

Galliformi e ibridazione: studi genetici sulla Pernice Rossa *Alectoris rufa*.

Irene Pellegrino



irene.pellegrino@uniupo.it



Alectoris rufa

- Il genere *Alectoris* comprende **7 specie** distribuite in Europa meridionale, Africa settentrionale, penisola arabica, e in Asia fino al Tibet e Cina occidentale.
- La pernice rossa è una specie politipica a distribuzione europea:
A. rufa rufa,
A. r. intercedens,
A. r. hispanica

La pernice rossa è tutelata da 79/409 CEE Ap.2/I, 3/I; BERNA Ap.3 ed è inclusa tra le specie di interesse conservazionistico (SPECs - Species of European Conservation Concern).



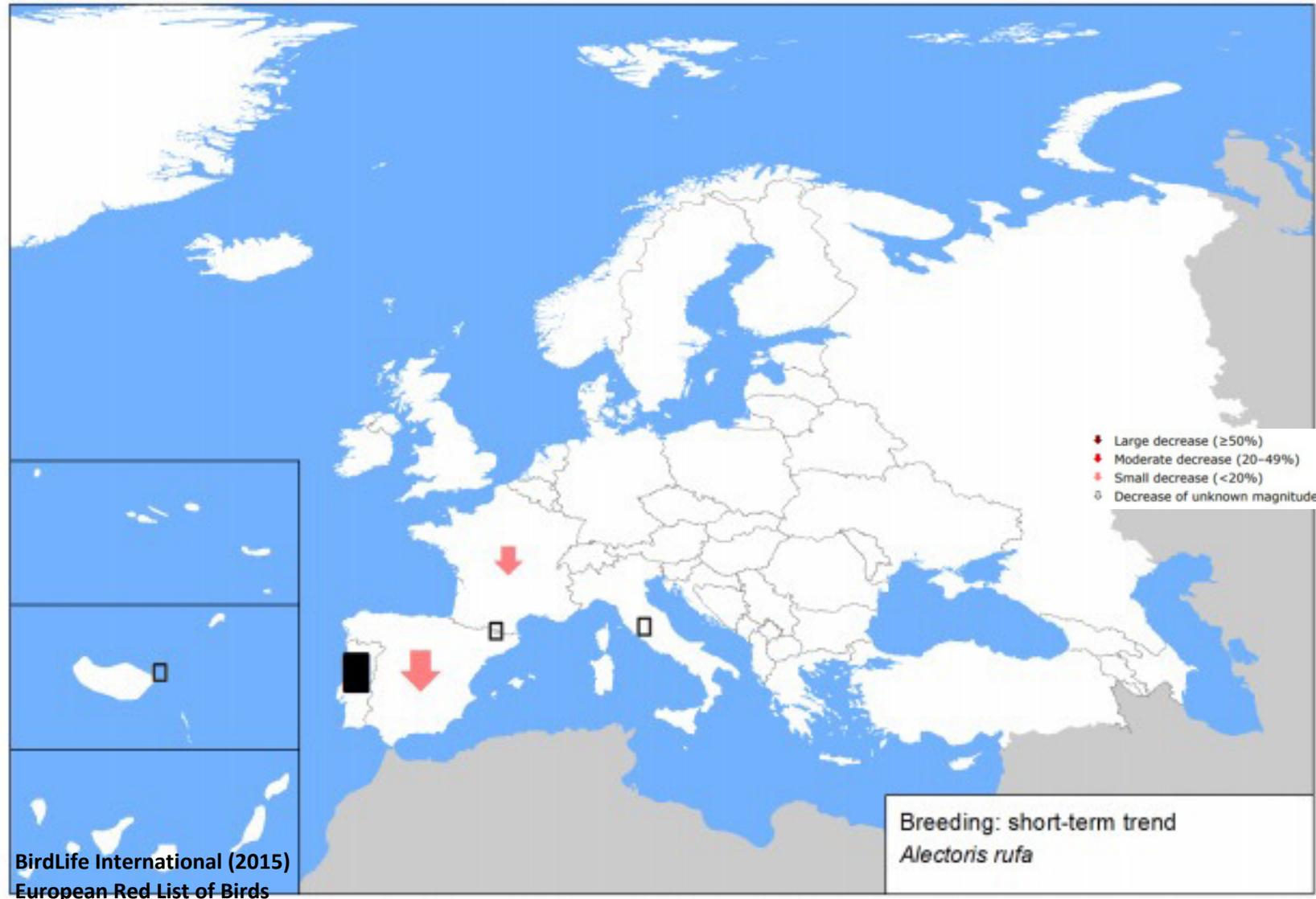
Ph. Maxspin73



Figure 1. Breeding population sizes and short-term trends across Europe.

Minacce

- Riduzione e modificazione degli habitat
- Eccessivo prelievo
- Inquinamento genetico
- Omogeneizzazione genetica



BirdLife International (2018) Species factsheet: *Alectoris rufa*. Downloaded from <http://www.birdlife.org> on 05/06/2018.

La situazione in Europa

- **Declino delle popolazioni** per frammentazione dell'habitat e **pressione venatoria** contrastato con ripopolamenti -> preoccupazioni per la conservazione della pernice rossa (Tucker & Heath 1994).
- **Ibridazione** con specie del genere *Alectoris* in tutto l'areale (primi ibridi fra pernice rossa e coturnice orientale rilasciati in Inghilterra, Potts 1989).
- **Perdita identità genetica** a causa di **traslocazioni** non controllate da un'area ad un'altra (es. Spagna, comm. pers. allevatori)
- **Eradicazione** in alcune aree di introduzione (Bacetti & Gotti 2006)



Ibridazione

La perdita di variabilità genetica è considerata una delle principali minacce alla conservazione della biodiversità.

L'ibridazione può causare:

- Perdita di variabilità genetica
- Omogeneizzazione genetica (perdita di genotipi caratteristici)
- *Outbreeding depression* (fitness ridotta)

Il traslocamento, l'allevamento e il ripopolamento della fauna selvatica può favorire il mescolamento genetico fra diversi taxa (Frankham et al. 2002).

In natura l'ibridazione avviene naturalmente in alcune specie nelle aree di sovrapposizione, es. *A. graeca* e *A. rufa*.



Analisi molecolari

- Le analisi molecolari sono indispensabili per l'identificazione degli ibridi.
- Approccio integrato di analisi su marcatori mitocondriali (ereditati per via materna) e nucleari (eredità biparentale).

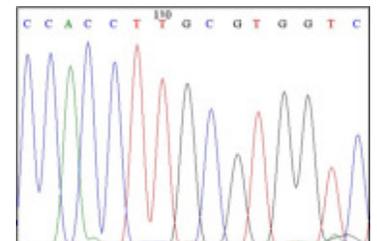
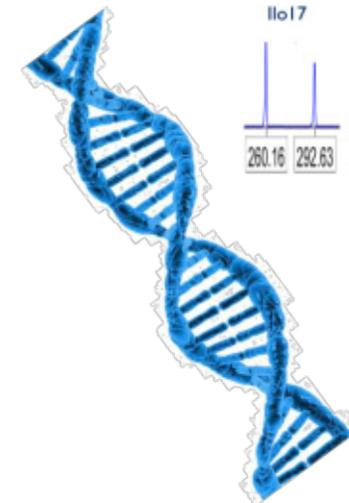
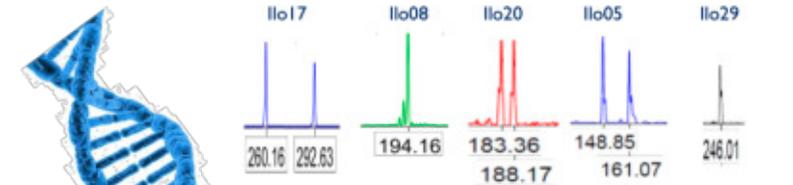
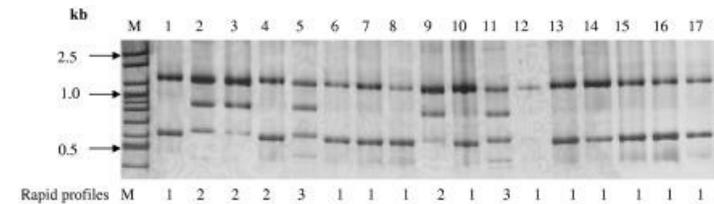
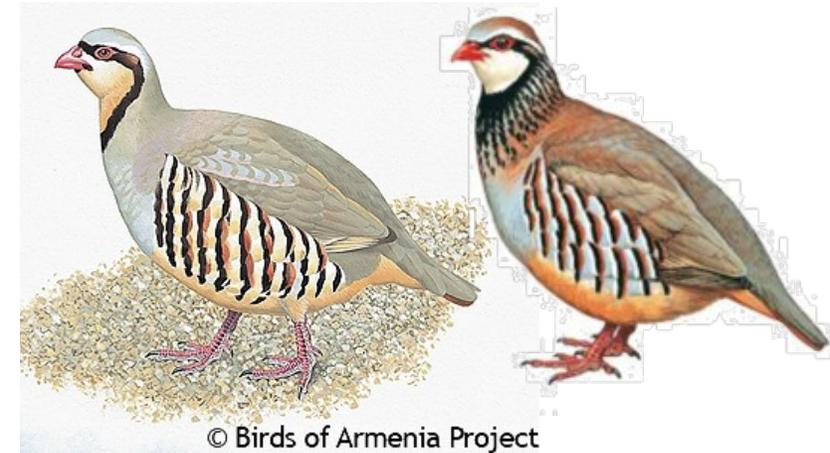
Nel corso degli anni sono stati utilizzati e sviluppati differenti approcci:

RAPDs (es. Barbanera et al., 2005)

Microsatelliti (es. Barilani et al., 2007)

mtDNA (es. Negri et al., 2012, Barilani et al. 2007)

SNPs (es., ATCGE2, 2018; Brogginì et al., 2020)



Studi molecolari su *Alectoris rufa*

Dal 1990

Primi studi sul
genere *Alectoris*

2001

Identificazione
genetica ibridi
per eradicazione

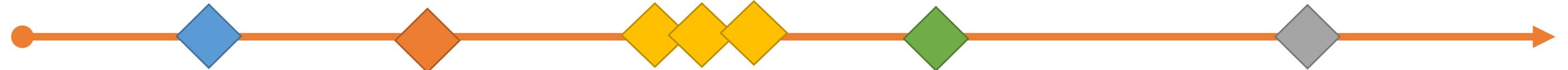
2004-2013

Identificazione
della percentuale
di ibridazione e
caratterizzazione
genetica.

2011 - 2014

Filogeografia di
A. rufa

2020- 2021 Studi
genome wide e
OpenArray™ plate
SNPs



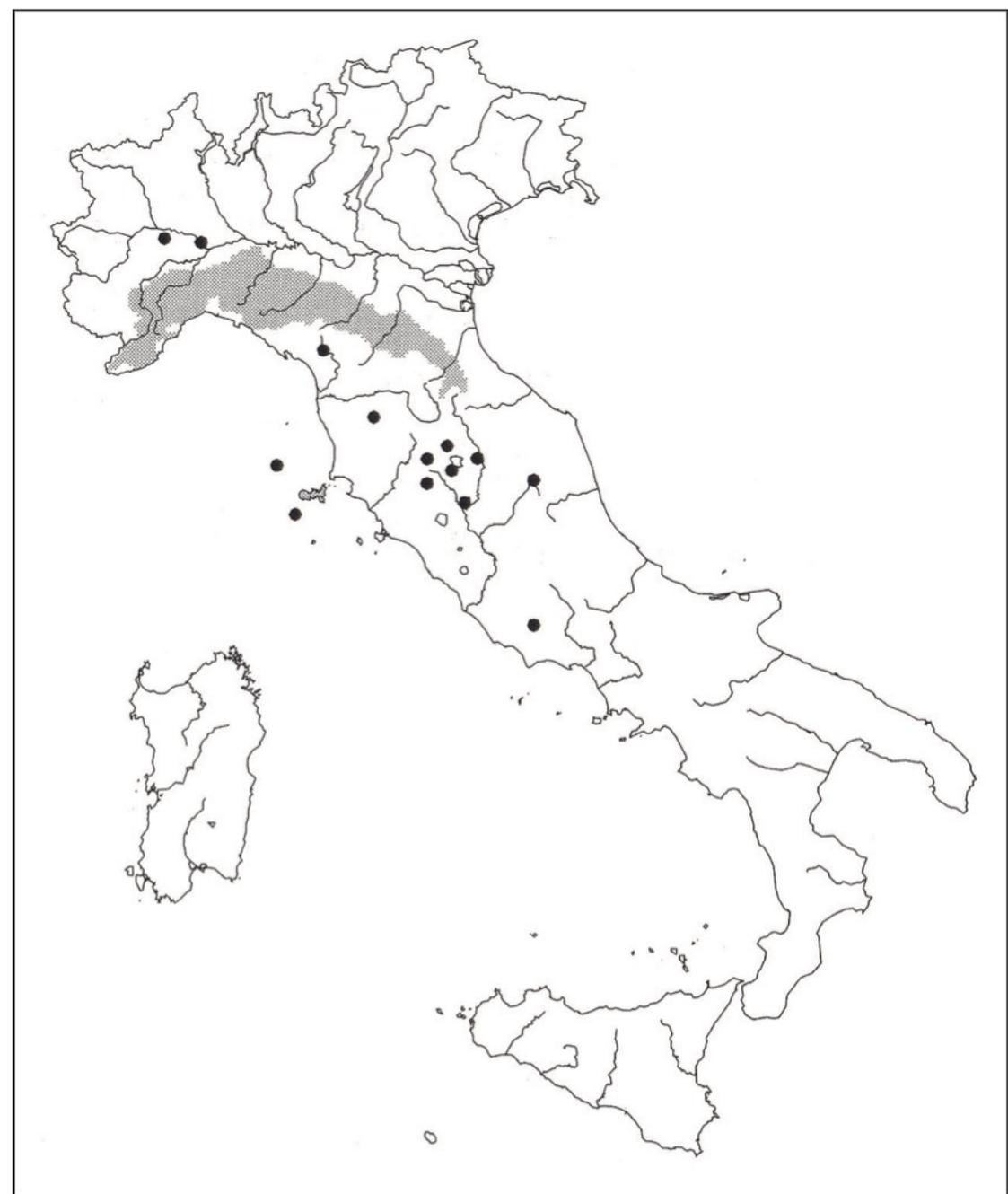
Tassi di ibridazione in Europa

I tassi di ibridazione rilevati variano dal 6% più del 90%, a seconda del marcatore utilizzato e delle popolazioni indagate, alcuni esempi:

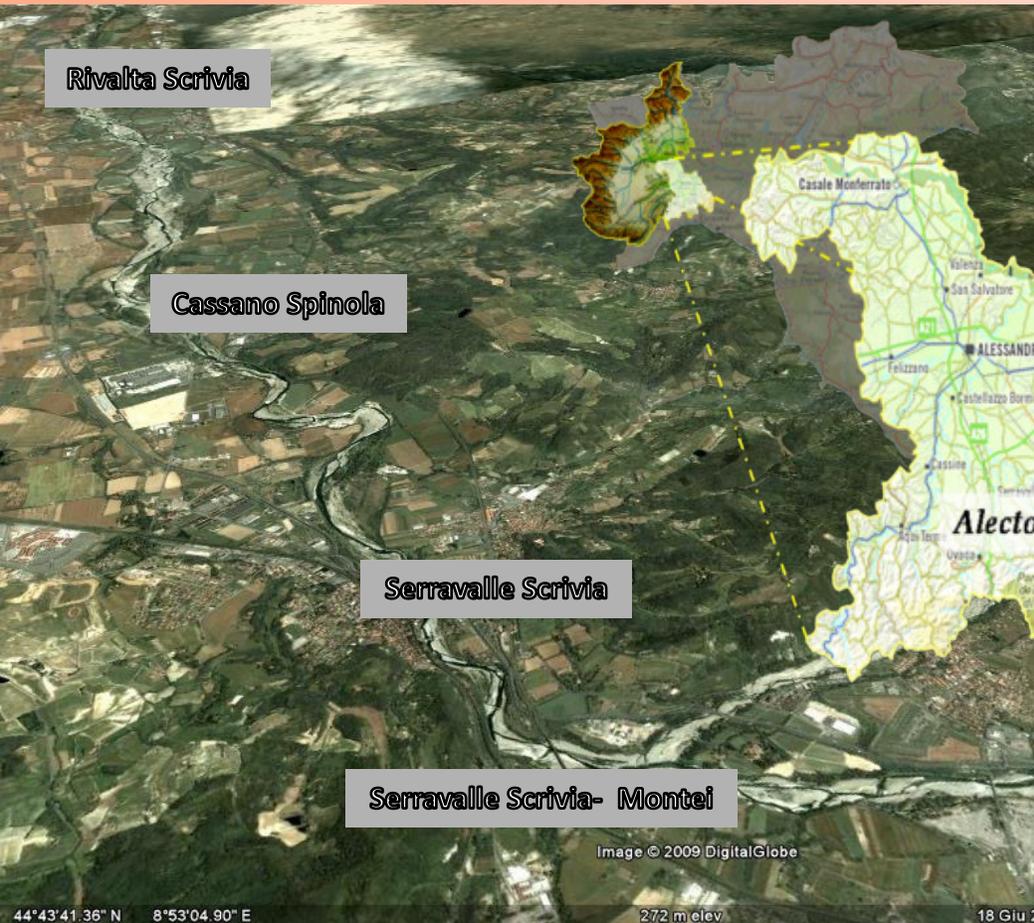
- 50% in allevamenti e 45% in popolazioni selvatiche della **Corsica** (Barbanera et al. 2009);
- 17% sull'isola di **Majorca** (Tejedor et al. 2007).
- 30 % negli allevamenti **Francesi**, 6% in popolazioni selvatiche (Caizergues, 2005).
- 28% (mtDNA) nel sud delle **Alpi Francesi** (Barilani et al. 2007a);
- 63% negli allevamenti **Iberici** e 45% nelle **popolazioni selvatiche** (Blanco- Aguilar, 2008)
- Uno studio del 2021 sull'intero genoma rileva percentuali molto basse (Forcina et al., 2021)

La pernice Rossa in Italia

- 50% (mtDNA) e 93% (RAPD) **sull'isola di Pianosa** (Barbanera et al. 2005) ora eradicata
- 68% sull'**isola d'Elba** (Barbanera, 2009; Forcina et al., 2020)
- Su Montecristo e Isola del Giglio è presente *A. chukar*
- 17 - 44% in **Piemonte** (Negri et al., 2012), una popolazione «libera» da ibridazione ora probabilmente estinta.
- I risultati suggeriscono che sia improbabile la presenza di *pool* genici autoctoni (Barbanera et al. 2009)*.



Area di distribuzione



Area fluviale del Torrente Scivia (in alto), colline di Casasco (a destra).

44°43'41.36" N 8°53'04.90" E 272 m elev 18 Giu 2

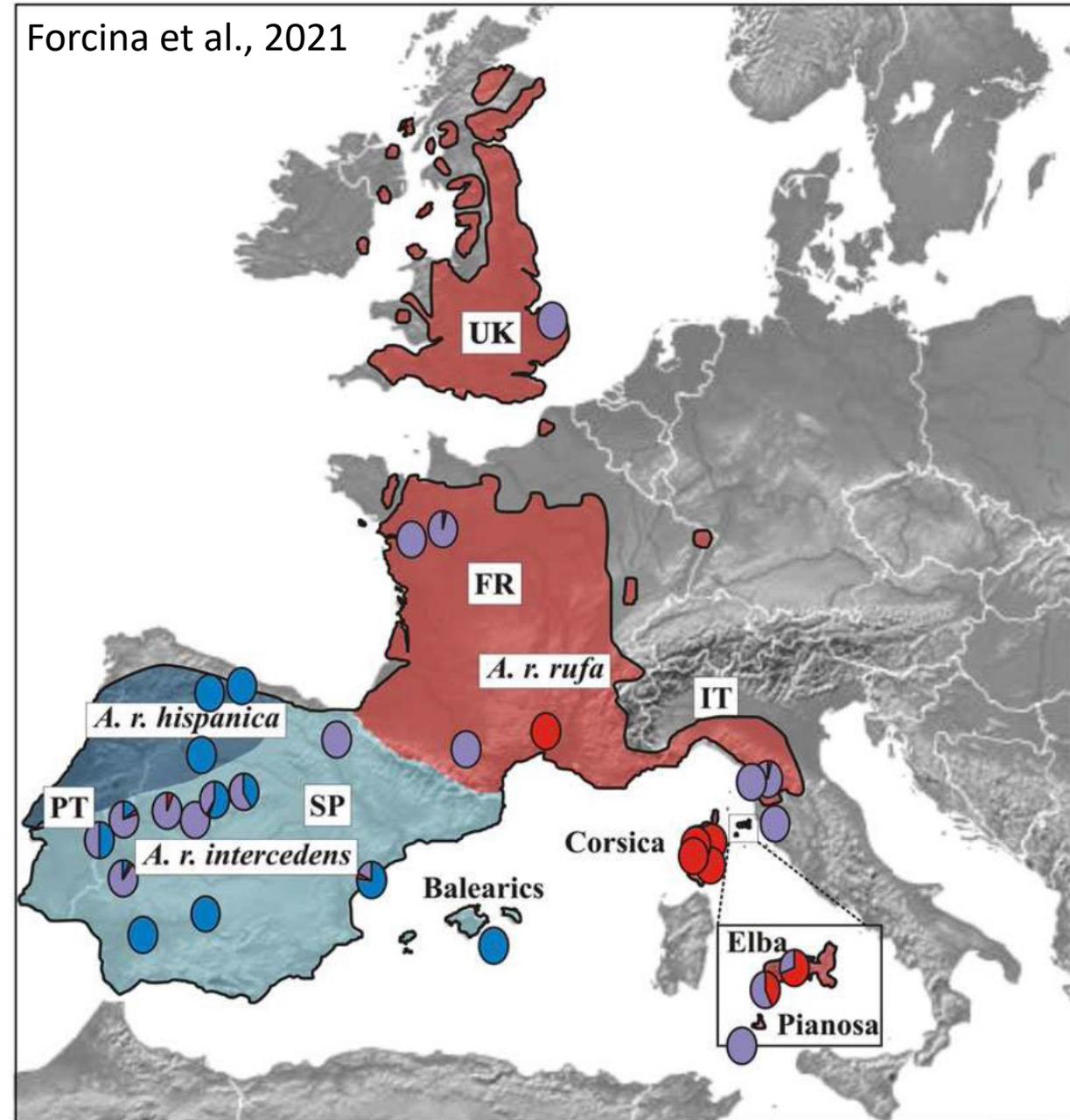


Popolazione	mtDNA		Structure		Assegnazione contrastante
	n	<i>A. chukar</i>	n	<i>A.rufa</i> x <i>A.chukar</i>	n
Brignano Casasco (BC)	46	0	38	0	0
Cassano Spinola (CA)	31	10 (32,2%)	17	0	5
Rivalta Scrivia (RV)	17	3 (17,6%)	14	0	3
Serravalle Scrivia(SS)	32	21 (25,6%)	18	4 (22,2%)	12
SerravalleMontei (SM)	14	0	14	3 (21,4%)	3

Tabella 5.8 Tabella tassi di introgressione rilevati con i due marcatori molecolari

Struttura delle popolazioni

- Omogeneizzazione genetica in gran parte dell'areale della specie.
- Le popolazioni di Corsica e Isola d'Elba (introdotte) potrebbero essere le roccaforti dei genotipi della sottospecie *A. rufa rufa* (Forcina et al., 2021)



Conclusioni

- Diminuzione demografica delle popolazioni (es. -20% Brignano Casasco, Tizzani et al., 2017) per problemi gestionali e ambientali.
- Nonostante i tanti studi la specie in Italia risulta *Data Deficient* per classificare la specie in Lista Rossa.
- I dati finora raccolti evidenziavano l'assenza di popolazioni da cui attingere per ripopolamenti, ora Elba e Corsica potrebbero essere buone candidate.
- Difficile eradicare gli ibridi, possibile in allevamento o in popolazioni isolate.



Futuro

- Monitoraggio dei nuclei presenti in Italia
- Certificazione degli allevamenti e ripopolamento con individui “puri”.
- Piani di conservazione per le popolazioni naturali
- Revisione dei marcatori utilizzati (STRs, SNPs)
- Messa a punto di un'unica metodica condivisa che permetta l'identificazione degli ibridi e del livello di ibridazione degli individui (es. SNPs Chip).
- Intero genoma



Grazie per l'attenzione

Grazie a

A. Negri, G. Malacarne, M. Cucco, N. Mucci, E. Randi, F. Silvano, P.G. Meneguz, E. Negri, P. Tizzani L. Ciuffardi, S. Spanò, G. Boano.

