenze di DNA mitocondriale o alleli microsatellite di *S. carolinensis*, o vice versa.

LABORATORIO DI GENETICA. PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE 2007

- Barilani M, Bernard-Laurent A, Mucci N, Tabarroni C, Kark S, Perez Garrido J-A, Randi E (2007) Hybridisation with introduced chukars (*Alectoris chukar*) threatens the gene pool integrity of native rock (*A. graeca*) and red-legged (*A. rufa*) partridge populations. Biological Conservation, 137: 57-69
- Barilani M, Sfougaris A, Giannakopoulos A, Mucci N, Tabarroni C, Randi E (2007) Detecting introgressive hybridisation in rock partridge populations (*Alectoris graeca*) in Greece through Bayesian admixture analyses of multilocus genotypes. Conservation Genetics. DOI 10.1007/s10592-006-9174-1
- Ruiz-García M, Randi E, Martínez-Agüero M, Alvarez D (2007) Relaciones filogenéticas entre géneros de ciervos neotropicales (Artiodactyla: Cervidae) mediante secuenciación de ADN mitocondrial y marcadores microsatelitales. Rev. Biol. Trop. (Int. J. Trop. Biol. ISSN-0034-7744) Vol. 55 (2): 723-741
- Elena Fabbri, Christian Miquel, Vittorio Lucchini, Alberto Santini, Romolo Caniglia, Christophe Duchamp, Jean-Marc Weber, Benoît Lequette, Francesca Marucco, Luigi Boitani, Luca Fumagalli, Pierre Taberlet and Ettore Randi. 2007. From the Apennines to the Alps: Colonization genetics of the naturally expanding Italian wolf (*Canis lupus*) population. Molecular Ecology. 16: 1661–1671
- Randi E (2007) Detecting hybridisation between wild species and their domesticated relatives. Molecular Ecology. Molecular Ecology, 17, 285–293
- Mucci N, Randi E (2007) Sex identification of Eurasian otter (*Lutra lutra*) non-invasive DNA samples using ZFX/ZFY sequences. Conservation Genetics; DOI 10.1007/s10592-007-9303-5
- Mona S, Randi E, Tommaseo-Ponzetta M (2007) Evolutionary history of the genus *Sus* inferred from cytochrome b sequences. Molecular Phylogenetics and Evolution
- Santini A, Lucchini V, Fabbri E, Randi E (2007) Ageing and environmental factors affect PCR success in wolf (Canis lupus) excremental DNA samples. Molecular Ecology Notes, 7, 955–961
- Greger Larson, Thomas Cucchi, Masakatsu Fujita, Elizabeth Matisoo-Smith, Judith Robins, Atholl Anderson, Barry Rolett, Matthew Spriggs, Gaynor Dolman, Tae-Hun Kim, Nguyen Thi Dieu Thuy, Ettore Randi, Moira Doherty, Rokus Awe Due, Robert Bollt,

Tony Djubiantono, Bion Griffin, Michiko Intoh, Emile Keane, Patrick Kirch, Kuang-Ti Li, Michael Morwoodq, Lolita M. Pedrin˜ar, Philip J. Pipers, Ryan J. Rabettt, Peter Shooteru, Gert Van den Bergh, Eric West, Stephen Wickler, Jing Yuan, Alan Cooper, and Keith Dobney. 2007. Phylogeny and ancient DNA of Sus provides insights into neolithic expansion in Island Southeast Asia and Oceania. PNAS, 104 _ no. 1:24834–4839

- Randi E (2007) Museum collections for the study of genetic diversity. Hystrix It. J. Mamm., 18 (2) (2007): 157-171
- Randi E, Mengoni C, Mucci N (2007). Genetica della lepre italica (*Lepus corsicanus*): evoluzione, speciazione ed assenza di ibridazione interspecifica. Atti delle Giornate internazionali sulla lepre italica. Piaggine (SA), 9-11 novembre 2007
- Randi E, Mucci N, Barilani M. (2007) Variabilità genetica delle popolazione selvatiche e conservazione dei ceppi autoctoni nazionali, sia ai fini di una corretta gestione degli ungulati che ai fini della conservazione, produzione e ripopolamento della piccola selvaggina. In: Lucifero M, Genghini M (2007). Valorizzazione agro-forestale e faunistica dei territori collinari e montani. INFS, MIPAF, STERNA. Ed. Grafiche 3B, Toscanella di Dozza (BO)

PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE 2007 IN STAMPA

- Salit Kark, Lilach Hadany, Uriel N. Safriel, Imanuel Noy-Meir, Niles Eldredge, Cristiano Tabarroni, and Ettore Randi.. How does genetic diversity change towards the range periphery? An emprical test. Evolutionary Ecology Research
- Cino Pertoldi, J. Stuart F. Barker, Aksel Bo Madsen, Hanne Jørgensen, Ettore Randi, Joaquín Muñoz, Hans J. Baagoe and Volker Loeschcke. Spatio-temporal population genetics of the Danish pine marten (Martes martes). Biological Journal of the Linnean Society
- Oliveira R, Godinho R, Randi E., Alves P. C. Hybridization vs conservation: are domestic cats threatening the genetic integrity of European wildcat (Felis silvestris silvestris) populations in Iberian Peninsula? Are domestic cats threatening the genetic integrity of European wildcat (*Felis silvestris silvestris*) populations in Iberian Peninsula? Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences
- Jonas Eriksson, Greger Larson, Ulrika Gunnarsson, Bertrand Bed'hom, Michele Tixier-Boichard, Lina Stromstedt, Dominic Wright, Annemieke Jungerius, Addie Vereijken, Ettore Randi, Per Jensen, Leif Andersson. Identification of the Yellow Skin Gene Reveals a Hybrid Origin of the Domestic Chicken. PLoS Genetics
- Elsemarie Kragh Nielsen, Carsten Riis Olesen, Cino Pertoldi, Peter Gravlun, J.S.F. Barker, Nadia Mucci, Ettore Randi and Volker Loeschcke.. Genetic structure of the Danish red deer (Cervus elaphus). Molecular Ecology
- Vincenzo Gervasi, Paolo Ciucci, John Boulanger, Mario Posillico, Cinzia Sulli, Stefano Focardi, Ettore Randi, and Luigi Boitani. A preliminary estimate of the Abruzzo brown bear (Ursus arctos marsicanus) population size based on hair-snag sampling and multiple data-source mark-recapture Huggins models. Ursus
- Mattia Brambilla, Severino Vitulano, Fernando Spina, Nicola Baccetti, Gabriel Gargallo, Elena Fabbri, Franca Guidali, Ettore Randi .A molecular phylogeny of the Sylvia cantillans complex: cryptic species within the Mediterranean basin. Molecular Phylogenetics and Evolution