

in corrispondenza dei principali parchi fluviali (es: Parco Ticino). Nel 2017, 18 popolazioni sono state campionate lungo un gradiente nord-sud, dal Parco Regionale Campo dei Fiori fino all'Oltrepò Pavese, per definire un possibile effetto dell'ambiente (micro- e macrohabitat) sulla variabilità genetica e sul flusso genico locale. Gli obiettivi di questo studio sono stati quelli di valutare se: le popolazioni indagate potessero essere ascrivibili a uno stesso pool genico; le popolazioni di pianura mostrassero una maggiore o minore variabilità genetica rispetto a quelle collinari, associato a un diverso grado di isolamento; le caratteristiche ecologiche fossero associate alla variabilità genetica delle popolazioni; le aree protette appartenenti a Rete Natura 2000 (SIC, ZPS) favorissero la variabilità genetica locale della specie. Da un punto di vista filogeografico, le popolazioni sembrerebbero essere omogenee sulla base della variabilità mitocondriale. La struttura genetica delle popolazioni indagate tramite amplificazione di 8 loci microsatelliti ha restituito una notevole variabilità locale, la cui struttura può essere descritta in base alla loro origine "collinare" o "planiziale". L'analisi dei modelli lineari parametrizzati sugli indici di variabilità genetica ha evidenziato alcune relazioni significative con le variabili ambientali, anche in rapporto alla presenza di SIC e ZPS.

**Abstract.** The agile frog (*Rana dalmatina*) is widespread in Lombardy in the hilly and foothills of both central-southern Alpine and Apennine arcs, and in lowland wetlands, near the main river parks (ex: Parco Ticino). During 2017, 18 populations were sampled along a north-south gradient, from the Campo dei Fiori Regional Park to the Oltrepò Pavese, in order to define a possible effect of the environment (micro- and macrohabitat) on genetic variability and on the local gene flow. The aims of this study were to evaluate if: the investigated populations could be ascribable to the same gene pool; the plain populations showed a greater or lesser genetic variability with respect to the hilly ones, associated with a different degree of isolation; the ecological characteristics were associated with the genetic variability of the populations; the protected areas belonging to Rete Natura 2000 (SIC, ZPS) favored the local genetic variability of the species. From a phylogeographic point of view, populations would seem to be homogeneous on the basis of mitochondrial variability. The genetic structure of populations through amplification of 8 microsatellite loci has returned a considerable local variability, whose structure can be described according to their origin "hilly" or "plain". The analysis of the linear models parameterized on the indices of genetic variability has highlighted some significant relationships with the environmental variables, also in relation to the presence of SIC and ZPS.

### **Characterization and distribution of interspersed repeated sequences from the genome of *Zootoca vivipara* and their conservation in Squamata**

Agnese PETRACCIOLI, Fabio M. GUARINO, Marcello MEZZASALMA, Gaetano ODIERNA, Maria Michela PALLOTTA, Orfeo PICARIELLO, Teresa CAPRIGLIONE

*Department of Biology, University of Naples Federico II, Via Cinthia 26, 80126, Naples, Italy*

**Abstract.** A molecular study using specifically designed primers for Random Amplified Polymorphic DNA sequencing (RAPDs) highlighted differentially expressed bands in male and female specimens of *Zootoca vivipara*. After cloning and sequencing, searches in Repbase and BLAST N evidenced, in the male, a sequence containing distinct segments showing high identity

values with a fragment of the Squam 1 SINE family of *Podarcis muralis*, a region of the intron 7 of the beta-fibrinogen (FGB) gene from *Lacerta viridis* and a microsatellite sequence of *Podarcis melisellensis*, respectively.

A sequence of 817 bp isolated in the female had three regions of interest showing high identity values with: a) a TC1 Mariner DNA transposon of *Petromyzon marinus*; b) the intron 7 of the beta-fibrinogen (FGB) gene of wall lizards of the genus *Podarcis*; c) a region of an ultra-conserved element present in the genome of birds and mammals, suggesting its conservation during the diversification of this group of vertebrates.

Analyses with quantitative dot blot and FISH showed that the sequences isolated were interspersed on autosomes and sex chromosomes of *Z. vivipara*, each representing about the 0.03% of the genome.

**Riassunto.** Uno studio molecolare usando un set di primers specifici per l'amplificazione di sequenze polimorfiche di DNA (RAPDs) dal genoma di *Zootoca vivipara* evidenziò la presenza di bande differenzialmente espresse nel maschio e nella femmina di *Zootoca vivipara*. Dopo clonaggio e sequenziamento, una ricerca in Repbase and BLAST N , evidenziò che una sequenza rinvenuta nel maschio conteneva un segmento con una significativa identità con: a) un frammento di un elemento SINE Squam 1 di *Podarcis muralis*; (b) una regione dell'introne 7 del gene beta-fibrinogeno (FGB) di *Lacerta viridis* e (c) una sequenza microsatellitare di *Podarcis melisellensis*.

Una sequenza di 817 bp isolata nella femmina presentava tre regioni di interesse che avevano identità con: a) il DNA trasposone TC1 Mariner di *Petromyzonmarinus*; b) l'introne 7 del gene beta-fibrinogeno di lucertole muraiole del genere *Podarcis*; c) una regione di un elemento ultra-conservato nel genome di uccelli e mammiferi, suggerendo la conservazione di tale elemento durante la diversificazione di questo gruppo di Vertebrati.

Analisi con dot blot quantitativo e FISH mostrarono che le due sequenze erano intersperse sia lungo gli autosomi che lungo i cromosomi sessuali of *Z. vivipara*, nel cui genoma sono presenti per circa lo 0.03%.

## **Amphibian and Reptile diversity in some forest fragments of Mufindi and Southern Highlands, south-western Tanzania**

Costanza PICCOLI<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Master in Evolutionary Biology, Department of Biology, University of Padova, Padova (Italy), <sup>2</sup>Tropical Biodiversity section, MUSE – Science Museum of Trento, Trento (Italy)

**Abstract.** Tanzania is considered a country of exceptional biological importance for its great diversity of amphibian and reptile species. Herpetological investigation has not been equal across the whole of Tanzania's ranges, especially across the Makambako Gap (south-western Tanzania). The biased historical survey effort has led to knowledge gaps for some areas. The aim of this study was to contribute to the knowledge of the herpetological diversity in some forests of south-western Tanzania, namely Kigogo Forest Reserve and Ifupira (sites north-east of the Makambako Gap), and Madehani Village Forest (site south-west), by providing novel occurrence data for amphibians and reptiles, in order to compile updated checklists. The uncovering of a putative new species of gecko shows that even forests with a past history of biological investigation can still hold unknown