

IDENTIFICAZIONE DI DUE POLIMORFISMI MITOCONDRIALI UTILI ALLA DISCRIMINAZIONE TRA *MARTES MARTES* E *MARTES FOINA*

COLLI L., MARZANO F.N., NIEDER L., GANDOLFI G.

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

La famiglia Mustelidae è presente sul territorio italiano con 7 specie autoctone (*Meles meles*, *Mustela erminea*, *M. nivalis*, *M. putorius*, *Lutra lutra*, *Martes foina*, *M. martes*) ed una naturalizzata (*Mustela vison*). In tassonomia, variazioni morfologiche e morfometriche, spesso a carattere "locale", possono invalidare i tradizionali metodi di diagnosi utilizzati nell'attribuzione specifica. Inoltre criteri di discriminazione legati a caratteristiche corporee macroscopiche non sono applicabili nel caso in cui si disponga unicamente di resti quali peli, depositi fecali, tracce ematiche ecc. Nell'ambito dei mustelidi sono noti fenomeni di sovrapposizione dei caratteri diagnostici che rendono problematica l'identificazione delle specie, come nel caso di *M. martes* e *M. foina*.

Negli ultimi anni l'identificazione di polimorfismi genetico-molecolari a scopo tassonomico ha permesso di dirimere numerosi casi incerti. In questo lavoro sono presentati i dati preliminari di uno studio volto ad identificare polimorfismi discriminanti le due specie di mustelidi considerate.

L'analisi è stata condotta con enzimi di restrizione applicati ad una regione del genoma mitocondriale. Parte della sequenza del gene citocromo b (cyt b) è stata amplificata con PCR e *primers* universali, ottenendo un frammento di circa 360 bp. Gli enzimi di restrizione impiegati nell'analisi sono stati scelti in accordo con profili di digestione teorici, ricavati con un apposito software a partire da sequenze di cyt b di *M. martes* e *M. foina* presenti in banche dati.

A seguito della digestione sequenziale con gli enzimi Hae III e Bgl I, il profilo elettroforetico generato mostra la presenza di una banda di circa 180 bp negli individui appartenenti alla specie *M. martes* e di due bande distinte di circa 130 e 230 bp negli esemplari di *M. foina*.

Il campione da noi considerato comprende 14 esemplari provenienti da varie località della penisola italiana; in base a criteri tradizionali, 8 animali sono stati inizialmente identificati come martore e 6 come faine. L'analisi dei polimorfismi mitocondriali proposti ha evidenziato come, in realtà, due delle martore considerate siano faine "genetiche". Resta comunque la necessità di verificare il metodo proposto su un campione più ampio.