

Differenziazione genetica e migrazione fra due popolazioni di camoscio alpino (*Rupicapra rupicapra*) nelle Alpi centrali

Suchentrunk F.¹, Gugiatti A.² & L. Corlatti ³

¹ Istituto di Ricerca sull'Ecologia della Fauna Selvatica, Università di Medicina Veterinaria, Vienna, Austria;

² Libero professionista, Sondrio, Italia;

³ Unità di Ricerca in Ecologia Comportamentale, Etologia e Gestione della Fauna Selvatica, Università degli Studi di Siena, Siena, Italia

Introduzione

Il processo di dispersione rappresenta un fattore importante nell'evoluzione di una specie, con conseguenze notevoli sulla gestione delle popolazioni, compresa la capacità di predirne le risposte in seguito alle misure di gestione adottate o ai cambiamenti delle condizioni ambientali. A livello di popolazione, la dispersione influenza il tasso di differenziazione genetica e il grado di indipendenza demografica delle popolazioni locali.

L'acquisizione di opportune conoscenze sui pattern di dispersione è inoltre di fondamentale importanza per capire la diffusione di malattie quali la rogna sarcoptica, che rappresenta una continua minaccia per le popolazioni di camoscio nelle Alpi orientali. Considerato l'elevato tasso di mortalità, fino all'80%, nel corso di epidemie di rogna sarcoptica, questa malattia può essere considerata un importante fattore evolutivo nell'ambito di popolazioni regionali.

Abbiamo studiato la differenziazione genetica di due popolazioni regionali di camoscio alpino nelle Alpi centrali italiane, un'area storicamente esente da rogna sarcoptica.

Domande

1. Esiste una significativa differenziazione genetica fra i camosci retici e quelli orobici nel Comprensorio Alpino di Sondrio, il cui fondovalle sembrerebbe rappresentare una forte barriera per la migrazione dei camosci?
2. Se sì, esistono comunque fenomeni di migrazione fra le due popolazioni? Queste migrazioni sono simmetriche (cioè di pari intensità in entrambe le direzioni)? Ci sono differenze fra maschi e femmine nei tassi di migrazione?

Materiali e metodi

DIVERSITÀ GENETICA, DIFFERENZIAZIONE DI POPOLAZIONE, FLUSSO GENICO

133 camosci dalle Alpi Orobie e 57 dalle Retiche / variazione su 12 microsattelliti

Ricchezza allelica (RA) (FATAT 2.9.3.2)

Basata su frequenza e rarefazione allelica, tiene conto delle differenti dimensioni campionarie; surrogato della diversità genetica

Differenziazione genetica e Migrazione (FATAT 2.9.3.2 statistiche-F (FSTAT 2.9.3.2), AMOVA (ARLEQUIN 3.11), analisi di struttura Bayesiana (STRUCTURE 2.3.3), stime di migrazione basate su teoria di coalescenza (MIGRATE v. 3.0), identificazione degli individui migratori di prima generazione (GENECLASS 2.0.g)



Struttura genetica & Migrazione

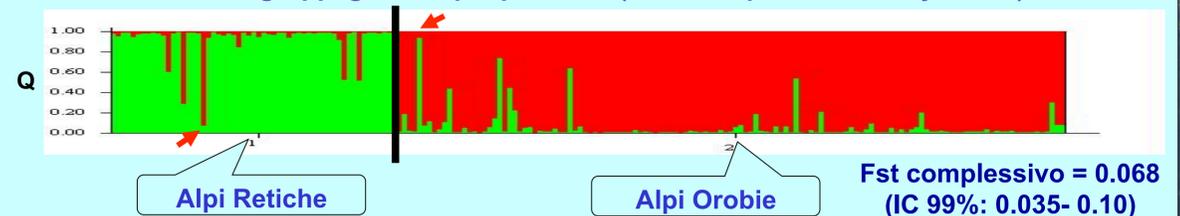
numero di migratori per generazione, basato sulla teoria di coalescenza; risultati di massima verosimiglianza separati per maschi & femmine in entrambe le direzioni

Alpi Retiche, RA = 6.49, Fis = -0.019



Alpi Orobie, RA = 5.85, Fis = -0.005

Struttura genetica: ripartizione genetica degli individui di camoscio ai due gruppi genetici più probabili (analisi di probabilità Bayesiana)



Alpi Retiche

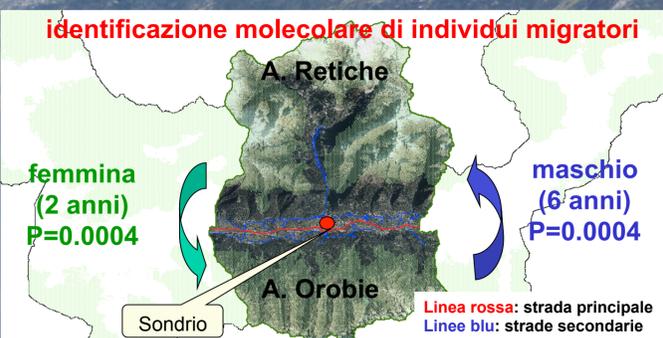
Alpi Orobie

Fst complessivo = 0.068 (IC 99%: 0.035- 0.10)

Le frecce in rosso indicano i due individui identificati come migratori di prima generazione



la freccia di colore rosso indica un probabile corridoio di migrazione del camoscio nell'aree studiata



Test Bayesiano di assegnazione (tutti gli individui): Valori medi di assegnazione: maschi= - 0.38931, femmine= +0.48092, p = 0.0317 (test T di assegnazione)

Per i camosci retici non c'è una significativa sottostrutturazione dovuta alla valle (Valmalenco) che decorre in direzione nord-sud: Fst = 0.009 (IC 95%: -0.027 - +0.052), anche quando i camosci retici che più probabilmente contribuivano alla migrazione sono stati esclusi dall'analisi.

CONCLUSIONI

I nostri risultati confermano l'attesa differenziazione genetica e un flusso genico molto limitato fra le due popolazioni nel Comprensorio Alpino di Sondrio, almeno parzialmente dovuti alla presenza antropica nel fondovalle. Nonostante siano stati identificati due individui che hanno migrato fra le due sponde (probabilmente attraversando il fondovalle), e nonostante le Orobie siano connesse alle Retiche nella parte più orientale della Valtellina, la differenziazione genetica fra i due blocchi montani risulta piuttosto stabile, come indicato dai risultati di migrazione basati sulla teoria di coalescenza. Il livello di differenziazione genetica corrisponde a quello riscontrato mediamente per il camoscio in diverse catene montuose delle Alpi orientali (analisi effettuate su un campione di oltre 700 camosci da 24 popolazioni regionali, Suchentrunk et. al., dati non pubblicati.)

Interessante notare come dai nostri dati emergano solo deboli indizi di una maggiore migrazione maschile. I risultati suggeriscono infatti come la migrazione femminile, anche attraverso notevoli barriere habitative, non debba essere trascurata; questo potrebbe avere implicazioni nello sviluppo di modelli di migrazione a livello di popolazione (anche nell'ambito dell'epidemiologia di malattie come la rogna sarcoptica). Allo stesso modo, non sono stati riscontrati valori differenziali nella migrazione da un versante all'altro, nonostante le Alpi Retiche sembrerebbero poter garantire condizioni habitative migliori, in considerazione anche dei valori ponderali maggiori registrati nei camosci di questo versante.

Contatti E-mail: franz.suchentrunk@vetmeduni.ac.at & luca.corlatti@unisi.it

Ringraziamenti A. Haiden (FIWI, Vienna) per l'assistenza in laboratorio I cacciatori del CA di Sondrio per la disponibilità nel fornire i campioni