



Ecologia

*IX Congresso Nazionale
Società Italiana di Ecologia*

Programma e riassunti dei contributi

a cura di

Alberto Basset, Laura Fedele

Edizioni del Grifo - Lecce

RANDI ETTORE, LUCCHINI VITTORIO, TABARRONI CRISTIANO

Istituto Nazionale per la Fauna Selvatica, Ozzano dell'Emilia (BO)

STRUTTURA FILOGEOGRAFICA IN POPOLAZIONI PALEARTICHE DI GALLIFORMI (TETRAONIDI ED ALECTORIS)

La maggior parte delle specie di galliformi è stanziale, ha scarse attitudini al volo e quindi, presumibilmente, presenta ridotte potenzialità di dispersione e di flusso genico. Ciò potrebbe incrementare il differenziamento genetico fra popolazioni conspecifiche e gli adattamenti alle condizioni ecologiche locali. Inoltre, le popolazioni italiane ed europee di specie che vivono in ambienti alpini, possono avere colonizzato i loro attuali areali distributivi solo recentemente, cioè alla fine dell'ultima glaciazione. È quindi possibile che le popolazioni di queste specie presentino microdifferenziamenti genetici e struttura filogeografica, indici di restrizioni locali di flusso genico, dell'esistenza di aree di rifugio glaciali e della direzione delle vie di ricolonizzazione postglaciale. In questa comunicazione si presentano risultati di analisi comparate della variabilità genetica della regione di controllo del DNA mitocondriale in popolazioni di due specie di *Alectoris* (chukar e coturnice) e due specie di tetraonidi (pernice bianca e gallo forcello). Popolazioni di chukar, campionate lungo un gradiente climatico ed ambientale, dal nord mediterraneo al sud desertico, in Israele, mostrano differenze genetiche significative anche su scala geografica estremamente ridotta (popolazioni separate da distanze di poche decine di km).

Popolazioni di coturnice campionate dall'intero areale della specie mostrano divergenza genetica significativa e struttura filogeografica, attribuibile all'antico isolamento della Sicilia, al più recente contatto fra popolazioni balcaniche e dell'Appennino centrale italiano, a seguito del parziale dessiccamento dell'Adriatico, ed alla probabile ricolonizzazione postglaciale delle Alpi tramite due diverse vie (occidentale ed orientale). Le due specie di tetraonidi hanno variabilità e struttura genetica contrastanti, probabilmente in conseguenza delle differenti storie delle popolazioni nel corso del Pleistocene.

DAMMANN P.^{*}, CAPPUCCIO I.^{*}, MARCHITELLI C.^{*}, BAGLIACCA M.^{**},
AJMONE-MARSAJAN P.^{***}, VALENTINI A.^{*}

^{*} Istituto di Zootecnia, Università della Tuscia, Viterbo, Italy

^{**} Dip. Prod. Anim., Università di Pisa, Pisa, Italy

^{***} Istituto di Zootecnia, Università del S. Cuore, Piacenza, Italy

MARCATORI MOLECOLARI RAPD, MICROSATELLITI E AFLP PER LA STIMA DELLA VARIABILITÀ GENETICA IN POPOLAZIONI DI FAGIANI

Le popolazioni di fagiano presenti oggi in Italia sono costituite da ibridi delle sottospecie di *Phasianus colchicus* dei gruppi "colchicus", "mongolicus" e "torquatus"

e delle due sottospecie del *Phasianus versicolor*. Allo scopo di analizzare le differenze tra i ceppi di fagiano allevati o comunque importati a scopo venatorio, da una popolazione di fagiani autoriproducentesi allo stato selvatico, sono stati tipizzati con marcatori molecolari 20 soggetti di tre popolazioni, due provenienti da allevamento e una selvatica presente in una zona protetta della bassa Toscana. Sono stati utilizzati marcatori RAPD's, microsattelliti e AFLP. Il primo tipo di marcatori è stato utilizzato per stimare le distanze genetiche entro e tra popolazioni, mentre per gli altri due vengono presentati alcuni aspetti metodologici e viene discussa la loro potenzialità in confronto ai RAPD's. Sono state stimate distanze genetiche basate sia sulle frequenze geniche (Nei Da, Ds, Fst) che sulla presenza/assenza di alleli (Dice, Jaccard, Band Sharjng). Le misure sono state confrontate tra di loro rispetto ai coefficienti di variazione. Attraverso la procedura del bootstrapping sono stati determinati il numero minimo di marcatori e di individui necessari per una adeguata classificazione delle popolazioni.

ANDREANI PAOLO

Dipartimento di Scienze Ambientali, Università della Tuscia, Viterbo

RANA LESSONAE E R. ESCULENTA: UN TEST PER IL VALORE ADATTATIVO DELL'ETEROZIGOSI

La capacità delle specie di rispondere alle modificazioni ambientali, dipende da diversi fattori, uno dei quali è certamente la loro struttura genetica.

Tra le specie che presentano queste spiccate capacità adattative, vi sono le specie ibride che, per la loro origine, possiedono un elevato grado di eterozigosi genomica.

Le rane verdi del complesso *Rana esculenta*, si prestano molto bene allo studio di tale fenomeno; le due specie che lo compongono sono infatti strettamente imparentate tra loro. *R. esculenta*, si è originata dall'incrocio tra *R. lessonae* e *R. ridibunda*, e ciò le conferisce una maggiore adattabilità rispetto ai parentali sintopici. Inoltre in Italia sono presenti diversi emicloni del genoma *ridibunda* in *esculenta* che determinano un incremento della variazione genetica della specie *R. esculenta*.

Si riportano i dati ottenuti attraverso l'analisi di sei transetti realizzati in diverse regioni d'Italia. Confrontando i valori dell'Indice Biotico Esteso con le frequenze relative delle due specie *R. esculenta* e *R. lessonae*, si evidenzia come ad un livello di stress maggiore, si associ una elevata percentuale di *R. esculenta*, mentre in ambienti di buona qualità prevale generalmente *R. lessonae*.

La buona correlazione osservata tra I.B.E. e complesso *R. esculenta*, indica il possibile uso delle rane verdi come bioindicatori.