



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI CAGLIARI

FACOLTÀ DI BIOLOGIA E FARMACIA

CORSO DI LAUREA IN SCIENZE NATURALI

**Analisi della variabilità genetica al locus *mtND1* in
popolazioni della specie endemica sardo-corsa, *Papilio
hospiton* (Lepidoptera: Papilionidae) (Géné, 1839)**

Relatore:

Dott. Matteo Falzoi

Tesi di Laurea di:

Elena Pibiri

Anno accademico 2015/2016

RIASSUNTO

Papilio hospiton (Géné, 1839) è una farfalla endemica sardo-corsa che vive principalmente in zone collinari e montuose al di sopra dei 600 m di altezza. A partire dal 1985 è stata classificata dall'IUCN come "endangered", o specie a rischio d'estinzione, per via di una notevole riduzione del numero di individui dovuta ad una serie di fattori. In modo particolare due elementi hanno messo a dura prova la sopravvivenza della specie: 1) la distruzione delle piante nutrici, per via della loro tossicità verso il bestiame, costituisce un pericolo specialmente per la popolazione sarda, le cui larve si possono cibare di una sola pianta, *Ferula communis*; 2) l'aumento delle temperature nel periodo primaverile di questi ultimi anni ha fatto sì che la ferula si seccasse precocemente, di conseguenza molte larve non sono riuscite a compiere la metamorfosi in farfalle. In Corsica questo problema è meno sentito, in quanto sono presenti altre piante nutrici gli stadi larvali. Tuttavia nel 2010 è stato dimostrato che il trend della popolazione è aumentato, e *P. hospiton* è stato classificato come "least concern", o in stato di minore preoccupazione.

L'importanza della specie in quanto endemismo e la sua notevole vulnerabilità hanno incrementato nel corso degli anni l'esigenza di studiarla e conoscerla in maniera approfondita, per poterla preservare. Con questa finalità il lavoro si è incentrato sull'efficienza dell'utilizzo del gene ND1 come marcatore mitocondriale per definire alcuni parametri utili alla descrizione genetica della popolazione sarda di *P. hospiton*. In particolare sono stati analizzati 99 campioni raccolti tra il 2014 e il 2015, e provenienti da tre macroaree sarde: 57 dal Massiccio del Gennargentu, 19 dal Sud-Est Sardegna e 23 dal Sud-Ovest Sardegna. Ciascun campione è stato sottoposto a estrazione del DNA, amplificazione del gene ND1, purificazione e sequenziamento. L'analisi delle sequenze nucleotidiche ha permesso di analizzare le differenze tra le tre sottopopolazioni. Inoltre la notevole vagilità degli esemplari di sesso femminile, unita allo studio del DNA mitocondriale che è di eredità materna, ha permesso di valutare attraverso l'indice di fissazione F_{st} il flusso genico tra le sottopopolazioni. Dai risultati è emerso che la popolazione sarda è molto omogenea, infatti i valori ottenuti sono prossimi allo 0. Si è tuttavia osservato un inizio di differenziazione tra la sottopopolazione del Massiccio del Gennargentu e quella del Sud-Est Sardegna.