

CONSUNTIVO FINANZIARIO DEL LABORATORIO DI GENETICA PER TIPOLOGIE DI SPESE

TIPOLOGIA DI SPESA	SPESE PREVENTIVATE AL 1.1.2000	VARIAZIONI INTERVENUTE NELL'ANNO	RISORSE ASSEGNATE	IMPEGNI ASSUNTI	ECONOMIE AL 31.12.2000
Spese in conto capitale Cap.	—	—	—	—	—
Spese correnti Cap. 04 03	23.889.000	—	23.889.000	23.518.080	370.920
TOTALE	23.889.000	—	23.889.000	23.518.080	370.920

FINANZIAMENTI ESTERNI FINALIZZATI

ENTE EROGATORE	IMPORTO
Ministero delle Politiche Agricole e Forestali	L. 20.085.462 ⁽¹⁾
Ministero delle Politiche Agricole e Forestali	L. 8.000.000 ⁽²⁾
Ministero dell'Ambiente	L. 131.636.758 ⁽³⁾
Parco Nazionale della Majella	L. 5.762.475 ⁽⁴⁾
Parco Naturale Alpi Marittime-Regione Piemonte	L. 24.280.000 ⁽⁵⁾
Amministrazione provinciale di Grosseto	L. 88.862.596 ⁽⁶⁾
Museum National d'Histoire Naturelles de Paris	L. 9.618.492 ⁽⁷⁾
World Pheasant Association	L. 40.178.756 ⁽⁸⁾
Totale	L. 328.424.539

⁽¹⁾ Quota parte per l'anno 2000 del contributo complessivo di L. 977.000.000 derivante dalla convenzione relativa al progetto "La fauna selvatica nella valorizzazione delle risorse agricole e territoriali".

⁽²⁾ Quota parte per l'anno 2000 (di cui L. 5.000.000 relative alle economie realizzate nell'esercizio finanziario 1999) del contributo complessivo di L. 144.045.000 derivante dalla convenzione relativa al progetto "Ricerche faunistiche su emergenze di carattere gestionale".

⁽³⁾ Quota parte per l'anno 2000 del contributo complessivo di L. 140.000.000 derivante dalla convenzione relativa al progetto "Metodologie di analisi genetica applicate al controllo della riproduzione in cattività di specie iscritte nelle Appendici I e II della Convenzione di Washington (CITES)".

⁽⁴⁾ Quota parte per l'anno 2000 (di cui L. 762.475 relative alle economie realizzate nell'esercizio finanziario 1999) del contributo complessivo di L. 10.000.000 derivante dalla convenzione relativa al progetto "Conservazione della Lontra nel Parco Nazionale della Majella".

⁽⁵⁾ Quota parte per l'anno 2000 (di cui L. 3.000.000 relative alle economie realizzate nell'esercizio finanziario 1999) del contributo complessivo di L. 41.000.000 derivante dalla convenzione relativa al progetto "Interreg II - Il Lupo in Regione Piemonte".

⁽⁶⁾ Quota parte per l'anno 2000 (di cui L. 8.862.596 relative alle economie realizzate nell'esercizio finanziario 1999) del contributo complessivo di L. 240.000.000 derivante dalla convenzione relativa al progetto "Analisi genetiche per la reintroduzione della Pernice rossa in Provincia di Grosseto".

⁽⁷⁾ ⁽⁸⁾ Quota parte per l'anno 2000 (di cui L. 3.714.844 relative alle economie realizzate nell'esercizio finanziario 1999) del contributo complessivo di L. 58.182.938 derivante dalle convenzioni relative al progetto "Analisi genetiche di popolazioni allevate di Fasianidi".

Temi di ricerca



Analisi della diversità genetica in popolazioni naturali ed allevate di Lontra (*Lutra lutra*)

Responsabile scientifico: Dott. Ettore Randi

Anno di inizio

Anno di conclusione

1995

2000

CONSUNTIVO FINANZIARIO DEL TEMA DI RICERCA PER TIPOLOGIE DI SPESE

TIPOLOGIA DI SPESA	SPESE PREVENTIVATE AL 1.1.2000	VARIAZIONI INTERVENUTE NELL'ANNO	RISORSE ASSEGNATE	IMPEGNI ASSUNTI	ECONOMIE AL 31.12.2000
Spese in conto capitale Cap. 12 03	—	2.000.240	2.000.240	2.000.240	—
Spese correnti Cap. 04 03	2.750.000	- 2.000.240	749.760	749.760	—
Missioni Cap. 02 03	2.250.000	762.475	3.012.475	—	3.012.475
Pubblicazioni/estratti Cap.	—	—	—	—	—
Borse di studio/Assegni di ricerca Cap.	—	—	—	—	—
TOTALE	5.000.000	762.475	5.762.475	2.750.000	3.012.475

FINANZIAMENTI ESTERNI FINALIZZATI

ENTE EROGATORE	IMPORTO
Parco Nazionale della Majella	L. 5.762.475 (*)

(*) Quota parte per l'anno 2000 (di cui L. 762.475 relative alle economie realizzate nell'esercizio finanziario 1999) del contributo complessivo di L. 10.000.000 per il biennio 1999-2000 derivante dalla convenzione relativa al progetto "Conservazione della Lontra nel Parco Nazionale della Majella".

Collaborazioni

- Dipartimento di Biologia, Università di Aarhus (Danimarca).
- Gruppo per la Reintroduzione della Lontra in Italia.
- Parco Nazionale della Majella.

Descrizione della ricerca e risultati conseguiti

Questa ricerca origina da una richiesta del Gruppo per la Reintroduzione della Lontra in Italia, gruppo a cui l'Istituto aderisce. La popolazione italiana di Lontra è in fase di complessivo declino e molte popolazioni locali sono estinte. Il Gruppo Lontra ha proposto ed ha allo studio un progetto di reintroduzione di questa specie in alcune aree protette. I soggetti per la reintroduzione dovrebbero derivare da individui riprodotti in cattività presso alcune strutture private in Italia ed all'estero. L'origine della popolazione allevata è poco chiara, ed in particolare si sospetta che siano presenti genotipi di origine extra europea. In questo caso, la reintroduzione della Lontra rischierebbe di introdurre genotipi estranei alla popolazione italiana. Il progetto di analisi genetica si propone di:

- sviluppare metodi di analisi del DNA mitocondriale e dei microsatelliti, anche utilizzando campioni di materiale biologico raccolti in natura (peli, escrementi) ed in museo (pelli), al fine di rendere possibile l'analisi genetica senza dover necessariamente catturare gli animali;
- analizzare la diversità genetica nelle popolazioni di Lontra dell'Europa occidentale, al fine di individuare eventuali peculiarità genetiche della popolazione italiana;
- analizzare la diversità genetica in alcune popolazioni di Lontra numerose (ad es. Danimarca), al fine di stimare gli effetti del declino demografico e dell'isolamento geografico in popolazioni rarefatte (ad es. Italia);
- stimare la distanza genetica tra popolazione allevata e popolazioni naturali, in particolare quella italiana, per definirne le compatibilità genetiche in caso si realizzassero i progetti di reintroduzione;
- analizzare le componenti fenotipiche e genetiche di resistenza agli stress ambientali, componenti che potrebbero avere influenzato le dinamiche delle popolazioni naturali e che potrebbero influenzare i risultati delle reintroduzioni.
- analizzare la diversità genetica ed effettuare un censimento della popolazione di Lontra esistente nell'area del Parco Nazionale della Maiella, tramite analisi del DNA estratto da campioni di escrementi.

Già nel 1988 è stato sviluppato un programma preliminare per la messa a punto dei metodi di laboratorio che consentono di evidenziare la variabilità genetica nella Lontra. Si sono quindi sviluppati metodi di analisi del DNA mitocondriale e dei microsatelliti.

Nel 1999 si è avviata una collaborazione con il Parco Nazionale della Majella per l'analisi genetica della popolazione di Lontra presente nell'area del Parco stesso. Sono stati pertanto sperimentati metodi di estrazione del

DNA da campioni non invasivi (escrementi) raccolti nel corso dell'attività di campo. Sono stati inoltre sperimentati metodi per l'amplificazione del DNA che consentano di identificare sequenze di DNA mitocondriale, sequenze legate al sesso e loci nucleari ipervariabili (DNA *fingerprinting*). In questo modo si sono sviluppati protocolli di laboratorio utilizzabili per l'identificazione delle linee materne della popolazione di Lontra presente nel Parco Nazionale, oltre che per l'identificazione del sesso e del DNA *fingerprinting* in ogni individuo campionato. Sono inoltre proseguite le analisi molecolari di campioni di Lontra provenienti da altre popolazioni europee.

Nell'anno 2000 si è svolta una tesi di laurea che ha consentito di mettere a punto protocolli di laboratorio per l'analisi di campioni di tessuti e di campioni non-invasivi di Lontra raccolti in Europa, in Italia e da animali riprodotti in cattività. I risultati di queste analisi, attualmente in fase di elaborazione, consentiranno di stimare la variabilità genetica entro e tra popolazioni selvatiche di Lontra in Europa, e quindi di valutare lo *status* genetico delle popolazioni italiane, oltre che di valutare la compatibilità genetica di lontre allevate per eventuali operazioni di immissione in Italia.

Pubblicazioni prodotte negli anni

1995 N. 0

1996 N. 0

1997 N. 1

- PERTOLDI C., V. LOESCHCKE, A. B. MADSEN, E. RANDI - Developmental stability in the Eurasian otter (*Lutra lutra*) in Denmark. Ann. Zool. Fennici, 34: 187-196.

1998 N. 1

- PERTOLDI C., A. B. MADSEN, E. RANDI, A. BRAUN, V. LOESCHCKE - Variation of skull morphometry of Eurasian otters (*Lutra lutra*) in Denmark and Germany. Ann. Zool. Fennici, 45: 87-94.

1999 N. 2

- MUCCI N., C. PERTOLDI, A. B. MADSEN, V. LOESCHCKE, E. RANDI - Extremely low mitochondrial DNA control-region sequence variation in the otter (*Lutra lutra*) population in Denmark. Hereditas, 130: 331-336.
- PERTOLDI C., V. LOESCHCKE, A. BRAUN, A. B. MADSEN, E. RANDI - Craniometric variability and developmental stability. Two useful tools for assessing the population viability of Eurasian otter (*Lutra lutra*) population in Europe. The Biological Journal of the Linnean Society (in stampa).

2000

N. 1

- PERTOLDI C., V. LOESCHCKE, A. BRAUN, A. B. MADSEN, E. RANDI - Craniometrical variability and developmental stability. Two useful tools for assessing the population viability of Eurasian otter (*Lutra lutra*) populations in Europe. Biological Journal of the Linnean Society, 70: 309-323.



Analisi della struttura genetica e della posizione sistematica delle popolazioni di Artiodattili (Suidi, Cervidi e Caprini) italiani nel contesto della fauna europea e paleartica

Responsabile scientifico: Dott. Ettore Randi

Anno di inizio

1996

Anno di conclusione

2002

CONSUNTIVO FINANZIARIO DEL TEMA DI RICERCA PER TIPOLOGIE DI SPESE

TIPOLOGIA DI SPESA	SPESE PREVENTIVATE AL 1.1.2000	VARIAZIONI INTERVENUTE NELL'ANNO	RISORSE ASSEGNATE	IMPEGNI ASSUNTI	AVANZO AL 31.12.2000
Spese in conto capitale Cap.	—	—	—	—	—
Spese correnti Cap.	—	—	—	—	—
Missioni Cap.	—	—	—	—	—
Pubblicazioni/estratti Cap.	—	—	—	—	—
Borse di studio/Assegni di ricerca Capp. 02 01, 02 04	319.800	5.700	325.500	325.500	—
TOTALE	319.800	5.700	325.500	325.500	—

Collaborazioni

- Istituto di Paleontologia ed Evoluzione, Dipartimento di Biologia, Università di Montpellier (Francia).
- National Museum of Natural History, Paris.
- Università di Caracas, Venezuela.
- Università di Uppsala, Svezia.
- Università di Firenze.
- Università di Roma e di Yale (USA).

Descrizione della ricerca e risultati conseguiti

Studi zoologici condotti con i tradizionali metodi della sistematica morfologica hanno evidenziato alcune peculiarità nelle popolazioni meridionali di Cinghiale (sottospecie maremmana e sarda), Capriolo (sottospecie meridionale) e Camoscio (sottospecie endemica abruzzese). I risultati di nostre recenti analisi genetiche hanno indicato come la tassonomia tradizionale dei Cervidi sia inaccurata. Per esempio le popolazioni di Cervo nobile europeo (*Cervus elaphus*) e di Wapiti (*Cervus canadensis*) sono estremamente divergenti geneticamente e non possono essere considerate conspecifiche.

Queste peculiarità morfologiche devono essere verificate utilizzando i moderni metodi della genetica molecolare, non solo per ridefinire aspetti della biogeografia e tassonomia di queste specie, ma soprattutto per:

- concorrere ad una migliore definizione dei popolamenti faunistici italiani e per una contributo alla stima della biodiversità;
- fornire agli enti che amministrano le aree interessate da queste popolazioni e a chi ha in progetto operazioni di reintroduzione o ripopolamento le necessarie informazioni per operare correttamente.

Nell'anno 2000 sono state realizzate analisi di laboratorio in campioni di Cervidi.

Analisi della diversità genetica nel Camoscio d'Abruzzo

E' stato messo a punto un protocollo di analisi del DNA ottenuto da campioni non-invasivi. Tale protocollo renderà possibile la stima della diversità genetica nella popolazione di camoscio d'Abruzzo ed è destinato ad essere applicato nell'ambito del "Piano d'Azione" relativo a questa specie.

Analisi genetica delle popolazioni di Capriolo meridionale.

E' stata realizzata la prima fase di una vasta raccolta di campioni di Capriolo da popolazioni italiane ed europee. Sono stati inoltre messi a punto ed applicati protocolli di analisi del DNA, in fase di completamento, che consentiranno di individuare la divergenza genetica e l'origine di popolazioni autoctone o reintrodotte di Capriolo. Il progetto, attualmente in corso di sviluppo, consentirà di giungere ad una identificazione delle popolazioni autoctone e reintrodotte in Italia ed in Europa, oltre che a valutare lo *status* tassonomico e genetico delle popolazioni di Capriolo meridionale.

Revisione tassonomica del genere Cervus.

E' stata completata un'analisi delle relazioni filogenetiche fra alcune specie e sottospecie del genere *Cervus*. I risultati più importanti, dal punto di vista applicativo, sono:

- il Daino ed il Daino mesopotamico appartengono a due specie geneticamente differenziate (*Dama dama* e *Dama mesopotamica*), e quindi non sono da considerarsi due sottospecie;
- il Cervo europeo ed il Cervo nordamericano sono filogeneticamente ben distinti e devono essere considerati due specie (*Cervus elaphus* e *Cervus canadensis*) e non due sottospecie.

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. 5

- 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., F. RIGA, V. TROCCHI, E. RANDI - Analisi della variabilità genetica in popolazioni di *Lepus corsicanus* e *L. europaeus*. II 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. 4

- PIERPAOLI M., N. MUCCI, V. LUCCHINI, E. RANDI - Diversità genetica e speciazione in popolazioni di Lagomorfi (Leporidi) e di Ungulati (Cervidi). Atti del IX Convegno della Società Italiana di Ecologia, Lecce, 14-17 settembre 1999 (in stampa).
- RANDI E. - Recente diffusione del cinghiale in Italia: analisi delle possibili cause e conseguenze genetiche ed ecologiche. Atti del IX Convegno della Società Italiana di Ecologia, Lecce, 14-17 settembre 1999 (in stampa).

- MUCCI N., M. PIERPAOLI, E. RANDI - Filogenesi e speciazione in *Cervus*: cervo europeo, wapiti e sika sono specie distinte che possono ibridizzare. Poster presentato al IV Convegno Nazionale dei Biologi della Selvaggina, Bologna, 23-30 ottobre 1999.
- VERNESI C., E. PECCHIOLI, G. BERTORELLE, M. PIERPAOLI, E. RANDI - La posizione del Capriolo appenninico (*Capreolus capreolus*) all'interno delle linee mitocondriali italiane. Atti del IV Convegno Nazionale dei Biologi della Selvaggina (in stampa).

2000

N. 0

- RANDI E. *et al.* - A mitochondrial DNA control region phylogeny of the Cervinae: speciation in *Cervus* and implications for conservation. *Animal Conservation*, 2001 4 (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 1.1.2000	VARIAZIONI INTERVENUTE NELL'ANNO	RISORSE ASSEGNATE	IMPEGNI ASSUNTI	AVANZO AL 31.12.2000
Spese in conto capitale Cap.	—	—	—	—	—
Spese correnti Cap.	—	—	—	—	—
Missioni Cap.	—	—	—	—	—
Pubblicazioni/estratti Cap.	—	—	—	—	—
Borse di studio/Assegni di ricerca Cap.	—	—	—	—	—
TOTALE	—	—	—	—	—

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

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 (mtDNA) con analisi enzimatiche è possibile riconoscere lo stato di purezza dei soggetti analizzati e di individuare eventuali ibridi.

Tramite analisi del mtDNA si è ottenuta una prima caratterizzazione genetica di alcune popolazioni di Coturnice, distribuite soprattutto nell'arco alpino ed in Sicilia. La popolazione di coturnici siciliani è geneticamente molto divergente dalle popolazioni alpine ed appenniniche. Questi risultati costituiscono una banca dati di riferimento che è essenziale per valutare l'idoneità genetica di coturnici di allevamento destinate ad essere utilizzate per progetti di reintroduzione o di ripopolamento. La caratterizzazione della popolazione di Coturnice dell'Appennino centro-meridionale è invece ancora molto preliminare, poiché è stato possibile esaminare solo un numero limitato di campioni provenienti da un'unica zona (Monti della Maiella).

E' stata inoltre analizzata la divergenza genetica tra campioni di Quaglia domestica (*Coturnix japonica*) e selvatica (*C. coturnix*) per individuare marcatori genetici che possano essere utilizzati per ricercare eventuali ibridi. In collaborazione con il Dr. Puicervier e colleghi dell'Università di Barcellona (Spagna) sono stati analizzati campioni di quaglie selvatiche provenienti da alcune popolazioni nidificanti in Spagna, e alcuni campioni ottenuti durante la migrazione in Italia. I primi risultati indicano che Quaglia domestica e Quaglia selvatica sono geneticamente differenziate e devono essere considerate come due specie. Inoltre, sono stati individuati circa il 4% di ibridi (DNA mitocondriale di Quaglia domestica presente in individui fenotipicamente selvatici) nelle popolazioni spagnole. Questi risultati indicano che i ripopolamenti con quaglie domestiche o ibride generano introgressione di geni di origine domestica nelle popolazioni selvatiche.

Sono state inoltre completate analisi in popolazioni di Tetraonidi in Europa occidentale, analisi che hanno portato ad una prima caratterizzazione delle popolazioni italiane (in confronto con altre popolazioni europee) di Gallo forcello, Gallo cedrone e Pernice bianca.

Nell'anno 2000 si sono sviluppati protocolli di analisi dei microsatelliti volti a stimare la variabilità genetica in popolazioni di Pernice rossa, Coturnice e Chukar. Queste metodiche forniscono anche marcatori genetici nucleari che consentono di individuare gli ibridi inter-specifici, marcatori che sono attualmente utilizzati per identificare il tasso di ibridazione in popolazioni naturali ed allevate di Pernice rossa e Coturnice.

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. GALLEGRO, 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. 8

- D'AMICO S., M. PUIGCERVER, J.D. RODRIGUEZ-TELJERO, S. GALLEGO, 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., 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. PUIGCERVER, S. GALLEGO, 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).

2000

N. 0



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

Responsabile scientifico: Dott. Ettore Randi

Anno di inizio

1997

Anno di conclusione

2003

CONSUNTIVO FINANZIARIO DEL TEMA DI RICERCA PER TIPOLOGIE DI SPESE

TIPOLOGIA DI SPESA	SPESE PREVENTIVATE AL 1.1.2000	VARIAZIONI INTERVENUTE NELL'ANNO	RISORSE ASSEGNATE	IMPEGNI ASSUNTI	ECONOMIE AL 31.12.2000
Spese in conto capitale Capp. 12 03, 12 04	9.000.000	—	9.000.000	9.000.000	—
Spese correnti Cap. 04 03	10.000.000	- 809.823	9.190.177	9.190.177	—
Missioni Cap. 02 03.	2.280.000	3.000.000	5.280.000	1.527.511	3.752.489
Pubblicazioni/estratti Cap. 04 03	—	809.823	809.823	809.823	—
Borse di studio/Assegni di ricerca Cap.	—	—	—	—	—
TOTALE	21.280.000	3.000.000	24.280.000	20.527.511	3.752.489

FINANZIAMENTI ESTERNI FINALIZZATI

ENTE EROGATORE	IMPORTO
Parco Naturale Alpi Marittime-Regione Piemonte	L. 24.280.000 (*)

(*) Quota parte per l'anno 2000 (di cui L. 3.000.000 relative alle economie realizzate nell'esercizio finanziario 1999) del contributo complessivo di L. 41.000.000 per il triennio 1999-2001 derivante dalla convenzione relativa al progetto "Interreg II - 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 Aarhus (Danimarca).
- Royal Zoological Society, Londra.
- Regione Piemonte

Descrizione della ricerca e risultati conseguiti

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.

Nell'anno 2000 è stata effettuata un'estesa analisi della variabilità genetica a loci microsatelliti in campioni di lupi italiani e di cani, per identificare i marcatori genetici diagnostici per le due popolazioni e per identificare gli eventuali ibridi. Queste analisi indicano che gli episodi di ibridazione fra cane e Lupo e di introgressione di geni domestici nella popolazione italiana di Lupo, sono estremamente rari, ma non assenti. Questi protocolli di analisi sono attualmente in fase di applicazione per lo studio di campioni non invasivi (escrementi) raccolti nell'ambito del Progetto Interreg "Il ritorno del lupo nelle Alpi". L'analisi di questi dati consentirà di stimare il numero minimo dei lupi presente in Piemonte nelle aree di studio della Valle Stura e Valle Pesio, di localizzare le aree frequentate dai vari branchi nei vari periodi dell'anno, di stimare il rapporto sessi e gli areali di dispersione individuali. Sarà inoltre possibile identificare la presenza di cani, di eventuali ibridi o lupi di origine non-italiana nelle aree di studio. Questi risultati sono in fase di avanzata elaborazione.