

La selezione genetica dei riproduttori e il monitoraggio della variabilità genetica nell'ambito del LIFE Perdix

30 aprile 2021

Relatore:

Claudia Greco – ISPRA

Hanno contribuito:

Nadia Mucci, Chiara Mangoni e Cristiano Tabarroni

Coordinatore beneficiario



Beneficiari associati



Cofinanziatore



Lo scopo del progetto è il **recupero**, la **reintroduzione** e la **conservazione** di esemplari aventi componenti genetiche caratteristiche dei ceppi autoctoni di Starna italiana (*Perdix perdix italica*) presenti sul territorio italiano prima delle massicce immissioni di esemplari alloctoni.

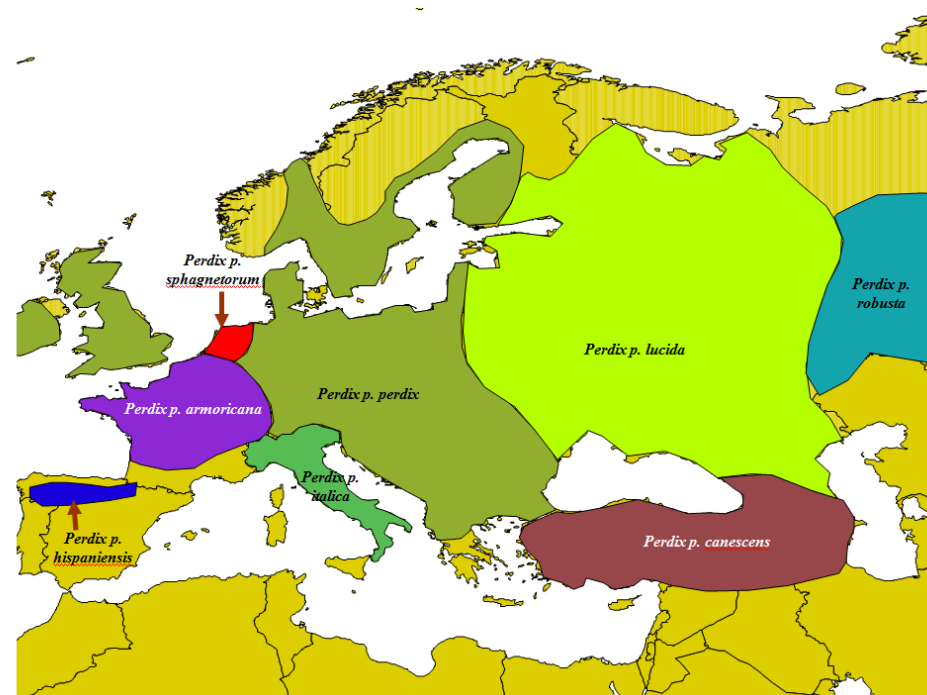


European Breeding Bird Atlas:

Le popolazioni di starna negli ultimi 40 anni hanno subito un declino numerico a livello europeo di oltre il 90%.

Situazione attuale

- Popolazione naturale in Italia considerata estinta in natura,
- Popolazioni europee con componenti genetiche riconducibili agli esemplari rilasciati nel nostro paese



Necessità per la buona riuscita del progetto

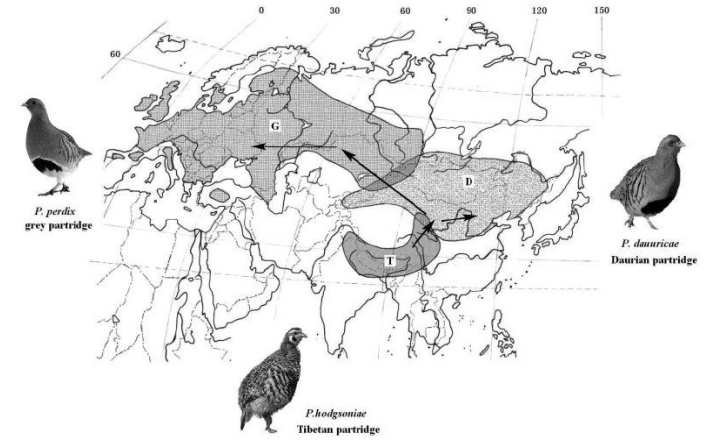
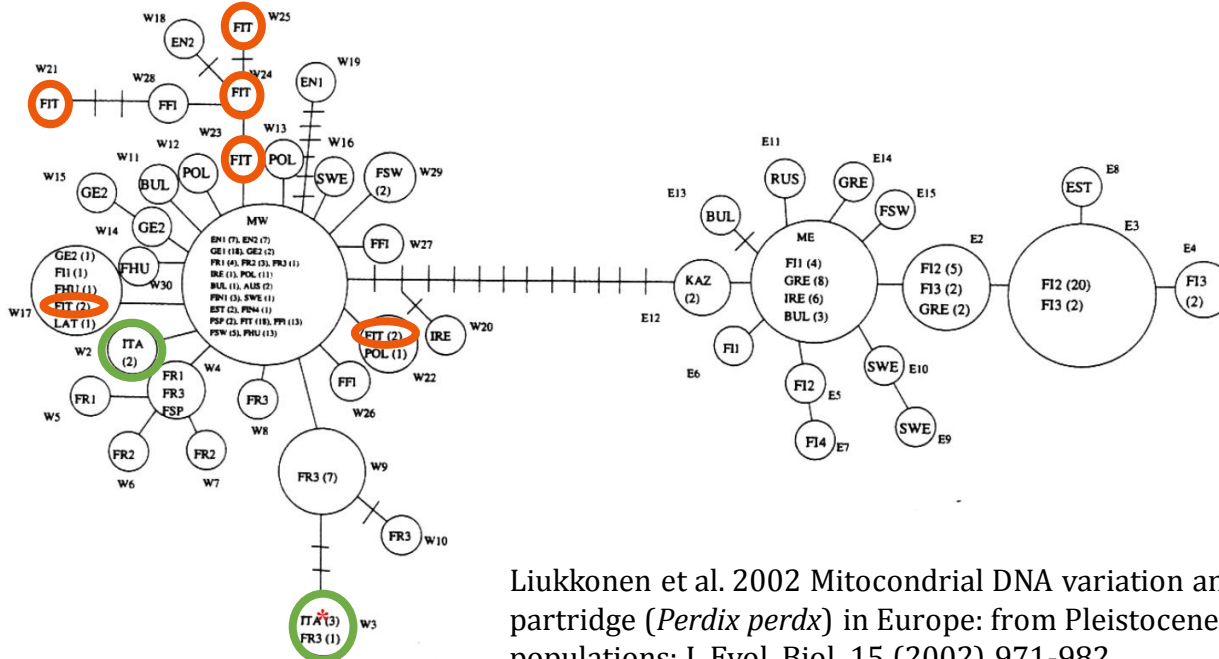
- ✓ Identificazione di individui con caratteristiche genetiche adeguate
- ✓ Popolazioni con individui idonei numericamente consistenti



- ✓ Analisi del pattern genetico autoctono preesistente alle introduzioni mediante l'analisi di un frammento del DNA mitocondriale, di derivazione materna, in campioni museali.
- ✓ Analisi del DNA di decine di reperti museali di fine '800 primi '900 campionati sul territorio nazionale.



di specie, sottospecie e unità evolutive significative



Liukkonen et al. 2002 Mitochondrial DNA variation and the phylogeography of grey partridge (*Perdix perdix*) in Europe: from Pleistocene history to present day populations; J. Evol. Biol. 15 (2002) 971-982

Network che connette gli aplotipi CR1 di starna con il minor numero possibile di mutazioni, costruito sulla base dei siti di segregazione. Tra parentesi il numero degli individui appartenenti ad ogni aplotipo, il cui nome è indicato in stampatello. Ogni linea tra due stanghette o cerchi rappresenta una mutazione. Si noti in particolare la collocazione dei 5 campioni museali italiani (ITA*) e quella dei 26 campioni di allevamento (FIT).

Identificazione di linee filogenetiche caratteristiche delle popolazioni italiane e presenti prima dei rilasci in natura di esemplari alloctoni

Analisi su esemplari appartenenti ad allevamenti, presi in considerazione poiché:

- ✓ identificati esemplari con pattern genetici riconducibili a starne italiane autoctone,
- ✓ dichiarata l'assenza di esemplari di origine alloctona.



Identificazione aplotipi storici esclusivi italiani

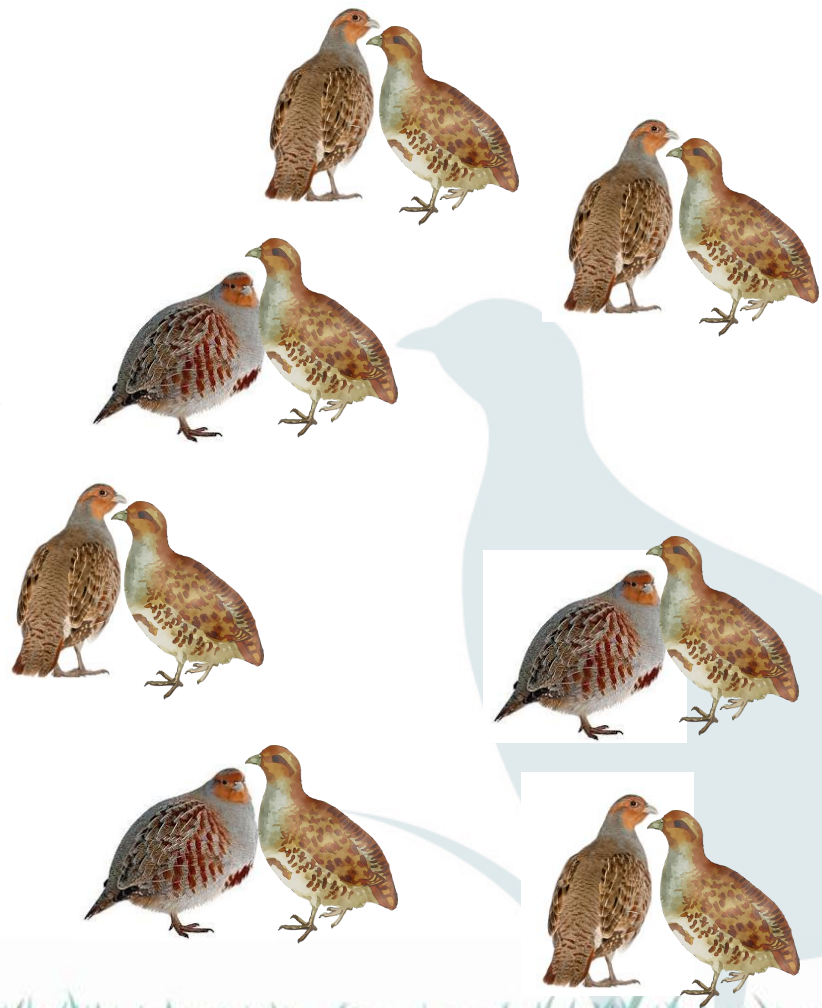
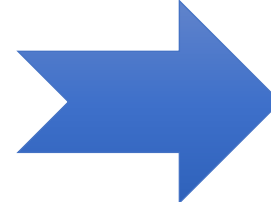
Emilia Romagna*	3%
Umbria	0%
Sicilia	0%

•Emilia Romagna	50 individui
•Umbria	20 individui
•Sicilia	20 individui

Aplotipi*
P2
P10
MW



La selezione genetica sulla base dell'aplotipo mitocondriale

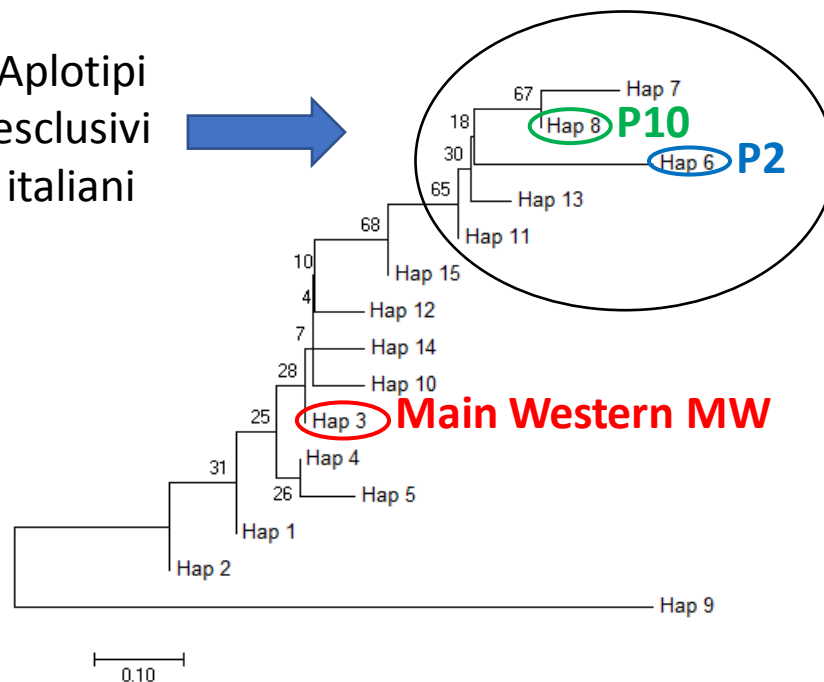


Ordine preferenziale per la scelta

- Femmina P2 o P10 e Maschio P2, P10 o MW (in via prioritaria)
- Femmina MW e Maschio P2, P10 o MW (in percentuale ridotta)



Aplotipi
esclusivi
italiani



Scelta dei riproduttori idonei

Selezione 2019

- ✓ Le analisi hanno riguardato quasi **3000 campioni**.
- ✓ Scelta preferenziale sulle femmine, 1914 femmine vs. 991 maschi, visto che la componente diagnostica scelta si trasmette per via uniparentale materna e permette l'identificazione degli individui rilasciati durante le attività di monitoraggio.
- ✓ Circa **230 coppie** costituite e ove necessario ricostituite o riassortite in caso di decessi.
- ✓ Deposte **6330 uova**.



Scelta riproduttori

Selezione 2020

- ✓ Verifica degli aplotipi mitocondriali di circa 700 individui per conferma.
- ✓ Valutazione della variabilità genetica su circa 300 esemplari per ridurre il rischio di consanguineità mediante l'utilizzo di software (GenAEx, Colony, ML-Relate, ecc)
- ✓ Costituite **274 coppie** nei parchetti riproduttivi, di cui 92 con femmina P2-P10 ed in via sperimentale alcune decine a terra.



**13.100 uova
prodotte**



Terzo anno:

Scelta riproduttori

Selezione 2021

- Le coppie costituite sono state scelte sulla base di caratteri fenotipici ed avvalendosi della separazione delle linee produttive sono stati abbinati esemplari P2 o P10 con MW dando preferenza alle femmine P2 o P10.
- Circa **700 coppie**, di cui 600 con aplotipo P2-P10.
- Ad oggi il database contiene quasi **5000 record** e ogni riga corrisponde ad un esemplare.





produzione ad oggi

Da marzo sono state deposte oltre **6000 uova** che sono in incubazione.





Rilasci estivi dei giovani

Prossime azioni di monitoraggio

- ✓ Analisi della variabilità genetica degli individui rilasciati in estate 2021.
- ✓ Analisi della variabilità genetica a partire da tracce biologiche ritrovate sul territorio post rilasci.





**Grazie per
l'attenzione!**

**Si ringraziano tutti i
partner di progetto che
stanno lavorando con
entusiasmo e in
sinergia.**