



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI CAGLIARI
FACOLTÀ DI BIOLOGIA E FARMACIA

CORSO DI LAUREA MAGISTRALE IN
SCIENZE DELLA NATURA

**Analisi dei geni mitocondriali *COI*, *COII*, *ND1* e *ND5*
in due popolazioni sarde di *Papilio hospiton* Génè
(Lepidoptera: Papilionidae)**

Relatore:
Dott. Matteo Falzoi

Tesi di Laurea di:
Stefania Casula

Anno Accademico 2014/2015

Riassunto

A causa della loro storia climatica e paleobiogeografica le Isole Tirreniche sono degli hotspots di biodiversità ed endemismi. Le specie endemiche sono spesso specialisti che dipendono da risorse particolari e localizzate e pertanto risultano particolarmente vulnerabili. Il Macaone sardo-corso *Papilio hospiton* è un endemismo corno-sardo e le sue piante ospite sono limitate a poche specie appartenenti alle famiglie Apiaceae e Rutaceae.

Frammentazione degli habitat, rarefazione delle piante di ovideposizione e foraggiamento e cambiamenti nell'uso del suolo, sono le principali minacce che gravano sulla specie. Negli anni '80 *P. hospiton* fu inserita nel IUCN Red List delle specie minacciate ma tale designazione è stata recentemente rivista in seguito a studi di abbondanza e diffusione areale condotti sia in Corsica che in Sardegna ed è ora considerata a rischio minimo. È comunque presente come "specie prioritaria" negli allegati 2 e 4 della Direttiva Habitat.

La mancanza di informazioni aggiornate sullo status del *P. hospiton* ha costituito la motivazione a iniziare un progetto multidisciplinare che prevedesse studi a livello ecologico, genetico e fisiologico. In questo lavoro di tesi si presentano dati preliminari sulla caratterizzazione genetica di *P. hospiton* basati sull'analisi di quattro marcatori di DNA mitocondriale. Sono stati amplificati e sequenziati frammenti costituiti da 552, 659, 416 e 854 paia di basi dai geni *COI*, *COII*, *NDI* e *ND5*, da campioni provenienti dalle popolazioni di Desulo e Burcei allo scopo di valutarne la variabilità genetica e la strutturazione e al contempo testare l'adeguatezza di ciascun marcatore a questo tipo di analisi.

Sono state rilevate varianti aploipiche ad ogni locus con un maggior grado di polimorfismo per il gene *COI*; la diversità aploipica Hd e nucleotidica PiJC sono risultate basse nella popolazione totale ma lievemente più consistenti in quella di Desulo. I valori della statistica F_{st} , indicano che la divergenza tra le due popolazioni non è significativa ($p\text{-value} > 0.05$) e i dati di flusso genico dedotti da F_{st} testimoniano un elevato livello di flusso genico riferibili alla popolazione femminile che quindi si dimostra capace di colonizzare attivamente aree ad essa idonee.