



La selezione genetica per la conservazione della starna italiana (*Perdix perdix italica*)

Relatori:

Nadia Mucci e Claudia Greco – ISPRA

Hanno contribuito:

Chiara Mengoni e Cristiano Tabarroni

Coordinatore beneficiario



Beneficiari associati



Cofinanziatore



INDICE

- ✓ Scopo del progetto
- ✓ Situazione attuale
- ✓ Identificazione delle componenti genetiche autoctone
- ✓ Analisi preliminari
- ✓ Selezione dei riproduttori
- ✓ Risultati
- ✓ Attività presenti e future

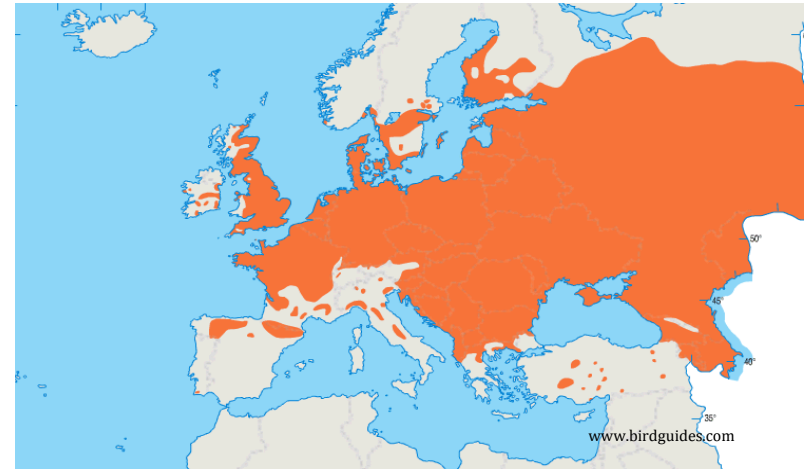


Il Progetto

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



Introduzione: la starna italiana



Spagnesi e Serra 2004. Uccelli d'Italia.

CAUSE DEL DECLINO

- ✓ Aumento di superficie agricola coltivata a monocoltura intensiva;
- ✓ Abbandono dei terreni agricoli collinari e montani;
- ✓ Elevata pressione venatoria;
- ✓ Ripopolamenti con starne non autoctone con conseguente perdita del pool genico originario.

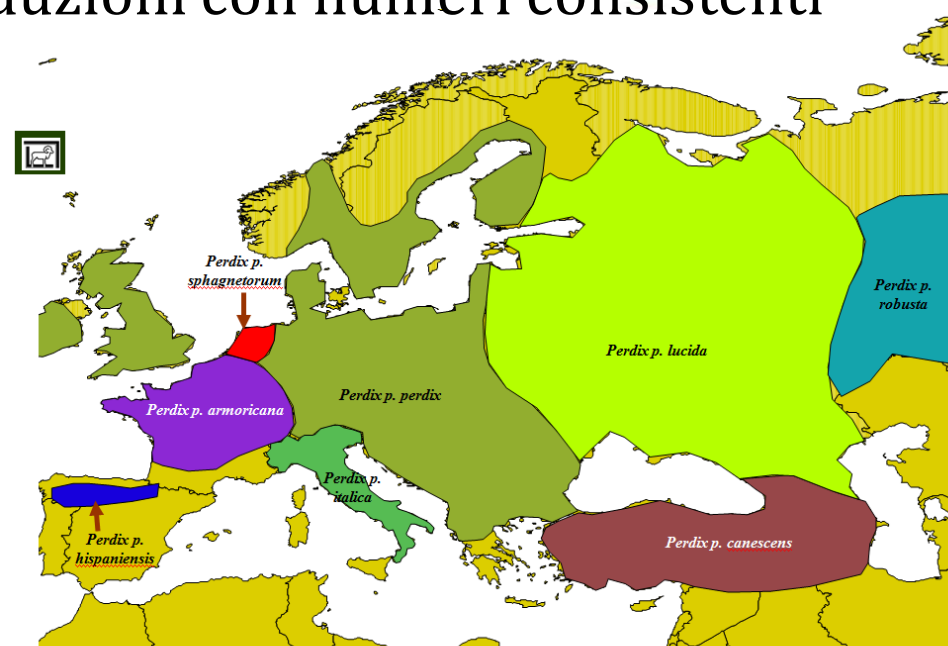
Criticità alla realizzazione

Necessità per la buona riuscita del progetto

- ✓ Identificazione di individui con caratteristiche genetiche adeguate.
- ✓ Popolazioni sorgente per le reintroduzioni con numeri consistenti di individui idonei.

Situazione attuale

- Popolazioni italiane con componente genetica mista.
- Popolazioni in Italia pressoché estinte in natura.



Prima fase

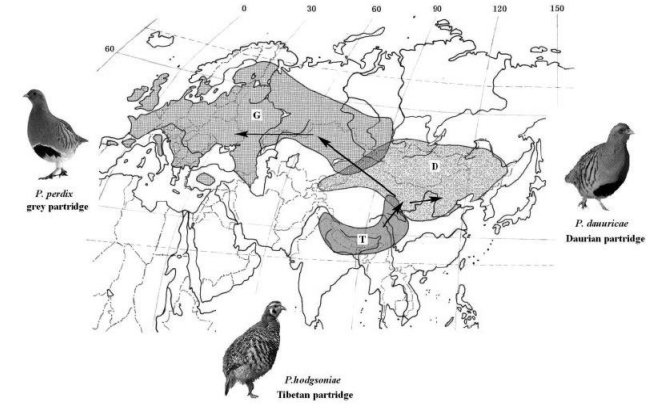
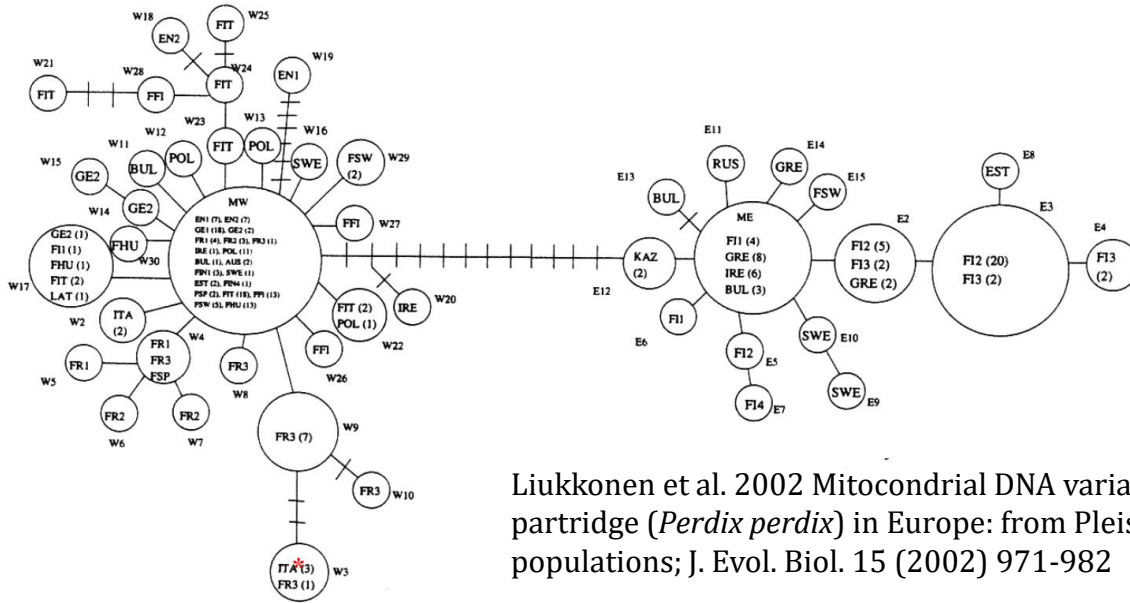
Analisi del pattern genetico autoctono e preesistente alle reintroduzioni mediante l'analisi di un frammento del DNA mitocondriale in campioni museali.

Analisi di 28 campioni museali appartenenti a sette regioni:

- Piemonte
- Veneto
- Friuli Venezia Giulia
- Emilia Romagna
- Lazio
- Toscana
- Umbria



L'approccio biomolecolare allo studio 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 degli aplotipi di starna di provenienza europea. Tra parentesi il numero degli individui appartenenti ad ogni aplotipo. Ogni linea tra due stanghette o cerchi rappresenta una mutazione. La dimensione di ogni cerchio è in funzione del numero di individui in cui questo aplotipo è stato trovato.

Identificazione delle linee filogenetiche esistenti; confronto con le componenti genetiche presenti nel passato.



Seconda fase

Analisi genetiche

- Analisi su esemplari appartenenti ad allevamenti in cui:
- ✓ era stata dichiarata l'assenza di esemplari di origine alloctona.
 - ✓ erano stati identificati esemplari con pattern genetici riconducibili a starne italiane autoctone.



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

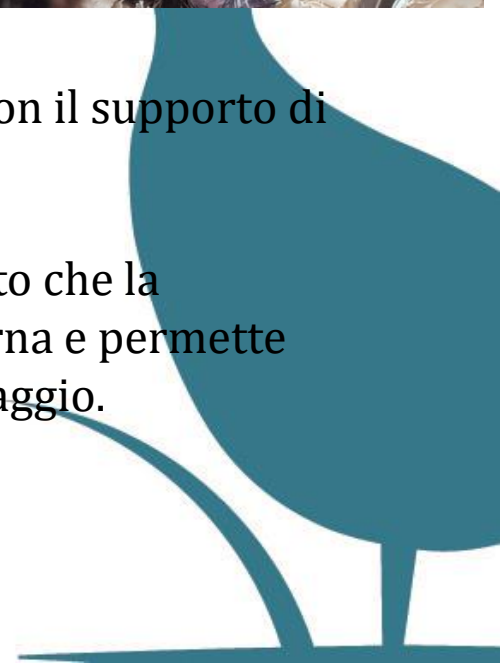


Terza fase

Selezione riproduttori 2018-2019



- ✓ Le analisi hanno riguardato quasi 3000 campioni (analizzati in parte con il supporto di un laboratorio esterno, Bio-Fab Research).
- ✓ 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.

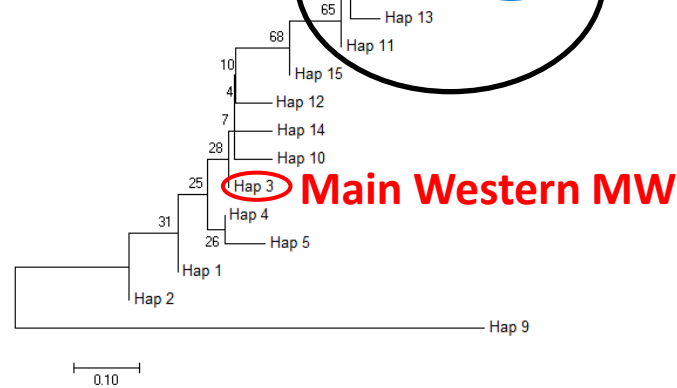
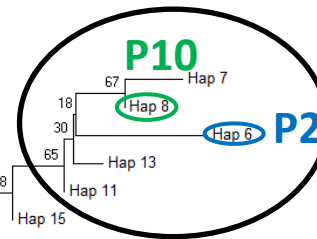


La formazione delle coppie

Ordine preferenziale per la scelta

- Femmina P2 o P10 e Maschio P2 o P10.
- Femmina P2 o P10 e Maschio MW.
- Femmina MW e Maschio P2 o P10 (in percentuale ridotta).
- Femmina MW e Maschio MW o viceversa (in percentuale ridotta).

Aplotipi esclusivi italiani





Quarta fase

Selezione riproduttiva 2019-2020

- Verifica degli aplotipi mitocondriali per confermare la filogenesi.
- Calcolo della variabilità genetica per ridurre il rischio da inincrocio mediante l'utilizzo di software (GenALEX, Colony, ecc).





Lavori in corso...

Azioni di monitoraggio

- ✓ Analisi della variabilità genetica degli individui rilasciati.
- ✓ Analisi della variabilità genetica a partire da penne ritrovate sul territorio post rilasci.





Grazie dell'attenzione!

**Si ringrazia l'intero
partenariato di
progetto.**

