



## La genetica non-invasiva applicata allo studio ed alla conservazione di popolazioni di carnivori in Italia

Romolo Caniglia, Francesca Davoli, Elena Fabbri, Marco Galaverni, Claudia Greco, Federica Mattucci, Chiara Mengoni e Ettore Randi

Laboratorio di Genetica, ISPRA, Ozzano dell'Emilia (BO)

Le convenzioni internazionali e le direttive comunitarie (Convenzione sulla Diversità Biologica CBD, Convenzione di Washington CITES, Direttiva Habitat) prevedono l'attuazione di programmi di rilevamento e monitoraggio, indispensabili per ottenere le informazioni necessarie alla realizzazione di adeguati piani di conservazione e gestione delle specie di carnivori minacciate e soggette a tutela. Tuttavia lo studio dei carnivori presenta notevoli difficoltà operative, poiché lupo, orso, lontra, gatto selvatico, lince, vivono a basse densità ed in ambienti spesso difficilmente accessibili, sono animali elusivi e/o notturni che possono compiere notevoli spostamenti. Le tecniche della biologia molecolare permettono l'identificazione ed il monitoraggio su larga scala di queste specie grazie all'analisi di campioni biologici raccolti sul campo in maniera non invasiva.

I campioni non invasivi, raccolti senza la cattura degli animali, sono costituiti da escrementi, peli, tracce di sangue, urina

Feci di lupo



Peli di orso



Spraint di lontra



Peli di gatto



L'analisi del DNA ricavato dai campioni non invasivi permette di ottenere informazioni su:

- presenza e distribuzione di una specie
- numero di individui in una popolazione
- identificazione dei nuclei familiari
- dispersioni giovanili e individuali
- diversità genetica e popolazioni criptiche

### I progetti di monitoraggio in corso presso il Laboratorio di genetica ISPRA

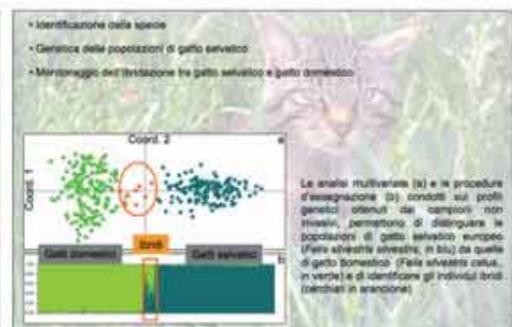
#### Il lupo (*Canis lupus*) [1] nell'Appennino centro-settentrionale



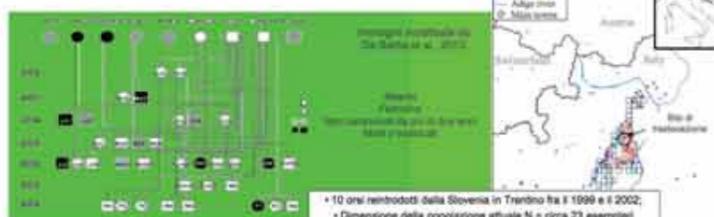
#### I Mustelidi [2] (*Lutra lutra*, *Martes martes*, *M. foina*)



#### I Felidi [3] (*Lynx lynx*, *Felis silvestris*)



#### L'orso bruno sulle Alpi [4] (*Ursus a. arctos*)



#### L'orso bruno in Appennino [5] (*Ursus a. marsicanus*)



La genetica non invasiva permette di identificare il genotipo individuale, il sesso, il gruppo familiare e la popolazione di appartenenza, realizzando su ampia scala geografica ed a costi contenuti, programmi di monitoraggio della presenza ed abbondanza di specie protette di carnivori. Le informazioni ottenute dalla genetica non invasiva consentono la ricostruzione dello status e della dinamica delle popolazioni, fornendo indicazioni essenziali per la realizzazione dei piani d'azione per la conservazione e gestione delle specie di interesse. Questi programmi, coordinati da ISPRA e MATTM, si realizzano in collaborazione con numerose Amministrazioni locali e Parchi nazionali, regionali e provinciali, grazie alla partecipazione attiva di centinaia di operatori e volontari qualificati tramite specifici corsi di formazione (CFS, CTA, guardie provinciali, guardie ecologiche, cacciatori, studenti ...) che contribuiscono alla raccolta dei campioni ed alla valutazione dei risultati. I data-base informatizzati (genotipi georeferenziati) vengono utilizzati dalle amministrazioni e dagli enti parco per la definizione gli interventi istituzionali di monitoraggio e conservazione dei carnivori italiani.

## Bibliografia:

[1]

Caniglia R., Fabbri E., Greco C., Randi E. (2010). Atti del Convegno “Ricerca scientifica e strategie per la conservazione del lupo (*Canis lupus*) in Italia”. *Quaderni di Conservazione della Natura*, 33.

[2]

Prigioni C., Remonti L., Balestrieri A., Sgrosso S., Priore G., Mucci N., Randi E. (2006). Estimation of european otter (*Lutra lutra*) population size by fecal dna typing in southern Italy. *Journal of Mammalogy*, 87(5):855–858.

Ruiz-González A., Rubines J., Berdión O., Gómez-Moliner B. J. (2008). A non-invasive genetic method to identify the sympatric mustelids pine marten (*Martes martes*) and stone marten (*Martes foina*): preliminary distribution survey on the northern Iberian Peninsula. *European Journal of Wildlife Research* 54(2):253-261.

[3]

Oliveira R., Godinho R., Randi E. Alves P. C. (2008). Hybridization versus conservation: are domestic cats threatening the genetic integrity of wildcats (*Felis silvestris silvestris*) in Iberian Peninsula? *Phil. Trans. R. Soc. B* 363:2953-2961.

Palomares F., Godoy A., Piriz A., O'Brian O., Jhonson E., (2002). Faecal genetic analysis to determine the presence and distribution of elusive carnivores: design and feasibility for the Iberian lynx. *Molecular Ecology*, 11: 2171-2182.

Foto di Antonio Iannibelli.

[4]

De Barba M., Waits L., Garton E. O., Genovesi P., Randi E., Mustoni A., Groff C. (2010). The power of genetic monitoring for studying demography, ecology and genetics of a reintroduced brown bear population. *Molecular Ecology*, 19:3938–3951.

[5]

Gervasi V., Ciucci P., Davoli F., Boulanger J., Boitani L., Randi E. (2010). Addressing challenges in non invasive capture-recapture based estimates of small populations: a pilot study on the Apennine brown bear. *Conservation Genetics*, 11(6):2299–2310.