

CARATTERIZZAZIONE, CONSERVAZIONE E
MIGLIORAMENTO DEI CEPPI LOCALI DI FAGIANO
(*PHASIANUS COLCHICUS* L.). PRIMI RISULTATI

CHARACTERISATION, CONSERVATION AND STRENGTHENING OF
LOCAL STRAINS OF THE PHEASANT (*PHASIANUS COLCHICUS* L.).
FIRST RESULTS

MARCO BAGLIACCA ⁽¹⁾; IRENE CAPPUCCIO ⁽²⁾, GISELLA PACI ⁽¹⁾, ERICA LISI ⁽³⁾,
ALBERTO PROFUMO ⁽³⁾, PAOLO MANI ⁽⁴⁾, ALESSIO VALENTINI ⁽²⁾

RIASSUNTO

Al fine di una corretta gestione del fagiano è stata studiata la variabilità genetica e le caratteristiche produttive in cattività delle popolazioni naturali (od almeno autoriproducendosi allo stato selvatico) di *Phasianus colchicus*. Per la prova sono stati raccolti 99 campioni di DNA in 21 differenti Zone di Ripopolamento e Cattura appartenenti a 6 diversi Ambiti Territoriali di Caccia del Centro Italia. Un gruppo di fagiani catturati nelle ZRC della Provincia di Firenze è stato inoltre trasferito in allevamento. Tre loci microsatelliti (GUJ23, GUJ59 e GUJ86), individuati su coturnice ed in grado di amplificare il DNA di fagiano, sono risultati polimorfici sui campioni di fagiano raccolti. L'analisi dei dati genetici ha mostrato come una proporzione significativa della variabilità genetica venga spiegata dalla diversa localizzazione geografica pur mantenendosi una sufficiente variabilità all'interno degli individui provenienti dalla stessa area. Le performance dei fagiani selvatici mantenuti in cattività sono risultate fortemente ridotte rispetto al ceppo di allevamento. Nonostante il ridotto numero di loci tipizzato nella presente ricerca preliminare, la già evidente attribuzione degli individui alle rispettive località di provenienza dimostra come il genotipo multilocus sembri differire chiaramente fra le aree/popolazioni individuate. Il sistema di introdurre fagiani selvatici di cattura negli allevamenti per produrre selvaggina da ripopolamento deve quindi attenersi al principio di precauzione con la conseguenza che i riproduttori selvatici devono essere catturati nella stessa area geografica dove poi si libereranno, per il ripopolamento, i loro figli.

Parole chiave: fagiano, genetica di popolazione, gestione, ripopolamento.

⁽¹⁾ Dipartimento di Produzioni Animali, Direttore Prof. Paolo Verità.

⁽²⁾ Dipartimento di Produzioni Animali, Università della Toscana.

⁽³⁾ Titolare di contratto di ricerca, Dipartimento di Produzioni Animali, Direttore Prof. Paolo Verità.

⁽⁴⁾ Dipartimento di Patologia Animale, Profilassi e Igiene degli alimenti, Direttore Prof. Giovanni Braca. Ricerca effettuata con fondi MiPAF. Risultati presentati a: International Symposium on Managing Partridges and other Game in the Agricultural Landscape, Udine 22nd to 25th October 2003. Si ringrazia gli Ambiti Territoriali di Caccia e le Province della Toscana e dell'Umbria per la collaborazione e la cattura dei fagiani selvatici utilizzati nella presente ricerca.

SUMMARY

Captivity rearing of wild pheasant is changing from an experimental to a commercial technology. Good results are observed after pheasant release of the offspring obtained from captured animals, therefore we wanted to test the genetic and productive characteristics of wild pheasants living in different protected areas (ZRC) of Central Italy.

In order to estimate the level of genetic variability present in the natural populations of *Phasianus colchicus*, 99 samples of wild pheasants sampled in 6 different locations of Central Italy were genotyped with 3 microsatellite loci (GUJ23, GUJ59 and GUJ86), using pairs of primers developed for Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*) that were able to amplify in *Phasianus colchicus* and resulted polymorphic. In the meantime a sample of wild pheasant captured in different protected areas of the province of Florence were transferred in a breeding farm and the productive performance were recorded. The molecular data obtained were used to calculate the genetic differentiation within and between different pheasant populations (AMOVA, F-statistic) and a PCA was used to visualize the data. The observed homozygosity ranged between 0.33 +/- 0.12 and 1. 89% of molecular variance resulted located within populations. The mean Fis (inbreeding) resulted 0.234 while the mean Fst (differentiation between population) resulted 0.084. The productive performances of the captured pheasants confirmed the lower performance which can be obtained by just captured wild pheasants in respect to the offspring of the captured pheasants and the reared populations.

Key words: pheasant, genetic structure, production, wildlife-management.

INTRODUZIONE

L'allevamento in cattività di ceppi di fagiano di cattura (Santilli et al., 2002) sta passando da una fase sperimentale ad una fase commerciale. La preoccupazione che l'allevamento in cattività produca soggetti poco o per nulla adatti ad operazioni di reintroduzione o ripopolamento, a causa della mancanza della selezione naturale, dell'elevato rischio di consanguineità e a causa della selezione da parte dell'allevatore in favore dei soggetti più idonei alle condizioni di allevamento (Woodward et al., 1983), viene infatti bypassata con l'impiego di soggetti di cattura dal selvatico che conservano anche comportamenti differenziali (Profumo et al., 2000). Anche se l'aspetto genetico è solo uno dei fattori che può influire sulla "qualità" dei galliformi di allevamento (Dessì Fulgheri et al., 1998) non c'è dubbio che questo fattore debba essere attentamente valutato (Pielowski, 1981; Sage et al. 1992; Biadi e Theme, 1977; Mayot e Brouillard, 1993; Mayot et al., 1997).

Per questo motivo abbiamo ritenuto necessario effettuare uno studio sulle reali caratteristiche genetiche delle popolazioni di fagiano, autoriproducentesi in alcune delle zone precluse all'attività venatoria del Centro Italia, e valutare le performance riproduttive di alcuni soggetti catturati e costretti a riprodursi in condizioni di cattività.

MATERIALE E METODI

Per la prova sono stati utilizzati i fagiani catturati nelle Zone di Ripopolamento e Cattura e destinati alla traslocazione in territori dove la specie risultava rarefatta od assente. Durante il periodo di chiusura dell'attività venatoria, un totale di 99 campioni di DNA è stato raccolto in 21 differenti ZRC appartenenti a 6 diversi Ambiti Territoriali di Caccia della Toscana e dell'Umbria (Fig.1).



Fig. 1. Localizzazione dei campionamenti. *Geographic area of the samples.*

Tre loci microsatelliti (GUV23, GUV59 e GUV86) sviluppati nella quaglia (*Coturnix coturnix japonica*) sono risultati in grado di amplificare e sono risultati polimorfici anche sul DNA estratto dai campioni di fagiano raccolti.

36 femmine e 7 maschi provenienti dalla provincia di Firenze sono stati quindi trasferiti in un allevamento sperimentale per registrare le performance riproduttive sia dei soggetti catturati che della loro progenie.

I dati genetici sono stati analizzati mediante l'analisi della varianza molecolare (Peakall & Smouse, 2001), mediante l'analisi multivariata sui tre loci seguita dallo studio delle tre componenti principali della matrice delle distanze genetiche (Takezaki & Nei, 1996) e dall'analisi della struttura di popolazione (Software Structure with 100,000 burning and 10,000 permutations) (Pritchard et al., 2000). Il numero delle uova prodotte per femmina selvatica accasata è stato analizzato mediante l'analisi non parametrica (SAS, 2002).

RISULTATI E DISCUSSIONE

La produzione dei soggetti selvatici rilevata in condizioni di cattività (Fig. 2) ha confermato quanto rilevato in precedenti esperienze (Santilli et al., 2002). L'allevamento in cattività di fagiani provenienti dai ceppi selvatici è infatti realizzabile con relativa facilità anche se la produzione dei soggetti di nuova cattura è estremamente ridotta. Gli stessi animali aumentano la produzione l'anno successivo a quello della cattura e la loro progenie (nata all'interno dell'allevamento) produce un numero di uova per femmina comparabile con quello dei soggetti del ceppo di allevamento.

L'analisi della varianza molecolare (Fig. 3) ha mostrato come una proporzione significativa della variabilità genetica sia stata spiegata dalla diversa localizzazione geografica, pur mantenendosi una sufficiente variabilità all'interno degli individui provenienti dalla stessa area di cattura.

I risultati dell'AMOVA sono stati confermati dall'analisi delle componenti principali (Fig. 4): i genotipi sono stati infatti chiaramente discriminati sulla base della provenienza e la varianza spiegata delle prime tre componenti ha raggiunto il 92% della varianza totale osservata.

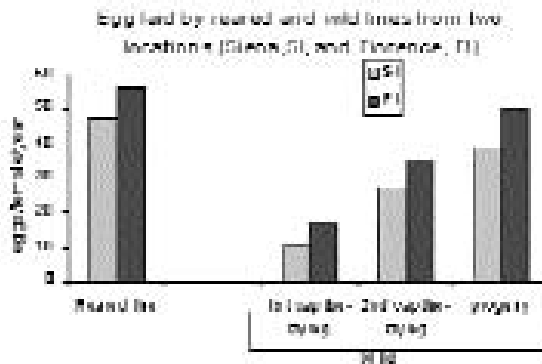


Fig. 2. Produzione dei fagiani selvatici in allevamento. *Performance of captive reared wild pheasants.*

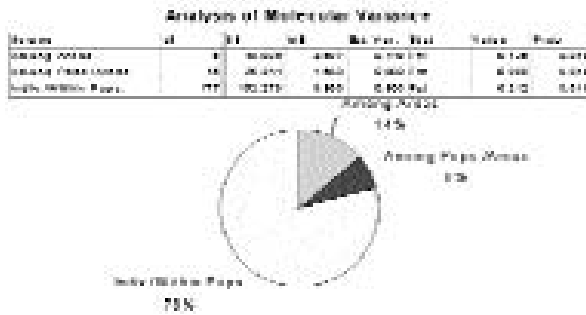


Fig. 3. Risultati dell’analisi della varianza molecolare. *Results of Molecular Variance.*

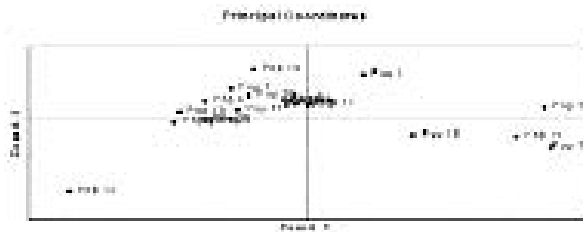


Fig. 4. Risultati dell’analisi delle prime due coordinate. *Principal co-ordinates results.*

Nonostante il ridotto numero di loci tipizzato nella presente ricerca preliminare, la già evidente attribuzione degli individui alle rispettive località di provenienza (Fig. 5) sembra dimostrare come il geno-

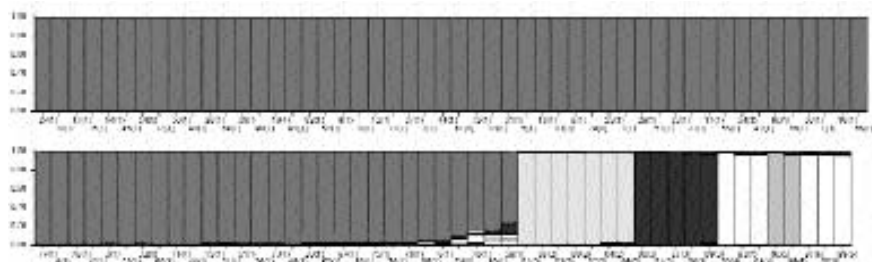


Fig. 5. Assegnazione fagiani alle diverse popolazioni sulla base dell'analisi genetica. *The genetically predicted pheasants-classification.*

tipo multilocus differisca chiaramente fra le aree/popolazioni individuate.

CONCLUSIONI

Nonostante il ridotto numero di loci tipizzato fino ad ora, la elevata probabilità che il genotipo multilocus differisca fra le diverse aree/popolazioni induce ad applicare il principio di precauzione al sistema di introdurre fagiani selvatici di cattura negli allevamenti per produrre selvaggina da ripopolamento. Ne consegue che in questa fase è tassativo che i fagiani selvatici catturati provengano dalla stessa area geografica dove poi si libereranno i soggetti da ripopolamento. Non va dimenticato però che se i fagiani di cattura possono adattarsi a vivere e riprodursi in cattività mantenendo le loro caratteristiche genetiche, le generazioni che discendono dai soggetti catturati rappresenteranno solo una parte del patrimonio genetico che caratterizzava i fagiani originariamente catturati. La “selezione di allevamento” infatti eliminerà progressivamente i soggetti a maggior fitness selvatica e potrà trasformare, in un tempo relativamente breve, il “genotipo selvatico” in un altro ceppo di allevamento.

BIBLIOGRAFIA

BIADI F., THEMÈ A. (1977). Evolution comparée sur meme territoire de faisans naturelles e de faisans issus d'élevage. Bull. Mens. ONC n. special, 11: 5-46.

- DESSÌ FULGHERI F., PAPESCHI A., BAGLIACCA M., MANI P., MUSSA P.P. (1998). Linee guida per l'allevamento di galliformi destinati al ripopolamento e alla reintroduzione. Regione Toscana, Ed. ARSIA, 31.
- MAYOT P., BROUILLARD, R.(1993). Adaptation en nature de deux souches de faisans commun. Bull. mens. ONC, 177: 18-23.
- MAYOT P., CAMUS C., LENORMAND O. (1997). Adaptation en nature de différentes souches de faisans. Bull. Mens. ONC, 221: 18-23.
- PEAKALL R., SMOUSE P.E. (2001). GenAlEx V5: Genetic Analysis in Excel. Population. Genetic software for teaching and research. Australian National University, Canberra, Australia, 29.
- PIELOWSKI V.Z. (1981). Weitere unter-suchungen uber den wert des zucht-materials von fasanen zum Aussetzen. Z. Jadwiss, 27: 102-109.
- PRITCHARD J.K., STEPHENS M., DONNELLY P. (2000). Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. Genetics, 155: 945-959.
- PROFUMO A., BAGLIACCA M. SANTILLI F., MAZZONI DELLA STELLA R. (2000). Differenze comportamentali fra fagiani di origine selvatica e di allevamento. Atti 54° Cong. SISVet, Riva del Garda (TN), 443-444. SIS Vet Annual Meeting selected abstract. PVI Publisher 3: 132.
- SAGE R., BROWNING L., ROBERTSON P. (1992). Does genetic origin influence flying ability, survival or breeding success in released pheasants. J. Wild. Manag., 24: 81-82.
- SANTILLI F., MAZZONI DELLA STELLA R., MANI P., BAGLIACCA M. (2002). Parametri riproduttivi e morfologici di fagiani selvatici e di allevamento. Ann. Fac. Med. Vet. Università di Pisa (ISSN 0365-4729) 55: 389-404.
- SAS (2002). JMP® Statistical and Graphics Guide. SAS Institute Inc. Cary NC. USA. ISBN 1-59047-070-2.
- TAKEZAKI N., NEI M. (1996). Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. Genetics, 144 (1): 389-399.
- WOODWARD A.E., ABPLANALP H., PISENTI J.M., SNYDER L.R. (1983). Inbreeding effect on reproductive traits in the ring-necked pheasant. Poultry Science, 62: 1725-1730.