

VARIABILITÀ MICROSATELLITARE IN POPOLAZIONI ITALIANE DI MARTORA, *MARTES MARTES*

COLLI L.¹, CANNAS R.², DEIANA A.M.², TAGLIAVINI J.¹

¹ Dipartimento di Biologia Evolutiva e Funzionale, Università di Parma, Parco Area delle Scienze 11/a - 43100 Parma, E-mail: licia.colli@assb.biol.unipr.it

² Dipartimento di Biologia Animale ed Ecologia, Università di Cagliari, Viale Poetto 1 09124 Cagliari

La martora, *Martes martes*, è un mustelide storicamente presente su gran parte del territorio italiano, soprattutto dove siano presenti foreste mature altamente strutturate e ricche di risorse. Nel corso dei decenni passati, cause quali la deforestazione con conseguente frammentazione dell'habitat, la caccia e la persecuzione da parte dell'uomo hanno portato ad un sensibile declino sia nel numero d'individui sia di popolazioni in tutta l'Europa. Frammentazione degli areali e diminuzione del numero di soggetti costituiscono le cause principali di un limitato flusso genico con conseguente formazione di popolazioni isolate di martora e perdita di variabilità genetica (Kyle *et al.*, 2003). Per queste ragioni la martora risulta attualmente tutelata secondo quanto previsto dalla Convenzione di Berna (appendice III) e dalla Direttiva europea 92/43/CEE "Habitats & Species".

Di fronte a prospettive di tipo conservazionistico, diventa necessario disporre di metodologie per la valutazione della variabilità residua nella specie a livello d'individui e di popolazioni.

Secondo numerosi Autori, i microsatelliti costituiscono marcatori molto efficaci nella descrizione della struttura genetica e della storia demografica di specie (Beaumont & Bruford, 1999; Linares, 1999).

Il presente lavoro propone i risultati ottenuti attraverso il confronto di due campioni costituiti da individui di *Martes martes* provenienti dalla Sardegna (25 esemplari) e dal territorio italiano (6 esemplari). L'analisi è stata condotta a livello di 7 loci microsatellitari dinucleotidici polimorfici.

Il valore di F_{ST} calcolato dal confronto dei due gruppi è risultato pari a 0,102 e ricade nel *range* di variazione identificato di recente in popolazioni nord-europee di martora (Kyle *et al.*, 2003). L'analisi della varianza molecolare (AMOVA), condotta a due livelli gerarchici, ha permesso in particolare di ripartire la varianza del campione nelle componenti inter-gruppi (10,25% del valore totale) ed intra-gruppi (89,75%), suggerendo l'esistenza di una differenziazione genetica tra i due *pools* di individui.

E' stato effettuato anche un test per l'assegnazione dei genotipi (genotype assignment test, Paetkau 1995, 1997; Waser & Strobeck, 1998), che ha prodotto risultati

in stretto accordo con la provenienza geografica dei campioni analizzati: nonostante il piccolo numero d'individui provenienti dalla penisola, tutti i genotipi identificati sono stati assegnati con successo al gruppo d'origine. Tale risultato indica ulteriormente come la variabilità descritta dai 7 loci microsatellitari permetta di identificare con successo le differenze genetiche esistenti tra i due gruppi.