

# Approccio GENETICO per la gestione del camoscio

**Il camoscio (*Rupicapra ssp.*):  
effetti delle reintroduzioni e della  
frammentazione degli habitat**

**BARBARA  
CRESTANELLO**

Centro Ricerca e Innovazione  
Fondazione Edmund Mach

Questo studio nasce nell'ambito di un progetto più ampio FAUNAGEN. Conservazione e gestione della fauna: un approccio genetico" su cervo, capriolo, camoscio, lepre bruna e lepre bianca. FAUNAGEN è stato promosso e realizzato dal Centro di Ecologia Alpina della Fondazione Edmund Mach grazie al supporto e alla piena collaborazione dell'Associazione Cacciatori Trentini, dell'Istituto Zooprofilattico di Trento e Bolzano e del Servizio Faunistico di Trento (finanziato dal fondo unico della Provincia Autonomia di Trento nel maggio del 2001).

## Introduzione

Il camoscio (genere *Rupicapra*) è un ungulato di media taglia che preferisce territori rocciosi e pascoli alpini compresi tra i 1000 e i 2500 metri di altitudine ma può occasionalmente scendere più in basso sino a 400-500 metri.

Maschi e femmine hanno comportamenti sociali e spaziali diversi. Le femmine di camoscio sono caratterizzate da una spiccata socialità e da un elevato grado di gregarismo. Vivono insieme con i giovani in gruppi aperti (2-100 individui) caratterizzati da frequenti scambi tra mandrie. La dimensione e la composizione dei gruppi dipendono dalla densità, dalla struttura di po-

polazione e dalle caratteristiche ambientali. Gli spostamenti delle femmine sono principalmente di tipo esplorativo, legati alla ricerca di cibo. I maschi, invece, tendono alla solitudine e ad una maggiore dispersione (fino a 17 Km) per evitare la consanguineità, e frequentano normalmente quote meno elevate situate al limite inferiore del range altitudinale della specie.

Il territorio ha molta influenza su questi spostamenti: la dispersione avviene in quei siti dove c'è connessione continua tra habitat favorevoli. Il fondo valle, caratterizzato da territori meno idonei, è un ostacolo alla dispersione e tende a separare le popolazioni di camoscio. L'aumento delle attività umane nelle valli, in particolare nelle Alpi, potrebbe avere ulteriormente diminuito i corridoi naturali tra popolazioni, aumentandone l'isolamento e favorendo la consanguineità, cioè la riproduzione sessuale tra individui imparentati.

L'eccessiva consanguineità diminuisce la variabilità genetica degli individui e permette il manifestarsi di variabili genetiche sfavorevoli o dannose, fenomeno conosciuto come inbreeding-depression (depressione da consanguineità) che porta ad un ridotto successo riproduttivo e ad una ridotta sopravvivenza dei soggetti.

Anche l'incrocio tra individui troppo diversi, per esempio soggetti reintrodotti, può avere effetti indesiderati. In alcuni casi, una popolazione può essere così ben adattata alle condizioni locali che l'introduzione di nuove variabili genetiche riduce in effetti la capacità degli animali di adattarsi al proprio habitat, fenomeno conosciuto come outbreeding depression.

Si può ragionevolmente assumere che gli effetti delle attività umane (frammentazione degli habitat e reintroduzioni) siano maggiori nel camoscio che in specie con una distribuzione più omogenea.

Questo perché ci si aspetta che vivere in picchi montani semi isolati produca popolazioni tra loro molto differenziate e caratterizzate da una bassa variabilità genetica interna e da un alto adattamento al territorio. Purtroppo mancano dati in merito.

Fino alla metà degli anni ottanta il camoscio era tradizionalmente classificato come singola specie, *Rupicapra rupicapra*, suddivisa in dieci diverse sottospecie sulla base della distribuzione geografica.

Negli anni seguenti, analisi morfologiche, etologiche e genetiche più approfondite portarono alla distinzione di due specie: il camoscio Alpino (*R. rupicapra*) che è presente con sette sottospecie (*cartusiana*, *rupicapra*, *tatrica*, *carpatica*, *balcanica*, *asiatica* e *caucasica*) in gran parte delle regioni montane comprese tra le Alpi dell'Europa centro-occidentale fino ai monti del Caucaso ed alla Turchia, e il camoscio Pirenaico (*R. pyrenaica*) presente con tre sottospecie (*parva*, *pyrenaica* e *ornata*) in alcune aree montane dell'Europa sud-occidentale (Pirenei, Monti Cantabrigi e Appennino centrale). Ancora non è stato raggiunto un completo accordo nella classificazione tassonomica di questo gruppo. Per esempio è recente la proposta di conside-



rare il camoscio Appenninico non una sottospecie ma una specie distinta.

Da un punto di vista conservazionistico e gestionale, il camoscio, come specie, è ancora numeroso e non minacciato di estinzione. Comunque parecchie sottospecie sono iscritte nella lista rossa degli animali minacciati dell'Unione Mondiale per la Conservazione (IUCN). Questo perché nel corso del 19° secolo, in molte aree, il camoscio è andato incontro a forti riduzioni numeriche e ad una contrazione della diffusione originaria dovute principalmente all'aumento della popolazione umana, nelle zone di media e alta montagna, e delle attività ad essa correlate. Soprattutto a cavallo dei due conflitti mondiali molte popolazioni sono andate incontro all'estinzione. L'istituzione di parchi, il progressivo miglioramento dell'attività venatoria e la realizzazione di numerosi progetti di reintroduzione e rinforzo numerico delle popolazioni hanno portato, a partire dal secondo dopoguerra, al miglioramento delle condizioni generali del genere *Rupicapra* che vedono un generale costante aumento sia numerico che distributivo. Varie sottospecie e popolazioni risultano però ancora a rischio. Tra quelle maggiormente minacciate ricordiamo le sottospecie *cartusiana* e *tatrica* che nonostante i programmi di protezione implementati continuano nel loro lento ma costante declino e *ornata* che invece mostra segni effettivi di ripresa.

Perché i programmi di gestione siano efficaci è necessario determinare le priorità nella conservazione delle popolazioni e portare avanti in modo corretto le operazioni di ripopolamento, reintroduzione, e promozione del flusso genico. Per fare questo è fondamentale risolvere le incertezze tassonomiche e determinare i livelli di variabilità esistenti, non solo a livello di specie ma anche di sottospecie e popolazioni geograficamente separate.

Spesso, soprattutto in passato, i programmi di gestione del camoscio sono stati eseguiti con superficialità, basandosi più sulla somiglianza morfologica e sulla facilità di cattura degli animali da reintrodurre che sulla loro idoneità genetica e sanitaria. Questo ha portato, ad esempio alla reintroduzione di animali della sottospecie *rupicapra* nelle aree di *balcanica*, *tatrica* e *cartusia-*

*na*, aumentando il rischio di scomparsa di queste sottospecie a causa dell'ibridazione.

Il decremento numerico sofferto in passato potrebbe avere portato ad una riduzione della variabilità genetica per alcune sottospecie o popolazioni, che può risultare particolarmente pericolosa soprattutto per la sopravvivenza nel medio e lungo periodo delle piccole popolazioni isolate. Purtroppo, nonostante questa specie sia stata fortemente manipolata dall'uomo, per il suo interesse sia in ambito ricreazionale che venatorio, i livelli di variabilità genetica per le specie, sottospecie e popolazioni di camoscio sono ancora poco conosciuti e l'effetto genetico delle reintroduzioni non è mai stato valutato.

## Scopo

Le continue controversie relative alla tassonomia del camoscio e la mancanza di informazioni genetiche dettagliate può seriamente compromettere l'efficacia dei programmi di conservazione e la sopravvivenza di popolazioni e sottospecie all'interno del Genere *Rupicapra*. In questo lavoro, attraverso l'analisi del DNA ci si prefiggeva non solo di quantificare il livello di variabilità genetica all'interno di popolazioni locali ma anche capire le relazioni genetiche tra le diverse specie e sottospecie per comprendere meglio le relazioni di maggiore o minore distanza evolutiva esistenti all'interno del genere *Rupicapra*. In particolare il progetto camoscio si proponeva di:

1. capire la struttura di popolazione su scala microgeografica (provincia di Trento);
2. risolvere le incertezze tassonomiche;
3. determinare le conseguenze di passati programmi di ripopolamento e introduzione;
4. usare le informazioni storiche e genetiche relative alle popolazioni oggetto di studio per aiutare l'implementazione dei futuri piani di gestione per questa specie.

## MATERIALI E METODI

### Siti di studio e campionamento

Tra il 2001 e il 2004 sono stati raccolti campioni di tessuto (muscolo, sangue o pelo) di 259 camosci appartenenti a 16 diverse popolazioni distribuite in Europa centro-occidentale (Ita-

lia, Spagna, Repubblica Ceca e Slovacchia). Ciascuna popolazione è stata assegnata, sulla base della provenienza geografica, ad una di 4 diverse sottospecie. Due sottospecie di camoscio alpino (*R. rupicapra*): *rupicapra* (Trentino, Veneto, Piemonte, Repubblica Ceca e Slovacchia) e *tatrica* (Slovacchia); e due sottospecie di camoscio pirenaico (*R. pyrenaica*): *pyrenaica* (Pirenei orientali) ed *ornata* (Parco Nazionale d'Abruzzo). Abbiamo incluso popolazioni non soggette a ripopolamento e popolazioni che sono state interessate o create tramite traslocazioni anche con animali provenienti da aree geografiche lontane. Un riassunto del campionamento è riportato in Figura 1 e Tabella 1.

### Analisi genetiche

Per ogni campione il DNA è stato estratto da 200µl di siero o sangue conservati a -80°C, da 25mg di altri tessuti (muscolo scheletrico, fegato, ecc.) o da 7 peli conservati in etanolo al 95%. I frammenti di DNA scelti per lo studio (chiamati "marcatori") sono stati studiati grazie all'ausilio di una tecnica conosciuta come PCR.

In questo studio sono stati analizzati due diversi marcatori del DNA mitocondriale (che si eredita solo per via materna) e 11 marcatori del DNA nucleare (che si ereditano sia per via materna che paterna).

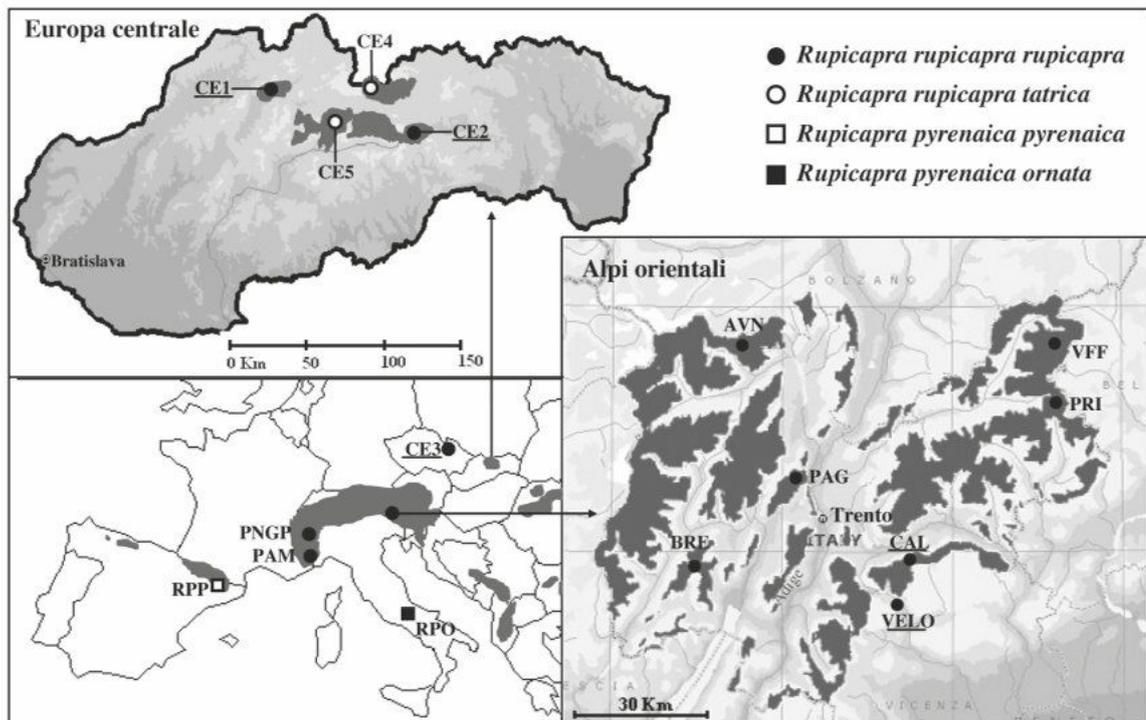
## RISULTATI E CONCLUSIONI

### Variabilità genetica

#### Buona variabilità genetica

A livello generale, dal confronto dei nostri dati con quelli relativi ad altre specie di ungulati selvatici, la variabilità riscontrata per entrambi i marcatori genetici (mitocondriali e nucleari) è buona, non facendo così risuonare nessun campanello di allarme. Sembra quindi che il camoscio, almeno nelle aree da noi analizzate, non abbia sofferto in modo particolare della diminuzione di numerosità a cui le popolazioni sono andate incontro in passato. Questo può significare che questa diminuzione non sia stata così importante come si pensava, oppure che il suo effetto sulla variabilità non sia stato molto forte grazie al ve-

Figura 1: localizzazione geografica dei siti di campionamento. Nella mappa del Trentino il grigio corrisponde ai principali massicci montuosi. Sigle come da Tabella 1. Le popolazioni per cui si sono evidenziate tracce di traslocazioni hanno le sigle sottolineate.



loce recupero numerico delle popolazioni. I dati sono a favore di questa seconda ipotesi: infatti i valori minori di variabilità genetica si riscontrano in quelle popolazioni che sono state soggette a basse numerosità per lunghi periodi di tempo, come la popolazione abruzzese e quelle degli alti e bassi Tatra. Valori inaspettatamente bassi di variabilità, almeno per quanto riguarda il DNA mitocondriale, sono stati riscontrati anche nella popolazione trentina della Paganella, per cui erano state segnalate forti contrazioni numeriche ma di tenore simile a quello di altre popolazioni trentine.

### **Il caso di Velo e Caldonazzo**

Gli alti valori di variabilità riscontrati nelle popolazioni di Velo e Caldonazzo sono, invece, da attribuire a fenomeni di mescolamento e ibridazione tra individui di diversa origine geografica e tassonomica. Un attento esame dei diversi marcatori e dei diversi indici di variabilità mette in evidenza la presenza, all'interno di queste popolazioni, di poche variabili genetiche ma molto diverse tra loro, frutto, come sarà spiegato in seguito, delle documentate reintroduzioni con animali provenienti dal Parco del Gran Paradiso.

La possibilità di ricostruire gli effetti, sulla variabilità genetica, dovuti alle introduzioni incontrollate svolte nel passato è molto importante per identificare popolazioni ibride, dove la composizione genetica originale è compromessa o a rischio, distinguendole da situazioni di alta variabilità naturale.

### **Struttura genetica su scala micro geografica**

#### **Le popolazioni di camoscio sono geneticamente molto differenziate**

Le popolazioni di camoscio risultano essere altamente differenziate a livello genetico anche su scala microgeografica. Questo risultato riflette le caratteristiche ecologiche della specie, legata ad ambienti di alta montagna che fanno sì che le migrazioni di animali siano rare anche tra popolazioni relativamente vicine, come quelle all'interno della provincia di Trento.

La maggiore struttura evidenziata dai marcatori mitocondriali (ereditati per via materna)

conferma l'alta filopatria delle femmine di camoscio che difficilmente lasciano il nucleo d'appartenenza della madre. I livelli di variabilità genetica ai loci nucleari indicano una dispersione mediata dai maschi comunque limitata a popolazioni confinanti e in assenza di barriere geografiche importanti.

### **Isolamento e geografia**

La differenziazione delle popolazioni risulta essere, come ipotizzato, strettamente legata alle caratteristiche geografiche del territorio. Chiari segni di isolamento sono, ad esempio, riscontrabili nella popolazione della Paganella che, localizzata su un massiccio montuoso circondato da valli mostra bassi livelli di variabilità e alti livelli di differenziamento genetico dalle altre popolazioni trentine. La Valle dell'Adige risulta essere la principale barriera geografica alla dispersione del camoscio in Trentino e possiamo notare una maggiore differenziazione tra le popolazioni situate sulle opposte rive del fiume (vedi Figura 3).

I dati indicano che la presenza di valli ha avuto anche in passato (quando l'antropizzazione era minore) un significato importante sulla dispersione della specie.

### **Implicazioni tassonomiche**

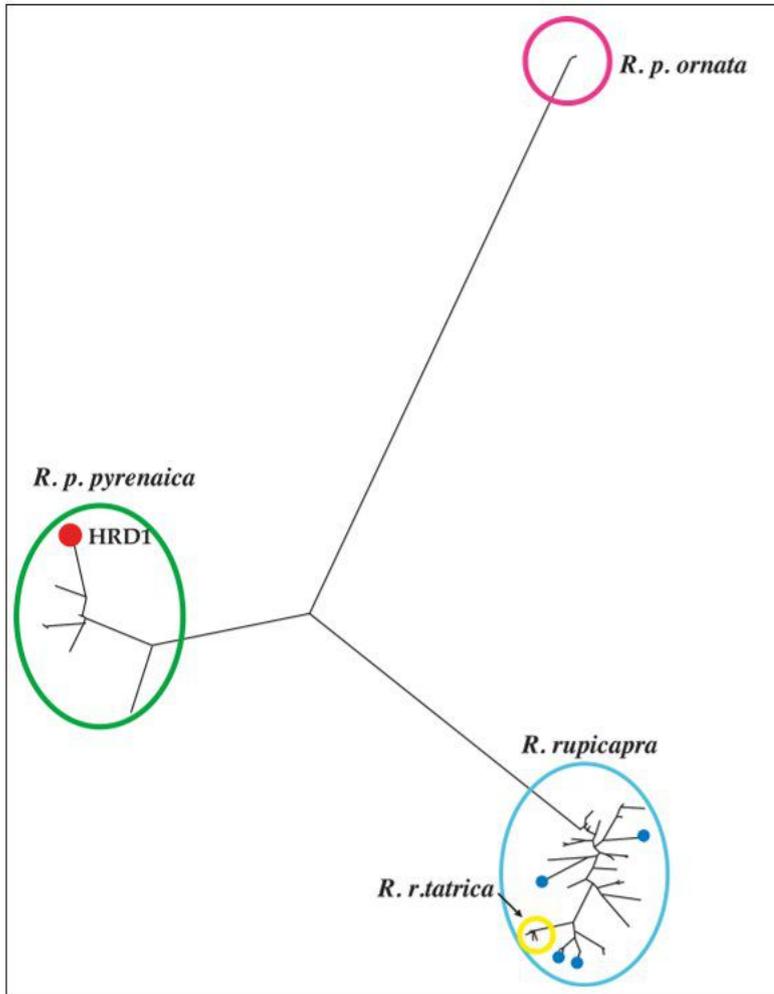
In accordo con gli studi pubblicati precedentemente (morfologici, molecolari, etologici), le analisi condotte sui nostri campioni confermano l'esistenza all'interno del Genere *Rupicapra* di due specie: *rupicapra* e *pyrenaica*. Inoltre, l'alta differenziazione genetica riscontrata per gli animali provenienti dall'Appennino centrale ci fa supporre che *ornata* non debba essere considerata una sottospecie del camoscio pirenaico ma una terza specie come già peraltro proposto in passato da alcuni autori sia su basi morfologiche che genetiche (vedi Figura 2).

### **Effetti delle traslocazioni**

I nostri risultati confermano la capacità dei marcatori genetici molecolari di ricostruire sia gli eventi di traslocazione conosciuti, così come di suggerire quegli eventi per cui non sono disponibili registrazioni storiche e di determinarne le conseguenze.

Figura 2

Albero filogenetico che rappresenta le relazioni tra le varianti genetiche riscontrate a livello di marcatori mitocondriali. Ad ogni apice dell'albero troviamo una variante genetica. Maggiore è la distanza tra gli apici, maggiore è la distanza genetica tra le due varianti. Il cerchio verde racchiude i camosci pirenaici, quello rosa i camosci appenninici, quello azzurro i camosci alpini e quello giallo i camosci tatrici. La variante genetica HRD1, indicata in rosso è stata trovata in individui campionati nelle Alpi. I punti azzurri corrispondono ad individui campionati in Repubblica Ceca e Slovacchia.



### Camoscio alpino nei monti Tatra

Con i marcatori mitocondriali è stata confermata l'origine alpina dei camosci campionati in alcune popolazioni della Repubblica Ceca e Slovacchia, gli animali di queste popolazioni ricadono tutti all'interno del gruppo di animali appartenenti alla sottospecie alpina (Figura 2).

### Tracce di camoscio pirenaico nelle Alpi

È stata riscontrata la presenza all'interno delle Alpi di animali geneticamente riconducibili alla specie *pirenaica*. Si tratta di animali provenienti sia dalle Alpi occidentali (Parco Nazionale del Gran Paradiso) che dalle Alpi orientali (Caldonazzo e Velo; Figura 2).

La spiegazione più plausibile, emersa

dall'analisi dei dati genetici, sembra essere quella di un evento di reintroduzione non documentata di pochi individui dai Pirenei alle Alpi orientali avvenuta all'incirca negli ultimi 150 anni, seguita poi recentemente dalle reintroduzioni documentate (inizio anni '70) dei discendenti di questi animali dalle Alpi occidentali a quelle orientali. Questa ipotesi sembra particolarmente verosimile: il Parco Nazionale del Gran Paradiso è stato una riserva di caccia reale tra il 1856 e il 1922 e gli scambi di animali tra reali erano una pratica comune in Europa in quel periodo.

### Conseguenze genetiche delle traslocazioni

I marcatori nucleari tendono a perdere il potere identificativo sul lungo periodo, ma permettono di identificare gli individui ibridi dovuti a reintroduzioni o mescolamenti relativamente recenti.

Con questi marcatori non è possibile identificare nessuna componente attribuibile direttamente alla specie *pirenaica* (come ci si poteva aspettare dall'analisi dei marcatori mitocondriali) nelle popolazioni di Velo e Caldonazzo, e nemmeno nei singoli individui che le compongono. È probabile che l'introduzione di animali alloctoni (provenienti da altre zone) non sia più riconducibile alle popolazioni di origine a causa del successivo mescolamento con gli animali locali. La traccia del mescolamento è comunque rimasta, vista la divergenza che queste popolazioni manifestano nei confronti di altri gruppi di aree geografiche limitrofe (vedi Figura 3). Questo risultato è particolarmente interessante ed implica che le due specie si possano ibridare frequentemente in natura se si trovano nello stesso territorio, escludendo quindi la presenza di forti barriere comportamentali e/o riduzioni del tasso di sopravvivenza negli ibridi.

Questi marcatori hanno anche messo in luce l'esistenza di probabili ibridazioni tra animali della popolazione di *R.r. rupicapra* introdotta nei Great Fatra Mountain in Slovacchia e quelli della popolazione di *R.r. tatrica* presente nei bassi Tatra, che erano state ritenute possibili data la vicinanza geografica delle popolazioni, ma mai documentate. Nello stesso modo è stato possibile confermare l'esistenza di animali con geno-

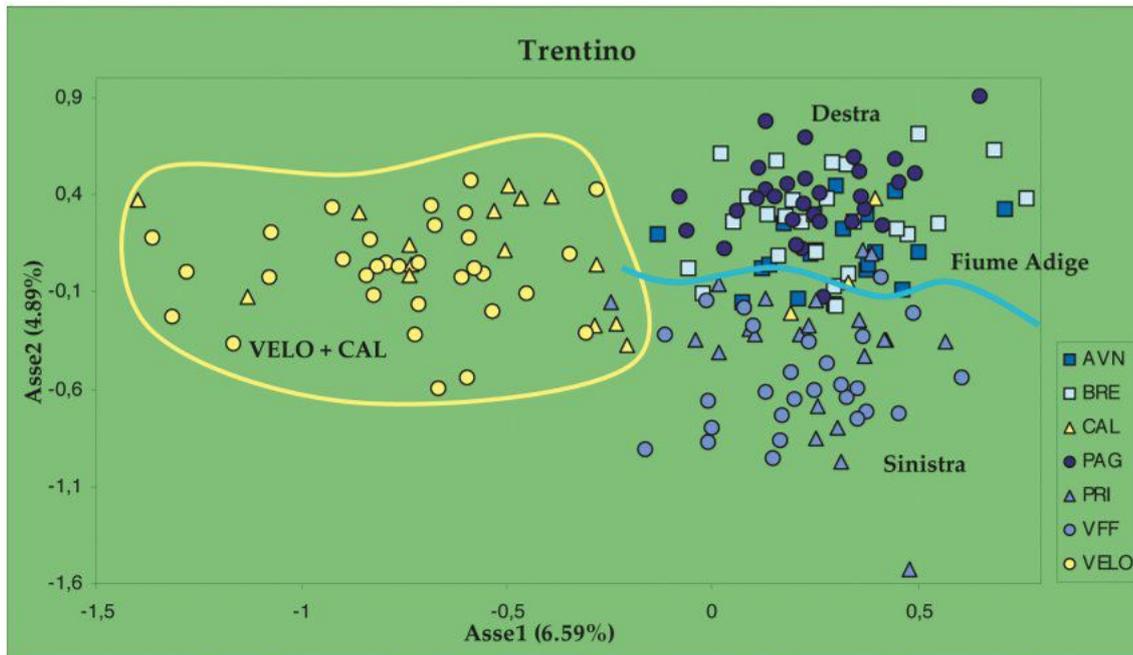


Figura 3: Grafico delle distanze genetiche fra i singoli individui di camoscio calcolate mediante il metodo dell'analisi fattoriale delle corrispondenze a partire dai marcatori nucleari. Ogni punto nel grafico corrisponde ad un individuo, più due punti sono vicini più sono simili geneticamente. La linea azzurra divide le popolazioni poste ad Est e ad Ovest del fiume Adige. Il cerchio giallo racchiude gli individui di Velo d'Astico e Caldonazzo.

tipo misto nella popolazione trentina di Caldonazzo che sappiamo essere stata rigenerata, dopo estinzione, da animali provenienti per introduzione da varie zone del trentino e per immigrazione naturale da zone limitrofe.

### Suggerimenti per la conservazione

La struttura genetica della specie è molto forte anche su scala microgeografica. L'isolamento sembra quindi essere una caratteristica comune alle popolazioni di camoscio legata probabilmente alle caratteristiche ecologiche della specie. L'alta filopatria delle femmine di camoscio probabilmente favorisce la struttura evidenziata ai marcatori mitocondriali. I livelli di variabilità genetica ai loci nucleari indicano che anche la dispersione mediata dai maschi si limita a popolazioni confinanti e in assenza di barriere geografiche importanti. Molte popolazioni di camoscio, localizzate su differenti catene montuose, sono tra loro significativamente differenziate anche a livello di marcatori nucleari.

In generale, popolazioni fra loro geneticamente differenziate e caratterizzate da bassi tassi di migrazione sono considerate impor-

tanti per i programmi di gestione locale e vengono definite come unità di gestione (Management Units).

Nel caso del camoscio molte popolazioni rispecchiano queste caratteristiche e risulta quindi fondamentale preservarle come identità genetiche separate e prevenire declini locali per evitare la perdita di variabilità genetica nella specie.

Le reintroduzioni effettuate in passato hanno avuto invece effetti anche forti sulle popolazioni di camoscio considerate, e una maggiore attenzione alle caratteristiche genetiche della specie sono auspicabili per gli interventi futuri. In particolare la barriera geografica della valle dell'Adige modella la distribuzione della variabilità genetica in Trentino; lo stesso sembrano fare anche valli minori vista la differenziazione esistente tra le popolazioni di Breguzzo, Alta Val di Non e Paganella. Qualsiasi piano gestionale dovrebbe, perciò, tenere in considerazione queste barriere.

Inoltre, sarebbe necessario monitorare, anche in altre regioni alpine, la presenza di ibridi tra le due specie *R. pyrenaica* e *R. rupicapra*, sia per identificare popolazioni locali "pure", sia per capire meglio se realmente non vi sia stato

Tabella 1:  
Riepilogo dei  
campioni raccolti tra  
il 2001 e il 2004. Sono  
riportati la località  
di campionamento,  
il numero di animali  
tipizzati per ogni  
popolazione, la  
classificazione in  
categorie (nativo:  
popolazione naturale  
non soggetta a  
manipolazioni  
antropiche; traslocato:  
popolazione interessata  
da colonizzazioni non  
naturali di animali;  
introdotto: popolazione  
fondata dall'uomo)  
e il tipo di tessuto  
biologico prelevato.

SITO DI CAMPIONAMENTO	SIGLA	NUMERO INDIVIDUI	CATEGORIA	TESSUTO
Breguzzo	BRE	28	Nativo	muscolo, siero
Paganella	PAG	30	Nativo	muscolo
Val di Fiemme e Fassa	VFF	27	Nativo	muscolo
Primiero	PRI	22	Nativo	muscolo
Alta Val di Non	AVN	19	Nativo	muscolo
Caldonazzo	CAL	18	Traslocato	muscolo
Velo d'Astico	VELO	32	Traslocato	muscolo
Parco Nazionale Gran Paradiso	PNGP	22	Nativo	muscolo
Parco Alpi Marittime	PAM	6	Nativo	sangue, peli
High Tatras	CE4	7	Nativo	resti carcasse
Low Tatras	CE5	10	Introdotto	resti carcasse
Great Fatra mountains	CE1	6	Introdotto	resti carcasse
Slovensky Raj	CE2	5	Introdotto	reni
Jeseniky	CE3	7	Introdotto	milza
Abruzzo	RPO	11	-	siero
Spagna	RPP	9	-	muscolo, peli
<b>Totali</b>		<b>259</b>		

alcun effetto negativo dove l'ibridazione è avvenuta. È evidente che tutti i risultati forniti dalla genetica in questo ed altri studi potrebbero avere una notevole influenza sullo sviluppo del-

le politiche gestionali, venatorie e di conservazione in questa specie, soprattutto se integrate con quanto noto da altre discipline (e.g. ecologia, etologia, epidemiologia). ■

