

## IL CONTRIBUTO DELLA GENETICA NELLO STUDIO DELLE DINAMICHE SPAZIALI

D. FULGIONE<sup>1</sup>, O. SOPPELSA<sup>2</sup>, D. RIPPA<sup>1</sup>, V. MASELLI<sup>1</sup>, M.R. SANSONE<sup>1</sup>,  
R.K. RASTOGI<sup>1</sup>

fulgione@unina.it

<sup>1</sup>Dip. di Biologia Strutturale e Funzionale, Univ. di Napoli Federico II, Complesso Universitario di Monte S. Angelo, via Cinthia, Napoli; <sup>2</sup>Dip. di Scienze Biologiche, Univ. di Napoli Federico II, Via Mezzocannone 8, Napoli

Le dinamiche spaziali degli animali sono state studiate con diverse metodologie, più o meno sofisticate e più o meno invasive. Nella maggior parte dei casi si è fatto riferimento ad un riconoscimento individuale come il marcaggio e la radiotelemetria.

L'approccio molecolare, che oggi si avvale di marcatori ipervariabili, rappresenta uno strumento sicuramente non invasivo che può essere facilmente plasmato ad uso delle problematiche di dispersione, migrazione e nella identificazione dei percorsi seguiti dai singoli individui. In questo contributo presentiamo alcuni esempi di determinazione genetica che evidenziano la versatilità ed il grado di accuratezza di questo approccio. Saranno esposti esempi di genetica non invasiva su mammiferi come cinghiale e lepre italica. Tali informazioni hanno portato alla caratterizzazione individuale che è stata combinata con l'analisi paesaggistica mediante *Ecological Niche Factor Analysis*. Questa metodica denominata *landscape genetics*, ha messo in luce diverse variabili che potrebbero aver agito sulla disposizione spaziale di questi mammiferi nel mosaico paesaggistico, sui loro movimenti dispersivi e sul flusso genico. In un altro esempio riportiamo un particolare approccio allo studio della migrazione degli uccelli. Partendo dalla cattura e caratterizzazione genetica di pettirosso presso due siti, uno riproduttivo l'altro di passo, è stato possibile ricostruire un probabile pattern di migrazione. Infatti, l'elaborazione dei risultati derivanti dall'analisi di sei loci microsatellite con statistiche bayesiane ha evidenziato una separazione tra popolazioni con percorsi a breve e a lungo raggio. Ha suggerito, inoltre, la presenza di un *loop* di migrazione per i migratori di lunga distanza ed una scarsa mescolanza di queste popolazioni che frequentano uno stesso sito in tempi diversi.