

Sessanta, quando la specie è sopravvissuta in centro-sud Italia con circa 10 gruppi apparentemente isolati per un totale di meno di 100 animali.

L'espansione lungo tutta la dorsale appenninica della popolazione italiana di Lupo è iniziata nella seconda metà degli anni Settanta ed ha portato alla colonizzazione di aree sino ad allora periferiche ed alla ricolonizzazione di alcune località delle Alpi sud-occidentali francesi (Parco del Mercantour). Negli ultimi anni la popolazione alpina di Lupo si è ulteriormente espansa in Francia ed ha raggiunto la Svizzera.

Si è riproposto pertanto il problema dell'analisi delle cause e delle conseguenze dell'espansione dell'areale del Lupo, ed in particolare si pongono due problemi di tipo genetico:

- a) l'analisi della diversità genetica della popolazione per accertare eventuali episodi di ibridazione con il cane;
- b) la descrizione della diversità genetica tra popolazioni europee per individuare l'origine delle nuove colonie, in particolare per discriminare tra lupi di origine italiana e lupi originati da rilasci illegali da zoo, recinti, ecc.

Per analizzare queste problematiche si sono sviluppate metodologie per l'amplificazione ed il sequenziamento nucleotidico della regione di controllo del DNA mitocondriale (mtDNA), tramite l'uso della reazione di polimerizzazione *in vitro* del DNA (PCR). La regione di controllo è la porzione del mtDNA che evolve più rapidamente, e quindi è in grado di evidenziare differenze genetiche anche tra popolazioni di recente divergenza. Poichè il mtDNA è molecola ereditata esclusivamente per via materna, è stata sviluppata l'analisi di marcatori genetici ipervariabili nucleari in grado di descrivere anche la variabilità genetica di origine paterna. Per questo motivo sono state sperimentate metodologie per l'analisi dei microsatelliti, loci nucleari ipervariabili. Sono stati messi a punto protocolli di amplificazione e di analisi di circa 12 loci microsatelliti, originalmente sviluppati nel cane, in grado di funzionare anche nel Lupo. L'analisi delle sequenze del mtDNA e dei loci microsatelliti è stata effettuata utilizzando un sequenziatore automatico ABI 373. Pertanto tutti i metodi di amplificazione, di sequenziamento e di separazione elettroforetica dei loci microsatelliti sono stati ottimizzati per l'analisi automatica.

Utilizzando queste metodologie sono stati analizzati circa 220 campioni di Lupo provenienti dalla popolazione italiana, che sono stati confrontati con

campioni provenienti da altre popolazioni europee e con campioni di cane.

L'analisi della variabilità genetica della regione di controllo del mtDNA si è rivelata utile per identificare differenze genetiche fra le diverse popolazioni locali in ambito europeo. Inoltre, la regione di controllo del mtDNA presenta sequenze differenti in Lupo e cane, sequenze che consentono di individuare eventuali ibridi.

Risultati ottenuti tramite l'analisi del mtDNA

1. La popolazione italiana di Lupo è risultata essere monomorfa, cioè in tutti gli esemplari analizzati è presente un unico tipo di mtDNA. L'assenza di variabilità genetica al mtDNA può essere la conseguenza del declino demografico e dell'isolamento della popolazione italiana di questa specie.
2. L'aplotipo mitocondriale presente nella popolazione italiana di Lupo non è stato ritrovato in nessun'altra popolazione europea o Nord-americana. Pertanto questo aplotipo mitocondriale è unico e costituisce un marcatore genetico che consente di individuare in maniera non ambigua l'origine italiana dei campioni di Lupo.
3. L'aplotipo mitocondriale presente nella popolazione italiana di Lupo non è mai stato trovato in nessuna delle razze di cane esaminate fino ad ora. Pertanto l'aplotipo mitocondriale del Lupo italiano costituisce un marcatore genetico utile per l'identificazione di eventuali genotipi ibridi (risultanti da incroci fra Lupo e cane), come pure per l'identificazione di eventuali zone di introgressione di geni di origine domestica in popolazioni di Lupo.
4. Nessuno dei lupi italiani analizzati fino ad ora ha mostrato la presenza di genotipi di cane. I risultati di queste analisi pertanto consentono di escludere che l'ibridazione fra cane e Lupo sia un fenomeno diffuso in Italia.
5. Al contrario, in campioni di Lupo provenienti da popolazioni del nord Europa (Scandinavia) e dell'est Europa (Romania e Bulgaria) sono stati trovati ibridi. Tali ibridi sono caratterizzati dalla presenza di aplotipi mitocondriali di cane in fenotipi che presentano caratteristiche anomale rispetto al *pattern* di colore tipico del Lupo.
6. Le popolazioni di Lupo dell'Europa orientale presentano elevata variabilità mitocondriale. Queste popolazioni non hanno mai subito i drastici declini demografici che hanno subito le popolazioni italiane, ed in parte anche quelle

della Penisola Iberica, ed hanno, pertanto, mantenuto una diversità genetica più elevata. Tuttavia, in alcune di queste popolazioni sono presenti individui originati da incroci con il cane. Pertanto la presenza di cani vaganti, ferali o inselvaticiti costituisce una minaccia alla integrità del patrimonio genetico del Lupo in alcune aree d'Europa.

Risultati ottenuti tramite l'analisi dei microsatelliti

1. La popolazione italiana di Lupo presenta variabilità genetica ai loci microsatelliti analizzati. Tuttavia i valori di diversità allelica e di eterozigosi stimati nella popolazione italiana sono ridotti di circa il 50% rispetto alle popolazioni presenti in Europa centro-orientale. Quindi, anche a livello del genoma nucleare è possibile identificare una riduzione di variabilità nella popolazione italiana.
2. La struttura genotipica della popolazione di Lupo italiano è significativamente diversa dalla struttura genotipica delle altre popolazioni di Lupo che sono state analizzate in nord Europa ed in nord America. Tali differenze possono essere state generate sia dal declino demografico e dall'isolamento nel corso dell'ultimo secolo, sia da isolamenti più antichi della popolazione italiana in aree di rifugio glaciale dell'Italia meridionale nel corso del Pleistocene.
3. La struttura genetica delle razze di cane analizzate fino ad ora è significativamente diversa dalla struttura genetica del Lupo. Quindi l'analisi dei loci microsatelliti è utile per evidenziare le conseguenze dell'addomesticamento, oltre che per evidenziare eventuali genotipi ibridi.
4. Nella popolazione italiana di Lupo esistono alcuni loci microsatelliti con frequenze alleliche significativamente diverse rispetto a lupi provenienti da altre popolazioni europee e nord americane, e diverse rispetto ai cani. Questi loci sono pertanto utilizzabili come marcatori genetici per diagnosticare la presenza nella popolazione italiana di lupi originati da eventuali incroci con cani o con lupi di origine alloctona (ad esempio, esemplari provenienti da giardini zoologici o da privati e rilasciati, illegalmente, in natura).
5. Le analisi dei loci microsatelliti effettuate fino ad ora non hanno consentito di individuare alcun Lupo italiano che contenga alleli di origine domestica, confermando perciò la scarsa o forse del tutto assente ibridazione con il cane.

Tuttavia è stato trovato un Lupo che presentava un mantello di colore più scuro del normale, con una composizione allelica differente dall'atteso. Questo singolo individuo potrebbe essere il risultato di un rilascio di lupi di origine non italiana.

GATTO SELVATICO (*Felis silvestris*)

In Italia vivono tre forme di gatto (*Felis*): il Gatto selvatico europeo, il Gatto selvatico sardo ed il Gatto domestico, la cui tassonomia è incerta e discussa. Da un punto di vista storico, è noto che il Gatto selvatico è stato introdotto dall'uomo in Sardegna, molto probabilmente utilizzando gatti domestici o semidomestici provenienti dal Medio Oriente. Il Gatto è stato addomesticato, qualche migliaio di anni prima di Cristo, in Egitto, a partire da popolazioni di Gatto selvatico africano. Analisi morfometriche e biochimiche (elettroforesi degli enzimi), svolte in precedenza nel nostro Istituto, hanno consentito di considerare queste tre forme come sottospecie di un'unica specie politipica, *Felis silvestris*. Queste indicazioni si esprimono nella seguente nomenclatura: Gatto selvatico europeo *Felis silvestris silvestris*, Gatto selvatico sardo *Felis silvestris libyca*, Gatto domestico *Felis silvestris catus*. Un primo problema che si è posto è stato quello di definire più accuratamente l'entità della divergenza genetica fra le tre sottospecie, utilizzando tecniche di analisi del DNA.

Le popolazioni di Gatto selvatico sono relativamente frammentate in Italia peninsulare ed in Sardegna, e sono esposte al rischio di ibridazione con le numerose popolazioni di Gatto domestico che vivono allo stato ferale. Si è posto quindi il problema di identificare marcatori genetici che consentissero di classificare con sicurezza eventuali ibridi fra Gatto selvatico e Gatto domestico. Questi metodi di diagnostica su base molecolare sono stati poi utilizzati per elaborare una più precisa classificazione fenotipica (*pattern* del colore del mantello, craniometria quantitativa ed eventuali altre caratteristiche morfometriche) del Gatto selvatico e dei suoi eventuali ibridi.

La ricerca aveva lo scopo di:

- a) descrivere la struttura genetica delle popolazioni di Gatto selvatico presenti in Italia;
- b) individuare differenze genetiche utili a discriminare con sicurezza la forma

selvatica da quella domestica;

- c) identificare eventuali incroci fra Gatto selvatico e domestico e di definire eventuali zone ad elevato rischio di introgressione.

Anche in questo caso, analogamente a quanto fatto per il Lupo, sono state sviluppate metodologie di amplificazione ed analisi automatica della regione di controllo del mtDNA e di alcuni loci microsatelliti originalmente identificati nel Gatto domestico.

Risultati ottenuti tramite l'analisi del mtDNA

1. Le popolazioni di Gatto selvatico europeo, Gatto selvatico sardo e Gatto domestico in Italia ed in Europa presentano ampia variabilità genetica a livello del DNA mitocondriale. Tuttavia gli aplotipi mitocondriali non sono distribuiti differenzialmente e non consentono di individuare con chiarezza gatti che sono stati classificati come domestici (sulla base delle caratteristiche di colore del mantello e del modo di vita), oppure selvatici.
2. I vari aplotipi mitocondriali che sono stati individuati nei gatti selvatici e domestici studiati fino ad ora sono poco divergenti. Questo potrebbe essere il risultato di una recente origine delle popolazioni selvatiche e di un recente addomesticamento.
3. L'analisi di 8 loci microsatelliti conferma la presenza di elevata diversità genetica nelle popolazioni italiane ed europee di gatti selvatici e domestici. Tuttavia, anche a livello dei loci microsatelliti, la diversità genetica non è ripartita significativamente fra popolazioni di diversa origine. Non è quindi semplice identificare loci microsatelliti che possano essere utilizzati come marcatori genetici per individuare eventuali ibridi fra Gatto selvatico e domestico.
4. L'analisi della struttura genetica delle popolazioni di Gatto, l'identificazione degli effetti dell'addomesticamento e l'identificazione di eventuali ibridi richiede lo sviluppo di nuove tecniche di analisi statistica dei dati genetici, tecniche che sono attualmente allo studio.

STAMBECCO (Capra ibex) e CAMOSCIO (gen. Rupicapra)

Per queste specie si è proceduto al campionamento ed alla estrazione del DNA. Le metodologie di analisi del DNA sono in corso di sviluppo.

Sono state applicate metodologie di amplificazione ed analisi del gene per

il citocromo *b* del mtDNA. Tale gene viene utilizzato per l'analisi delle relazioni filogenetiche fra i generi *Rupicapra*, *Capra* ed *Ovis*. Sono stati inoltre sperimentati una serie di loci microsatelli, originalmente identificati in ceppi domestici di *Capra* ed *Ovis*, per lo sviluppo delle metodologie per l'analisi della variabilità genetica a livello delle popolazioni.

I risultati ottenuti indicano che:

1. *Stambecco*. Molti dei loci microsatelliti identificati in capre domestiche sono utilizzabili anche per analisi genetica delle popolazioni di Stambecco. Dati preliminari indicano che le popolazioni di Stambecco alpino presentano variabilità genetica ai loci microsatelliti. Tale variabilità è indubbiamente ridotta rispetto ad altre popolazioni selvatiche di *Capra*, che notoriamente non hanno subito i drastici declini demografici subiti dallo Stambecco alpino. Tuttavia, la variabilità genetica presente ai loci microsatelliti nelle colonie di Stambecco delle Alpi è sufficiente a descrivere le conseguenze genetiche delle reintroduzioni e della ricolonizzazione delle Alpi.
2. *Camoscio appenninico*. L'applicazione di loci microsatelliti di *Capra* allo studio della variabilità genetica delle popolazioni naturali di Camoscio è risultata più problematica. Dal punto di vista tecnico i microsatelliti di *Capra* non funzionano efficacemente in *Rupicapra*. Inoltre, il drastico declino demografico ed il prolungato isolamento della popolazione appenninica di Camoscio ne hanno ridotto la diversità genetica, rendendo difficile individuare loci variabili. Tali ricerche sono ancora in corso e proseguiranno nel futuro.

Pubblicazioni prodotte negli anni

1996

N. 1

- RANDI E., N. MUCCI, M. PIERPAOLI, V. LUCCHINI - Molecular evolution of mtDNA cytochrome b gene in Ungulate mammals. V International Congress of Systematics and Evolutionary Biology, Budapest, Ungheria, 17-24 agosto (in stampa).

1997

N. 4

- DOUZERY E., E. RANDI - The mitochondrial control region of *Cervidae*: Evolutionary patterns and phylogenetic content. *Molecular Biology and Evolution*, 14: 1154-1166.

- RANDI E., N. MUCCI - Evolution of mitochondrial DNA genes and phylogenetic relationships in the Caprinae. Abstract Volume 2nd World Conference on Mountain Ungulates, St. Vincent, Aosta (in stampa).
- RANDI E., N. MUCCI, M. PIERPAOLI, E. DOUZERY - New phylogenetic perspectives on the Cervidae (Artiodactyla) are provided by the mitochondrial cytochrome b gene. The Royal Society, Proc. Biol. Sciences, 265: 793-801.
- RANDI E., M. PIERPAOLI, A. DANILKIN - Mitochondrial DNA polymorphism in populations of Siberian and European roe deer. Heredity, 80: 429-437.

1998

N. 4

- PIERPAOLI M., F. RIGA, V. TROCCHI, E. RANDI - Analisi della variabilità genetica in popolazioni di *Lepus corsicanus* e *L. europaeus*. Il Congresso italiano di Mammalogia, Varese, 28-30 ottobre 1998 (in stampa).
- RANDI E. - Molecular systematics and cladistics. In: Atti I Colloquio Nazionale di Sistematica Cladistica, Memorie del Museo Civ. St. Nat. di Verona, II serie - Scienze della vita, 13: 41-45.
- RANDI E., E. DOUZERY - Molecular phylogeny and systematics of the Cervidae. 1st Euro-American Mammal Congress, Santiago de Compostela, Spain, 20-26 luglio 1998 (in stampa).
- RIGA F., M. PIERPAOLI, V. TROCCHI, E. RANDI, S. TOSO - What, if anything is the Italian hare? 1st Euro-American Mammal Congress, Santiago de Compostela, Spain, 20-26 luglio 1998 (in stampa).

1999

N. 7

- MUCCI N., M. PIERPAOLI, E. RANDI - Filogenesi e speciazione in *Cervus*: cervo europeo, wapiti e sika sono specie distinte che possono ibridizzare. In: Atti del IV Convegno Nazionale dei Biologi della Selvaggina, Biol. Cons. Fauna (in stampa).
- MUCCI N., E. RANDI, L. GENTILE, F. MARI, M. LOCATI - Mitochondrial cytochrome b sequence divergence among Spanish, Alpine and Abruzzo chamois (genus *Rupicapra*). Hystrix 10 (2): 29-36.
- PIERPAOLI M., N. MUCCI, V. LUCCHINI, E. RANDI - Diversità genetica e speciazione in popolazioni di Lagomorfi (Leporidi) e di Ungulati (Cervidi). In: Atti del IX Convegno della Società Italiana di Ecologia (in stampa).
- PIERPAOLI M., F. RIGA, V. TROCCHI, E. RANDI - Species distinction and evolutionary relationships of the Italian hare (*Lepus corsicanus*) as described by mitochondrial DNA sequencing. Molecular Ecology, 8: 1805-1817.
- PIERPAOLI M., F. RIGA, V. TROCCHI, E. RANDI - Analisi della variabilità genetica in specie e popolazioni appartenenti al genere *Lepus*. In: Atti del IV Convegno Nazionale dei Biologi della Selvaggina, Biol. Cons. Fauna (in stampa).
- RANDI E., N. MUCCI, F. CLARO-HERGUETA, A. BONNET, E. J. P. DOUZERY - A mitochondrial DNA control region phylogeny of the Cervinae: Speciation in *Cervus* and implications for conservation. Animal Conservation (submitted).

- VERNESI C., E. PECCHIOLI, G. BERTORELLE, M. PIERPAOLI, E. RANDI - La posizione del Capriolo appenninico (*Capreolus capreolus*) all'interno delle linee mitocondriali italiane. In: Atti del IV Convegno Nazionale dei Biologi della Selvaggina, Biol. Cons. Fauna (in stampa).



Analisi della variabilità genetica in popolazioni di Galliformi alpini (Coturnice e Tetraonidi)

Responsabile scientifico: Dott. Ettore Randi

Anno di inizio

1996

Anno di conclusione

2000

CONSUNTIVO FINANZIARIO DEL TEMA DI RICERCA PER TIPOLOGIE DI SPESE

TIPOLOGIA DI SPESA	SPESE PREVENTIVATE AL 1.1.1999	VARIAZIONI INTERVENUTE NELL'ANNO	RISORSE ASSEGNATE	IMPEGNI ASSUNTI	AVANZO AL 31.12.1999
Spese in conto capitale Capp.	-	-	-	-	-
Spese correnti Cap. 04 03	2.500.000	- 2.500.000	-	-	-
Missioni Cap. 02 03	2.300.000	- 590.657	1.709.343	1.709.343	-
Pubblicazioni/estratti Capp.	-	-	-	-	-
Borse di studio/Assegni di ricerca Capp.	-	-	-	-	-
TOTALE	4.800.000	- 3.090.657	1.709.343	1.709.343	-

Collaborazioni

- Unione Nazionale Cacciatori Zona Alpi.
- Office National de la Chasse, Parigi.
- Dipartimento di Zoologia e Antropologia, Università di Lisbona (Portogallo).

- Department of Veterinary and Animal Sciences, Università del Massachusetts (USA).
- Dipartimento di Biologia, Università di Barcellona (Spagna).

Descrizione della ricerca e risultati conseguiti

Questa ricerca rappresenta la naturale prosecuzione della precedente "Genetica di popolazione e conservazione della variabilità genetica nei Galliformi", terminata nel 1995.

Negli anni precedenti si sono completati alcuni progetti di analisi della variabilità genetica in specie del genere *Alectoris*. I principali risultati ottenuti hanno indicato che i metodi di analisi del DNA sviluppati presso il nostro laboratorio sono utili sia per l'individuazione delle diverse specie e sottospecie di *Alectoris*, sia per la diagnosi del grado di purezza o di ibridazione in esemplari allevati o prelevati in natura. Ora si dispone delle metodiche che consentono una sicura identificazione delle tre specie di *Alectoris* che sono presenti (naturalmente o introdotte) in Italia: Coturnice, Pernice rossa e Chukar. Combinando analisi del DNA mitocondriale con analisi enzimatiche è possibile riconoscere lo stato di purezza dei soggetti analizzati e di individuare eventuali ibridi.

Nel corso del 1999 sono stati analizzati nuovi campioni di Coturnice raccolti in aree dell'Appennino centrale (Abruzzo) e meridionale (Parco Nazionale del Cilento) e in Sicilia. I risultati hanno confermato quanto ottenuto in precedenza. E' stata inoltre avviata la sperimentazione dei metodi di laboratorio per utilizzare microsatelliti di pollo nell'analisi di popolazioni allevate e selvatiche di *Alectoris*. Si è inoltre completata un'analisi delle relazioni filogenetiche fra tutte le specie esistenti di Tetraonidi.

Pubblicazioni prodotte negli anni

1996

N. 2

- RANDI E., A. BERNARD-LAURENT - Introgression of the Red-legged mitochondrial DNA in Rock partridge Alpine populations: The population genetic consequences of natural hybridization. In: Atti XXIII Congress of the International Union of Game Biologists, Gibier Faune Sauvage, 15: 435-444.

- RANDI E., V. LUCCHINI, A. BERNARD-LAURENT - Evolutionary genetics of the *Alectoris* partridges: The generation and conservation of genetic diversity at different times and space scales. In: Atti XXIII Congress of the International Union of Game Biologists, Gibier Faune Sauvage, 15: 407-415.

1997

N. 3

- HENNACHE A., E. RANDI, V. LUCCHINI - Genetic diversity, phylogenetic relationships and conservaion of Edwards's Pheasant *Lophura Edwardsi*. Bird Cons. Int. 9: 395-410.
- RANDI E. - Il miglioramento della produzione di Galliformi selvatici. Habitat, 72: 4-8.
- RANDI E. - Variabilità genetica e conservazione delle pernici del genere *Alectoris*. In: Atti del Convegno "Biodiversità e Caccia", Ed. C.I.C.

1998

N. 8

- LUCCHINI V., E. RANDI - Mitochondrial DNA sequence variation and phylogeographical structure of Rock partridge (*Alectoris graeca*) populations. Heredity, 81: 528-536.
- LUCCHINI V., E. RANDI - Molecular evolution of the mitochondrial control-region in galliforms birds. 22nd International Ornithological Congress, Durban, South Africa, 15-23 agosto 1998 (in stampa).
- KARK S., E. RANDI - Patterns of fluctuating asymmetry and genetic diversity: A focus on ecotones. Conference Jacques Monod 1998. Towards a new synthesis: The evolutionary theory at the dawn of the millenium, Roscoff (Francia), 24-29 ottobre 1998 (in stampa).
- KARK S., U. N. SAFRIEL, I. NOY-MEIR, E. RANDI - Patterns of genetic diversity and fluctuating asymmetry across the distribution range: A focus on ecotones. Conference of the Federation of the Israel Societies of Experimental Biology, Eilat (Israele) 8-11 dicembre 1998 (in stampa).
- PUIGCERVER M., S. GALLEGO, J.D. RODRIGUEZ-TELJERO, S. D'AMICO, E. RANDI - Hybridization and introgression of Japanese quail mitochondrial DNA in common quail populations: A preliminary study. PERDIX VIII, Sopron (Ungheria), 26-29 settembre 1998 (in stampa).
- RANDI E. - Evoluzione molecolare della regione di controllo del mtDNA negli uccelli. VI Incontro di Biologia Evoluzionistica, Roma, 18-19 febbraio 1998 (in stampa).
- RANDI E., V. LUCCHINI - Organization and evolution of the mitochondrial DNA control-region in the avian genus *Alectoris*. J. Molecular Evolution, 47: 449-462.
- RANDI E., V. LUCCHINI, P. DE MARTA - Evolution of the mitochondrial control-region in populations of galliforms (*Alectoris*, *Tetrao*, *Lagopus*). 22nd International Ornithological Congress, Durban, South Africa, 15-23 agosto 1998 (in stampa).

1999

N. 9

- D'AMICO S., M. PUIGSERVER, J.D. RODRIGUEZ-TELJERO, S. GALLEG0, E. RANDI - Ibridazione ed introgressione di popolazioni naturali di quaglia comune con quaglie giapponesi allevate. In: Atti del IV Convegno Nazionale dei Biologi della Selvaggina, Biol. Cons. Fauna (in stampa).
- KARK S., P. U. ALKON, U. N. SAFRIEL, E. RANDI - Conservation priorities based on within-species genetic diversity across an ecological gradient: The chukar partridge in Israel. *Conservation Biology*, 13 (2): 542-552.
- LUCCHINI V., J. HOGLUND, S. KLAUS, J. SWENSON, E. RANDI - Historical biogeography and a mitochondrial DNA phylogeny of grouse and ptarmigan. *Molecular Phylogenetics and Evolution* (submitted).
- LUCCHINI V., E. RANDI, - Diversità genetica e struttura filogeografica in popolazioni di Coturnice (*Alectoris*). In: Atti del IV Convegno Nazionale dei Biologi della Selvaggina, Biol. Cons. Fauna (in stampa).
- RANDI E. - Genetic studie in galliforms. Meeting O.N.C., Parco Nazionale d'Abruzzo 25-29 Ottobre (in stampa).
- RANDI E., A. BERNARD-LAURENT - Population genetics of a hybrid zone between the red-legged (*Alectoris rufa*) and Rock partridge (*A. graeca*). *The Auk*, 116: 324-337.
- RANDI E., S. D'AMICO, M. PUIGSERVER, S. GALLEG0, J. D. RODRIGUEZ-TELJERO - Hybridization and introgression in Japanese and Common quail detected through mitochondrial DNA sequencing. In: Atti del XXIV Congress of the International Union of Game Biologists (in stampa).
- RANDI E., V. LUCCHINI, P. DE MARTA - Variabilità genetica e struttura filogeografica in popolazioni di Tetraonidi. In: Atti del IV Convegno Nazionale dei Biologi della Selvaggina, Biol. Cons. Fauna (in stampa).
- RANDI E., V. LUCCHINI, C. TABARRONI - Struttura filogeografica in popolazioni paleartiche di Galliformi (Tetraonidi ed *Alectoris*). In: Atti del IX Convegno della Società Italiana di Ecologia (in stampa).



Analisi della diversità genetica nella popolazione italiana di Lupo (*Canis lupus*)

Responsabile scientifico: Dott. Ettore Randi

Anno di inizio

1997

Anno di conclusione

2000

CONSUNTIVO FINANZIARIO DEL TEMA DI RICERCA PER TIPOLOGIE DI SPESE

TIPOLOGIA DI SPESA	SPESE PREVENTIVATE AL 1.1.1999	VARIAZIONI INTERVENUTE NELL'ANNO	RISORSE ASSEGNATE	IMPEGNI ASSUNTI	AVANZO AL 31.12.1999
Spese in conto capitale Capp.	-	-	-	-	-
Spese correnti Cap. 04 03	2.500.000	1.920.000	4.420.000	4.419.904	96
Missioni Cap. 02 03.	350.000	2.650.000	3.000.000	-	3.000.000
Pubblicazioni/estratti Capp.	-	-	-	-	-
Borse di studio/Assegni di ricerca Capp.	-	-	-	-	-
TOTALE	2.850.000	4.570.000	7.420.000	4.419.904	3.000.096

FINANZIAMENTI ESTERNI FINALIZZATI

ENTE EROGATORE	IMPORTO
Parco Naturale Alpi Marittime-Regione Piemonte L.	7.420.000 (*)

(*) Quota parte per l'anno 1999 del contributo complessivo triennale 1999-2001 di L. 41.000.000 derivante dalla convenzione relativa al progetto "Il Lupo in Regione Piemonte".

Collaborazioni

- Dipartimento di Biologia Animale e dell'Uomo, Università degli Studi "La Sapienza" di Roma.
- Institute of Animal Breeding, Università di Berna (Svizzera).
- Istituto di Scienze Biologiche, Dipartimento di Ecologia e Genetica, Università di Aahrus (Danimarca).
- Royal Zoological Society, Londra.

Descrizione della ricerca e risultati conseguiti

Questa ricerca rappresenta la naturale prosecuzione della precedente "Conservazione della variabilità genetica nella popolazione italiana di Lupo (*Canis lupus*)", terminata nel 1995.

L'espansione lungo tutta la dorsale appenninica della popolazione italiana di Lupo ha portato alla colonizzazione di aree sino ad ora periferiche ed alla ricolonizzazione di alcune località delle Alpi sud-occidentali francesi (Parco del Mercantour). Di recente si sono avute notizie dell'abbattimento di un presunto Lupo in Svizzera. Si è riproposto pertanto il problema dell'analisi delle cause e delle conseguenze dell'espansione dell'areale del Lupo, ed in particolare si pongono due problemi di tipo genetico:

- l'analisi della diversità genetica della popolazione di Lupo per evidenziare eventuali episodi di ibridazione con il cane;
- la descrizione della diversità genetica tra popolazioni europee di Lupo per evidenziare l'origine delle nuove colonie, in particolare per discriminare tra lupi di origine italiana e lupi originati da rilasci illegali da zoo, recinti, ecc.

Nel corso del 1999 si è completata l'analisi del mtDNA e dei microsatelliti in campioni di lupi e cani provenienti dalle popolazioni italiane ed europee. Inoltre sono stati sperimentati metodi per l'analisi del DNA estratto da campioni non-invasivi (escrementi e peli). Al fine di ottenere un censimento genetico dei lupi presenti in provincia di Cuneo, si è avviata una convenzione con la Regione Piemonte nell'ambito del Progetto Lupo Interreg 1999-2001.

Pubblicazioni prodotte negli anni

1997

N. 0

1998

N. 2

- LUCCHINI V., N. MUCCI, E. RANDI - Analisi del DNA mitocondriale nelle popolazioni italiana ed est-europea di lupo (*Canis lupus*). Il Congresso italiano di Mammalogia, Varese, 28-30 ottobre 1998 (in stampa).
- RANDI E., V. LUCCHINI, M. F. CHRISTENSEN, N. MUCCI, S. FUNK, G. DOLF, V. LOESCHCKE - Mitochondrial DNA analysis indicates low genetic variability and no hybridization in the Italian wolf but high variability and sporadic hybridization in east European wolves. *Conservation Biology* (submitted).

1999

N. 7

- G. DOLF ed altri 30 autori (incluso E. Randi), membri di DogMap - DogMap: An international collaboration toward a low-resolution canine genetic marker map. *J. Heredity*, 90: 3-6.
- G. DOLF, J. SCHLAPFER, C. GAILLARD, E. RANDI, V. LUCCHINI, U. BREITENMOSER, N. STAHLBERGER-SAITBEKOVA - Differentiation between Italian wolf and domestic dog based on microsatellite analysis (in stampa).
- LUCCHINI V., N. MUCCI, S. FUNK, E. RANDI - Ibridazione tra cane e lupo: Effetti genetici e storici nella popolazione di lupo in Italia. In: Atti del IV Convegno Nazionale dei Biologi della Selvaggina, Biol. Cons. Fauna (in stampa).
- LUCCHINI V., M. PIERPAOLI, N. MUCCI, E. RANDI - Variabilità genetica nel Lupo e nel Gatto selvatico. In: Atti del IX Convegno della Società italiana di Ecologia (in stampa).
- RANDI E., V. LUCCHINI, M. F. CHRISTENSEN, N. MUCCI, S. FUNK, G. DOLF, V. LOESCHCKE - Mitochondrial DNA analysis indicates low genetic variability and no hybridization in the Italian wolf but high variability and sporadic hybridization in east European wolves. *Conservation Biology*, 14 (2): 1-11.
- RANDI E., V. LUCCHINI, M. PIERPAOLI, N. MUCCI - Genetica e conservazione delle popolazioni di grandi carnivori in Europa occidentale. In: Atti del IV Convegno Nazionale dei Biologi della Selvaggina, Biol. Cons. Fauna (in stampa).

- RANDI E., V. LUCCHINI, M. PIERPAOLI, N. MUCCI, C. TABARRONI - Metodi genetici non-invasivi per l'analisi della struttura e dinamica delle popolazioni selvatiche. In: Atti del IV Convegno Nazionale dei Biologi della Selvaggina, Biol. Cons. Fauna (in stampa).