



UNIVERSITÀ  
DI PARMA

DIPARTIMENTO DI SCIENZE CHIMICHE, DELLA VITA E DELLA SOSTENIBILITÀ AMBIENTALE  
MASTER UNIVERSITARIO INTERATENEO DI I LIVELLO IN  
GESTIONE E CONSERVAZIONE DELL'AMBIENTE E DELLA FAUNA



FONDAZIONE  
EDMUND  
MACH



PREMIO «DANTE E AMALIA MOLINARI» PER TESI DI LAUREA 2022



# MONITORAGGIO DEL GALLO CEDRONE (*Tetrao Urogallus*) NEL SETTORE TARENTINO DEL PARCO NAZIONALE DELLO STELVIO E IN VAL DI SOLE

STUDIO SULL'ASSETTO GENETICO, STIME DI DISTRIBUZIONE, CONSISTENZA DELLA POPOLAZIONE E ACQUISIZIONE DI DATI FINALIZZATI ALLA GESTIONE

RELATORE:

PROF. ADRIANO MARTINOLI

CORRELATORE:

DOTT.SSA BARBARA CRESTANELLO

CANDIDATO:

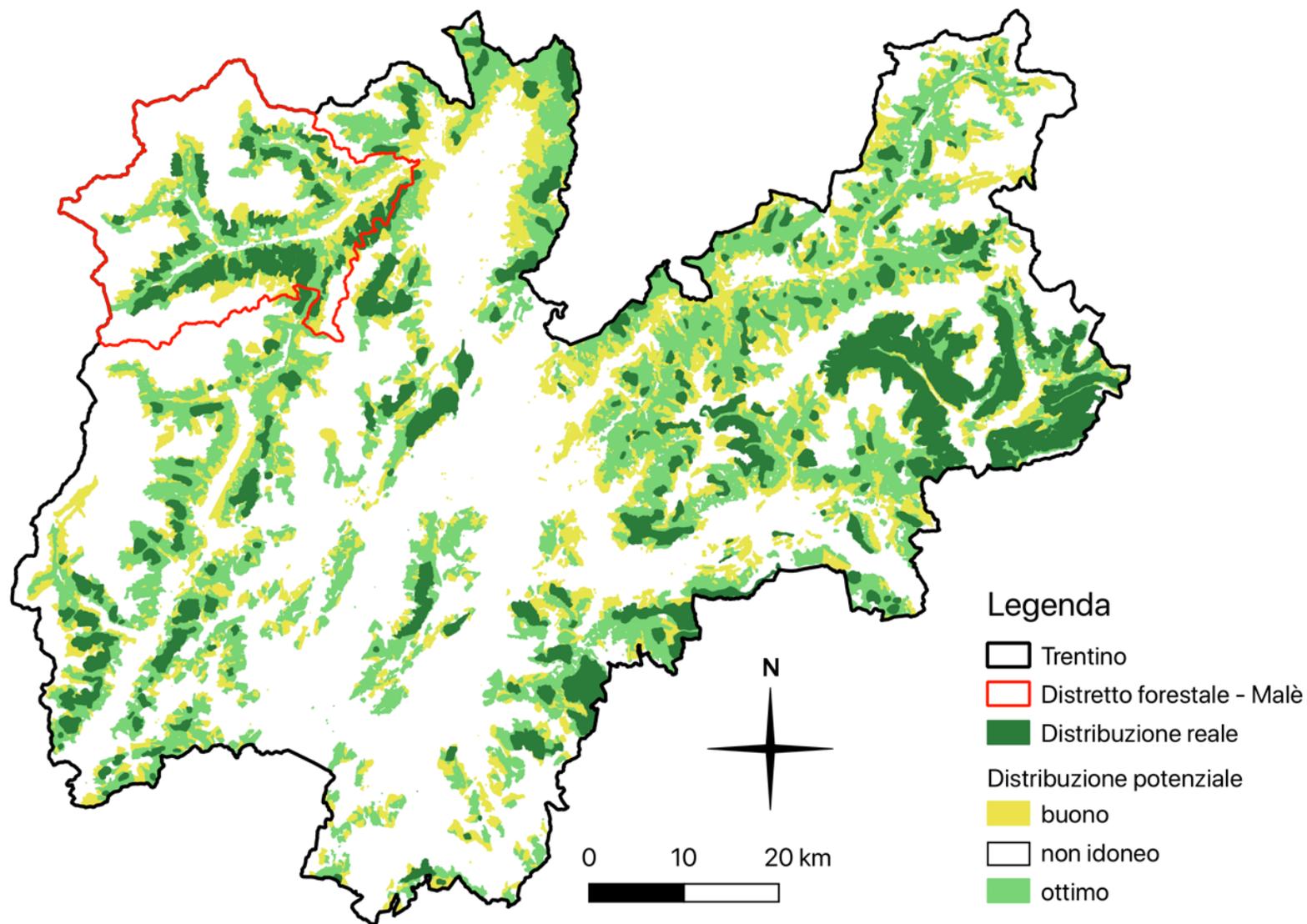
STEFANIA VOLANI

stefania.volani@gmail.com

# INTRODUZIONE

- In provincia di Trento il 77,7% dell'areale potenziale del gallo cedrone (*Tetrao urogallus*) risulta non utilizzato
- Si sta attualmente assistendo ad una contrazione delle popolazioni di gallo cedrone da ovest a est

■ ITALIA



# SCOPO E OBIETTIVI DEL LAVORO

## SCOPO

- Aggiornamento della banca dati genetica utile per il monitoraggio del gallo cedrone in Trentino e la valutazione dell'efficacia dei metodi di censimento tradizionalmente applicati

## OBIETTIVI

- Approfondire le conoscenze sull'assetto genetico della popolazione
- Ottenere un quadro distributivo e una stima aggiornata della consistenza della popolazione
- Acquisire informazioni finalizzate a orientare le azioni di conservazione e di gestione della specie

# SISTEMATICA, MORFOLOGIA E COMPORTAMENTO

Ordine: Galliformes

Famiglia: Phasianidae

Sottofamiglia: Tetraoninae

Genere: *Tetrao*

Specie: *Tetrao urogallus*

Sottospecie: *Tetrao urogallus crassirostris*



caruncole  
sopraoculari  
rosse

narici invisibili e  
piumate



tarsi piumati con  
pettini cornei

piume con  
iporachide

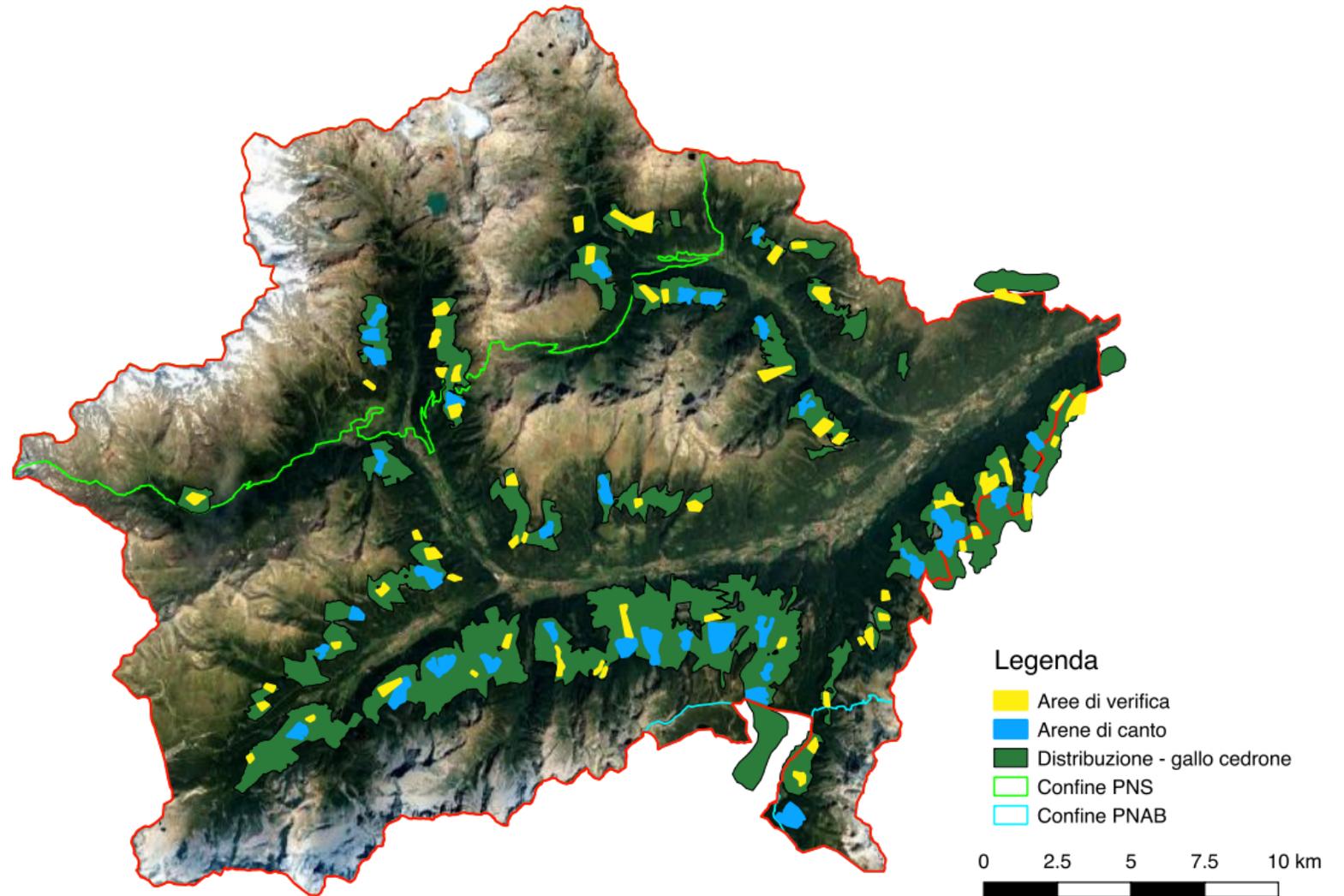
# HABITAT E ALIMENTAZIONE

- Boschi di conifere con sottobosco ricco di Ericaceae e Rosaceae e presenza di radure con massi o ceppaie
- Dieta dei pulli a base di invertebrati nelle prime settimane di vita
- Dieta degli adulti a base di germogli e bacche in primavera/estate e a base di aghi di conifere in inverno



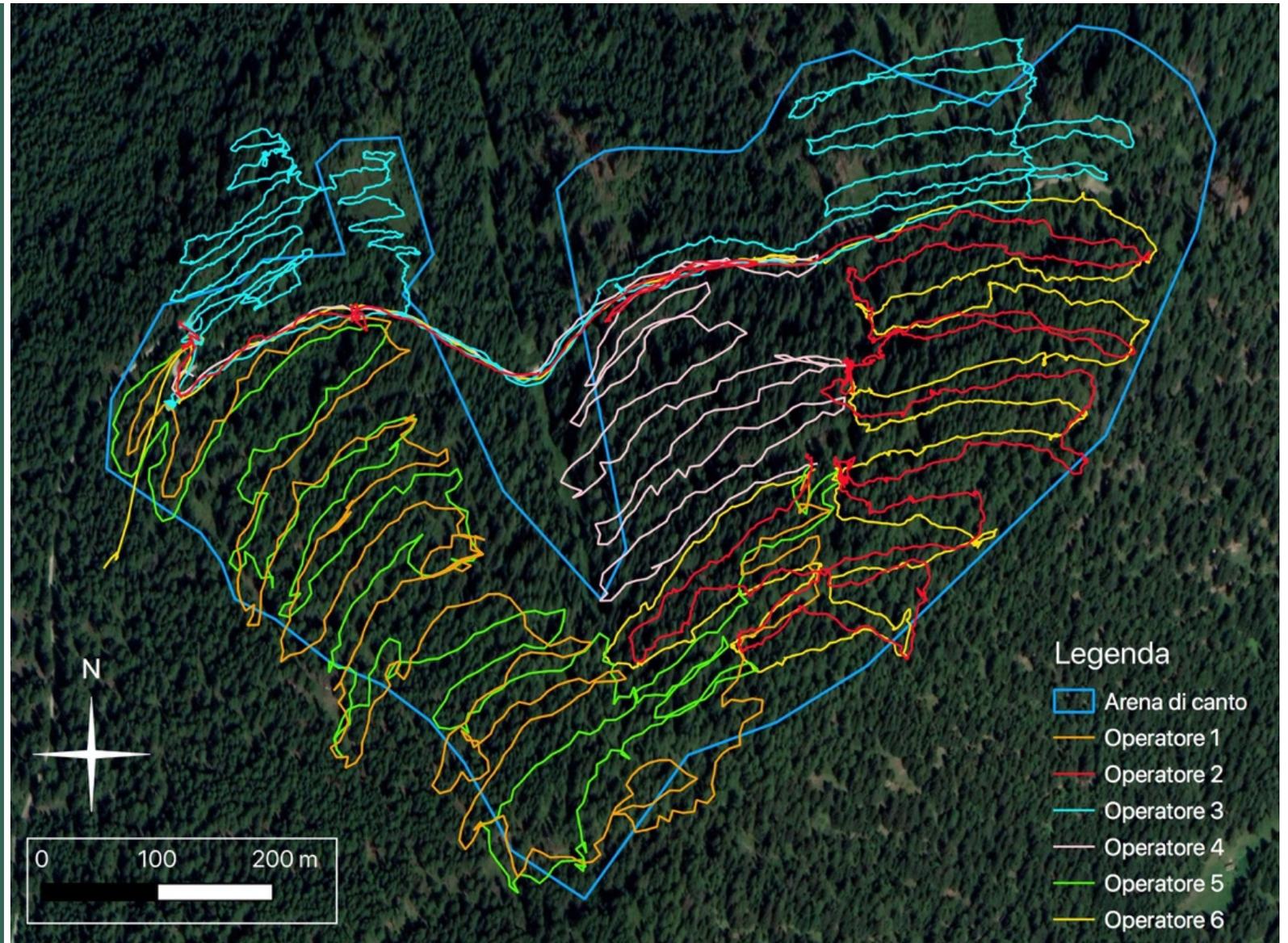
# PROTOCOLLO DI CAMPIONAMENTO

- Aprile - giugno 2019
- 92 aree di studio (58 aree di verifica e 34 arene di canto)
- Raccolta dei campioni avvenuta in singola giornata



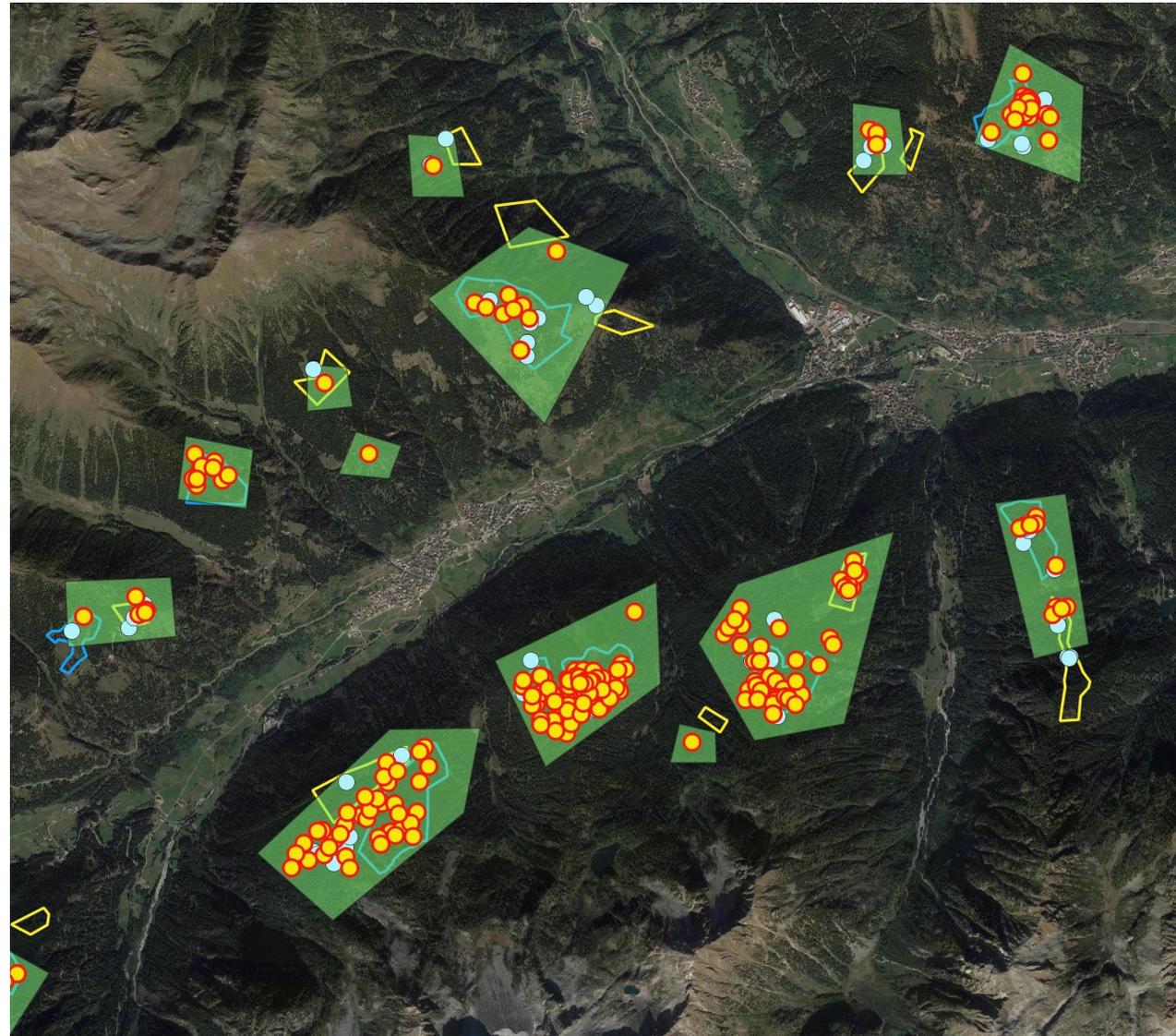
# PROTOCOLLO DI CAMPIONAMENTO

- Ogni campione indipendente
- Transetti con buffer di 10 m lungo le isoipse altitudinali distanziate di 10/20 m
- Operatori dotati di GPS, schede di campo, provette falcon da 50 ml e buste di nylon contenenti silica gel



# SELEZIONE DEI CAMPIONI

- Selezionati 832 campioni su 1309 in base a:
  - Dati raccolti dalle schede di campo (grado di freschezza, tipologia)
  - Selezione spaziale basata su cluster
  - Attribuzione di una priorità di analisi



## Legenda

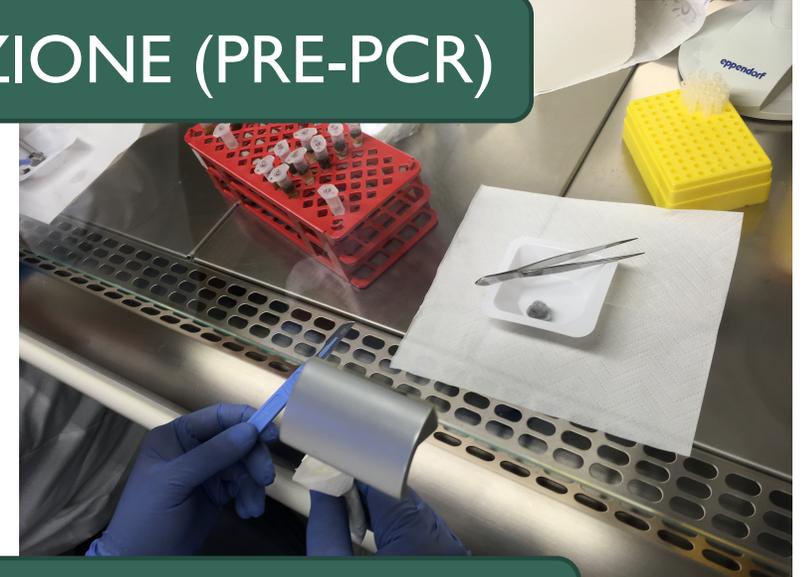
- Campioni selezionati
- Campioni scartati
- Cluster di selezione
- Aree di verifica
- Aree di canto



# PROTOCOLLO DI LABORATORIO

- Ambienti distinti con flusso a senso unico e strumentazione dedicata
- Kit Mag-Bind® Stool DNA 96
- Master mix con primer e reagenti
- K-EXT e K-PCR

## FASE DI ESTRAZIONE (PRE-PCR)



## FASE DI PREPARAZIONE MIX E PCR



# RISULTATI - ANALISI GENETICHE

## 239 CAMPIONI GENOTIPIZZATI

a tutti i 10 loci microsatellite

## 152 INDIVIDUI

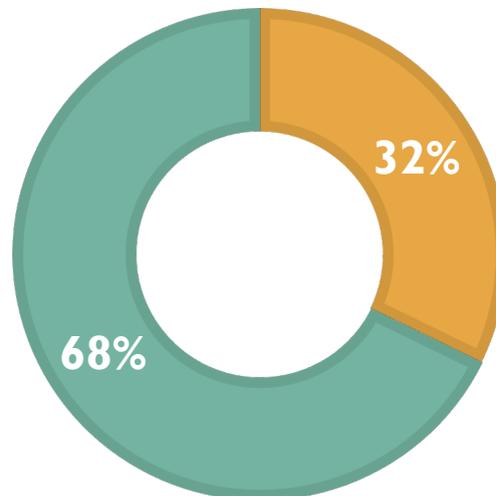
■ Femmine ■ Maschi

## 46 INDIVIDUI RICAMPIONATI

(8 femmine e 38 maschi)

## ECCESSO DI OMOZIGOTI

per possibile presenza di alleli nulli in alcuni loci



## NO DROPOUT ALLELICO

entrambi gli alleli dei loci amplificati

## NO STUTTERING

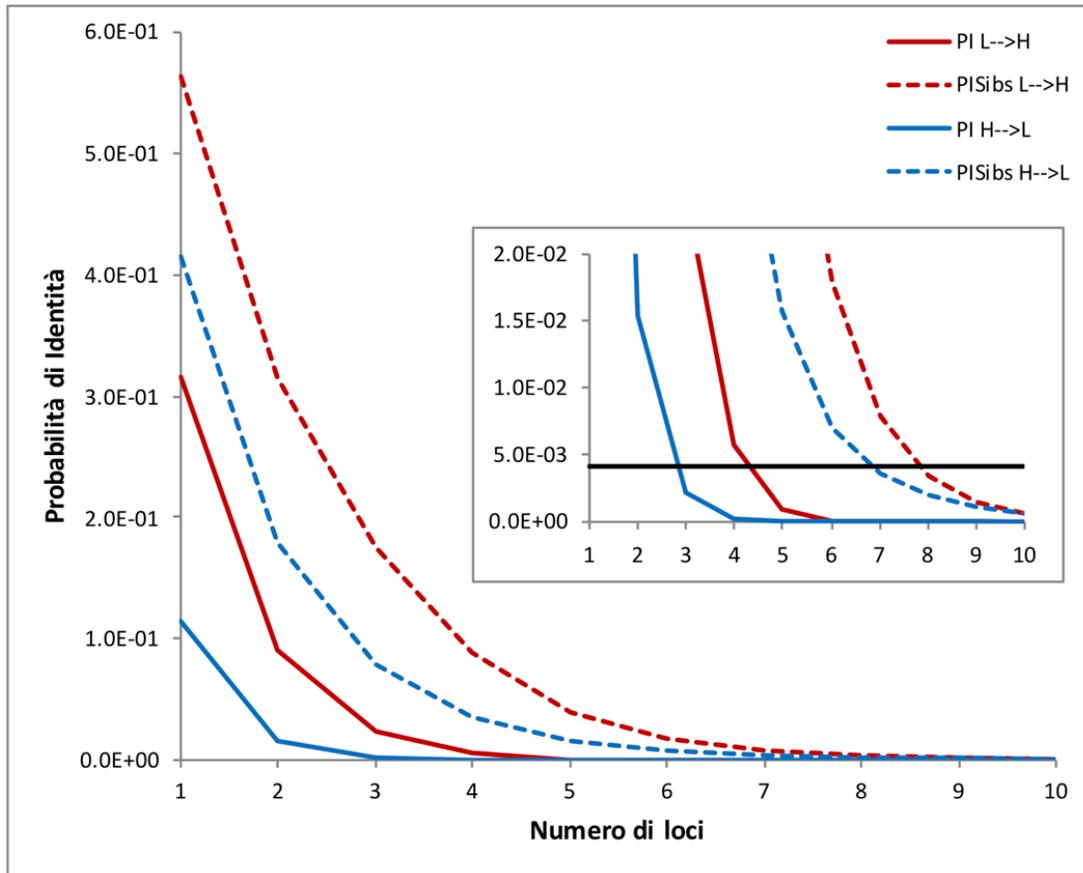
presenza esclusa con lettura elettroferogrammi

[ SOFTWARE IMPIEGATI ]

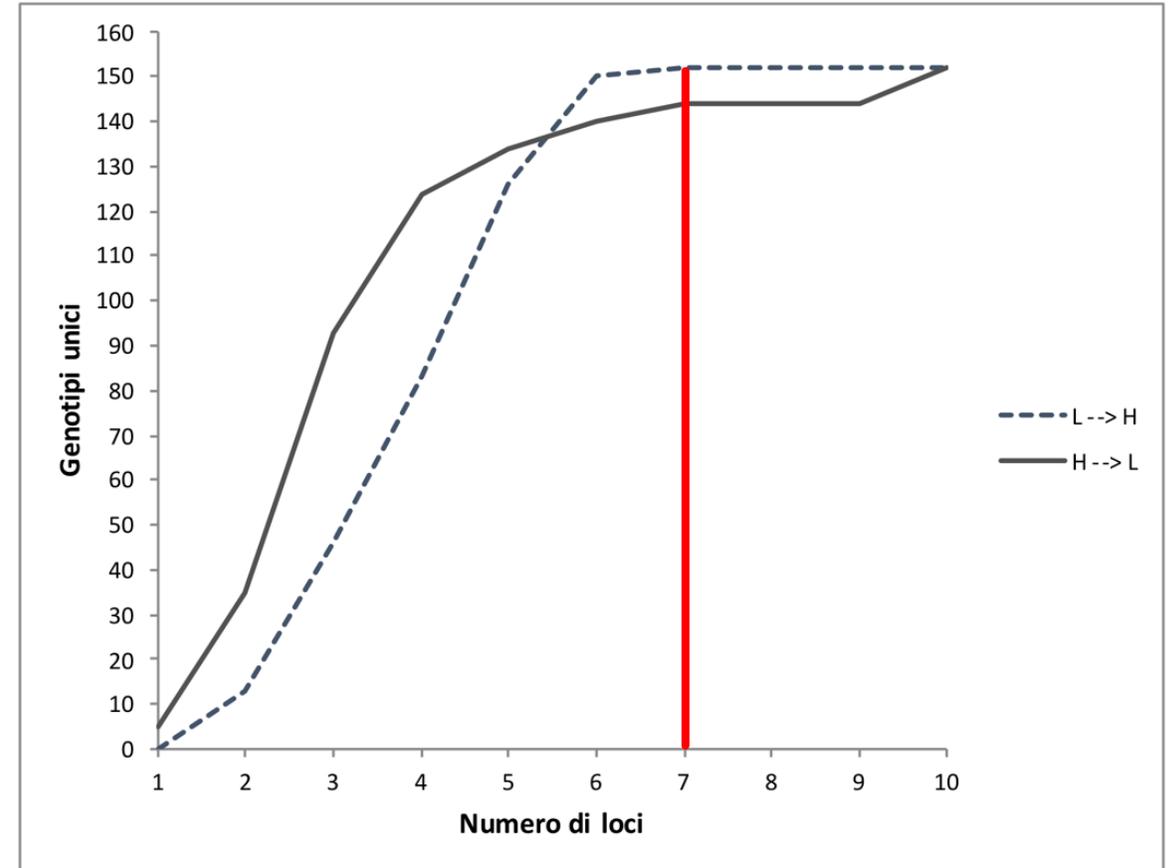
GenAlEx 6.5

MICROCHECKER 2.2.3

## GenAlEx 6.5



Probabilità d'identità (PI e PIsibs) per combinazione crescente di loci, dal locus meno variabile al più variabile (L → H) e dal locus più variabile al meno variabile (H → L)



Numero di genotipi multi-locus unici per combinazione crescente di loci, dal locus meno variabile al più variabile (L → H) e dal locus più variabile al meno variabile (H → L)

Loci	Range	Atot	POPOLAZIONI								
			Pop. totale 2019 (n. 152)			Pop. maschi 2019 (n. 103)			Pop. femmine 2019 (n. 49)		
			A	Ho	He	A	Ho	He	A	Ho	He
BG10	199-215	5	5	<b>0.47</b>	0.70	5	<b>0.61</b>	0.71	5	<b>0.18</b>	0.67
BG12	144-176	8	8	<b>0.32</b>	0.52	7	0.43	0.50	5	<b>0.08</b>	0.54
BG15	129-145	5	5	0.61	0.68	4	0.61	0.68	5	0.59	0.67
BG16	153-185	7	7	0.74	0.73	7	0.73	0.73	7	0.78	0.71
BG18	190-206	5	5	0.65	0.68	5	0.58	0.68	5	0.80	0.70
BG20	119-135	5	5	0.51	0.54	4	0.50	0.54	4	0.54	0.54
TUT1	208-264	8	8	<b>0.48</b>	0.69	8	0.65	0.69	7	<b>0.12</b>	0.70
TUT2	160-184	7	7	<b>0.62</b>	0.68	6	0.65	0.66	7	<b>0.55</b>	0.70
TUT3	154-166	4	4	0.61	0.61	4	0.58	0.62	4	0.65	0.58
TUT4	165-181	5	5	0.53	0.52	5	0.55	0.54	5	0.47	0.46
media		59	5.9	0.55	0.63	5.5	0.59	0.63	5.4	0.48	0.63
sd			1.45	0.12	0.08	1.43	0.08	0.08	1.17	0.26	0.09

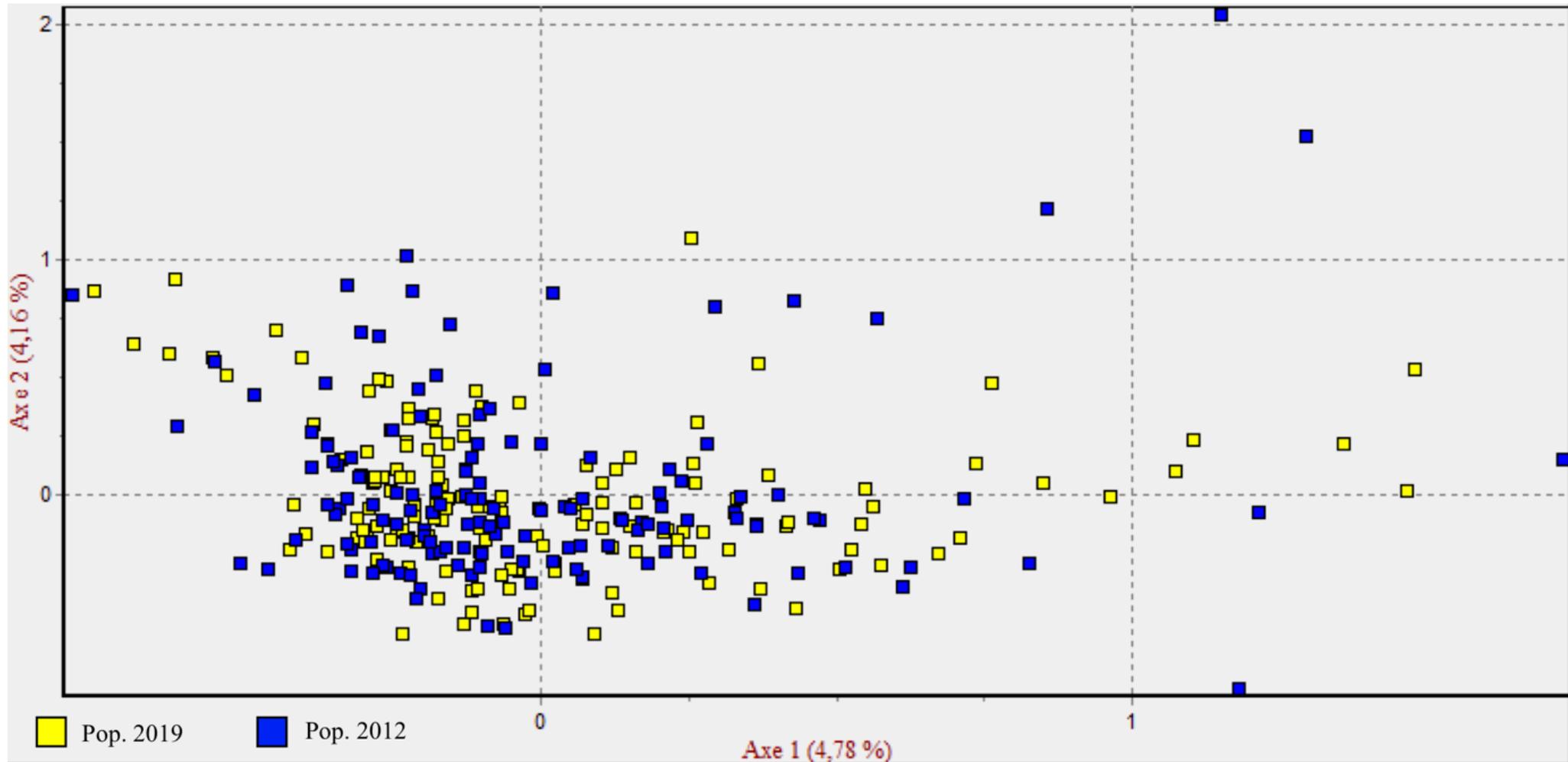
VARIABILITÀ  
GENETICA  
2019

GenAlEx 6.5

Loci	Range	Atot	POPOLAZIONI								
			Pop. totale 2012 (n. 142)			Pop. maschi 2012 (n. 101)			Pop. femmine 2012 (n. 41)		
			A	Ho	He	A	Ho	He	A	Ho	He
BG10	199-215	5	5	<b>0.54</b>	0.70	5	0.73	0.71	4	<b>0.05</b>	0.63
BG12	144-176	6	6	<b>0.37</b>	0.60	6	0.51	0.61	4	<b>0.02</b>	0.56
BG15	129-181	6	6	0.67	0.68	6	0.65	0.66	5	0.71	0.69
BG16	145-189	10	10	0.80	0.75	10	0.78	0.74	7	0.85	0.75
BG18	190-206	5	5	0.72	0.71	5	0.71	0.70	5	0.73	0.73
BG20	103-131	5	5	0.50	0.53	5	0.48	0.53	3	0.55	0.53
TUT1	208-236	7	7	<b>0.49</b>	0.73	7	0.69	0.73	6	<b>0.00</b>	0.67
TUT2	160-180	6	6	0.59	0.62	6	0.56	0.62	6	0.66	0.61
TUT3	150-166	5	5	0.51	0.59	5	0.48	0.59	4	0.56	0.60
TUT4	165-181	5	5	0.49	0.48	5	0.51	0.49	5	0.46	0.46
media		60	6	0.57	0.64	6	0.61	0.64	5	0.46	0.62
sd			1.56	0.13	0.09	1.56	0.11	0.09	1.20	0.32	0.09

VARIABILITÀ  
GENETICA  
2012

Descrizione della variabilità dei loci microsatellite nelle diverse popolazioni. Per ogni locus sono riportati il range delle dimensioni alleliche, il numero di alleli totali (Atot) e per ogni popolazione (A), i valori di eterozigotà attesa ( $H_E$ ) e osservata ( $H_O$ ). In grassetto valori altamente significativi ( $P < 0,001$ ) per l'equilibrio di Hardy-Weinberg

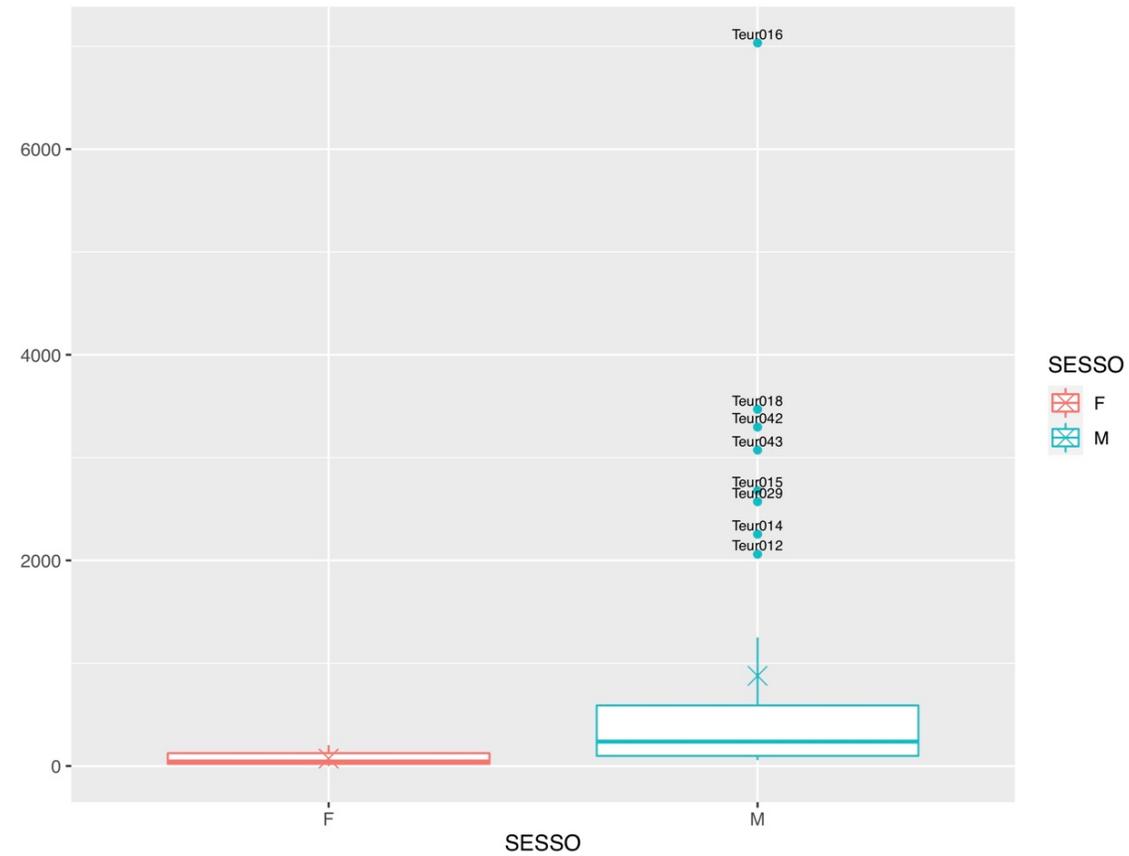
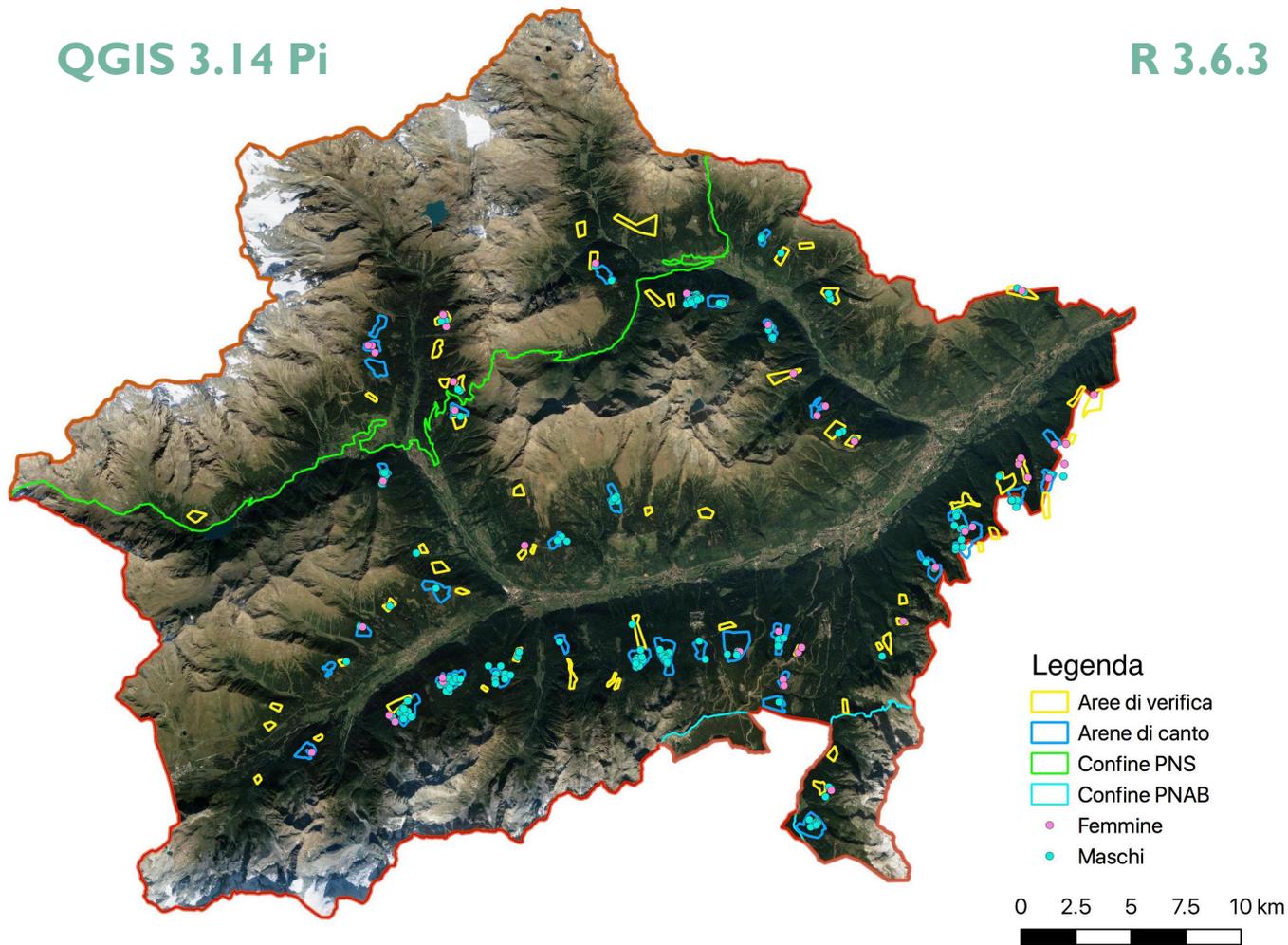


**Analisi Fattoriale delle Corrispondenze (AFC)** relativa alla popolazione del 2019 (in giallo) e alla popolazione del 2012 (in blu). Non è presente alcun pattern di raggruppamento tra le popolazioni e non c'è alcuna differenza significativa di variabilità genetica. Gli assi fattoriali principali riportano le distanze genetiche e corrispondenze tra queste.

# ANALISI SPAZIALI

QGIS 3.14 Pi

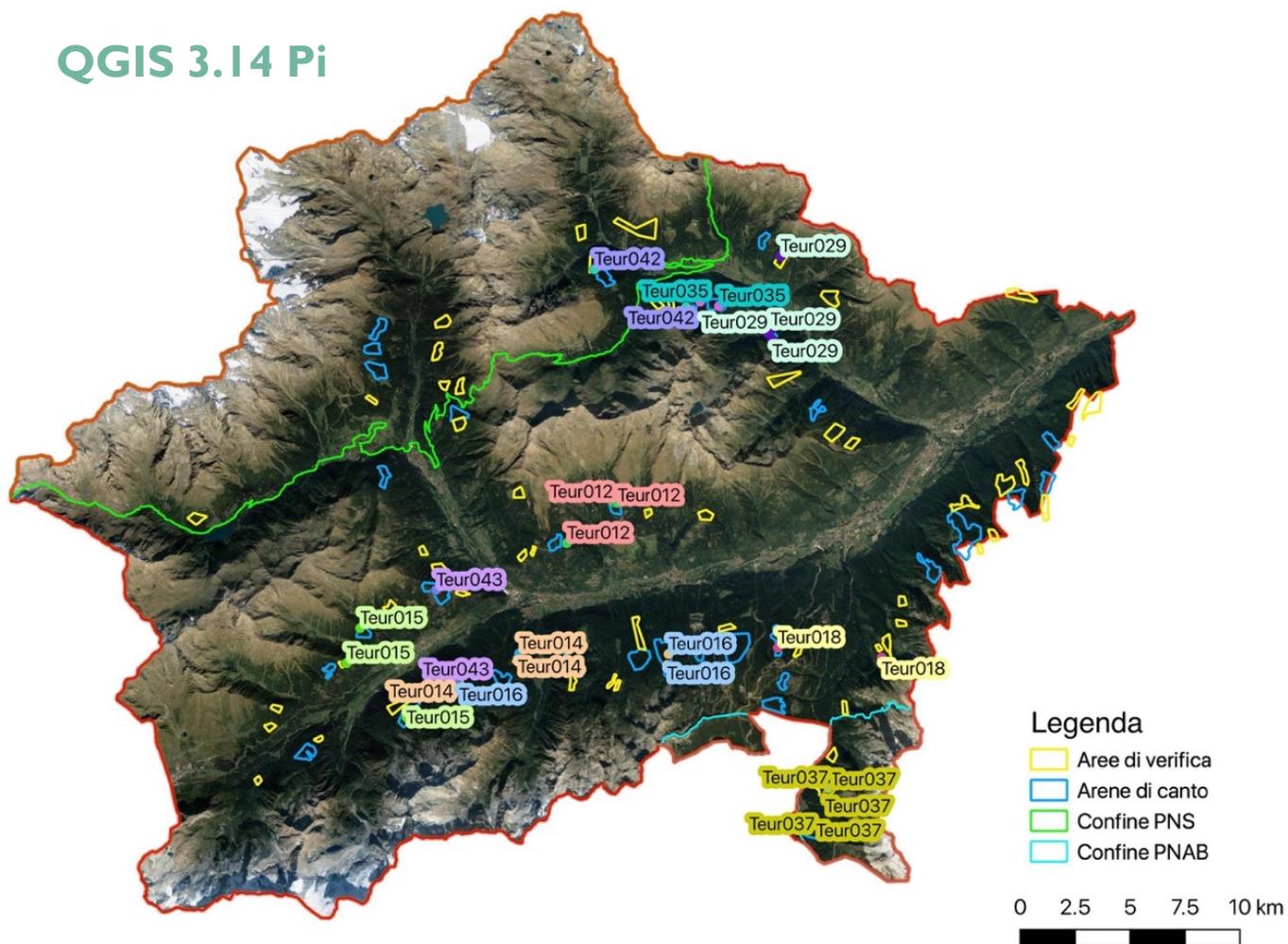
R 3.6.3



Distanza massima raggiunta dai 46 individui con genotipo unico ricampionati divisi per sesso

# ANALISI SPAZIALI

QGIS 3.14 Pi

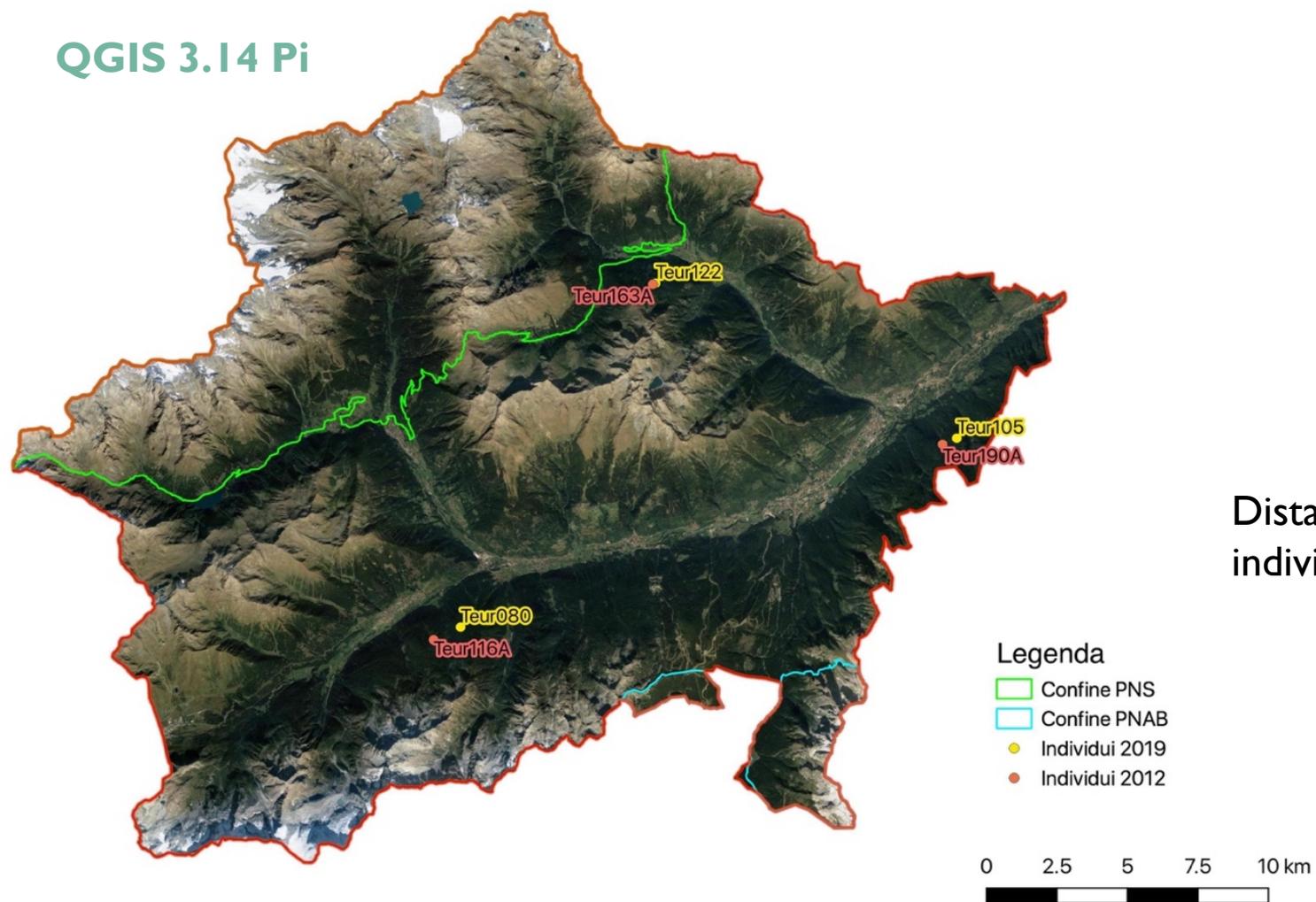


ID	Distanza massima (m)
Teur016	7032.75
Teur018	3469.21
Teur042	3296.64
Teur043	3073.15
Teur015	2677.91
Teur029	2571.22
Teur014	2255.14
Teur012	2060.79
Teur037	1251.10
Teur035	644.75

Distanze massime (in metri) raggiunte dai 10 individui maschi più mobili

# ANALISI SPAZIALI

QGIS 3.14 Pi



ID 2012	ID 2019	Distanza (m)
Teur116A	Teur080	1061.57
Teur163A	Teur122	104.00
Teur190A	Teur105	549.65

Distanze in metri registrate tra i campioni relativi agli individui del 2012 e i ricampionamenti relativi al 2019

# ANALISI DI STIMA DELL'ABBONDANZA DELLA POPOLAZIONE

ID ARENA	ANNO	M censimento	F censimento	N tot campioni	N campioni analizzati	M genetica	F genetica
CROVIANA - Selva	2019	4	1	64	39	9	2
VERMIGLIO - Pozzat	2019	7	2	142	116	15	2
PNS - PEIO - Marassina	2019	0	0	1	0	0	0
PNS - RABBI - Fratte	2019	3	0	24	18	1	0

Confronto tra i maschi (M) e le femmine (F) conteggiati secondo censimento e approccio genetico in base ai campioni raccolti e successivamente analizzati nel 2019.

## MODELLO DI CATTURA-RICATTURA

R 3.6.3

SESSO	N campioni	N individui	STIMA	CI	MODELLO
F	239	49	188	136-250	TIRM
			151	94-250	<b>ECM</b>
M		103	213	200-250	<b>TIRM</b>

## STIMATORE CAPWIRE

ECM (even capture model)  
TIRM (two innate rate model)

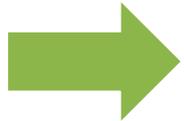
Stima di abbondanza della popolazione di gallo cedrone nell'area di studio a primavera 2019.  
I modelli selezionati sono evidenziati in grassetto. CI = intervallo di confidenza

# DISCUSSIONE

- I protocolli messi a punto e utilizzati nel presente studio sono risultati efficaci per la genotipizzazione e il sessaggio degli individui a partire da campioni organici non invasivi.
- le modalità di campionamento scelte hanno favorito la raccolta di campioni biologici provenienti da soggetti di sesso maschile.



LEK IN PERIODO PRE-RIPRODUTTIVO E POST-RIPRODUTTIVO FREQUENTATO DA MASCHI

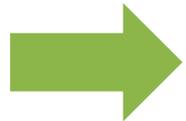


FEMMINE SI MANTENGONO ALL'ESTERNO DEI LEK E HANNO COMPORTAMENTO PIÙ ELUSIVO

Storch (1997); Mollet et al. (2015)

# DISCUSSIONE

- I livelli di variabilità genetica riscontrati nella popolazione analizzata sono alti e non si discostano dai valori riscontrati nello studio condotto nella stessa area nel 2012.



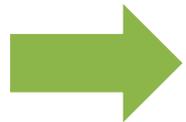
VALORI SIMILI RISCONTRATI IN DIVERSE POPOLAZIONI DELLE ALPI



VALORI MAGGIORI RISPETTO A POPOLAZIONI ISOLATE CON BASSA NUMEROSITÀ

Segelbacher e Storch (2002)

- Spostamenti maggiori registrati per gli individui di sesso maschile.



10 INDIVIDUI PARTICOLARMENTE MOBILI SUL TERRITORIO POTREBBERO ESSERE GIOVANI

Eliassen e Wegge (2007)

# DISCUSSIONE

- 3 individui (2 maschi e 1 femmina) ricampionati dopo 7 anni.



STESSE ARENE DI CANTO FREQUENTATE NEL 2012 E NEL 2019 DA INDIVIDUI ADULTI

Storch (1997)

- In 2 arene n° di galli cedrone di sesso maschile doppio rispetto al censimento.



I GIOVANI MASCHI OCCUPANO TERRITORI PIÙ PERIFERICI AL LEK



DISTURBO ARRECATO DAGLI OPERATORI ADDETTI AL CENSIMENTO

Jacob et al. (2010); Mollet et al. (2015)

- Stima dell'abbondanza della popolazione ha fornito risultati incoraggianti ma da confermare.



SI ATTENDE UNA STIMA DELLA POPOLAZIONE MEDIANTE CR MAGGIORE RISPETTO AI CENSIMENTI TRADIZIONALI IN ARENA

# GRAZIE PER L'ATTENZIONE!



## BIBLIOGRAFIA

Eliassen, S., & Wegge, P. (2007). Ranging behaviour of male capercaillie *Tetrao urogallus* outside the lekking ground in spring. *Journal of Avian Biology*, 38(1), 37–43. <https://doi.org/10.1111/j.2006.0908-8857.03764.x>

Jacob, G., Debrunner, R., Gugerli, F., Schmid, B., & Bollmann, K. (2010). Field surveys of capercaillie (*Tetrao urogallus*) in the Swiss Alps underestimated local abundance of the species as revealed by genetic analyses of non-invasive samples. *Conservation Genetics*, 11(1), 33–44. <https://doi.org/10.1007/s10592-008-9794-8>

Mollet, P., Kéry, M., Gardner, B., Pasinelli, G., & Royle, J. A. (2015). Estimating population size for capercaillie (*Tetrao urogallus* L.) with spatial capture-recapture models based on genotypes from one field sample. *PLoS ONE*, 10(6), 1–16. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0129020>

Segelbacher, G., & Storch, I. (2002). Capercaillie in the Alps: Genetic evidence of metapopulation structure and population decline. *Molecular Ecology*, 11(9), 1669–1677. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2002.01565.x>

Storch, I. (1997). Male territoriality, female range use, and spatial organisation of capercaillie *Tetrao urogallus* leks. *Wildlife Biology*, 3(3–4), 149–161. <https://doi.org/10.2981/wlb.1997.019>