

# Essere o non essere un lanario? Caratterizzazione genetica di individui di *Falco biarmicus* campionati in Italia

Luisa Garofalo<sup>1</sup>, Giampiero Tirone<sup>2</sup>, Giuseppe Puddu<sup>2</sup>, Rita Fanelli<sup>1</sup>, Rita Lorenzini<sup>1</sup>

1. Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Regioni Lazio e Toscana, Centro di Referenza Nazionale per la Medicina Forense Veterinaria. Via Tancia, 21 - 02100 Rieti. Email: [luisa.garofalo@izslt.it](mailto:luisa.garofalo@izslt.it)
2. Ente Monti Cimini, Riserva Naturale Regionale Lago di Vico – Regione Lazio. Strada Cassia Cimina Km 12, Caprarola (Viterbo).



## Introduzione

Il lanario (*Falco biarmicus* Temminck, 1825) fa parte del sottogenere *Hierofalco*, un complesso di specie ecologicamente e morfologicamente simili che comprende anche il *Falco cherrug* J.E. Gray, 1834, il *Falco rusticolus* L., 1758 e il *Falco jugger* J.E. Gray, 1834. Vengono comunemente riconosciute cinque sottospecie di lanario (Fig. 1): *Falco biarmicus biarmicus* Temminck, 1825, *F. b. abyssinicus* Neumann, 1904, *F. b. erlangeri* Kleinschmidt, 1901, *F. b. tanypterus* Schlegel, 1843 e *F. b. feldeggii* Schlegel, 1843. Quest'ultima è distribuita nell'area del Mediterraneo centro-orientale, Italia inclusa. Negli ultimi decenni la numerosità e l'areale del lanario in Italia si sono molto contratti, principalmente per cause antropiche, e la specie è classificata come Vulnerabile nella Lista Rossa IUCN dei Vertebrati Italiani (2013). Recentemente la popolazione riproduttiva di lanario è stata stimata in 140-172 coppie, di cui 70-80 nella sola Sicilia (Andreotti *et al.*, 2008). Abbiamo analizzato il DNA di 13 individui campionati in natura e in cattività, morfologicamente ascrivibili a due diverse sottospecie di *F. biarmicus*. La caratterizzazione della struttura genetica dei lanari attualmente presenti nell'Italia centro-meridionale sarà funzionale alla valutazione della fattibilità di un piano di reintroduzione in aree precedentemente abitate dalla specie.

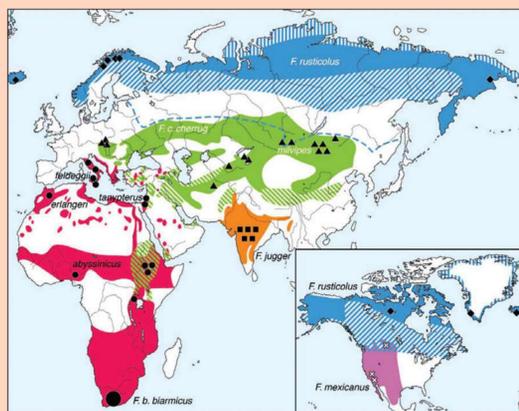


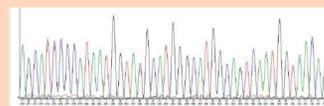
Figura 1. Aree delle specie del complesso *Hierofalco* e distribuzione geografica delle sottospecie di *Falco biarmicus*, in rosso (da Nittinger *et al.* 2005).

Tabella 1. Campioni di *Falco* analizzati in questo lavoro. Dati di raccolta, iniziale assegnazione morfologica e risultati dell'analisi di due geni mitocondriali.

ID	Sottospecie morfologica	Luogo	Data	Sesso	Aplotipo Cytb	Aplotipo 12S
1	<i>Falco biarmicus erlangeri</i>	ritrovato vicino Roma	01.07.2016	F	Fb1	Fb4
2	<i>Falco biarmicus erlangeri</i>	ritrovato vicino Viterbo	01.07.2016	M	Fb2	Fb5
3	<i>Falco biarmicus feldeggii</i>	deceduto vicino Viterbo	01.07.2016	F	Fb3	Fb5
4	<i>Falco biarmicus feldeggii</i>	selvatico, sequestrato vicino Roma	16.11.2016	F	Fb1	Fb4
5	<i>Falco biarmicus feldeggii</i>	selvatico, sequestrato vicino Roma	16.11.2016	M	Fb1	Fb4
6	<i>Falco biarmicus feldeggii</i>	selvatico, sequestrato vicino Roma	22.09.2016	F	Fb1	Fb4
7	<i>Falco biarmicus feldeggii</i>	selvatico, sequestrato vicino Roma	22.09.2016	M	Fb1	Fb4
8	<i>Falco biarmicus feldeggii</i>	nato in cattività vicino Bari	16.11.2016	F	Fb1	Fb4
9	<i>Falco biarmicus feldeggii</i>	nato in cattività vicino Bari	16.11.2016	M	Fb1	Fb4
10	<i>Falco biarmicus feldeggii</i>	nato in cattività vicino Bari	16.11.2016	F	Fb1	Fb4
11	<i>Falco biarmicus feldeggii</i>	nato in cattività vicino Bari	16.11.2016	M	Fb1	Fb4
12	<i>Falco biarmicus feldeggii</i>	nato in cattività ad Orvieto	28.02.2017	M	Fb3	Fb5
13	<i>Falco biarmicus feldeggii</i>	nato in cattività ad Orvieto	28.02.2017	F	Fb3	Fb5

## Risultati

Negli individui analizzati sono stati identificati tre differenti aplotipi (Fb1-3) per il Citocromo *b* (*Cytb*) e due (Fb4, 5) per il 12S. Come evidenziato in Tab. 1, l'iniziale assegnazione sottospecifica su base morfologica degli animali non appare sempre congruente con gli aplotipi ritrovati. Una prima analisi filogenetica ha inoltre rivelato una notevole affinità degli aplotipi Fb1 e Fb4, qui identificati nel *F. biarmicus*, con quelli della specie *F. rusticolus* e degli aplotipi Fb2, 3 e 5 con quelli di *F. cherrug*. Gli aplotipi Fb2 e Fb3, che differiscono tra loro per una sola mutazione, si raggruppano inoltre con l'unica sequenza della sottospecie *F. b. feldeggii* (EU233036.1) presente in GenBank per il *Cytb*. Nello stesso database, nessuna sequenza di *F. b. erlangeri* è stata registrata finora per *Cytb* e 12S, nè per quest'ultimo risultano sequenze di *F. b. feldeggii*.



## Materiali e Metodi

Sono stati analizzati 13 individui di *Falco biarmicus* (7 femmine e 6 maschi) ritrovati in natura, sequestrati o presenti in cattività in zone peninsulari dell'Italia centro-meridionale (Tab. 1). La loro iniziale assegnazione sottospecifica è stata determinata su base morfologica da personale esperto (Fig. 2). Successivamente si è proceduto alla loro analisi genetica a partire da penne e da tessuto (per l'unico individuo rinvenuto morto: ID3). Due frammenti mitocondriali nel Citocromo *b* (450 paia di basi) e nel gene ribosomiale 12S (267 paia di basi) sono stati amplificati e sequenziati, confrontando poi le sequenze ottenute con quelle presenti in letteratura per il genere *Falco*. Per i primer, i dettagli sulle metodologie di laboratorio adottate, le nuove sequenze ottenute e sottomesse in GenBank e per le analisi filogenetiche si rimanda in dettaglio al nostro articolo in preparazione e all'email di contatto.



Figura 2. In alto: *F. b. erlangeri*. In basso: *F. b. feldeggii* (foto: G. Tirone).

I risultati preliminari qui esposti fanno sorgere interrogativi su quale sia effettivamente il pool genico della popolazione fondatrice italiana di lanari, su quanto siano definite le differenze genetiche all'interno di *F. biarmicus ssp.* e se esistano ancora individui "puri" di questa specie. Due principali concause possono essere all'origine dei dati osservati: la diffusa ibridazione tra specie affini di *Falco* (naturale ed intenzionale, dovuta a pratiche di falconeria) e una separazione genetica delle specie (e a maggior ragione delle sottospecie) ancora incompleta, poiché recente. L'eventuale origine ibrida degli uccelli analizzati sarà ulteriormente indagata tramite l'utilizzo di marcatori genetici biparentali, una volta determinato il pool genico delle possibili specie parentali.

