

## PARTE SECONDA

### Introduzioni, reintroduzioni e ripopolamenti: aspetti pratici

Prima di esaminare in dettaglio le conseguenze genetiche delle più comuni operazioni gestionali - introduzioni, reintroduzioni, ripopolamenti - è bene puntualizzare qualche definizione, poiché il significato di questi termini, solo apparentemente simili, identifica invece realtà notevolmente diverse. Per introduzione si intende l'immissione di entità faunistiche in aree nelle quali non ne viene documentata la presenza naturale, almeno in tempi storici. Le reintroduzioni hanno invece lo scopo di riportare una popolazione/specie in una zona dove essa era presente in passato, ma dalla quale è successivamente scomparsa. Si parla di ripopolamento quando il rilascio di animali è finalizzato all'incremento della consistenza numerica di una popolazione già presente in un territorio, ma a bassa densità.

In passato (e spesso anche tuttora) i ripopolamenti venivano effettuati nelle aree cacciabili. Costituivano gli usuali interventi della politica venatoria. Tali operazioni, eseguite spesso in modo scriteriato e nella totalità delle volte senza alcun supporto scientifico, hanno provocato nel corso del tempo notevoli danni. I numerosi ripopolamenti di selvaggina alloctona, ad esempio, hanno causato l'inquinamento genetico delle popolazioni autoctone di alcune regioni. Il caso del cervo sika (*Cervus nippon*) è emblematico. Importato ultimamente in Gran Bretagna e nella ex Cecoslovacchia, in certe località ha cominciato ad ibridarsi naturalmente col cervo nobile (*Cervus elaphus*) (Figura 42), tanto da rappresentare un reale pericolo per la purezza della specie autoctona (6, 7, 51, 101).

L'introduzione di animali esotici è in grado di creare gravi problemi di competizione alle specie locali simili. Il daino (*Dama dama*), un cervide attualmente molto comune in Europa, non è una specie autoctona, ma è stato reintrodotta dall'Asia Minore dai Romani, dai Fenici e dai Normanni (49) dopo essersi estinto probabilmente alla fine dell'ultima glaciazione pleistocenica (18). Il notevole successo biologico di questa specie ha influito negativamente sugli altri ungulati autoctoni, quali il capriolo e il cervo, con cui compete per le risorse trofiche e territoriali.

Un esempio di specie alloctona è rappresentato dalla nutria (*Myocastor coypus*), un grosso roditore di origine sudamericana, introdotto accidentalmente in Italia. Nelle zone umide la nutria ha trovato l'ambiente ideale



Foto: R. FICO

Figura 42: Cervo (*Cervus elaphus*) in velluto.

per riprodursi abbondantemente, rivelandosi poi causa di rilevanti danni alle colture.

Un noto esempio di gestione avventata è invece rappresentato dai ripopolamenti a scopo venatorio di cinghiale (*Sus scrofa*) (Figura 43). Gli incroci con il maiale domestico, compiuti per aumentarne la prolificità, e con cinghiali di dimensioni corporee maggiori appartenenti a razze dell'Est europeo, oltre ad aver minato l'integrità genetica delle popolazioni residenti, ha portato ad un tale incremento nella densità di questa specie in tutto il territorio nazionale da provocare serissimi danni all'agricoltura e al patrimonio naturale. Il mancato controllo operato dai predatori naturali, da tempo scomparsi, ha contribuito sensibilmente all'ascesa demografica di questo temibile ungulato.

Anche il concetto del rinsanguamento, usato nei ripopolamenti sia per "migliorare la razza" sia per prevenire un paventato declino genetico, è del tutto fuorviante poiché può mettere in serio pericolo l'identità di *pool* genici differenziati. Senza per altro apportare alcuno dei miglioramenti sperati.

Buona parte delle reintroduzioni tuttora vengono effettuate senza seguire seri programmi scientifici, generalmente ignorando i piani fauni-



Figura 43: Cinghiale (*Sus scrofa*).

stici e gestionali, spesso basando la scelta delle specie da reintrodurre su criteri emotivi o estetici. Il più delle volte senza avere alcuna possibilità di verificare a lungo termine l'esito dell'operazione. In passato anche le operazioni di reintroduzione più diffuse venivano attuate a scopi venatori (lanci di starne, di fagiani e in misura minore di lepri). Attualmente si tende ad agire per lo più nell'interesse e per la salvaguardia delle specie animali rare, minacciate o di interesse locale e solo in misura minore per assecondare gli interessi venatori.

Lo sviluppo di una nuova sensibilità nei confronti del problema e l'accumulo di una notevole esperienza in materia, tuttavia, non impediscono che ancora oggi i buoni propositi per una corretta gestione della fauna selvatica rimangano a volte solo a livello intenzionale.

Uno dei motivi per cui ciò avviene è l'obiettiva difficoltà di ottenere una visione globale del problema, che è raggiungibile solo attraverso un approccio interdisciplinare. Una buona programmazione degli interventi gestionali esige infatti l'integrazione di aspetti diversi, che vanno dalla conoscenza delle caratteristiche ecologiche e biologiche della componente faunistica da gestire, allo sviluppo di piani per la rilevazione del suo stato sanitario e per lo studio della struttura genetica di popolazione.

Come accennato nell'introduzione, l'aspetto genetico ha avuto fino a poco tempo fa uno spazio marginale nei programmi di monitoraggio delle specie selvatiche. Eppure, le conseguenze di un'avventata gestione genetica possono essere gravi, tanto da pregiudicare l'esito delle operazioni stesse. Se la gestione riguarda specie minacciate, in via di estinzione o di particolare interesse per un determinato contesto ambientale, è necessario che la vitalità e la sopravvivenza dei *pool* genici delle popolazioni gestite non vengano messe a repentaglio.

Le considerazioni di ordine genetico di cui bisogna tener conto nei programmi di (re)introduzione e ripopolamento riguardano la selezione delle popolazioni da cui prelevare gli individui fondatori, nonché la scelta qualitativa e quantitativa dei fondatori stessi. Ciò allo scopo di minimizzare la perdita di variabilità genetica nei nuclei (re)introdotti o al fine di non intaccare l'integrità genetica delle popolazioni residenti oggetto di ripopolamento.

### ***Selezione delle popolazioni dei fondatori***

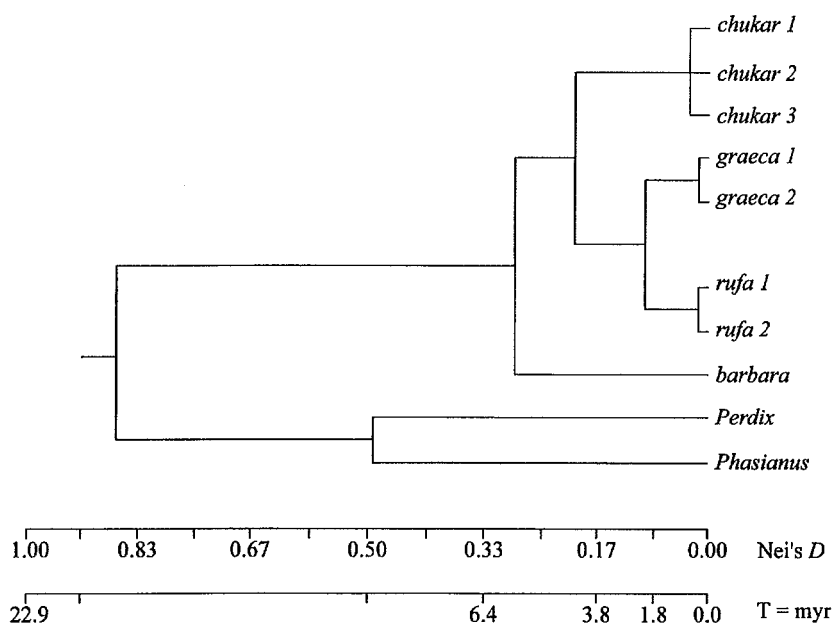
Prima di intraprendere programmi di reintroduzione, introduzione o ripopolamento, è buona norma raccogliere il maggior numero di informazioni sulla storia, l'ecologia, la genetica delle popolazioni che costituiscono le fonti potenziali dei fondatori. Popolazioni diverse appartenenti alla stessa specie possono avere infatti storie demografiche differenti e presentare adattamenti a condizioni ambientali locali. Poiché è difficile sapere quanto i fattori interni legati all'ecologia siano dovuti alla componente genetica e quanto alla componente ambientale, è possibile che le differenze tra popolazioni geografiche abbiano una base genetica. In questo caso, se cioè alcuni alleli rappresentano varianti locali, essi possono influire sulla natura delle popolazioni reintrodotte. Esiste la possibilità che anche certe diversità genetiche siano dovute ad adattamenti di natura ambientale. Pertanto, è preferibile prelevare gli animali scelti per creare nuove popolazioni da habitat simili ai luoghi in cui si intende rilasciarli (166).

Dal punto di vista genetico, una delle principali finalità da perseguire nelle operazioni di reintroduzione consiste nel mantenere alta la variabilità delle popolazioni reintrodotte. In questa ottica, il livello di variabilità genetica dovrebbe costituire il parametro fondamentale su cui basarsi per la selezione degli *stock*, poiché in parte esso influenzerà quello del nucleo di fondazione. In genere si preferiscono popolazioni madri con

alti valori di variabilità genetica, sebbene nella scelta rivesta un'importanza rilevante anche il loro passato demografico, poiché da questo potrebbe dipendere la suscettibilità della nuova popolazione alla depressione da *inbreeding*. Infatti, se una popolazione è passata attraverso una lunga storia di *inbreeding*, molti alleli recessivi responsabili dell'espressione di caratteri svantaggiosi possono aver subito l'eliminazione da parte delle forze selettive. Pertanto, nel caso fosse esposta ad ulteriore inincrocio, tale popolazione sarebbe comunque meno sensibile agli effetti depressivi rispetto ad un'altra che avesse un livello più alto di variabilità, ma un carico genetico altrettanto superiore.

Un ulteriore aspetto che riguarda la selezione degli animali fondatori è l'origine. Nelle reintroduzioni e nei ripopolamenti è preferibile utilizzare individui autoctoni, ovvero originari delle stesse zone del rilascio o di zone limitrofe, affinché venga favorita l'affermazione di *pool* genici omogenei, tipici di habitat simili ai quali sono probabilmente meglio adattati (98). In passato era molto frequente l'uso di animali alloctoni provenienti dall'estero, adattati a condizioni ambientali completamente diverse, portatori di strutture genetiche forse altrettanto differenti. In parecchi casi questa pratica ha provocato l'inquinamento genetico a carico delle popolazioni selvatiche presenti nei siti di rilascio. In ambito intraspecifico, se la fusione di *pool* genici di origine e struttura diverse è in genere sconsigliato, il favorimento di incroci tra individui appartenenti a differenti sottospecie è decisamente da condannare. A maggior ragione, la pratica di incrociare animali di specie diverse, frequente negli allevamenti di uccelli da ripopolamento, risulta assai rischiosa per le forme autoctone selvatiche che verranno a contatto con gli ibridi.

Nei ripopolamenti di selvaggina stanziale accade spesso che gli animali soggetti a rilascio non vengano allevati in purezza. Un esempio di tale pratica riguarda la coturnice (*Alectoris graeca*), una pernice mediterranea che in Italia è distribuita prevalentemente sull'arco alpino. Spesso i rinforzi delle popolazioni residenti vengono effettuati con ibridi tra coturnice e una pernice di origine asiatica, la chukar (*Alectoris chukar*), poiché quest'ultima ha una maggiore resistenza alle condizioni d'allevamento. Studi elettroforetici hanno dimostrato che le due specie sono geneticamente ben differenziate e filogeneticamente lontane (Figura 44) (97, 139). Dal punto di vista fenotipico gli ibridi sono pressoché indistinguibili dalle specie parentali, mentre geneticamente risultano riconoscibili grazie

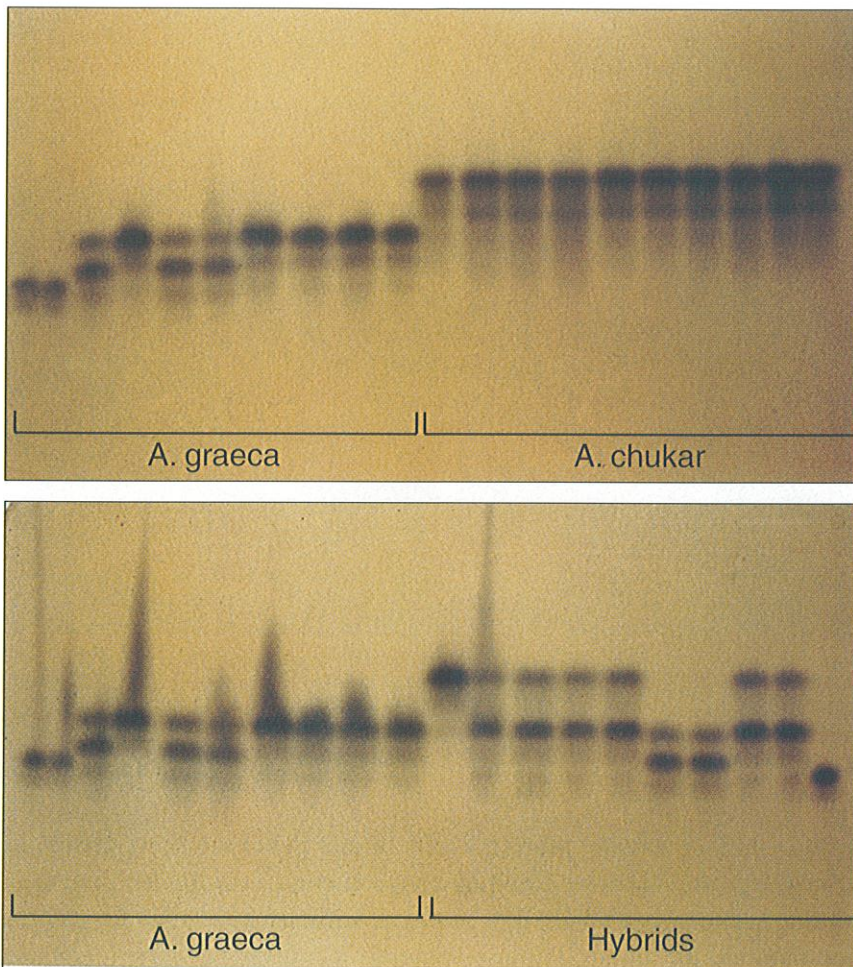


**Figura 44:** Il dendrogramma, costruito sulla matrice di distanze genetiche di Nei (1978), mette in luce le relazioni filogenetiche tra le specie mediterranee di *Alectoris*. La starna (*Perdix perdix*) e il fagiano (*Phasianus colchicus*) sono stati utilizzati come specie di riferimento per la rotazione dell'albero. La pernice rossa (*Alectoris rufa*) e la coturnice (*Alectoris graeca*) risultano essere le più simili tra loro, essendosi separate 1.8 milioni di anni fa. La *chukar* (*Alectoris chukar*) si è evoluta separatamente dal gruppo *graeca/rufa* circa 4 milioni di anni fa. La più distante è la pernice sarda (*Alectoris barbara*), separatasi dalle altre specie circa 6 milioni di anni fa. La scala temporale è stata ottenuta mediante calibrazione con dati fossili (da Randi e coll., 1992).

*A. chukar* 1 = *chukar* selvatiche, Cina; *A. chukar* 2 = *chukar* allevate, Bulgaria; *A. chukar* 3 = *chukar* selvatiche, Israele; *A. graeca* 1 = coturnici selvatiche, Alpi, Italia; *A. graeca* 2 = coturnici allevate, Italia; *A. rufa* 1 = pernici rosse selvatiche, Spagna; *A. rufa* 2 = pernici rosse allevate, Italia.

all'esistenza di specifici *marker* enzimatici (Figura 45). In questo caso l'applicazione sistematica di test biochimici, relativamente semplici e dai costi contenuti, potrebbe costituire un utile *screening* di controllo antecedente il rilascio di animali in natura, in grado di evitare la diffusione di genotipi ibridi. L'utilizzo abituale di ibridi per i ripopolamenti rischia non solo di inquinare il *pool* genico delle specie pure, ma anche di provocare la progressiva scomparsa nel caso in cui gli incroci godano localmente di un vantaggio selettivo.

Per quanto concerne le popolazioni reintrodotte di specie minacciate o in pericolo di estinzione, considerazioni di carattere logistico, epidemiologico e genetico fanno pensare che, compatibilmente con le realtà operative, la strategia migliore sarebbe quella di costituire più nuclei di



**Figura 45:** Profili elettroforetici relativi all'enzima aspartato aminotransferasi (AAT) di coturnice (*Alectoris graeca*), chukar (*Alectoris chukar*) e di ibridi tra le due specie. Come si può notare, questi ultimi mostrano di possedere gli alleli tipici di entrambe le specie (da Lorenzini e coll., 1990).

nuova formazione, ognuno derivato da popolazioni geneticamente omogenee (Figura 46). Nel caso in cui le popolazioni madri o una delle colonie si estinguessero (per esempio a causa di un'epidemia), ciò permetterebbe di mantenere più variabilità genetica di quanta se ne conserverebbe se da un solo *stock* fossero derivate tutte le colonie (5, 91). Gli inevitabili effetti di deriva porterebbero alla fissazione casuale di alleli diversi nelle varie colonie, a beneficio della diversità genetica totale della metapopo-



Foto: R. FICO

**Figura 46:** Il camoscio appenninico (*Rupicapra pyrenaica ornata*) è presente attualmente con una popolazione di circa 450 esemplari nel Parco Nazionale d'Abruzzo. La necessità di allontanare lo spettro dell'estinzione, legato all'esistenza di un'unica popolazione, per di più geneticamente omogenea, ha spinto gli operatori ad effettuare delle reintroduzioni in altre aree dell'Appennino. Ciò al fine di dar vita a nuovi nuclei di fondazione ed assicurare la sopravvivenza a questa entità faunistica dal grande valore zoologico.

lazione. Inoltre, è stato dimostrato che in una popolazione suddivisa, in assenza di forte selezione, l'immigrazione di circa un individuo per generazione scelto a caso da un'altra colonia è sufficiente per rendere l'intera popolazione un'unità complessivamente panmittica e geneticamente omogenea. Un limitato flusso genico è quindi sufficiente a mantenere alti livelli di variabilità genetica nella popolazione complessiva ed è capace di tamponare gli effetti stocastici di carattere ambientale (si veda pag. 48).

In particolare nelle popolazioni di ungulati, al fine di allontanare l'eventualità di erosione della variabilità genetica, una volta stabiliti, i nuclei di fondazione dovrebbero avere la possibilità di aumentare la densità in modo rapido, ma compatibile con la capacità portante dell'ambiente. Successivamente, una gestione di tipo demografico (applicabile particolarmente agli ungulati, ma estensibile ad altre specie) potrebbe rendere stazionaria la popolazione attraverso il controllo attivo delle dimensioni e delle distribuzioni delle classi di sesso e di età (35).



Un altro modo per costituire una nuova popolazione ad alta variabilità potrebbe essere quello di prelevare i fondatori da popolazioni geneticamente diverse. Tuttavia, esistono prove che tali incroci potrebbero produrre depressione da *outbreeding* (o esincrocio), un fenomeno simile alla depressione da *inbreeding* che, come questa, si esprime negli ibridi attraverso un deterioramento dei caratteri legati alla *fitness*.

Diversamente dall'*inbreeding*, si conosce molto poco delle cause che determinano gli effetti negativi dell'*outbreeding*. Si pensa che il ridotto vigore si determini quando combinazioni di geni coadattati, vale a dire di sistemi genetici integrati per la produzione di fenotipi localmente adattati, vengono disgregate in seguito all'incrocio con individui di origini diverse, le cui combinazioni geniche sono a loro volta diversamente coadattate. È stato osservato che gli effetti della depressione da *outbreeding* sono confinati a poche generazioni. Pertanto, se il nucleo dei fondatori è sufficientemente ampio, la popolazione sarà ugualmente in grado di sopravvivere all'alta mortalità e al basso tasso riproduttivo dei genotipi "ibridi" delle prime generazioni.

Come è stato già ricordato, è auspicabile non effettuare incroci fra individui appartenenti a sottospecie diverse, riconosciute tali da indagini





**Figura 47:** A) Camoscio alpino (*Rupicapra rupicapra rupicapra*). B) Camoscio appenninico (*Rupicapra pyrenaica ornata*). Un tempo considerati appartenenti ad un'unica specie, il camoscio alpino e il camoscio appenninico (o d'Abruzzo) vengono attualmente classificati in due specie diverse in base a caratteri morfologici, biometrici, comportamentali e genetici. Studi recenti di sistematica biochimica hanno rivelato notevoli affinità fra il camoscio appenninico e i camosci dei Pirenei e dei Monti Cantabrigi. Ben distinto risulta invece dalla specie alpina.

morfologiche o genetiche. Non solo ai fini di prevenire un'eventuale depressione da *outbreeding*, ma soprattutto per mantenere il coadattamento e l'integrità genetica dei *taxa*.

Da queste considerazioni si evince come sia necessario che i programmi di gestione e conservazione debbano contare su di una conoscenza tassonomica certa delle entità faunistiche considerate. Gli studi di sistematica effettuati con tecniche biochimiche (analisi dei polimorfismi proteici, del DNA, del cariotipo), affiancati a valutazioni morfologiche, possono essere un valido supporto alle decisioni gestionali (Figura 47).

### ***Selezione dei fondatori***

Nel capitolo riguardante la variabilità genetica è stato sottolineato che un basso livello di variabilità influisce sul futuro evolutivo delle popolazioni naturali. La sopravvivenza a breve termine è legata agli effetti

negativi dell'*inbreeding* sui caratteri legati alla *fitness*, mentre la vitalità nel lungo periodo viene pregiudicata dalla mancanza di potenziale genetico in forma di diversità allelica, che garantisce la continuità del processo di adattamento. Popolazioni reintrodotte avranno una ridotta variabilità genetica se verranno costituite con fondatori che non contengono gran parte della variabilità presente nella popolazione di origine.

La scelta di individui nei quali sono rappresentate tutte le varianti alleliche della popolazione parentale permette di contenere la perdita di alleli in seguito alla deriva genetica, cioè di quegli alleli presenti a bassa frequenza che per caso non risultano compresi nei genotipi dei fondatori. L'analisi individuale dei polimorfismi proteici dovrebbe costituire il primo passo per l'individuazione degli animali più adatti. La scelta dei fondatori non dovrebbe essere effettuata in base ai caratteri fenotipici o al grado di eterozigosi individuale, poiché ciò rappresenta una forma di selezione che potrebbe determinare una perdita di variabilità a livello di popolazione, maggiore rispetto a quella prodotta da una scelta casuale (48).

Per quanto riguarda la selezione quantitativa, molti studiosi suggeriscono di partire col più alto numero possibile di fondatori di ambedue i sessi (Figura 23), possibilmente mantenendo un rapporto tra i sessi di 1:1 anche per le specie altamente poliginiche (39). Tuttavia, a questo proposito non esiste una regola precisa, valida in ogni circostanza, poiché il numero minimo di coppie necessarie a fondare con successo una popolazione dipende dalla biologia della specie, dalla sua suscettibilità alla depressione da *inbreeding*, nonché dai suoi trascorsi demografici. In genere, un numero ristretto di fondatori aumenta la possibilità di incroci fra consanguinei nel corso delle prime generazioni dopo la reintroduzione e ciò potrebbe portare ad una severa depressione da *inbreeding* (37). Studi sulle *performance* individuali suggeriscono che un numero di fondatori inferiore a 10 può soffrire di effetti depressivi immediati (136).

L'inserimento di individui imparentati nel gruppo dei fondatori è in grado di provocare pesanti effetti sulla quantità di variabilità genetica persa. Più stretta è la parentela, maggiore risulterà la perdita di variabilità. L'impiego di tecniche analitiche quali il DNA *fingerprinting* permette di controllare a livello molecolare le relazioni di parentela fra i fondatori e costituisce un valido supporto alla scelta degli individui non *inbred*, nel caso non si disponga di informazioni relative alle linee familiari o della stima del coefficiente di *inbreeding* (46).

### Conseguenze genetiche dell'attività venatoria

La gestione venatoria viene tradizionalmente attuata in base a considerazioni di tipo ecologico e demografico. Poca attenzione è invece prestata all'eventualità che strategie di prelievo improprie possano determinare profonde alterazioni nelle caratteristiche genetiche delle specie interessate. Numerosi studi hanno ormai dimostrato che la caccia è una delle attività umane in grado di influenzare notevolmente l'assetto genetico delle popolazioni di animali selvatici.

L'interesse venatorio è sistematicamente rivolto verso gli esemplari che esibiscono alcuni caratteri morfologici particolarmente sviluppati che soddisfano il gusto estetico dei cacciatori, i cosiddetti trofei (96). In alcuni ungulati, ad esempio, si corre il rischio di abbattere quasi esclusivamente i maschi di dimensioni corporee maggiori, portatori dei palchi più imponenti. Nelle specie prive di un evidente dimorfismo sessuale, in genere è la migliore prestantza fisica dell'animale a determinarne il prelievo selettivo (Figura 48).

Senza considerare i casi estremi in cui l'eccessiva pressione venatoria ha contribuito pesantemente al declino o all'estinzione di alcune specie (Figura 49), è indubbio che la caccia rappresenti comunque una forma di selezione, la cui direzione non è adattativa e le cui vere motivazioni esulano dai principi di conservazione della fauna selvatica.

Dal punto di vista demografico il prelievo preferenziale di un sesso o di una classe di età, come accade nella corrente pratica venatoria, può alterare in modo drammatico l'equilibrio demografico di una popolazione. Le alterazioni del rapporto numerico fra i sessi, della distribuzione nelle classi di età, della struttura riproduttiva producono variazioni nella dimensione effettiva della popolazione che la rendono più vulnerabile nei confronti dei processi stocastici (145).

È stato osservato che dal punto di vista genetico tali variazioni consistono in sensibili cambiamenti delle frequenze geniche. Le popolazioni ampie in genere sono in grado di tamponare demograficamente le variazioni genetiche dovute ad un intensivo prelievo, purché questo sia esteso a brevi periodi di tempo. Le popolazioni più ridotte, pur mostrando gli stessi effetti, non possiedono una pari capacità di contrastare pressioni selettive anche minori (148).

Nel sud degli Stati Uniti sono stati effettuati studi a lungo termine sulle conseguenze demografiche e genetiche dell'attività venatoria nel



Foto: F. SCALIA

**Figura 48:** Il camoscio (*Rupicapra rupicapra rupicapra*) è ancora una delle specie più cacciate dell'arco alpino. L'attuale gestione venatoria, pur migliorata nell'ultimo decennio, ne condiziona ancora pesantemente la composizione e la dinamica delle popolazioni. I prelievi, focalizzati essenzialmente sui maschi adulti detentori dei trofei più imponenti, determinano spesso uno squilibrio nel rapporto tra i sessi e mantengono alcune popolazioni a valori di densità inferiori a quelli potenziali (Tosi, 1993).

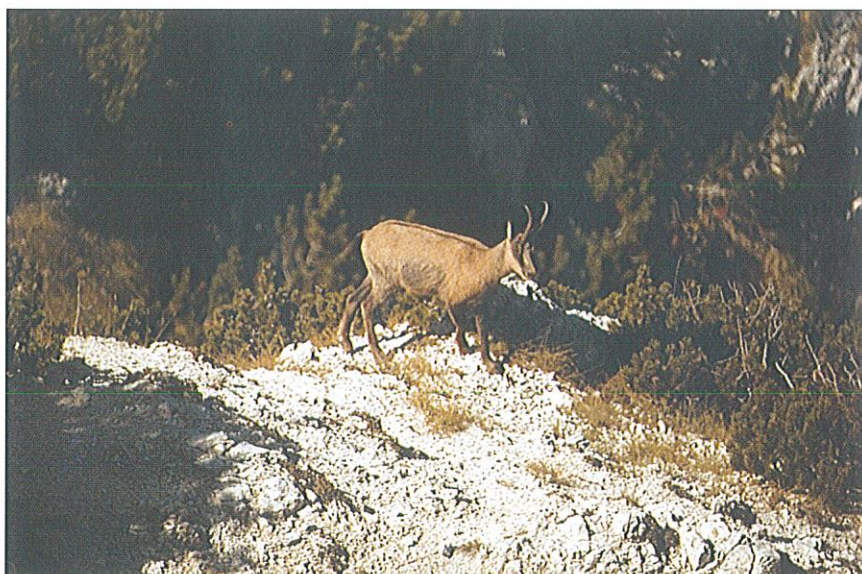


Foto: R. FICCO

**Figura 49:** L'intensa pressione venatoria è stata una delle cause che ha portato il camoscio d'Abruzzo (*Rupicapra pyrenaica ornata*) sull'orlo dell'estinzione.

cervo coda bianca (*Odocoileus virginianus*). I risultati hanno dimostrato come cambiamenti delle frequenze alleliche siano rilevabili di anno in anno in relazione all'intensità della pressione venatoria e al metodo di caccia impiegato. In quelle regioni il cervo coda bianca viene cacciato all'aspetto oppure con l'ausilio dei cani. È stato rilevato che le maggiori variazioni delle frequenze alleliche si registrano a carico delle aree a maggiore intensità di prelievo, come effetto del declino numerico. Variazioni altrettanto sensibili si osservano nelle popolazioni in cui i cervi vengono regolarmente cacciati con i cani (Figura 50). Questa prati-

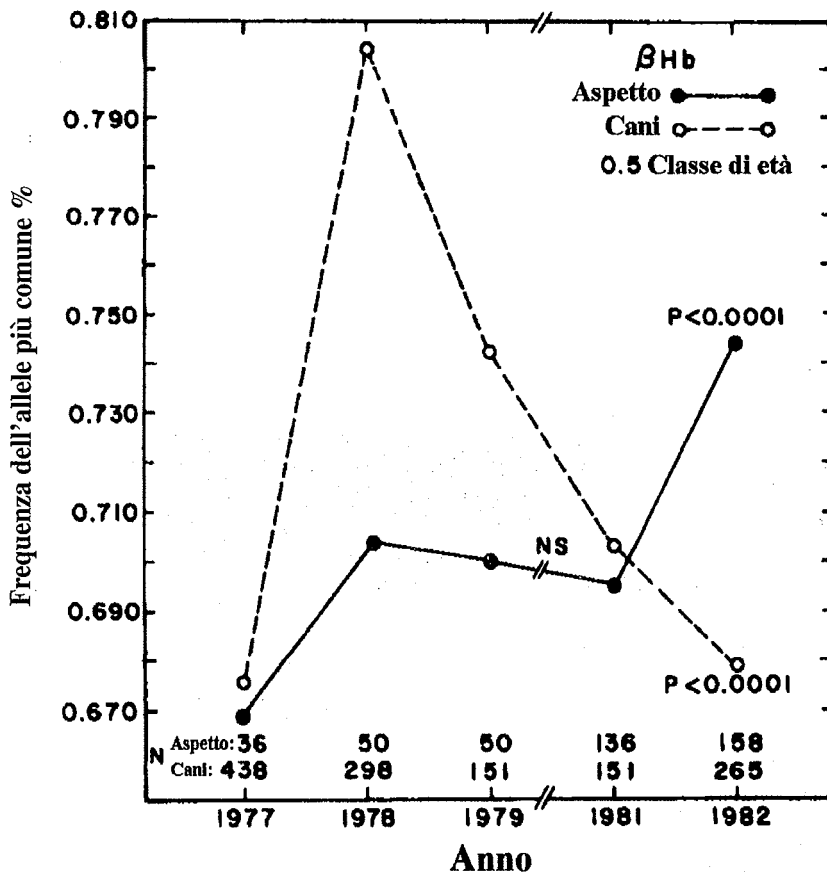
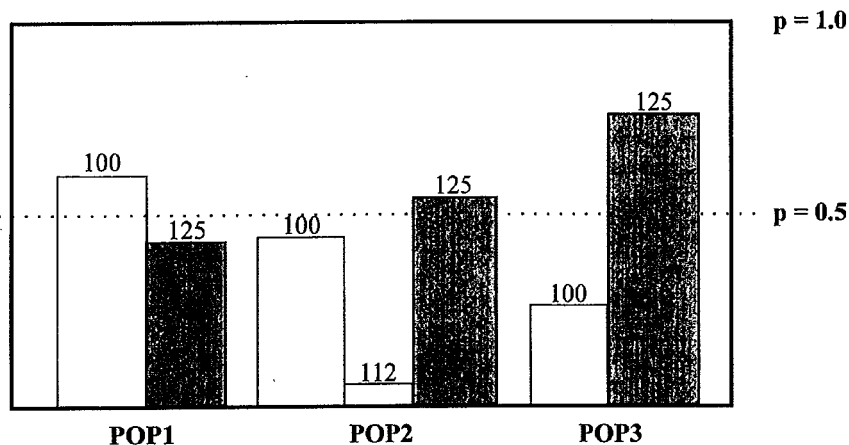


Figura 50: Variazioni annuali nella frequenza dell'allele più comune del gene  $\beta$  dell'emoglobina nel cervo coda bianca (*Odocoileus virginianus*). La linea tratteggiata è relativa alle regioni del Sud Carolina in cui questo ungulato viene cacciato con l'ausilio di cani. La linea continua rappresenta invece le regioni dove il cervo coda bianca viene cacciato all'aspetto (ridisegnato da Scribner, 1993).

ca venatoria, condotta di norma in corrispondenza della stagione degli accoppiamenti, costringe gli animali a disperdersi, invece di mantenere le femmine i relativi *clan* familiari e i maschi i propri territori. Come risultato si ottiene la disgregazione dei gruppi matriarcali e la rottura delle strutture gerarchiche tra i maschi. La fusione di gruppi sociali differenzialmente strutturati determina un'alterazione nelle normali interazioni individuali durante la stagione riproduttiva e contemporaneamente favorisce un incremento degli accoppiamenti casuali. Questi sconvolgimenti nella composizione della popolazione si traducono in variazioni delle frequenze geniche e nella costituzione di una popolazione geneticamente omogenea (148).

In Europa centrale il cervo (*Cervus elaphus*) è uno degli ungulati maggiormente soggetti al prelievo venatorio. Alcuni tratti fenotipici, quali la dimensione corporea e la struttura dei palchi, costituiscono i criteri per la caccia di selezione. L'analisi di tre popolazioni di cervo dalle strutture genetiche originariamente simili, ma sottoposte ad intensità e durata di prelievo diversi, ha evidenziato l'esistenza di incrementi paralleli nella frequenza di certi alleli e nella percentuale di maschi con le caratteristiche dei palchi cui la presenza di tali alleli era associata (Figura 51). Le variazioni delle frequenze geniche non erano spiegabili da



**Figura 51:** Frequenze alleliche (p) al locus Isocitrato deidrogenasi (Idh-2) nel cervo (*Cervus elaphus*). Le barre rappresentano le frequenze degli alleli "100" e "125" in tre popolazioni francesi (POP1, POP2, POP3) sottoposte a pressioni venatorie decrescenti per i trofei. La frequenza dell'allele Idh-2<sup>125</sup>, risultato essere positivamente correlato con la velocità di sviluppo dei palchi, aumenta nelle popolazioni con una pressione venatoria meno intensa per questo carattere (ridisegnato da Hartl e coll., 1991a).

eventi casuali di deriva genetica o da errori di campionamento, ma piuttosto erano dovute al prelievo intensivo delle stesse classi di età e di sesso ogni anno nelle popolazioni esposte ad una maggiore pressione venatoria (si veda pag. 94). Benché non si sia ancora in grado di stabilire se lo sviluppo differenziale dei caratteri in questione sia sotto stretto controllo genetico o se rifletta principalmente influenze di tipo ambientale (188), nel cervo è stato osservato da più Autori che lo sviluppo particolarmente pronunciato di certi caratteri, non solo legati ai palchi, è associato a specifiche varianti alleliche presenti in condizione omozigote (63, 131).

I risultati non hanno però permesso di stabilire se sia un singolo allele alternativo a determinare una specifica espressione fenotipica o se sia piuttosto l'effetto di una associazione fra il *locus* e un gene, o un complesso di geni, responsabili dello sviluppo dei caratteri fenotipici in questione. In ogni caso, il costante prelievo di animali con gli stessi tratti morfologici provoca un effetto simile alla deriva genetica, vale a dire l'eliminazione o la fissazione, questa volta non casuale, di certe varianti geniche attraverso la selezione dei relativi genotipi (62).

Nei subadulti o adulti giovani di cinghiale la mancanza di un pronunciato dimorfismo sessuale non favorisce una caccia selettiva basata sulle classi di sesso. In questa specie è stato osservato che la distribuzione dei genotipi si mantiene costante nel corso degli anni o subisce sensibili variazioni a seconda che gli abbattimenti vengano effettuati casualmente o diretti preferibilmente verso gli esemplari delle classi di età inferiori (56).

È stato dimostrato che un'intensa attività venatoria è in grado di provocare un decremento nei livelli di variabilità genetica rilevabile anche nell'arco di un breve periodo. Gli studi effettuati sul cervo coda bianca (*Odocoileus virginianus*) hanno evidenziato una forte associazione positiva tra eterozigosi e sviluppo dei palchi, dimostrando che la caccia di selezione per il trofeo, per lo sviluppo estremo del corpo e in genere per specifiche strutture possono rappresentare un importante fattore di impoverimento genetico (149).

Generalmente si associa una bassa diversità genetica agli effetti negativi dell'*inbreeding* sulla sopravvivenza. In alcune tra le specie più cacciate in Europa, come il daino o il camoscio, sono stati effettivamente riscontrati livelli di eterozigosi prossimi allo zero (55, 110, 137) senza essere accompagnati apparentemente da alcun fenomeno depressivo. Risultati di questo tipo vengono strumentalizzati dai cacciatori che se ne servono per sostenere la tesi secondo cui i genetisti tendono a sopravva-



lutare i rischi della riduzione numerica delle popolazioni cacciate e i conseguenti effetti dell'*inbreeding*. Tuttavia, come ricordato nei capitoli precedenti, gli effetti deleteri di un incremento di omozigosi possono manifestarsi non solo a breve scadenza, attraverso la riduzione dei caratteri di *fitness*, ma soprattutto nel lungo periodo, quando gli alleli recessivi svantaggiosi saranno già stati eliminati dalla selezione naturale e avranno reso la popolazione momentaneamente resistente ad un ulteriore eventuale regime di *inbreeding*. A meno che ciò non accada nell'arco di un periodo sufficientemente lungo da permettere l'accumulo di nuove mutazioni, la mancanza di diversità allelica renderà inevitabilmente la popolazione più vulnerabile ai cambiamenti ambientali.

Verosimilmente, il camoscio ed in particolare il daino, nel quale è stata messa in evidenza una notevole resistenza all'*inbreeding*, si trovano attualmente in questa situazione. Pertanto, nella corrente gestione venatoria della fauna selvatica, la mancata percettibilità di immediati effetti negativi porta comunemente ad una notevole sottostima dei problemi.

Negli Stati Uniti, il cervo mulo (*Odocoileus hemionus*) è stato oggetto di un intensissimo prelievo venatorio negli scorsi due secoli. Fino a quando, grazie a massicci ripopolamenti e numerose reintroduzioni, ha nuovamente ristabilito l'antico areale. Negli ultimi decenni, il raggiungimento di una consistenza numerica notevole ha reso la specie nuovamente oggetto di un'intensa caccia. Indagini demografiche e genetiche, condotte successivamente ad una serie di stagioni venatorie, hanno messo in luce una significativa deviazione dal regime di accoppiamento casuale ed un costante declino nel livello di eterozigosi. Tali osservazioni hanno suggerito che il prelievo venatorio aveva allontanato la popolazione dall'equilibrio e che le variazioni di variabilità genetica e di struttura demografica delle popolazioni cacciate erano sensibili e rilevabili annualmente, nonostante gli effetti omeostatici dovuti alla dimensione ampia e alla bassa mortalità degli adulti (Figura 52) (152).

Da questo breve *excursus* si evince che le strategie venatorie da adottare in ogni singolo caso (tipo di specie, contesto ambientale, esperienze venatorie pregresse) non possono essere correttamente valutate senza una precisa analisi della biologia e delle strutture demografica e genetica dell'entità faunistica in questione. Simulazioni al computer, adattate alla biologia di alce (*Alces alces*) e cervo coda bianca (*Odocoileus virginianus*), hanno per esempio evidenziato come regimi venatori diversi influenzino la durata degli intervalli generazionali (145). Gli effetti di tali

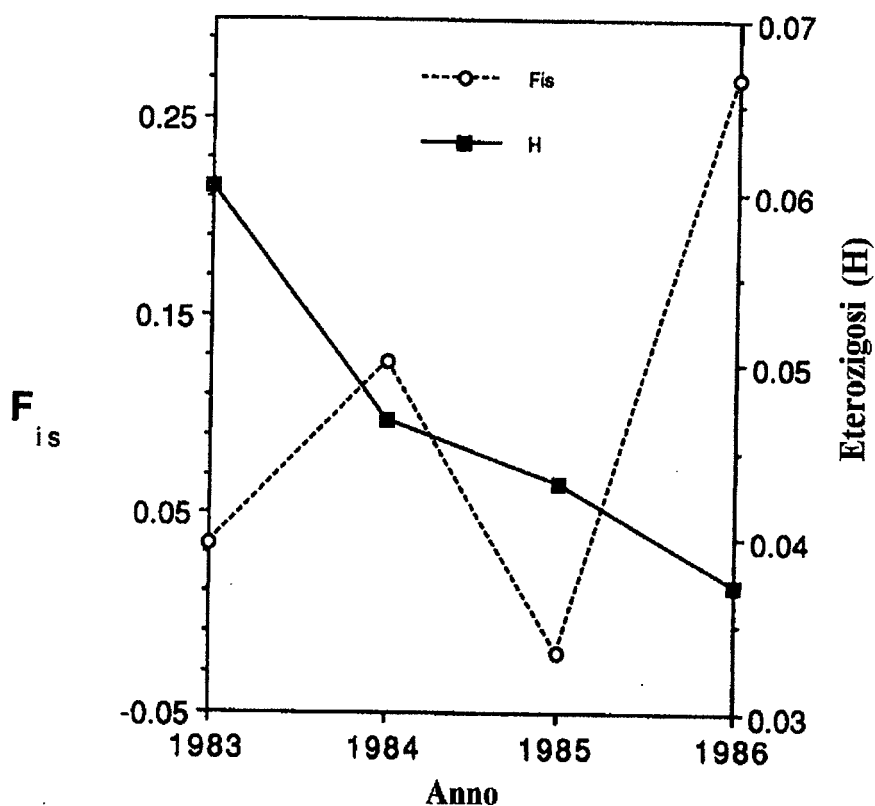


Figura 52: Variazioni temporali (1983-1986) del coefficiente di *inbreeding* ( $F_{is}$ ) e dell'eterozigosi (H) in popolazioni di cervo mulo (*Odocoileus hemionus*) di 20 aree del Colorado sottoposte a prelievo venatorio (ridisegnato da Scribner e coll., 1991).

variazioni sui *pool* genici sono di primaria importanza per la risposta alle forze della selezione naturale.

Nelle popolazioni ridotte di grandi mammiferi la dilatazione degli intervalli tra una generazione e l'altra può essere vantaggiosa poiché rallenta la velocità delle variazioni genetiche dovute alla bassa dimensione effettiva. In altri casi, per esempio in occasione di repentini cambiamenti delle condizioni ambientali, un lungo intervallo generazionale potrebbe non risultare favorevole poiché i necessari cambiamenti genetici potrebbero progredire troppo lentamente e provocare eventualmente l'estinzione locale della popolazione (145).

## **Population genetics and game management** ***Genetica di popolazione e gestione venatoria***

(Günther B. Hartl - Institut für Haustierkunde der Christian-Albrechts-Universität, Kiel, Germania)

*La variabilità genetica è un requisito essenziale per l'adattamento e la sopravvivenza delle popolazioni naturali alle variazioni ambientali. Ultimamente le conseguenze delle attività umane (alterazione degli habitat naturali, reintroduzioni, allevamento in cattività, caccia, incroci tra sottospecie) hanno determinato sensibili alterazioni nei pool genici di popolazioni appartenenti alle specie di interesse venatorio. Uno degli effetti che gli interventi umani sono in grado di determinare sulla struttura genetica delle popolazioni selvatiche può consistere nella variazione non adattativa, ma casuale, delle frequenze alleliche. I grossi mammiferi risentono sensibilmente delle conseguenze provocate dalla manipolazione umana. Nel daino, un cervide riportato in Europa dall'Asia Minore da Romani e Fenici dopo essersi estinto durante l'ultima glaciazione, le reintroduzioni di piccoli gruppi di animali, la cattività, la selezione naturale e l'inbreeding potrebbero essere responsabili della scarsa variabilità genetica presente nelle popolazioni attuali. Situazioni analoghe si riscontrano nello stambecco alpino e nel muflone.*

*Le dimensioni ridotte, l'allevamento in cattività e il protratto isolamento rappresentano i fattori principali dell'impovertimento genetico anche per altre specie di ungulati, quali il cinghiale e il cervo. Per il cervo è stato dimostrato che la struttura genetica di alcune popolazioni europee è stata sensibilmente alterata dalla costante pressione venatoria dell'ultimo secolo. L'individuazione di marker genetici legati a particolari tipi di palchi, oggetto di prelievo preferenziale da parte dei cacciatori, ha permesso di evidenziare che la selezione venatoria è in grado da sola di alterare le frequenze geniche di una popolazione, contrapponendosi alla selezione naturale ancor più efficacemente della deriva genetica. Sempre nel cervo è stato visto che gli effetti dell'attività venatoria si riflettono anche su alcuni caratteri legati alla fitness. Alla scelta di certi fenotipi è infatti connessa la selezione di specifici alleli, associati per esempio alla sopravvivenza dei piccoli o alle performance riproduttive delle femmine.*

*Non tutte le specie di mammiferi risentono in egual misura dell'isolamento genetico. Mammiferi di media taglia come la lepre, che ha un sistema riproduttivo panmittico, un rapido ricambio delle popolazioni ed*

*alti livelli di flusso genico tra demi, sono particolarmente sensibili dal punto di vista genetico e fenotipico agli effetti dell'inbreeding, naturale conseguenza della frammentazione in popolazioni localmente isolate. Nelle specie altamente poliginiche di ungulati, invece, un livello moderato di consanguineità viene naturalmente tollerato senza apparenti conseguenze nei caratteri di fitness. In queste popolazioni, spesso di modeste dimensioni e quindi più facilmente esposte agli accoppiamenti tra consanguinei, il tasso naturale di inbreeding elimina molti dei geni recessivi deleteri che nelle ampie popolazioni panmittiche permangono come pesante carico genetico.*

*I principi della genetica di popolazione applicati alla conservazione dell'integrità e dell'adattabilità dei pool genici non sono importanti solo per le popolazioni e le specie a rischio di estinzione. Oggi l'impatto umano è così rilevante da essere in grado di provocare massicci cambiamenti nelle strutture genetiche anche di specie attualmente abbondanti. È necessario che gli sforzi di protezione e conservazione vengano effettuati quando si è ancora in tempo, limitando gli interventi sugli habitat naturali, preservando l'identità dei pool genici locali, riducendo, laddove è necessario, l'intensità della pressione venatoria sulle specie cacciabili e razionalizzando le pratiche del prelievo.*

Genetic variation in biochemical, morphological and behavioural traits is essential for populations to adapt to their environment, which, as a consequence of manifold human activities, especially nowadays is increasingly changing. If a population contains sufficient genetic variation, under diverse environmental conditions there will always be some individuals which are able to produce more offspring than others - a process that ultimately causes permanent changes in the genetic structures of a population and that is known as natural selection. However, if a population has lost a great deal of its genetic resources, the incidence of diseases and malformations may be increased, fertility and viability may be reduced, and, in the case of rapid environmental changes, the whole population may be exterminated due to a lack of adaptability.

Human impact on populations of game animals associated with potentially drastic alteration of gene pools may be intended or just be a by-product of the cultivation of the landscape.

– Extensive deforestation, the building of roads, fenced motorways, and concreted channels as well as the establishment of settlements and industrial areas have led to a fragmentation of habitats, and, thus, to a

*fragmentation of formerly homogeneous populations.* In many species populations are persisting at small numbers of individuals and are more or less isolated from neighbouring stocks.

- The (re-)establishment of populations is usually based on small numbers of individuals.
- The breeding of populations in enclosures is usually associated with small population sizes and isolation.
- Selective hunting for trophies means that the individuals are maintained or eliminated from a population just on the basis of the development of only a few and mostly rather superficial morphological characters.
- Artificial hybridization of individuals from distinct habitats or geographically very separated populations, say for the “improvement” of trophies or even for increasing genetic variation, may disturb a locally well adapted gene pool. The same holds for the introduction of foreign species (subspecies), which tend to hybridize with a closely related native species (subspecies).

All these influences have in common that the genetic structure of a population tends to be altered not as a consequence of natural selection but of random changes in allelic frequencies (genetic drift). Even if selective hunting for trophies had the desired influence on the ultimate expression of particular morphological characters, that influence is likely not to correspond to what would have happened under natural selection. Moreover, a lot of associated characters are likely to be affected in a random way.

This essay is directed towards giving some concrete examples of human influences on the genetic structure of game animals, which are predominately based on results of my laboratory. Furthermore, it will be discussed why the various species of free-ranging large mammals are not likely to be susceptible to problems associated with inbreeding to the same extent. Finally, some recommendations as to management practices for preserving the genetic variation and the genetic integrity of populations will be given.

### ***Genetic consequences of low population size and isolation***

Pemberton and Smith (130), Hartl *et al.* (55), and Randi and Apollonio (137) examined genetic variation in fallow deer (*Dama dama*) where, despite considerable variation in coat colour and antler shape,

genetically determined variants in blood proteins and enzymes turned out to be extremely scarce. This may be explained by the population history of fallow deer in Europe. After the last glaciation the species was extinct in Europe and it is assumed that fallow deer were restocked with small numbers of animals originating from refugia in Asia Minor by the Romans and the Phoenicians some 3000 years ago. Moreover, for many centuries fallow deer were kept in enclosures and inbred for particular colour morphs and antler types. Thus, while - through repeated hybridization of different "types" of fallow deer - some morphological variation may have been retained, the general amount of genetic variation in this species may have been reduced by subsequent bottlenecking and inbreeding.

After having been exposed to heavy hunting pressure for centuries, by the mid of last century only about 50 individuals of the Alpine ibex (*Capra ibex*) survived in the Gran Paradiso National Park. At the beginning of our century some individuals came to Switzerland and were bred in an enclosure. Once the number of ibexes had increased, small groups were released in the Swiss Alps (41). Since then populations of ibex were successively established in many parts of the Alps and the current number of individuals amounts to about 20000. Hartl (54), Nascetti *et al.* (112), Stüwe and Scribner (174), and Randi *et al.* (138) were able to show that biochemical-genetic variation in the Alpine ibex is very low as compared to many other species of artiodactyls, which is most probably a result of the repeated bottlenecking. Relationships between population founding history and genetic variation retained in introduced ibex populations were investigated in more detail by Scribner (153).

Genetic bottlenecks are also a characteristic of population histories in the mouflon (*Ovis ammon musimon*), whose stocks on the European mainland can be traced back to a number of small founder populations. Most populations are living in enclosures and those investigated so far were found to be genetically extremely depleted (58).

Hartl and Csaikl (56) examined genetic variation in wild boars (*Sus scrofa*) kept in enclosures. Genetic variation turned out to be inversely related to population size and to the duration of isolation. Annual changes in allelic frequencies of a wild boar population living in an enclosure are shown in Figure 53.

Even if not all populations living in enclosures are genetically depleted, dramatic changes in allelic frequencies could be demonstrated also in the red deer (*Cervus elaphus*). Despite a massive impact of hunting on practically all Central European red deer populations, genetic distances among

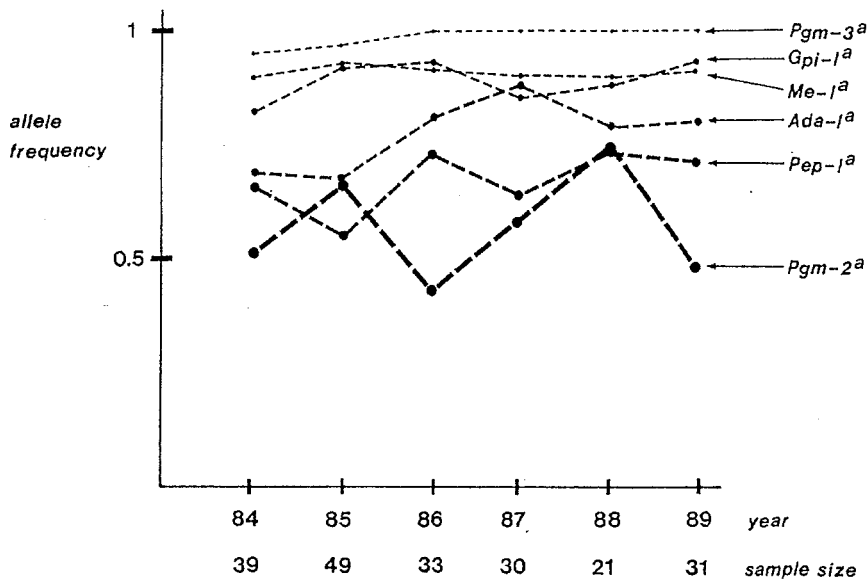


Figure 53: Annual changes in allelic frequencies of a wild boar population living in an enclosure at an estimated effective population size of 140 (the amplitude of sampling error at a confidence interval of 95% is 0.154 in the worst case, where  $n$  (sample size) = 21 and  $p=q$  (allele frequency) = 0.5).

several free-ranging populations studied by Hartl *et al.* (59) were, on the whole, in agreement with their geographic location. However, when populations living in enclosures were included in the analysis, their positions in the dendrogram were very different from those expected according to the geographic location of the respective enclosures.

The present world population of about 3200 European bison (*Bison bonasus*) stems from a mere 12 founder individuals, which survived the complete extermination of all wild stocks by the first decades of our century. Hartl and Pucek (71) showed that of 69 enzyme genes screened by electrophoretic methods, only three retained low to moderate allelic variation. Values of polymorphism and heterozygosity calculated for this species were among the lowest as yet found in ungulates.

### *Genetic consequences of selective hunting*

Whereas the genetic effects of population bottlenecks and isolation have been demonstrated in a great many of game species, the influence of selective hunting for trophies on the genetic structure of populations is still a very controversial issue. However, using biochemical markers,

Hartl *et al.* (63, 72) were able to demonstrate that artificial selection for a particular antler size and shape does have a remarkable effect on the genetic structure of red deer stocks. In two populations originating from one another, antler measures (number of antler points - NAP, length of the main beam - LMB, circumference of the main beam - CMB, and coronet circumference - CC) were taken in a number of stags along with an evaluation of their genotypes at several enzyme *loci*. Using appropriate statistics, biochemical markers for two different genetic components influencing antler development could be identified. Stags homozygous for the allele "125" at the *Idh-2 locus* showed a NAP significantly higher than in carriers of other genotypes already from an age of 2 years on. Stags homozygous for the "100" allele at the *Acp-2 locus* showed generally significantly larger antler dimensions (NAP, LMB, CMB, CC) than carriers of other genotypes from an age of 7 years on. In stags 2-6 years old, however, *Acp-2*<sup>100/100</sup> carriers had an antler size lower than average. The two genetic components for antler development were found to compensate or reinforce each other at all stages of lifetime antler growth (Figure 54). On the other hand, antler size in red deer appears to be positively related with reproductive success of a stag. On the other hand, the annual rebuilding of antlers requires a considerable expenditure of energy. In rendering possible a broad *spectrum* of antler dimensions within a population, the two genetic components (possibly major genes) may be part of a mechanism that allows a population to keep a balance between reproductive success and metabolic costs at varying environmental conditions.

A comparison of allelic frequencies at *Idh-2* and *Acp-2* between the source population (population 1, almost without selective hunting) and the daughter population (population 2, with intense selective hunting) yielded the following results: the frequency of *Idh-2*<sup>125</sup> (calculated for calves and females, which are not hunted selectively) had increased from 1 to 2 to an extent too large to be explained by genetic drift alone. However, it could be readily explained by the consequent elimination of stags with a low NAP, which, according to hunting legislations, has been carried out in the age class 2-5 years. By contrast, the frequency of *Acp-2*<sup>100</sup> was considerably lower in population 2 than in population 1. Again the change was too large to be attributed to genetic drift alone. It was most probably the result of eliminating just those stags whose antlers would become extremely large once they are older, but are smaller than average at the time of extreme selection against a low NAP



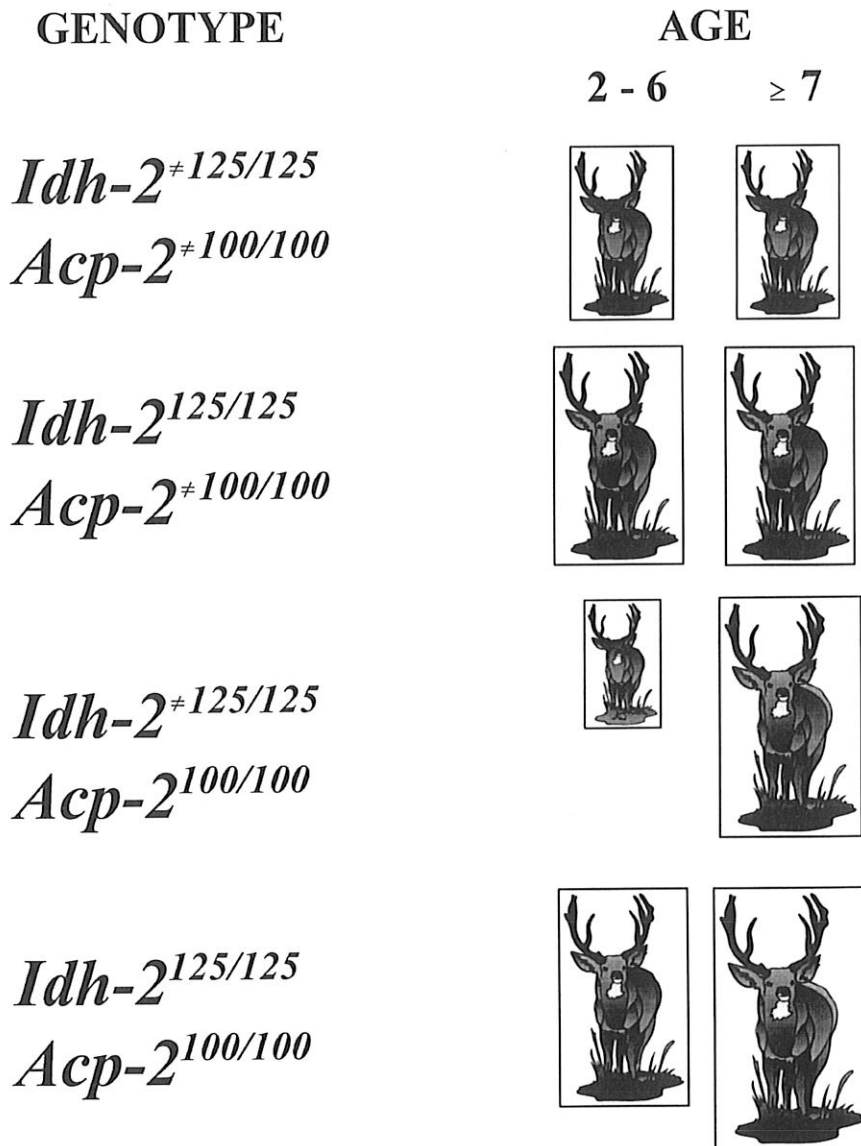


Figure 54: Antler size (expressed by size of stags in rectangles) in relation to genotypes at the *Idh-2* and the *Acp-2* locus. Note that, apart from some environmental influence, the various combinations of genotypes at both loci allow a population to display considerable differences as to antler development of stags.

by hunters. These results show that, by not knowing the genotype, hunters have performed countervailing selection as to the two different genetic components of antler development. They further demonstrate that, as a consequence of selective hunting, genotypic changes in a red deer population may be much more drastic than phenotypic changes might suggest.

Using much the same genetic markers as before, also the potential danger of selective hunting for the welfare of a population can be demonstrated. Pemberton *et al.* (131, 132) found particular genotypes based on the same *Idh-2* alleles as in our study to be associated with juvenile survival and female fecundity. Female carriers of particular genotypes showed age specific differences as to reproductive performance. Thus, as *Idh-2* appears to be linked both with the development of antlers and with various fitness components, it can easily be imagined that a change of allelic frequencies at *Idh-2* by selective hunting has unpredictable consequences also for the fitness of a population.

#### ***Are small and isolated populations equally threatened in different species?***

The brown hare (*Lepus europaeus*) is a medium-sized mammal with a panmictic mating system, a rapid population turnover, and an exceptionally high rate of gene flow among populations. By examining variation in allozymes and mitochondrial (mt) DNA, Hartl *et al.* (60, 68, 70) could not identify any potential natural (e.g. Alps, river Danube) or anthropogenic (motorways, settlements) barriers to cause a marked genetic differentiation among brown hare stocks. There were also no remarkable differences in genetic variation. In a small brown hare breed kept for research purpose at the Forschungsinstitut für Wildtierkunde und Ökologie, Vienna, the inbreeding coefficient of female hares and their offspring turned out to be associated with female fecundity (Table 12). In addition, a high incidence of dental anomalies, possibly caused by homozygosity of deleterious genes, was observed (64). This is exactly what one would expect if a population of an outbreeding species with high genetic variation is subjected to inbreeding. Along with selectively neutral or adaptive variation there is also a great number of recessive deleterious alleles (the so called genetic burden), which, once they are present in homozygous condition, results in the various *phenomena* known as inbreeding depression. But is that situation representative for all the free-ranging mammals falling in the scope of game management?

**Table 12:** Relationship between the inbreeding coefficient (F) and female fecundity in a brown hare breed (from Haril *et al.* 1991b). Fm(Fo) = mean inbreeding coefficient in mothers (offspring). PWLO = Percentage of breeding pairs without living offspring (LO), n = sample size of breeding pairs, sd = standard deviation. One female numbered 1341 was particularly fertile and thus excluded in part of the analyses. The production of living offspring was significantly ( $p < 0.01$ ) lower in inbred mothers (B). Also the combination of Fm/Fo revealed a significantly ( $p < 0.05$ ) lower fecundity in inbred groups (C), but since there was no significant difference in fecundity with respect to the inbreeding coefficient of the offspring themselves (A) this result is probably again due to the degree of inbreeding in mothers (Kruskal-Wallis test).

A	Fo	n	LO	sd	PWLO (%)
1)	0	34	4.44	3.87	8.8
1a)	0 (without 1341)	29	3.38	2.58	10.3
2)	$0 < F \leq 0.1$	22	3.41	2.42	13.6
3)	$0.1 < F$	16	2.81	2.90	37.5
B	Fm	n	LO	sd	PWLO (%)
1)	0	54	4.37	3.41	11.1
1a)	0 (without 1341)	49	3.73	2.58	12.2
2)	$0 < F$	18	1.94	2.15	33.3
C	Fm/Fo	n	LO	sd	PWLO (%)
1)	0/0	33	4.48	3.92	9.1
1a)	0/0 (without 1349)	28	3.39	2.63	10.7
2)	$0/0 < F \leq 0.1$	14	4.42	2.31	7.1
3)	$0/0.1 < F$	6	4.33	2.73	16.7
4)	$0 < F/0 < F \leq 0.1$	8	1.63	1.41	25.0
5)	$0 < F/0.1 < F$	9	2.11	2.80	44.4

The species quoted in the preceding sections of this essay are in part highly polygynous, i.e. a certain amount of inbreeding is natural as a consequence of their mating system. Based on electrophoretic data, Apollonio and Hartl (3) found the degree of polygyny in cervids positively related to the inbreeding coefficient within and the degree of differentiation among populations. However, an inverse relationship was found with respect to genetic variation in terms of polymorphism and heterozygosity. Even within one species, for example in the roe deer (*Capreolus capreolus*), Kurt *et al.* (80) have shown that the genetic structure of some populations may be more panmictic (e.g. field roe deer) and that of others may be more patchy (e.g. forest roe deer). Due to a certain amount of natural inbreeding, populations of highly polygynous species may be expected to harbor less deleterious recessives than large, panmictic populations. Thus, the fallow deer or the Alpine ibex may have recovered successfully from severe bottlenecks because they were already "preadapted" to such events. It may well be in part a result of

their polygynous mating system that the various *taxa* of sheep and goats apparently have emerged during phases of rapid adaptive radiation, which should be also associated with genetic bottlenecks (61, 66). In fact it is still unclear, whether the Alpine ibex, the Spanish ibex (*Capra pyrenaica*) and the mouflon have lost most of their biochemical variation as a consequence of anthropogenic bottlenecks or of their evolutionary history (74). Similar considerations hold for various cervid species (67).

The arguments put forward in this section are not in accordance with all the empirical evidence available to date. For example, Ralls *et al.* (135) and Ballou and Ralls (4) reported an increased mortality of inbred young in captive breeds of various polygynous ungulates. The actual extent of inbreeding tolerated by polygynous species remains to be determined in detail in more comprehensive studies. At any rate, the relationship between mating systems, evolutionary history and susceptibility to inbreeding depression is certainly one of the most promising challenges to conservation genetics and its practical application in game management.

### ***Recommendations for game management***

Regarding the application of population genetics to conservation and game management a number of excellent books has been published during the last fifteen years (e.g. 38, 146, 168, 169, 170). Therefore in this section I will concentrate just on some aspects which are of particular relevance for hunted mammals in Europe.

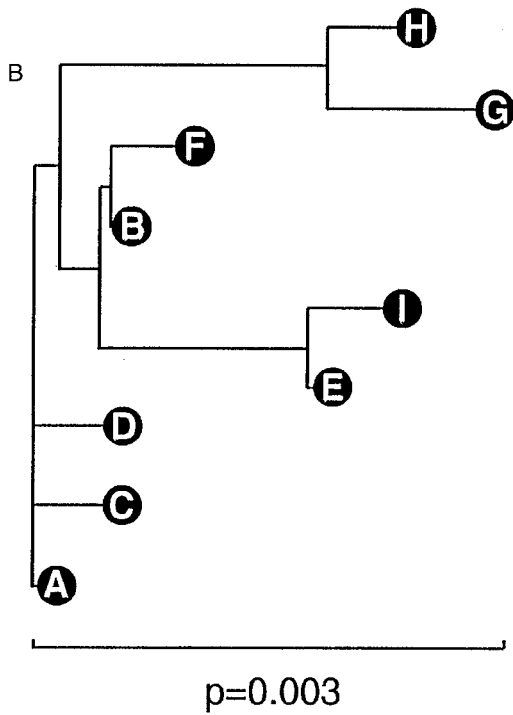
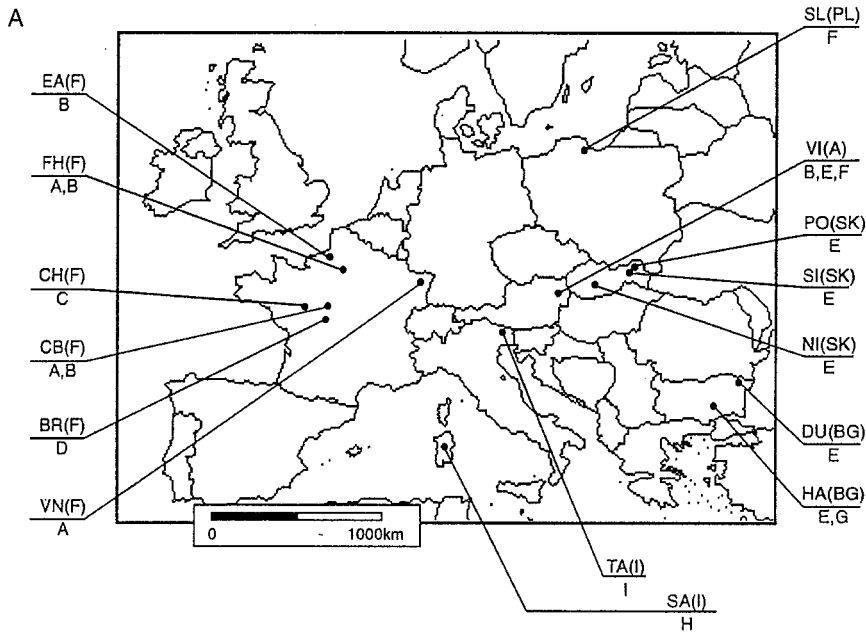
First of all I would like to emphasize that the consideration of population genetic principles for preserving the integrity and adaptability of gene pools is not only relevant for populations and species which are close to extinction. Today human impact is strong enough to cause massive changes in the genetic structure also of species which are still abundant. It is important to bear in mind that recommendations given by Soulé (167), Franklin (39) and others as to minimum viable population sizes are absolute minimum estimates developed for conservation measures in species or populations which are largely exterminated. They must not be considered a justification for ignoring or underestimating the genetic consequences of the fragmentation of habitats and populations of still widespread species.

For example, due to fragmentation of habitats, heavy hunting pressure for centuries, trophy hunting, introduction of foreign red deer into native populations, local hybridization with introduced sika deer (*Cervus*

*nippon*, 1), and the keeping of populations in enclosures man has certainly become the most important evolutionary factor for the red deer. Even the origin of some forms presently considered separated subspecies, such as the Sardinian red deer (*Cervus elaphus corsicanus*), seems to be the result of human impact. Together with paleontological and archeological evidence, data from mtDNA analyses suggest that red deer had been introduced to Sardinia some 8000 years before present by sailors from the Near East (see 73 and Figure 55). If we wish that unpredictable and random changes of red deer gene pools are minimized, from a population genetic point of view, the following conservation measures should be applied:

- gene flow among local populations should be facilitated by appropriate hunting legislations (in Germany, except for stags with crown antlers, all animals found outside of particular red deer areas have to be shot - 173) and by corridors (e.g. for crossing fenced motorways).
- Selective hunting for trophies should be abandoned. The hunting system should instead try to achieve and maintain a population structure in terms of sex ratio and age classes which is as similar as possible to that in a natural population (see e.g. 86).
- Artificial exchanges of individuals among geographically distant populations or populations living in different habitats should be avoided. The preservation of native populations should be preferred to that of populations having experienced extensive hybridization (mtDNA may serve as an excellent marker for identifying mixed populations and for tracing the origin of introduced animals - see 73 and Figure 55).
- Enclosures should be founded with as many individuals as possible originating from various adjacent populations. Genetic variation may be maintained by occasionally introducing further animals from geographically proximate stocks.
- If necessary, free-ranging red deer from geographically proximate populations rather than animals from enclosures should be used for local restocking.

The population genetic implications of these management measures, such as the preservation of gene flow among local populations, the avoidance of unpredictable changes in allelic frequencies due to artificial selection and genetic drift, and the preservation of the integrity of local gene pools are valid also for the other European species of hunted mammals. However, of course there are considerable differences from species to species as to abundance, distribution, population size and



**Figure 55:** Mitochondrial-DNA differentiation in European red deer. A) Distribution of mtDNA haplotypes. The codes above horizontal bars refer to sampling site (EA = Eany, FH = Forêt de Halatte, CH = Champchevrier, CB = Chambord, BR = Brouard, VN = Vosges du Nord, SA = Sardinia, TA = Tarvisio, HA = Haskovo, DU = Dulovo, NI = Nitra, SI = Sitno, PO = Polana, VI = Vienna, SL = Slowinski National Park) and to country (F = France, I = Italy, BG = Bulgaria, SK = Slovakia, A = Austria, PL = Poland). Letters below horizontal bars indicate the different haplotypes A-H. B) Graphic representation of nucleotide divergence (p) among haplotypes. The populations CB (F) and VI(A) are living in enclosures, each of them containing red deer from various source populations. (from Hartl *et al.*, 1995 a).

structure, mating tactics, hunting practices, and adaptability to the cultivated landscapes which must be considered. For example, also in the roe deer some populations are genetically depleted due to isolation (98), but generally this species appears to be much less susceptible to habitat fragmentation than the red deer because of a higher behavioural and physiological plasticity (57, 65, 69, 79, 80).

In general, population genetic profiles of hunted animals are still lacking in many species or areas, and we have just begun to get an idea of the factors governing the amount and distribution of genetic variability. Nevertheless, especially at that poor stage of knowledge a consideration of the few principles outlined in this section can contribute a lot to preserve the genetic integrity and the evolutionary potential of the largest representatives of the European terrestrial fauna.

### **Ringraziamenti**

L'Autrice ringrazia sentitamente Rosario Fico e Stefano Mattioli per aver pazientemente letto il testo, fornito utili suggerimenti e corretto puntualmente le imprecisioni. Particolare gratitudine è espressa nei confronti di Günther B. Hartl dell'Università di Kiel per la sua disponibilità e la preziosa collaborazione al capitolo relativo alle conseguenze genetiche dell'attività venatoria. Rosario Fico ha gentilmente fornito gran parte delle immagini fotografiche. Sandro Santarelli ha curato con professionalità e certissima pazienza la parte grafica.

### **Bibliografia**

- 1) Abernethy K. 1994. The establishment of a hybrid zone between red and sika deer (genus *Cervus*). *Mol. Ecology*, **3**: 551-562.
- 2) Allendorf F.W., R.F. Leary. 1986. Heterozygosity and fitness in natural populations of animals. *In*: Conservation Biology. The science of scarcity and diversity. M.E. Soulé (ed). Sinauer Associates Inc. Sunderland, Massachusetts, 57-76.
- 3) Apollonio M., G.B. Hartl. 1993. Are biochemical-genetic variation and mating systems related in large mammals? *In*: Ecological Genetics in Mammals. G.B. Hartl e J. Markowski (eds) *Acta Theriologica*, **38** Suppl. **2**: 175-185.
- 4) Ballou J.D., K. Ralls. 1982. Inbreeding and juvenile mortality in small populations of ungulates: a detailed analysis. *Biol. Cons.*, **24**: 239-272.

- 5) Ballou J.D. 1993. Assessing the risk of infectious diseases in captive breeding and reintroduction programs. *J. Zoo. Wildl. Medicine*, **24**(3): 327-335.
- 6) Bartos L., J. Hyarick, J. Zirovnicky. 1981. Hybridization between red and sika deer. I. Craniological analysis. *Zool. Auzeiger*, **207**: 260-270.
- 7) Bartos L., J. Zirovnicky. 1981. Hybridization between red and sika deer. II. Phenotype analysis. *Zool. Auzeiger*, **207**: 271-287.
- 8) Berger J. 1990. Persistence of different-sized populations: an empirical assessment of rapid extinctions in bighorn sheep. *Cons. Biol.*, **4**: 91-98.
- 9) Blower S. 1988. Ecology and epidemiology of infectious disease. *Trends Ecol. Evol.*, **3**(7): 156-157.
- 10) Boitani L. 1982. Wolf management in intensive land use areas in Italy. *In: Wolves of the world*. F. Harrington e P. Paquet (eds) Noyes Publications. New York, 158-172.
- 11) Boitani L. 1983. Wolf and dog competition in Italy. *Acta Zool. Fennica*, **174**: 259-264.
- 12) Boitani L., M.L. Fabbri. 1983a. Strategia nazionale di conservazione del lupo. *Ric. Biol. Selvaggina*, **72**: 1-31.
- 13) Boitani L., M.L. Fabbri. 1983b. Censimento dei cani in Italia con particolare riguardo al fenomeno del randagismo. *Ric. Biol. Selvaggina*, **73**: 1-42.
- 14) Boitani L. 1992. Wolf research and conservation in Italy. *Biol. Cons.*, **61**: 125-132.
- 15) Boitani L., P. Ciucci. 1993. Wolves in Italy: critical issues for their conservation. *In: Wolves in Europe. Status and perspectives*. C. Promberger, W. Schröder (eds). *Wildbiologische Gesel. München*, 74-90.
- 16) Bonnel M.L., R.K. Selander. 1974. Elephant seals: genetic variation and near extinction. *Science*, **184**: 908-909.
- 17) Boscagli G. 1991. Evoluzione del nucleo di lupi appenninici (*Canis lupus italicus*) in cattività nel Parco Nazionale d'Abruzzo e situazione della popolazione italiana di lupo. Situazione della popolazione italiana di orso (*Ursus arctos marsicanus*) in Appennino centrale. *In: Genetica e Conservazione della Fauna*. E. Randi e M. Spagnesi (eds). *Suppl. Ric. Biol. Selvaggina*, **XVIII**: 219-225.
- 18) Chapman D., N. Chapman. 1975. Fallow deer: their history, distribution and biology. Dalton, Lavenham.
- 19) Chesser R.K., M.H. Smith, I.L. Brisbin. 1980. Management and maintenance of genetic variability in endangered species. *Int. Zoo. Yearb.*, **20**: 146-164.
- 20) Chesser R.K., M.H. Smith. 1987. Relationship of genetic variation to growth and reproduction in white-tailed deer. *In: Biology and Management of the Cervidae*. C.M. Wemmer (ed). Smithsonian Institution Press, Washington D.C., 169-177.



- 21) Cheverud J., E. Routman, C. Jaquish, S. Tardif, G. Peterson, N. Belfiore, L. Forman. 1994. Quantitative and molecular genetic variation in captive cotton-top tamarins (*Sanguinus oedipus*). *Cons. Biol.*, **8(1)**: 95-105.
- 22) Ciucci P., L. Boitani. 1991. Viability assessment of the Italian wolf and guideline for the management of the wild and a captive population. *Ric. Biol. Selvaggina*, **89**: 1-58.
- 23) Clayton D.H. 1991. Coevolution of avian grooming and ectoparasite avoidance. *In: Bird and parasite interactions*. J.E. Loye e M. Zuk (eds). Oxford Univ. Press, New York, 258-289.
- 24) Cothran, E.G., R.K. Chesser, M.H. Smith, P.E. Johns. 1983. Influences of genetic variability and maternal factors on fetal growth in white-tailed deer. *Evolution*, **37**: 282-291.
- 25) Cothran, E.G., R.K. Chesser, M.H. Smith, P.E. Johns. 1987. Fat levels on female white-tailed deer during the breeding season and pregnancy. *J. Mammalogy*, **68**: 111-118.
- 26) Darwin C. 1859. On the origins of species by means of natural selection or the preservation of favored races in the struggle for life. Murray, Londra.
- 27) Dobson A.P., P.J. Hudson. 1986. Parasite, disease and the structure of ecological communities. *Trends Ecol. Evol.*, **1**: 11-15.
- 28) Dobson A.P., R.M. May. 1986. Disease and conservation. *In: Conservation Biology. The science of scarcity and diversity*. M.E. Soulé (ed). Sinauer Associates Inc., Massachusetts, 345-365.
- 29) Dunbar M.R., D.A. Jessup, J.F. Evermann, W.J. Foreyt. 1985. Seroprevalence of respiratory syncytial in free-ranging bighorn sheep (*Ovis canadensis*). *J. Am. Vet. Med. Assoc.*, **187(11)**: 1173-1174.
- 30) Ferguson M.M., L.R. Drunshchak. 1990. Disease resistance and enzyme heterozygosity in rainbow trout. *Heredity*, **64**: 413-418.
- 31) Fico R., G. Morosetti, A. Giovannini. 1993. The impact of predators on livestock in the Abruzzo region of Italy. *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.*, **12(1)**: 39-50.
- 32) Fico R. 1994. L'accertamento dei danni da predatore al bestiame. *Habitat*, **33**: 16-25.
- 33) Fico R. 1995. Zootecnia e agricoltura nelle aree protette, quale futuro? *Atti Conv. "L'agricoltura per l'ambiente"*. Isernia, Federazione Provinciale Coltivatori Diretti, 5-8.
- 34) Fisher R.A., W. Putt, E. Hackel. 1976. An investigation of the products of 53 gene loci in three species of wild canidae: *Canis lupus*, *Canis latrans*, and *Canis familiaris*. *Bioch. Genet.*, **14**: 963-974.

- 35) Foose T.J. 1983. The relevance of captive populations to the conservation of biotic diversity. *In: Genetics and conservation: a reference for managing wild animal and plant populations.* C.M. Schonewald-Cox, S.M. Chambers, B. MacBryde, L. Thomas (eds), Benjamin-Cummings, Londra, 374-401.
- 36) Foose T.J., E. Foose. 1983. Demographic and genetic status and management. *In: The biology and management of an extinct species: Père David's deer.* B.B. Beck e C.M. Werumer (eds). Noyes Publ., Park Ridge, 133-186.
- 37) Foose T.J., R. Lande, N.R. Flesness, G. Rabb, B. Read. 1986. Propagation plans. *Zoo Biology*, 5: 139-146.
- 38) Frankel O.H., M.E. Soulé. 1981. Conservation and evolution. Cambridge University Press, Cambridge.
- 39) Franklin J.R. 1980. Evolutionary change in small populations. *In: Conservation Biology. An evolutionary-ecological perspective.* M.E. Soulé and B.A. Wilcox (eds). Sinauer Associates Inc. Sunderland, Massachusetts, 135-149.
- 40) Fusco G., R. Lorenzini, V. Lucchini, F. Francisci, E. Randi. 1991. Variabilità genetica, analizzata tramite elettroforesi, di un campione della popolazione italiana di lupo. *In: Genetica e Conservazione della Fauna.* E. Randi e M. Spagnesi (eds). Suppl. Ric. Biol. Selvaggina, XVIII: 175-183.
- 41) Giacometti M. 1991. Beitrag zur Ansiedlungsdynamik und aktuellen Verbreitung des Alpensteinbockes (*Capra ibex* L.) in Alpenraum. *Z. Jagdwissenschaft*, 37: 157-173.
- 42) Gilbert D.A., C. Packer, A.E. Pusey, J.C. Stephens, S.J. O'Brien. 1991. Analytical DNA fingerprinting in lions: parentage, genetic diversity, and kinship. *J. Heredity*, 82(5): 378-386.
- 43) Gillespie J.H. 1991. The causes of molecular evolution. Oxford University Press, New York.
- 44) Gilpin M.E., M.E. Soulé. 1986. Minimum viable populations: Processes of species extinction. *In: Conservation Biology. The science of scarcity and diversity.* M.E. Soulé (ed). Sinauer Associates Inc. Sunderland, Massachusetts, 19-34.
- 45) Gottelli D., C. Sillero-Zubiri, R.K. Wayne. 1994. Hybridization: an emergency for the Ethiopian wolf. *Canid News*, 2: 33-34.
- 46) Greth A., P. Sunnucks, M. Vassart, H. Stanley. 1991. Genetic management of an Arabian Oryx (*Oryx leucoryx*) population without known pedigree. *In: Ongulés/Ungulates* 91, F. Spitz, G. Janeau, S. Aulagnier (eds). S.F.E.P.M. - I.R.G.M., Paris, Toulouse, 71-76.
- 47) Grodinski C., M. Stüwe. 1987. With lots of help alpine ibex return to their mountains. *Smithsonian*, 18(9): 68-77.

- 48) Haig S.M., J.D. Ballou, S.R. Derrickson. 1990. Management options for preserving genetic diversity: reintroduction of Guam rails to the wild. *Cons. Biol.*, **4**: 290-300.
- 49) Haltenorth T. 1959. Beitrag zur Kenntnis des Mesopotamischen Damhirsches-*Cervus (Dama) mesopotamicus* Brooke, 1875- und zur Stammes- und Verbreitungsgeschichte der Damhirsche Allgemein. Säugetier. Mitt. Bd VIII, Sonderheft, 1-89.
- 50) Hamilton W.D. 1982. Pathogens as causes of genetic diversity in their host populations. In: Population biology of infectious disease agents. R.M. Anderson e R.M. May (eds). Springer-Verlag, New York, 269-296.
- 51) Harrington R. 1982. The hybridization of red deer and Japanese sika deer. *International Union Game Biologists*, **14**: 559-571.
- 52) Harris R.B., L.H. Metzgar. 1987. Harvest age structures as indicators of decline in small populations of grizzly bears. *Int. Conf. on Bear Biology and Management*, **7**: 109-116.
- 53) Harris H., D.A. Hopkinson, E.B. Robson. 1974. The incidence of rare alleles determining electrophoretic variants: data on 43 enzyme loci in man. *Ann. Hum. Genet.*, **37**: 237-253.
- 54) Hartl G.B. 1986. Steinbock und Gemse im Alpenraum - Genetische Variabilität und biochemische Differenzierung zwischen den Arten. *Z. zool. Syst. Evolut.-forsch.*, **24**: 315-320.
- 55) Hartl G.B., A. Schleger, M. Slowak. 1986. Genetic variability in fallow deer, *Dama dama* L. *Anim. Genet.*, **17**: 335-341.
- 56) Hartl G.B., F. Csaikl. 1987. Genetic variability and differentiation in wild boars (*Sus scrofa ferus* L.): comparisons of isolated populations. *J. Mammalogy*, **68**: 119-125.
- 57) Hartl G.B., F. Reimoser. 1988. Biochemical variation in roe deer (*Capreolus capreolus* L.): are r-strategist among deer genetically less variable than k-strategists? *Heredity*, **60**: 221-227.
- 58) Hartl G.B. 1990. Genetische Variabilität beim Mufflon (*Ovis ammon musimon*). *Z. Jagdwissenschaft*, **36**: 95-103.
- 59) Hartl G.B., R. Willing, G. Lang, F. Klein, J. Köller. 1990. Genetic variability and differentiation in red deer (*Cervus elaphus* L.) of Central Europe. *Gen. Sel. Evol.*, **22**: 289-306.
- 60) Hartl G.B., J. Markowski, G. Kovacs, M. Grillitsch, R. Willing. 1990. Biochemical variation and differentiation in the brown hare (*Lepus europaeus*) of Central Europe. *Z. Säugetierkunde*, **55**: 186-193.
- 61) Hartl G.B., H. Burger, R. Willing, F. Suchentrunk. 1990. On the biochemical systematics of the Caprini and the Rupicaprini. *Bioch. Syst. Ecology*, **18**: 175-182.

- 62) Hartl G.B. 1991. The influence of game management on allelic variation in large mammals of Central Europe. *In: Genetica e Conservazione della Fauna*. E. Randi e M. Spagnesi (eds). Suppl. Ric. Biol. Selvaggina, **XVIII**: 95-108.
- 63) Hartl G.B., G. Lang, F. Klein, R. Willing. 1991a. Relationships between allozymes, heterozygosity and morphological characters in red deer (*Cervus elaphus*), and the influence of selective hunting on allele frequency distributions. *Heredity*, **66**: 343-350.
- 64) Hartl G.B., M. Vodnansky, F. Suchentrunk, Th. Steineck, R. Willing, F. Tataruch, U. Oberwalder. 1991b. Fortpflanzungsstörungen in einer Feldhasenzucht-Folge einer Inzuchtdepression? *Verh. Ber. Erkrkg. Zootiere*, **33**, Akademie-Verlag, Berlin, 17-26.
- 65) Hartl G.B., F. Reimoser, R. Willing, J. Köller. 1991. Genetic variability and differentiation in roe deer (*Capreolus capreolus* L.) of Central Europe. *Gen. Sel. Evol.*, **23**: 281-299.
- 66) Hartl G.B., R. Willing, F. Suchentrunk. 1991. On the biochemical systematics of selected mammalian taxa: empirical comparison of qualitative and quantitative approaches in the evaluation of protein electrophoretic data. *Z. zool. Syst. Evolut.-forsch.*, **28**: 191-216.
- 67) Hartl G.B. 1993. Biochemical genetic variation in deer species in relation to phylogenetic age and rates of cladogenesis. *In: Deer of China - Biology and Management*. N. Ohtaishi e H.I. Sheng (eds). Elsevier, Amsterdam, 115-121.
- 68) Hartl G.B., F. Suchentrunk, F. Nadlinger, R. Willing. 1993. An integrative analysis of genetic differentiation in the brown hare (*Lepus europaeus*), based on morphology, allozymes, and mitochondrial DNA. *In: Ecological Genetics in Mammals*. G.B. Hartl e J. Markowski (eds) *Acta Theriologica*, **38** Suppl. **2**: 33-57.
- 69) Hartl G.B., G. Markov, A. Rubin, S. Findo, G. Lang, R. Willing. 1993. Allozyme diversity within and among populations of three ungulate species (*Cervus elaphus*, *Capreolus capreolus*, *Sus scrofa*) of Southeastern and Central Europe. *Z. Säugetierkunde*, **58**: 352-361.
- 70) Hartl G.B., R. Willing, F. Nadlinger. 1994. Allozymes in mammalian population genetics and systematics: indicative function of a marker system reconsidered. *In: Molecular approaches to ecology and evolution*. B. Schierwater, B. Streit, G.P. Wagner e R. De Salle (eds). Experientia Suppl. **69**, Birkhäuser Verlag, Basilea, 299-310.
- 71) Hartl G.B., Z. Pucek. 1994. Genetic depletion in the European bison (*Bison bonasus*) and the significance of electrophoretic heterozygosity for conservation. *Cons. Biol.*, **8**(1): 167-174.

- 72) Hartl G.B., F. Klein, R. Willing, G. Markov, M. Apollonio, G. Lang. 1995. Allozymes and the genetics of antler development in red deer (*Cervus elaphus*). *J. Zool., Lond.*, **237**: 83-100.
- 73) Hartl G.B., F. Nadlinger, M. Apollonio, G. Markov, F. Klein, G. Lang, S. Findo, J. Markowski. 1995a. Extensive mitochondrial-DNA differentiation among European red deer (*Cervus elaphus*) populations: implications for conservation and management. *Z. Säugetierkunde*, **60**: 41-52.
- 74) Hartl G.B. 1995. Molecular genetics of the Caprinae: implications for phylogeny, conservation and management. *In: CIC-Caprinae atlas*. N. Franco (ed.) (in stampa).
- 75) Herman C.M., G.F. Bennet. 1976. Use of sentinel ducks in epizootiological studies of anitid blood protozoa. *Can. J. Zool.*, **54**: 1038-1043.
- 76) Karlin S. 1982. Classification of selection-migration structures and conditions for a protected polymorphism. *Evol. Biol.*, **14**: 61-204.
- 77) Kennedy P.K., M.L. Kennedy, P.L. Clarkson, I.S. Liepins. 1991. Genetic variability in natural populations of the gray wolf, *Canis lupus*. *Can. J. Zool.*, **69**: 1183-1188.
- 78) Krause R.M. 1992. The origin of plagues: old and new. *Science*, **257**: 1073-1078.
- 79) Kurt F. 1991. Das Reh in der Kulturlandschaft. Sozialverhalten und Ökologie eines Anpassers. Paul Parey, Amburgo e Berlino.
- 80) Kurt F., G.B. Hartl, F. Völke. 1993. Breeding strategies and genetic variation in European roe deer (*Capreolus capreolus* L.) populations. *In: Ecological Genetics in Mammals*. G.B. Hartl e J. Markowski (eds) *Acta Theriologica*, **38** Suppl. 2: 187-194.
- 81) Lacy R.C., T.W. Clarke. 1989. Genetic variability in black-footed ferret populations: past, present and future. *In: Conservation biology and the Black-footed ferret*. U.S. Seal, E.T. Thorne, M.A. Bogan, S.H. Anderson (eds). Yale University Press, New Haven, 83-103.
- 82) Lacy R.C. 1991. Inbreeding in natural and captive populations of vertebrates: implications for conservation. *In: Genetica e Conservazione della Fauna*. E. Randi e M. Spagnesi (eds). *Suppl. Ric. Biol., Selvaggina*, **XVIII**: 193-211.
- 83) Lacy R.C. 1992. Vortex: population viability analysis software. Chicago Zoological Society, Brookfield, Illinois.
- 84) Laikre L., N. Ryman. 1990. Inbreeding depression in a captive wolf (*Canis lupus*) population. *Cons. Biol.*, **5(1)**: 33-40.
- 85) Lande R. 1988. Genetics and demography in biological conservation. *Science*, **241**: 1455-1460.

- 86) Lang. G., F. Kurt, F. Klein, J. Köller, G.B. Hartl. 1994. Rotwildbejagung aus wissenschaftlicher Sicht. Die Pirsch, 46. Jhrg., **16**: 30-33.
- 87) Leary R.F., F.W. Allendorf, K.L. Knudsen. 1983. Developmental stability and enzyme heterozygosity in rainbow trout. *Nature*, **390**: 71-72.
- 88) Leary R.F., F.W. Allendorf, K.L. Knudsen. 1984. Superior developmental stability of eterozygotes at enzyme loci in salmonid fish. *Amer. Nat.*, **124**: 540-551.
- 89) Leary R.F., F.W. Allendorf. 1989. Fluctuating asymmetry as an indicator of stress: implications for conservation biology. *Trends Ecol. Evol.*, **4**: 214-217.
- 90) Leary R.F., F.W. Allendorf, K.L. Knudsen. 1992. Genetic, environmental, and developmental causes of meristic variation in rainbow trout. *Acta Zool. Fennica*, **191**: 79-95.
- 91) Leberg P.L. 1990. Genetic consideration in the design of introduction programs. *Trans. 55<sup>th</sup> N.A. Wildl. and Nat. Res. Conf.*, 609-619.
- 93) Lehman N., A. Eisenhawer, K. Hansen, L.D. Mech, R.O. Peterson, P.J.P. Gogan, R.K. Wayne. 1991. Introgression of coyote mitochondrial DNA into sympatric North American gray wolf populations. *Evolution*, **45(1)**: 104-119.
- 94) Lequette B., T. Houard, C. Del Corso, F. Mari, G. Boscagli. 1994. Il ritorno del lupo sulle Alpi Marittime: dati preliminari. Riassunti del 1° Congresso Italiano di Teriologia, Pisa, 87.
- 95) Lerner I.M. 1954. Genetic homeostasis. Oliver and Boyd Ltd., Londra.
- 96) Litvaitis J.A., D.M. Kane. 1994. Relationship of hunting technique and hunter selectivity to composition of black bear harvest. *Wildl. Soc. Bull.*, **22**: 604-606.
- 97) Lorenzini R., G. Fusco, E. Randi. 1991. Un'applicazione dell'elettroforesi: variabilità genetica e conservazione delle specie mediterranee del genere *Alectoris*. *In: Genetica e Conservazione della Fauna*. E. Randi e M. Spagnesi (eds). *Suppl. Ric. Biol. Selvaggina*, **XVIII**: 63-68.
- 98) Lorenzini R., M. Patalano, M. Apollonio, V. Mazzarone. 1993. Genetic variability of roe deer (*Capreolus capreolus*) in Italy: Electrophoretic survey on populations of different origins. *In: Ecological Genetics in Mammals*. G.B. Hartl e J. Markowski (eds). *Acta Theriologica*, **38** Suppl. 2: 141-151.
- 99) Lorenzini R., R. Fico. 1995. A genetic investigation of enzyme polymorphisms shared by wolf and dog: suggestions for the conservation of the wolf in Italy. *In: Ecological Genetics in Mammals II*. G.B. Hartl e J. Markowski (eds). *Acta Theriologica*, Suppl. **3**: 101-110.
- 100) Lorenzini R., L. Mattioli, M. Rustioni, M. Patalano. 1996. Allozyme and craniometric variability in the roe deer (*Capreolus capreolus* L.) from Central Italy, *Z. Säugetierkunde*, **61**: 7-24.

- 101) Lowe V.P.W., A.S. Gardiner. 1975. Hybridization between red deer and sika deer with particular preference to stocks in N.W. England. *J. Zool. Lond.*, **177**: 553-566.
- 102) Lyles A.M., A. Dobson. 1993. Infectious disease and intensive management: population dynamics, threatened hosts, and their parasites. *J. Zoo Wildl. Medicine*, **24**: 315-326.
- 103) Mattioli S. 1990. Red deer in the Italian peninsula, with particular reference to the Po delta population. *Deer*, **8(2)**: 95-98.
- 104) Mattioli S. 1993a. Basso rendimento riproduttivo in una popolazione di cervi. *Suppl. Ric. Biol. Selvaggina*, **XXI**: 535-539.
- 105) Mattioli S. 1993b. Antler conformation in red deer of the Mesola Wood, northern Italy. *Acta Theriologica*, **38(4)**: 443-450.
- 106) Maynard Smith J. 1989. *Evolutionary genetics*. Oxford Univ. Press, Oxford, 156-163.
- 107) Merrel D.J. 1981. *Ecological Genetics*. Minnesota University Press, Minneapolis.
- 108) Morton N.E., J.F. Croe, H.J. Muller. 1956. An estimate of the mutational damage in man from data on consanguineous marriages. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **42**: 855-863.
- 109) Murray M.T., T. Caro, A. Dobson. 1992. The dynamics of Serengeti research. *Trends Ecol. Evol.*, **7**: 108-110.
- 110) Nascetti G., S. Lovari, P. Lanfranchi, C. Berdocou, S. Mattiucci, L. Rossi, L. Bullini. 1985. Revision of *Rupicapra* genus. III Electrophoretic studies demonstrating species distinction of chamois populations of the Alps from those of the Apennines and Pyrenees. *In: Biology and Management of Mountain Ungulates*. S. Lovari (ed). Croom-Helm, London, 57-62.
- 111) Nascetti G., P. Lanfranchi, P. Ratti, V. Peracino, S. Mattiucci, P.G. Meneguz, L. Rossi, L. Bullini. 1990. Studi elettroforetici sulla variabilità e divergenza genetica di *Capra ibex ibex* e *Capra hircus* delle Alpi. Gruppo Stambecco Europa. Atti del 3° Incontro Internazionale, Torino. *Collana Scientifica Parco Nazionale del Gran Paradiso*, **176**: 30-35.
- 112) Nascetti G., P. Lanfranchi, P. Ratti, V. Peracino, S. Mattiucci, P.G. Meneguz, L. Rossi, L. Bullini. 1987. Studi elettroforetici sulla variabilità e divergenza genetica di *Capra ibex ibex* e *Capra aegagrus hircus* delle Alpi. *In: Lo stambecco delle Alpi: realtà attuale e prospettive*. T. Balbo, D. De Meneghi, P.G. Meneguz, L. Rossi (eds), 11-15.

- 113) National Research Council Subcommittee on Immunotoxicology. 1992. Biological markers in immunotoxicology. Natl. Acad. Press, Washington, D.C.
- 114) Nei M. 1972. Genetic distance between populations. *Amer. Natur.*, **106**: 283-292.
- 115) Nei M. 1978. The theory of genetic distance and evolution of human races. *Japan. J. Hum. Genet.*, **23**: 341-369.
- 116) Nei M., T. Muruyama, R. Chakraborty. 1975. The bottleneck effect and genetic variability in populations. *Evolution*, **29**: 1-10.
- 117) Nevo E., A. Beiles, R. Ben-Shlomo. 1984. The evolutionary significance of genetic diversity: Ecological, demographic, and life-history correlates. *In: Lecture notes in biomathematics*. G.S. Mani (ed). Springer-Verlag, Berlino, **53**: 13-213.
- 118) Newman A., M. Bush, D.E. Wildt, D. Van Dam, M.T. Frankenhuis, L. Simmons, L. Phillips, S.J. O' Brien. 1985. Biochemical genetic variation in eight endangered or threatened species. *J. Mammalogy*, **66(2)**: 256-267.
- 119) Nickonenko B.V., A.S. Apt, A.M. Moroz, M.M. Averbakh. 1985. Genetic analysis of susceptibility of mice to H37RV tuberculosis infection: sensitivity versus relative resistance. *In: Genetic control of host resistance in infection and malignancy*. E. Skamene (ed.). Alan R. Liss, New York, 291-298.
- 120) O' Brien S.J. 1980. The extent and character of biochemical genetic variation in the domestic cat. *J. Heredity*, **71**: 2-8.
- 121) O' Brien S.J., D. Goldman, C.R. Merrill, M. Bush, D.E. Wildt. 1983. The cheetah is depauperated in biochemical genetic variation. *Science*, **221**: 459-462.
- 122) O' Brien S.J., M.E. Roelke, L. Marker, A. Newman, C.A. Winkler, D. Meltzer, L. Cooley, J.F. Evermann, M. Bush, D.E. Wildt. 1985. Genetic basis for species vulnerability in the cheetah. *Science*, **227**: 1428-1434.
- 123) O' Brien S.J., D.E. Wildt, M. Bush. 1986. The cheetah in genetic peril. *Scient. Amer.*, **254**: 84-92.
- 124) O' Brien S.J., G.E. Collier, R.E. Benveniste, W.G. Nash, A.K. Newman, J.M. Simonson, M.A. Eichelberger, U.S. Seal, D. Janssen, M. Bush, D.E. Wildt. 1987. Setting the molecular clock in Felidae: the great cats, *Panthera*. *In: Tigers of the world: biology, biopolitics, management and conservation of endangered species*. R.L. Tilson e U.S. Seal (eds). Noyes, Park Ridge, N.J. Noyes Publications, 10-27.
- 125) O' Brien S.J., J.S. Martenson, C. Packer, L. Herbst, V. Vos, P. Joslin, J. Ott-Joslin, D.E. Wildt, M. Bush. 1987. Biochemical genetic variation in geographic isolates of African and Asiatic lions. *Natl. Geogr. Research*, **3**: 114-124.
- 126) O' Brien S.J., Evermann J.F. 1988. Interactive influence of infectious disease and genetic diversity in natural populations. *Trends Ecol. Evol.*, **3(10)**: 254-259.



- 127) Olech W. 1989. The participation of ancestral genes in the existing population of European Bison. *Acta Theriologica*, **34**: 379-407.
- 128) Olivieri I., D. Couvet, P.H. Gouyon. 1990. The genetic of transient populations: research at the metapopulation level. *Trends Ecol. Evol.*, **5(7)**: 207-210.
- 129) Packer C., A.E. Pusey, H. Rowley, D.A. Gilbert, J. Martenson, S.J. O' Brien. 1991. Case study of a population bottleneck: lions of the Ngorongoro crater. *Cons. Biol.*, **5(2)**: 219-230.
- 130) Pemberton J.M., R.H. Smith. 1985. Lack of biochemical polymorphism in British fallow deer. *Heredity*, **55**: 199-207.
- 131) Pemberton J.M., S.D. Albon, F.E. Guinness, T.H. Clutton-Brock, R.J. Berry. 1988. Genetic variation and juvenile survival in red deer. *Evolution*, **42**: 921-934.
- 132) Pemberton J.M., S.D. Albon, F.E. Guinness, T.H. Clutton-Brock. 1991. Countervailing selection in different fitness components in female red deer. *Evolution*, **45**: 93-103.
- 133) Plowright W. 1982. The effect of rinderpest and rinderpest control on wildlife in Africa. *Symp. Zool. Soc. Lond.*, **50**: 1-28.
- 134) Potts W.K., C.J. Manning, E.K. Wakeland. 1991. Mating patterns in seminatural populations of mice influenced by MHC genotype. *Nature*, **352**: 619-621.
- 135) Ralls K., K. Brugger, J. Ballou. 1979. Inbreeding and juvenile mortality in small populations of ungulates. *Science*, **206**: 1101-1103.
- 136) Ralls K., J. Ballou. 1983. Extinction: lessons from zoos. *In: Genetics and conservation: a reference for managing wild animal and plant populations*. C.M. Schonewald-Cox, S.M. Chambers, B. MacBryde, L. Thomas (eds), Benjamin-Cummings, London, 164-184.
- 137) Randi E., M. Apollonio. 1988. Low biochemical variability in European fallow deer (*Dama dama* L.): natural bottlenecks and the effects of domestication. *Heredity*, **61**: 405-410.
- 138) Randi E., G. Tosi, S. Toso, R. Lorenzini, G. Fusco. 1990. Genetic variability and conservation problems in Alpine ibex, domestic and feral goat populations (genus *Capra*). *Z. Säugetierkunde*, **55**: 413-420.
- 139) Randi E., A. Meriggi, R. Lorenzini, G. Fusco, P.U. Alkon. 1992. Biochemical analysis of relationships of mediterranean *Alectoris* partridges. *Auk*, **109(2)**: 358-367.
- 140) Randi E., V. Lucchini, F. Francisci. 1993. Allozyme variability in the Italian wolf (*Canis lupus*) population. *Heredity*, **71**: 516-522.
- 141) Read A.F. 1988. Sexual selection and the role of parasites. *Trends Ecol. Evol.*, **3**: 97-102.

- 142) Reisen W.K., J.L. Hardy, S.B. Presser. 1992. Evaluation of domestic pigeons as sentinels for detecting arbovirus activity in southern California. *Am. J. Trop. Med. Hyg.*, **46**: 69-79.
- 143) Rice M.C., M.B. Gardner, S.J. O' Brien. 1980. Genetic diversity in leukemia prone feral house mice infected with murine leukemia virus. *Biochem. Genet.*, **18(9-10)**: 915-928.
- 144) Rocke T.E., M.D. Samuel 1991. Effects of lead shot ingestion on selected cells of the mallard immune system. *J. Wildl. Disease*, **27**: 1-9.
- 145) Ryman N., R. Baccus, C. Reuterwall, M.H. Smith. 1981. Effective population size, generation interval, and potential loss of genetic variability in game species under different hunting regimes. *Oikos*, **36**: 257-266.
- 146) Schonewald-Cox C.M., S.M. Chambers, B. Macbryde, W.L. Thomas. (eds.). 1983. *Genetics and conservation*. Benjamin Cummings, Menlo Park, CA.
- 147) Scribner K.T., M.H. Smith, P.E. Johns. 1984. Age, conditions, and genetic effects on incidence of spike bucks. *Proc. Ann. Conf. Southeast. Assoc. Fish and Wildlife Agencies*, **38**: 23-32.
- 148) Scribner K.T., M.C. Wooten, M.H. Smith, P.E. Johns. 1985. Demographic and genetic characteristics of white-tailed deer populations subjected to still or dog hunting. *In: Game harvest management*. S.L. Beason e S.F. Robertson (eds). Caesar Kleberg Wildlife Research Inst., Kingsville, TX., 197-212.
- 149) Scribner K.T., M.H. Smith, P.E. Johns. 1989. Environmental and genetic components of antler growth in white-tailed deer. *J. Mammalogy*, **70**: 284-291.
- 150) Scribner K.T., M.H. Smith. 1990. Genetic variability and antler development. *In: Pronghorns, Horn and Antlers*. G.A. Bubenik e B. Bubenik (eds). Springer-Verlag, New York, 457-469.
- 151) Scribner K.T. 1991. Heterozygosity as an indicator of fitness and historical population demography. *In: Genetica e Conservazione della Fauna*. E. Randi e M. Spagnesi (eds). *Suppl. Ric. Biol. Selvaggina*, **XVIII**: 77-94.
- 152) Scribner K.T., M.H. Smith, R.A. Garrot, L.H. Carpenter. 1991. Temporal, spatial, and age-specific changes in genotypic composition of mule deer. *J. Mammalogy*, **72**: 126-137.
- 153) Scribner K.T. 1993. Conservation genetics of managed ungulate populations. *In: Ecological Genetics in Mammals*. G.B. Hartl e J. Markowski (eds). *Acta Theriologica*, **38 Suppl.**, **2**: 89-101.
- 154) Scribner K.T., M. Stüwe. 1994. Genetic relationships among Alpine ibex (*Capra ibex*) populations re-established from a common ancestral source. *Biol. Cons.*, **69**: 137-143.

- 155) Seal U.S., E.T. Thorne, M.A. Bogan, S.H. Anderson (eds). 1989. Conservation biology and the Black-footed ferret. Yale University Press, New Haven.
- 156) Seal U.S., R.C. Lacy. 1989. Florida panther population viability analysis. Report to the U.S. Fish and Wildlife Service, Captive Breeding Specialist Group, Species Survival Commission, IUCN, Apple Valley, Minnesota.
- 157) Seal U.S., T.J. Foose. 1989. Javan rhinoceros (*Rhinoceros sondaicus*) population viability analysis. Captive Breeding Specialist Group, Species Survival Commission, IUCN, Apple Valley, Minnesota, 99.
- 158) Seal U.S. 1991. Population viability assessment and species conservation planning. *In: Genetica e Conservazione della Fauna*. E. Randi e M. Spagnesi (eds). Suppl. Ric. Biol. Selvaggina, **XVIII**: 143-150.
- 159) Selander R.K. 1976. Genetic variation in natural populations. *In: Molecular evolution*. F.J. Ayala (ed). Sinauer Associates Inc. Sunderland, Massachusetts, 21-45.
- 160) Shaffer M.L. 1990. Population viability analysis. *Cons. Biol.*, **4**: 39-40.
- 161) Shields W.M. 1982. Philopatry, inbreeding, and the evolution of sex. State University of New York Press, Albany, New York.
- 162) Shields W.M. 1983. Genetic consideration in the management of the wolf and other large vertebrates: an alternative view. *In: Wolves in Canada and Alaska. Their status, biology and management*. L.N. Carbyn (ed). Canadian Wildlife Service Report Series 0069-0031, 45. Ottawa, 90-92.
- 163) Sinclair A.R.E., M. Norton-Griffiths (eds). 1979. Serengeti: dynamics of an ecosystem. Chicago University Press, Chicago.
- 164) Slatkin H.M. 1960. An analysis of inbreeding in the European bison. *Genetics*, **45**: 275-287.
- 165) Slatkin M. 1985. Rare alleles as indicator of gene flow. *Evolution*, **39**: 53-63.
- 166) Smith M.H., H.O. Hillestad, M.N. Manlove, R.L. Marchinton. 1976. Use of population genetics data for management of fish and wildlife populations. *Trans. N.A. Wildl. Nat. Res. Conf.*, **41**: 119-133.
- 167) Soulé M.E. 1980. Threshold for survival. Maintaining fitness and evolutionary potential. *In: Conservation Biology. An evolutionary-ecological perspective*. M.E. Soulé e B.A. Wilcox (eds). Sinauer Associates Inc. Sunderland, Massachusetts, 151-169.
- 168) Soulé M.E., B.A. Wilcox (eds). 1980. Conservation Biology. An evolutionary-ecological perspective. Sinauer Associates Inc. Sunderland, Massachusetts.
- 169) Soulé M.E. (ed). 1986. Conservation Biology. The science of scarcity and diversity. Sinauer Associates Inc. Sunderland, Massachusetts.

- 170) Soulé M.E. (ed). 1987. Viable populations for conservation. Cambridge University Press, Cambridge.
- 171) Spalding M.G., G.T. Bancroft, D.J. Forrester. 1993. The epizootiology of eustrongylidosis in wading birds (*Ciconiiformes*) in Florida. *J. Wildl. Disease*, **29**: 237-249.
- 172) Spalding M.G., D.J. Forrester. 1993. Disease monitoring of free-ranging and released wildlife, *J. Zoo Wildl. Medicine*, **24**(3): 271-280.
- 173) Ströhlein H., W. Hecht, S. Herzog, A. Herzog. 1993. Biochemical genetic description of German and Swiss red deer populations (*Cervus elaphus* L.) *In: Ecological Genetics in Mammals*. G.B. Hartl e J. Markowski (eds). *Acta Theriologica*, **38** Suppl. **2**: 153-161.
- 174) Stüwe M., K.T. Scribner. 1989. Low genetic variability in reintroduced Alpine ibex populations. *J. Mammalogy*, **70**: 370-373.
- 175) Stüwe M., K.T. Scribner, D. Gauthier. 1991. A genetic comparison of French Ibex populations (*Capra i. ibex*) and implications for their management. *In: Ongulés/Ungulates 91*, F. Spitz, G. Janeau, S. Aulagnier (eds). S.F.E.P.M. - I.R.G.M., Paris, Toulouse, 71-76.
- 176) Stüwe M., K.T. Scribner, P.U. Alkon. 1992. A comparison of genetic diversity in Nubian ibex (*Capra ibex nubiana*) and Alpine ibex (*Capra i. ibex*). *Z. Säugetierkunde*, **57**: 102-123.
- 177) Theberge J.B. 1983. Consideration in wolf management related to genetic variability and adaptive change. *In: Wolves in Canada and Alaska. Their status, biology and management*. L.N. Carbyn (ed). Canadian Wildlife Service Report Series 0069-0031, 45. Ottawa, 86-89.
- 178) Tosi G., S. Toso, E. Randi. 1991. Demografia e variabilità genetica in alcune colonie di stambecco (*Capra ibex ibex*). *In: Genetica e Conservazione della Fauna*. E. Randi e M. Spagnesi (eds). *Suppl. Ric. Biol. Selvaggina*, **XVIII**: 109-122.
- 179) Tosi G. 1993. In equilibrio sulle Alpi. *Oasis*, **4**: 36-53.
- 180) Wayne R.K., W.S. Modi, S.J. O' Brien. 1986. Morphological variability and asymmetry in the cheetah (*Acinonyx jubatus*), a genetically uniform species. *Evolution*, **40**(1): 78-85.
- 181) Wayne R.K., S.M. Jenks. 1991. Mitochondrial DNA analysis implying extensive hybridization of the endangered red wolf *Canis rufus*. *Nature*, **351**: 565-568.
- 182) Wayne R.K., N. Lehman, D. Girman, P.J.P. Gogan, D.A. Gilbert, K. Hansen, R.O. Peterson, U.S. Seal, A. Eisenhauer, L.D. Mech, R.J. Krumenaker. 1991. Conservation genetics of the endangered Isle Royal gray wolf. *Cons. Biol.*, **5**: 41-51.

- 183) Wayne R.K., N. Lehman, M.W. Allard, R.L. Honeycutt. 1992. Mitochondrial DNA variability of the gray wolf: genetic consequences of population decline and habitat fragmentation. *Cons. Biol.*, **6**(4): 559-569.
- 184) Wilcox B.A. 1980. Insular ecology and conservation. *In: Conservation Biology. An evolutionary-ecological perspective.* M.E. Soulé and B.A. Wilcox (eds). Sinauer Associates Inc. Sunderland, Massachusetts, 37-54.
- 185) Wildt D.E., M. Bush, K.J. Goodrowe, C. Packer, A.E. Pusey, J.L. Brown, P. Joslin, S.J. O' Brien. 1987. Reproductive and genetic consequences of founding isolated lion populations. *Nature*, **329**: 328-331.
- 186) Williams E.S., E.T. Thorne, M.J.G. Apel, D.W. Belitsky. 1988. Canine distemper in black-footed ferrets (*Mustela nigripes*) from Wyoming. *J. Wildl. Disease*, **24**: 385-398.
- 187) William G.C., R.M. Nesse. 1991. The dawn of Darwinian medicine. *Q. Rev. Biol.*, **66**: 1-22.
- 188) Williams J.D., W.F. Krueger, D.H. Harmel. 1994. Heritabilities for antler characteristics and body weight in yearling white-tailed deer. *Heredity*, **73**: 78-83.
- 189) Woodruff D.S., O.A. Ryder. 1986. Genetic characterization and conservation of endangered species: Arabian oryx and Père David's deer. *Isozyme Bull.*, **19**: 35-39.
- 190) Wright S. 1921. Systems of mating. *Genetics*, **6**: 11-178.
- 191) Wright S. 1969. Evolution and the genetics of populations. Vol. 2. The theory of gene frequencies. University of Chicago Press, Chicago.
- 192) Wright S. 1978. Evolution and the genetics of populations. Vol. 4. University of Chicago Press, Chicago.
- 193) Yuhki N., S.J. O' Brien. 1990. DNA variation of the mammalian major histocompatibility complex reflects genomic diversity and population history. *Proc. Natl. Acad. Scien. USA*, **87**: 836-840.
- 194) Zimen E., L. Boitani. 1975. Number and distribution of wolves in Italy. *Z. Säugetierkunde*, **40**: 102-112.
- 195) Zimen E., L. Boitani. 1979. Status of the wolf in Europe and the possibilities of conservation and reintroduction. The behaviour and the ecology of wolves. F. Klinghammer (ed). Garland Publ., 43-83.

## GLOSSARIO

**Accoppiamento (incrocio) assortativo** Accoppiamento non casuale. Il termine si riferisce alla tendenza di certi fenotipi/genotipi ad accoppiarsi con fenotipi/genotipi simili o uguali.

**Allele** Ognuno dei due stati alternativi in cui un gene è presente in un genotipo. I due alleli sono fisicamente collocati sulla coppia di cromosomi omologhi. A livello molecolare l'allele è costituito da una sequenza di nucleotidi.

**Aplotipo** Combinazioni alleliche di *loci* strettamente concatenati, portati da un solo cromosoma. Abbreviazione di genotipo aploide. Il termine è analogo a quello di allele, ma si riferisce a più *loci* genetici.

**Assortative mating** *Vedi* Accoppiamento assortativo.

**Bottleneck** *Vedi* Collo di bottiglia.

**Collo di bottiglia** Drastica riduzione numerica di una popolazione.

**Deme** Termine coniato nel 1938 da due genetisti, Gilmour e Gregor, per indicare la popolazione intesa come *pool* genico.

**Dendrogram** *Vedi* Dendrogramma.

**Dendrogramma** Grafico a forma di albero con ramificazioni dicotomiche che viene utilizzato come rappresentazione grafica di una classificazione.

**Deriva genetica** Variazioni delle frequenze geniche in senso positivo (aumento) o negativo (diminuzione) determinate da fattori esclusivamente casuali. Il risultato può essere l'eliminazione o la fissazione di un allele ad un *locus*.

**Effetto fondatore** Perdita di variabilità genetica che si verifica quando viene costituita una nuova colonia con un numero limitato di individui provenienti da una popolazione più ampia.

**Fitness** Adattabilità (in senso darwiniano). Con il termine *fitness* si intende la capacità di un individuo di sopravvivere fino all'età riproduttiva, in modo da contribuire con i propri geni alla generazione successiva.

**Flusso genico** Movimento di geni, determinato da incroci o migrazione, verso (o attraverso) una popolazione.

**Gene flow** *Vedi* Flusso genico.

**Gene pool** *Vedi* *Pool* genico.

**Genetic drift** *Vedi* Deriva genetica.

**Harem** Gruppo di femmine difeso da un maschio riproduttore.

**Lek** Esibizione collettiva di maschi potenziali riproduttori.

**Locus** Spesso usato come sinonimo di gene, il termine *locus* indica il sito fisico di un gene sul cromosoma.

**Metapopolazione** Insieme di più popolazioni geograficamente distribuite in aree diverse ma connesse da flusso genico. La singola popolazione locale può anche non essere in equilibrio dal punto di vista demografico e genetico, ma la metapopolazione nel suo complesso risulta stabile. Nell'ambito della metapopolazione possono verificarsi estinzioni occasionali e ricolonizzazioni successive delle popolazioni locali.

**Panmictic mating system** *Vedi* Panmissia.

**Panmissia** Il termine indica un regime di accoppiamenti casuali all'interno di una popolazione.

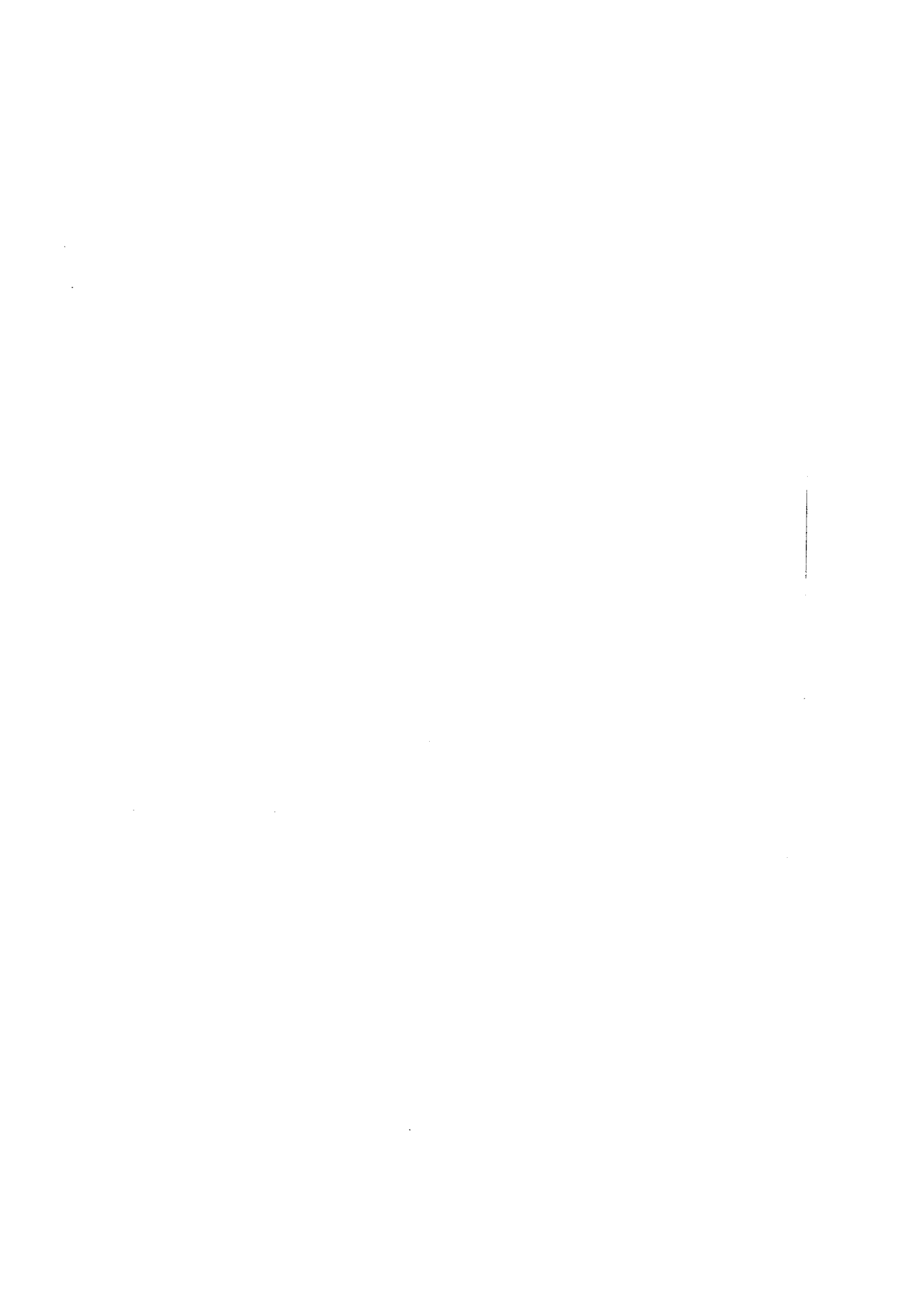
**Pool genico** Insieme dei geni presenti in una popolazione mendeliana esistente in un dato periodo. Il *pool* genico contiene tutte le informazioni genetiche di una popolazione, ne descrive le caratteristiche di struttura e ne rappresenta la continuità lungo le generazioni.

**Random drift** *Vedi* Deriva genetica.

**Random mating** Accoppiamento (incrocio) casuale.

**Stocastico** Termine utilizzato nell'ambito della teoria delle probabilità per indicare un fenomeno empirico la cui osservazione, relativamente ad un dato insieme di circostanze, non porta sempre allo stesso risultato. Casuale, aleatorio.

**Taxon (pl. taxa)** Raggruppamento sistematico sopra o sottospecifico.





Finito di stampare  
dalla Edigrafital S.p.A.  
di S. Atto di Teramo  
nel mese di giugno 1996

