

# Il recupero genetico della starna italiana: dalla selezione dei riproduttori al monitoraggio della variabilità nell'ambito del LIFE Perdix

4 maggio 2023

Relatore:

**Claudia Greco – ISPRA**

Hanno contribuito:

**Nadia Mucci, Cristiano Tabarroni**

Coordinatore beneficiario



Beneficiari associati



Cofinanziatore



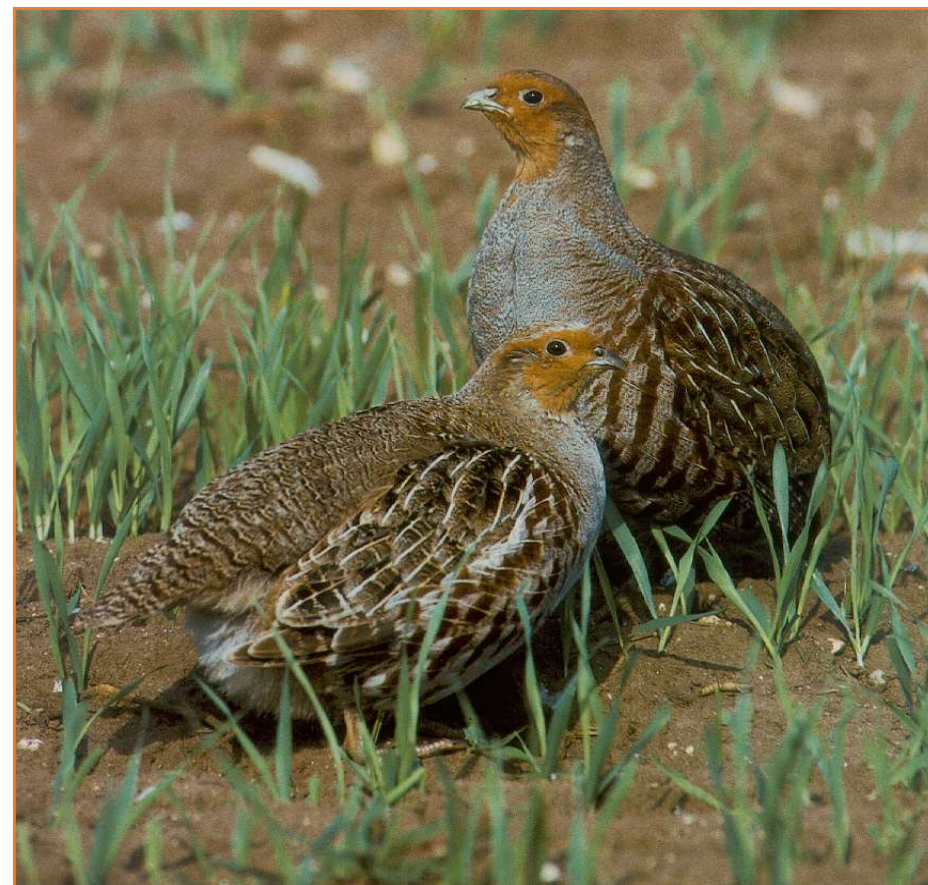
# INDICE

- ✓ Il progetto Life Perdix
- ✓ Identificazione delle componenti genetiche autoctone
- ✓ Analisi preliminari
- ✓ Selezione dei riproduttori dal 2019 - 2021
- ✓ Monitoraggio della variabilità genetica 2022-2024
- ✓ Networking



# Obiettivi del Progetto

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

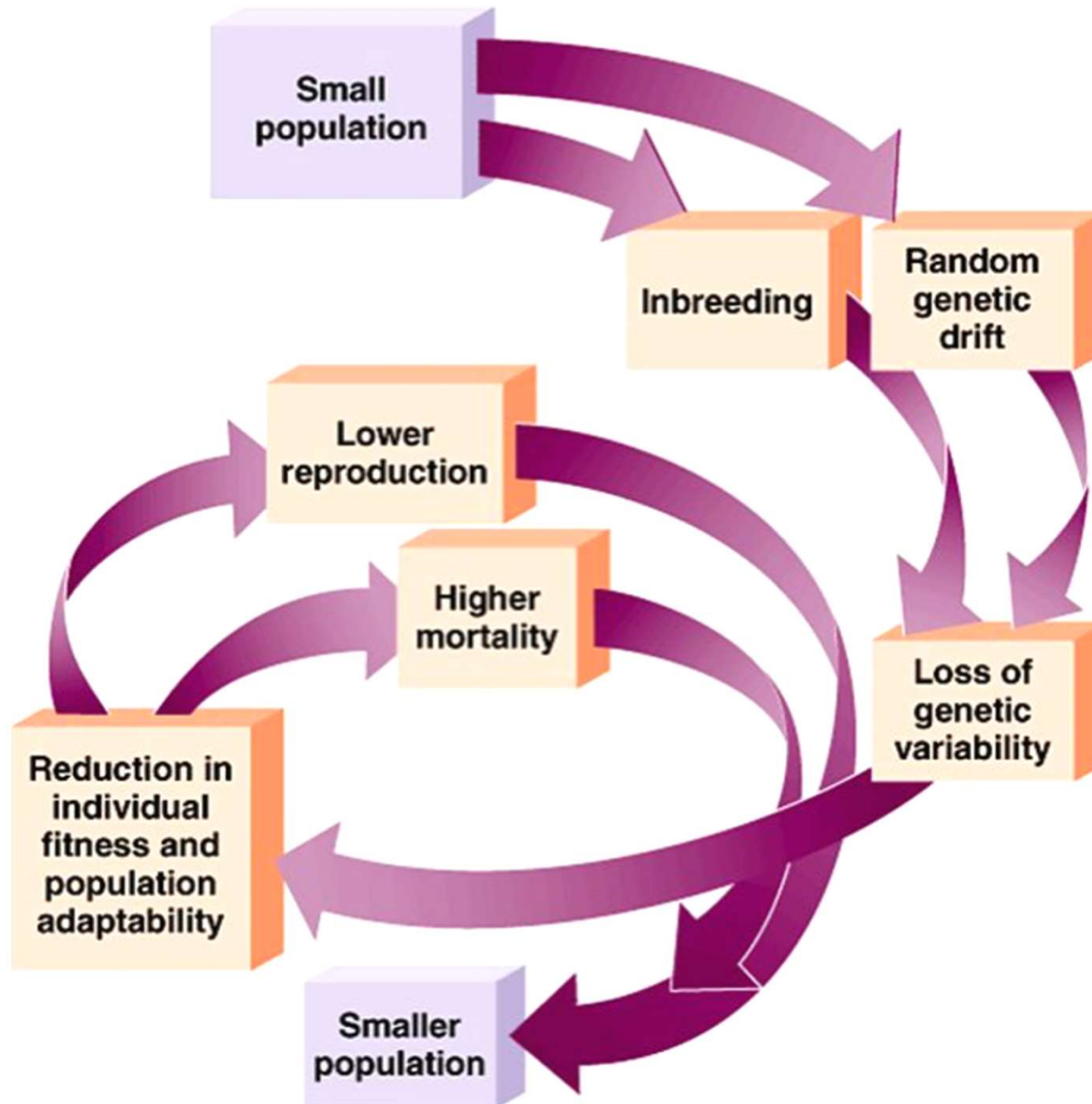


*European Breeding Bird Atlas:*

Le popolazioni di starna negli ultimi 40 anni hanno subito un declino numerico a livello europeo di oltre il 90%.

**Il vortice dell'estinzione**

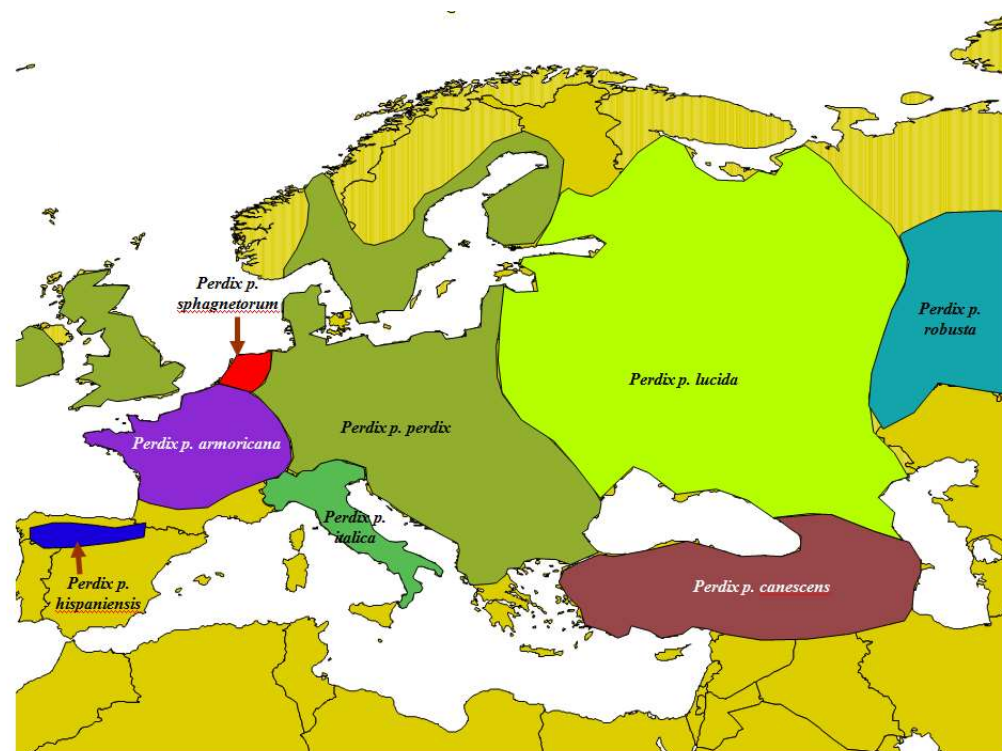
# The Extinction Vortex:



# Criticità alla realizzazione

## Situazione attuale

- Popolazione naturale in Italia considerata estinta in natura
- Popolazioni europee con componenti genetiche riconducibili agli esemplari rilasciati nel nostro paese



## Necessità per la buona riuscita del progetto

- ✓ Identificazione di individui con caratteristiche genetiche a
- ✓ Popolazioni con individui idonei numericamente consiste

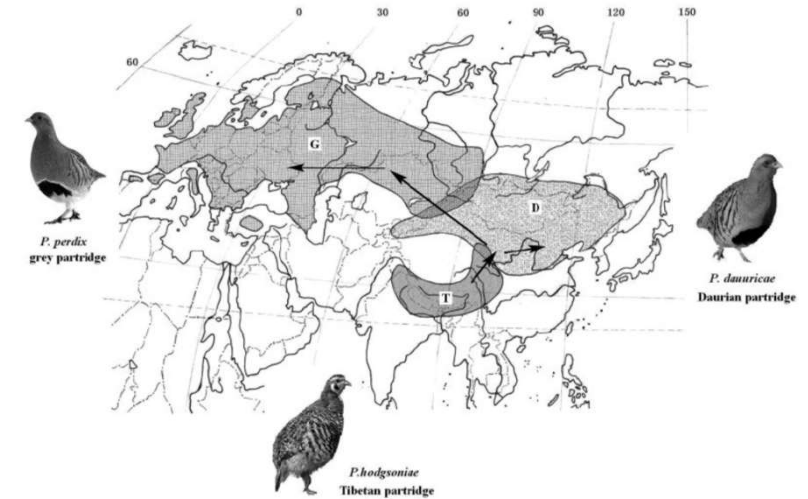
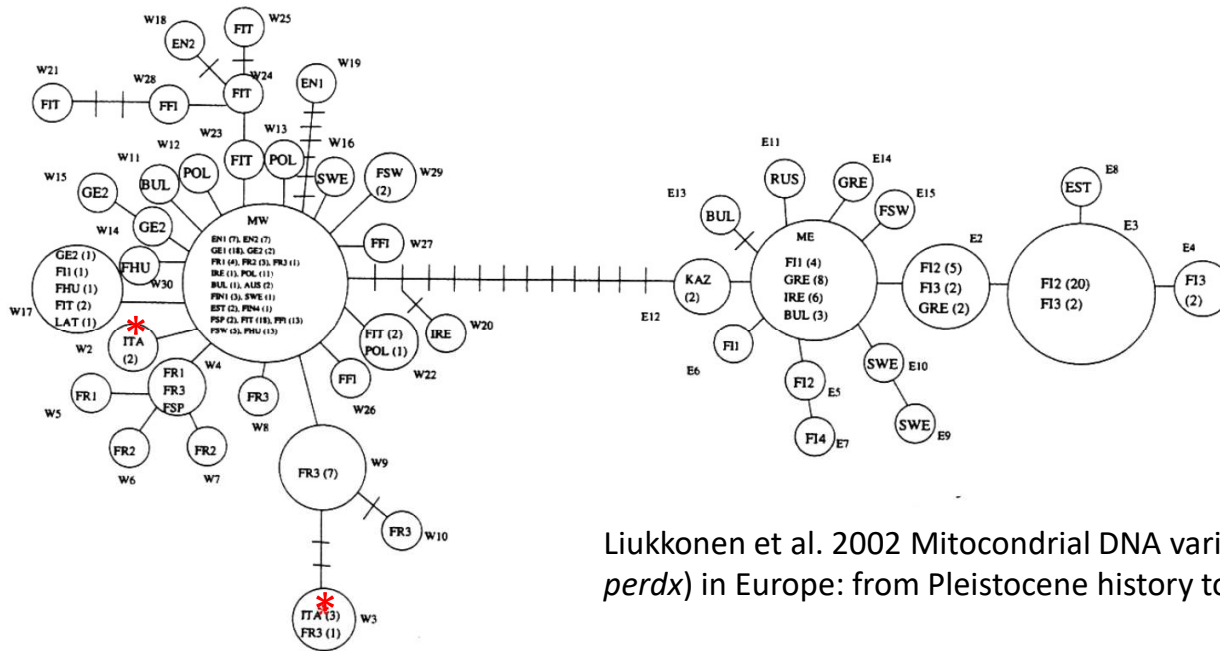


## Attività preliminari

- ✓ Analisi del pattern genetico autoctono preesistente alle reintroduzioni mediante l'analisi di un frammento del DNA mitocondriale in campioni museali.
- ✓ Analisi del DNA di una sessantina di reperti museali di fine '800 primi '900 campionati sul territorio nazionale. Sfruttando la biobanca ISPRA e il materiale reperito appositamente.



# 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 che connette gli aplotipi CR1 di starna con il minor numero possibile di mutazioni, costruito sulla base dei siti di segregazione. Tra parentesi il numero degli individui appartenenti ad ogni aplotipo, il cui nome è indicato in stampatello. Ogni linea tra due stanghette o cerchi rappresenta una mutazione. Si noti in particolare la collocazione dei 5 campioni museali italiani (ITA\*) e quella dei 26 campioni di allevamento (FIT).

Identificazione di linee filogenetiche caratteristiche delle popolazioni italiane e presenti prima dei rilasci in natura di esemplari alloctoni.

## Analisi genetiche di esemplari allevati

Analisi su esemplari appartenenti ad allevamenti, presi in considerazione poiché:

- ✓ identificati esemplari con pattern genetici riconducibili a starne italiane autoctone
- ✓ dichiarata l'assenza di esemplari di origine alloctona



## Identificazione aplotipi storici esclusivi italiani

<b>Emilia Romagna*</b>	<b>3%</b>
Umbria	0%
Sicilia	0%

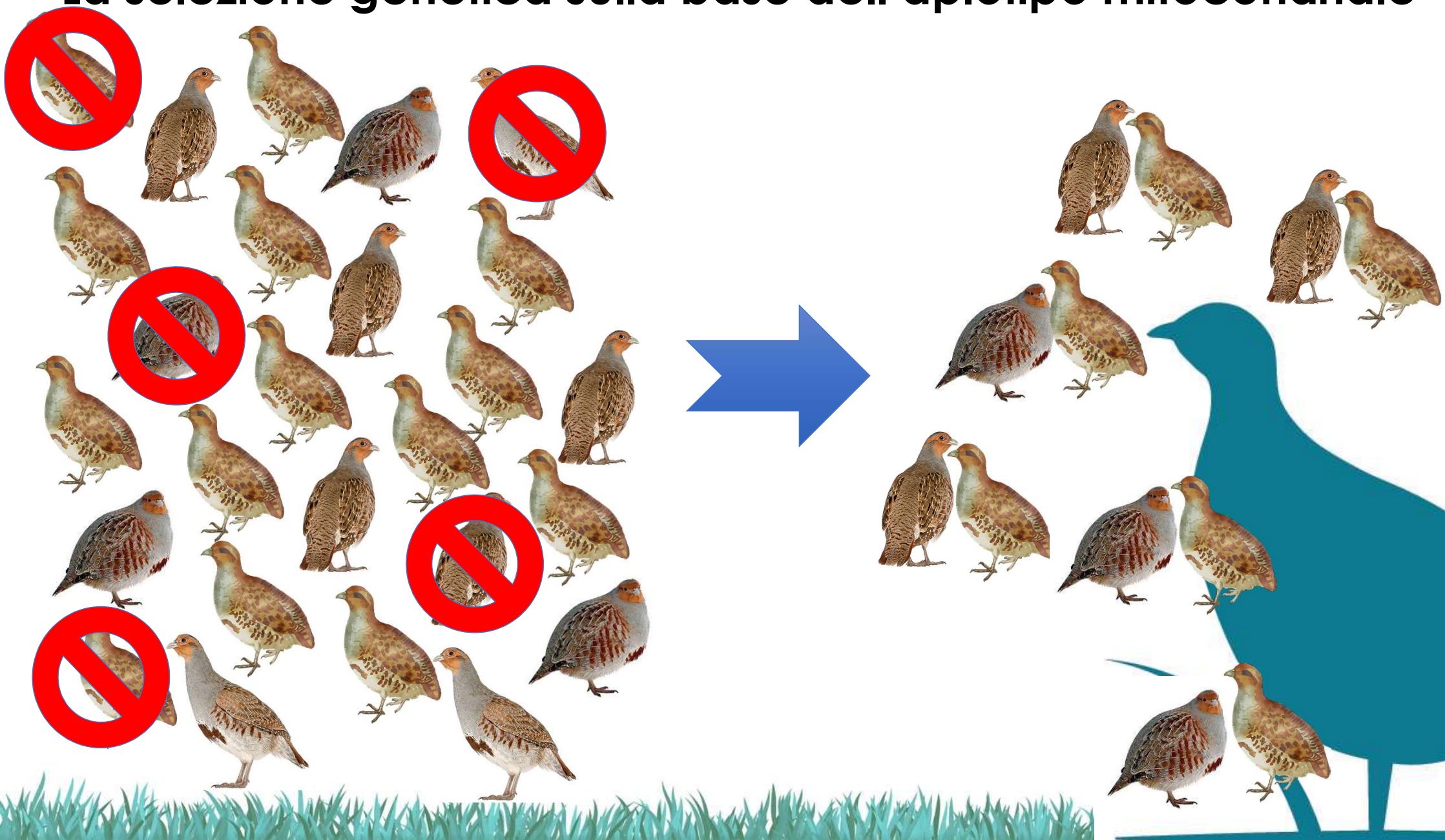
•Emilia Romagna	50 individui
•Umbria	20 individui
•Sicilia	20 individui

**Aplotipi\***  
P2  
P10  
MW





# La selezione genetica sulla base dell'aplotipo mitocondriale



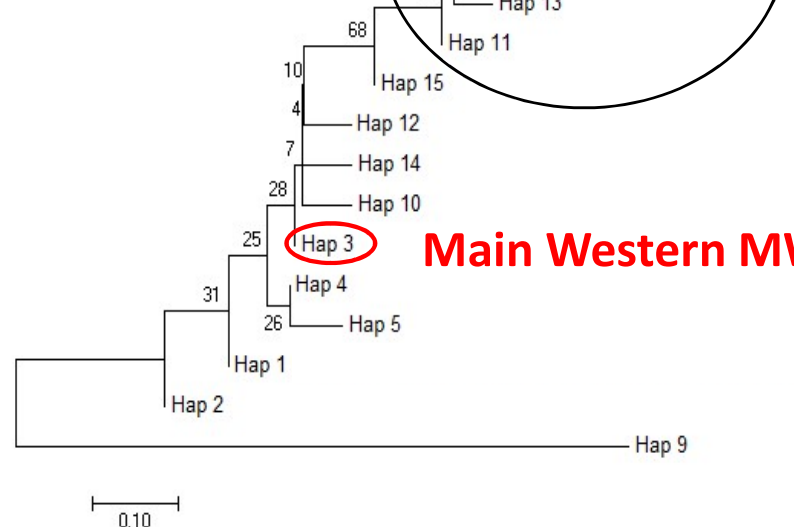
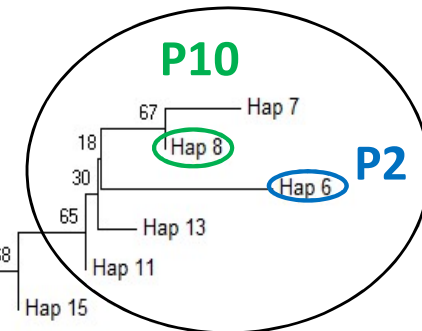
# La formazione delle coppie

## 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



# Primo anno: Scelta dei riproduttori idonei

## Selezione 2019

- ✓ Oltre **4000** campioni archiviati
- ✓ **3000** campioni analizzati.
- ✓ Scelta preferenziale sulle femmine,  
**1914 femmine vs. 991 maschi.**
- ✓ Circa **230 coppie** costituite e ove necessario ricostituite o riassortite in caso di decessi.
- ✓ Deposte **6330 uova**



# Secondo anno: Scelta riproduttori

## Selezione 2020

- ✓ Verifica degli aplotipi mitocondriali di oltre **700 individui** per conferma, su 750 inseriti in database.
- ✓ Valutazione della **variabilità genetica**, 8 loci microsatellite, su circa 300 esemplari per ridurre il rischio di consanguineità mediante l'utilizzo di software.
- ✓ Costituite **274 coppie** nei parchetti riproduttivi, di cui 92 con femmina P2-P10 ed in via sperimentale alcune decine a terra.



**13.100 uova prodotte**



# Terzo e quarto anno: Scelta riproduttori

## Selezione 2021 e 2022

- ✓ Le coppie costituite sono state scelte sulla base di caratteri fenotipici ed avvalendosi della separazione delle linee produttive sono stati abbinati esemplari P2 o P10 con MW dando preferenza alle femmine P2 o P10.
- ✓ Circa **700 coppie annue**, di cui oltre 500 con aplotipo P2-P10.
- ✓ Database incrementato di ulteriori **650 record per anno**, ogni riga corrisponde ad un esemplare.
- ✓ Ogni anno oltre 25.000 uova prodotte, nati 10.000 pulcini



# Azioni di monitoraggio su esemplari giovani rilasciati ogni estate



- ✓ Analisi della variabilità genetica, 8 loci microsatellite su 300 esemplari ogni anno, individui rilasciati in estate.
- ✓ Materiale campionato tracce biologiche ritrovate sul territorio, penne ed escrementi, prelevati nelle valli del Mezzano post rilasci, o da eventuali ricatture.



# Networking

- ✓ Università del Piemonte Orientale, dipartimento DISIT – Irene Pellegrino
- ✓ Università degli Studi di Perugia – Livia Lucentini
- ✓ GenBank

Verificare e ricostruire degli aplotipi storici ottenuti da campioni museali confrontandoli con dati pregressi depositati in banca genetica internazionale e dati pubblicati a livello europeo.





**Grazie per  
l'attenzione!**

**Un sentito ringraziamento a  
tutti i partner di progetto che  
stanno lavorando con  
entusiasmo e in sinergia.**

Coordinatore beneficiario



Beneficiari associati



Cofinanziatore

