

CARATTERIZZAZIONE GENETICA DI ALCUNE POPOLAZIONI DI CINGHIALE (*SUS SCROFA*) DELL'ITALIA MERIDIONALE

CALIENDO M.F., RIPPA D., SCOTTI D., FULGIONE D., MILONE M.

Dipartimento di Zoologia-Università "Federico II", via Mezzocannone 8-80134 Napoli
E-mail: fulgione@unina.it

In Italia il Cinghiale ha subito varie oscillazioni numeriche per immissioni d'esemplari provenienti soprattutto dall'est europeo o da paesi vicini (Massei & Toso, 1993) e incrocio con esemplari di maiale domestico, allevato allo stato brado o semi brado in molte zone d'Italia (Apollonio *et al.*, 1988). Questi fattori sono stati responsabili anche di un impoverimento genetico della forma autoctona italiana *Sus scrofa meridionalis* e *majori* che sembrano persistere solo in Sardegna e Maremma (Apollonio *et al.*, 1988). Tra le riserve in cui si ritiene possano trovarsi popolazioni ancora integre, figura la tenuta presidenziale di Castelporziano (Roma). Prendendo spunto da questo lavoro, con il nostro contributo riportiamo i risultati, a livello genetico, della ibridazione con il maiale da parte di cinghiali della Campania, basata sul DNA microsatellite di 4 loci polimorfi.

Sono state studiate 9 popolazioni (allevate e libere), usando per riferimenti maiali allo stato brado e cinghiali di Castelporziano. Dall'analisi delle frequenze alleliche è stato eseguito il *test di assignment* (implementato in una sub routine del software Arlequin 2.0) che individua la possibile origine di un individuo, rispetto ad una rosa di probabili popolazioni di riferimento (Paetkau *et al.*, 1998).

Con i risultati del test di assignment si è costruito il grafico *log-log genotype*, rappresentato da un piano individuato dalle due variabili di riferimento (cinghiale e maiale brado). Le popolazioni esaminate evidenziano una generalizzata distribuzione a cavallo tra i due riferimenti con individui geneticamente simili al cinghiale ed altri al maiale. Questa ripartizione simmetrica è molto evidente nel caso dei cinghiali catturati a Punta Licosa e in quelli dell'allevamento di Polla. La distribuzione dei genotipi sul piano è spesso dispersa, ad eccezione dei cinghiali della Valle del Vento e quelli di Monteverde (individui liberi), che probabilmente rappresentano popolazioni più omogenee. Tra le popolazioni in cui l'ibridazione col maiale sembra maggiore figurano quelle di Padula e Cerreta Cognole (allevamenti), insieme alle popolazioni di Sacco, Monteverde e Baronissi (individui liberi). La sola popolazione di Cuccaro Vetere presenta individui marcatamente assegnabili al genotipo cinghiale (Castelporziano). Data la grande diversificazione delle popolazioni di cinghiale (libere e allevate) si ritiene necessaria una caratterizzazione più estesa e basata su tecniche molecolari prima di effettuare un programma di gestione rivolto a questa specie.