

# Variabilità genetica in popolazioni di *Tortrix viridana* L. (Lepidoptera, Tortricidae) associate alle diverse querce della Sardegna

Giuseppe Serra<sup>1</sup>, Giovanni Battista Maestrale<sup>2</sup>, Mariella Baratti<sup>3</sup>, Michele Coinu<sup>1</sup>, Maria Leonarda Fadda<sup>1</sup>, Silvia Tore<sup>2</sup>, Stefania Casula<sup>2</sup>, Andrea Lentini<sup>4</sup>

1) CNR - Istituto per lo Studio degli Ecosistemi, u.o.s. Sassari; 2) CNR – Ist. di Ricerca Genetica e Biomedica, u.o.s. Sassari; 3) CNR – Ist. per lo Studio degli Ecosistemi, u.o.s. Sesto Fiorentino (FI); 4) Università di Sassari – Dip. di Agraria. E-mail: g.serra @ ise.cnr.it

Il ciclo biologico di *Tortrix viridana* è strettamente legato alla fenologia delle diverse specie di quercia e presenta uno stretto sincronismo tra la schiusura delle uova e il germogliamento delle piante ospiti. Di conseguenza è possibile riscontrare popolazioni del tortricide caratterizzate da una diversa durata dello sviluppo embrionale. In questo lavoro si riportano i risultati preliminari di uno studio sulla caratterizzazione genetica di popolazioni del lepidottero associate alle tre principali querce della Sardegna. Lo studio ha riguardato la variabilità aplotipica nei tratti mitocondriali COI e COII (1875 bp). Le analisi sono state effettuate su individui di *T. viridana* raccolti in 10 località con copertura arborea a *Quercus pubescens*, *Q. suber* o *Q. ilex*, individuate nelle principali aree forestali del centro e del nord della Sardegna. Le popolazioni oggetto della ricerca sono state suddivise in precoci, intermedie e tardive, sulla base del periodo di schiusura delle uova.

TABELLA 1. Caratteristiche delle stazioni di campionamento, dimensione dei campioni e indici di diversità del DNA mitocondriale di *T. viridana*.

Distretto forestale	Località (Prov.)	Pianta ospite*	Schiusura uova**	Larve (n)	Aplotipi (n)	Diversità aplotipica (H)	Diversità nucleotidica (π)
Logudoro	Ploaghe (SS)	QP	P	8	8	1	0.004
Altopiano di Abbasanta	Abbasanta (OR)	QP	P	10	10	1	0.004
Monti del Goceano	Illorai (SS)	QP	P-I	9	5	0.722	0.001
	Burgos (SS)	QS	P-I	6	5	0.933	0.003
	Bolotana (NU)	QI	P-I	8	8	1	0.004
Gennargentu e Nuorese	Orgosolo (NU)	QP	P-I	9	7	0.917	0.003
	Orani (NU)	QI	I-T	9	6	0.889	0.004
Gallura	Tempio P. (OT)	QP	I-T	10	6	0.844	0.003
	Calangianus(OT)	QS	T	10	8	0.933	0.005
	Aggius (OT)	QI	T	8	3	0.464	0.002

\*) QP: *Q. pubescens*; QS: *Q. suber*; QI: *Q. ilex*.  
\*\*) P: precoce; P-I: precoce-intermedia; I-T: intermedia-tardiva; T: tardiva

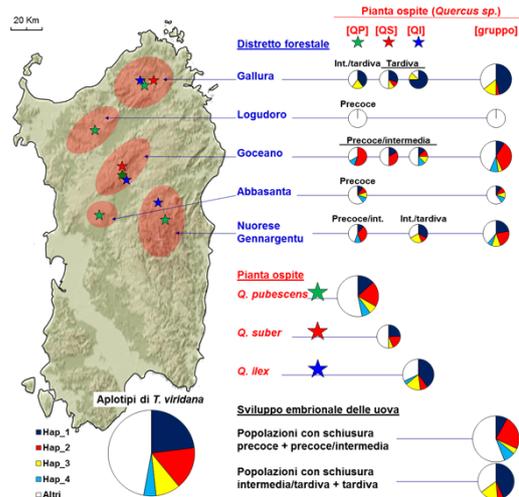


FIGURA 1. Distribuzione degli aplotipi di *T. viridana* in boschi di querce della Sardegna

Il sequenziamento dei tratti COI e COII di un centinaio di individui ha consentito di individuare 44 differenti aplotipi. È stata osservata una elevata diversità aplotipica ( $H = 0.94$ ) e una bassa diversità nucleotidica ( $\pi = 0.004$ ). Quattro aplotipi hanno mostrato una frequenza elevata (23, 16, 9 e 5%) e sono risultati largamente condivisi tra aree geografiche e tra specie arboree. L'analisi della varianza molecolare (AMOVA) ha rilevato indici di fissazione ( $F_{st}$ ) significativi tra le 10 popolazioni considerando sia la frequenza aplotipica sia la distanza nucleotidica. L'analisi gerarchica della varianza non ha mostrato differenze significative raggruppando gli individui per area geografica (5 comprensori) o per specie arborea. Divergenze significative sono state invece osservate raggruppando le popolazioni con sviluppo embrionale precoce rispetto a popolazioni con sviluppo tardivo. Questi primi risultati suggeriscono che le diversità genetiche nelle popolazioni sarde di *T. viridana* non sono determinate da barriere geografiche o dalla specie ospite, ma dalle differenze nel periodo di germogliamento che i popolamenti forestali manifestano anche all'interno della stessa specie arborea. Il numero di campioni osservato è tuttavia ancora limitato per trarre conclusioni certe.