

SOCIETÀ DEI NATURALISTI E MATEMATICI DI MODENA



ATTI
Vol. CXLIV

2013

ATTI

DELLA

SOCIETÀ DEI NATURALISTI E MATEMATICI DI MODENA



Vol. CXLIV

2013

Atti della Società dei Naturalisti e Matematici di Modena è una rivista annuale, fondata nel 1866, che pubblica articoli originali riguardanti discipline scientifiche e ambientali (con particolare riguardo alla Regione Emilia-Romagna e all'Italia) e gli atti sociali. La rivista viene distribuita gratuitamente ai Soci e alle Società e Accademie corrispondenti, italiane e straniere, in tutte le parti del mondo.

La rivista è indicizzata da: Bibliography and Index of Geology (USA), Biological Abstracts (USA), Chemical Abstracts (USA), Zoological Record (Gran Bretagna) e Referativnyi Zhurnal (Russia).

Consiglio Direttivo (2011-2013)

Presidente: Prof. Roberto Bertolani

Consiglieri: Prof. Ivano Ansaloni, Dott. Fabrizio Buldrini, Prof.ssa Franca Cattelani, Prof. Alessandro Gualtieri, Prof. Giampiero Ottaviani, Prof. Paolo Zannini.

Revisori dei Conti: Prof. Gilberto Coppi, Prof.ssa Lucrezia Mola, Dott.ssa Patrizia Tarugi.

Norme per l'accettazione degli articoli

Le comunicazioni sottomesse agli Atti della Società dei Naturalisti e Matematici di Modena per la pubblicazione, dopo che la Redazione abbia verificato la loro pertinenza con gli ambiti disciplinari della rivista, saranno sottoposte al giudizio di uno o due *referee* esterni, che valuteranno i lavori sia sotto l'aspetto dei contenuti sia sotto quello formale ed esprimeranno il loro parere vincolante circa l'accettabilità dei lavori stessi. Gli articoli presentati in inglese e gli *Abstract* saranno inoltre sottoposti a controllo linguistico da parte di docente madrelingua.

Settori disciplinari e relativi revisori scientifici

Meteorologia, Climatologia: Prof. Dino Zardi (Università di Trento), Dr. Paolo Frontero (ARPA Veneto)

Scienze della Terra: Prof. Claudio Tellini (Università di Parma), Dr. Alessandro Pasuto (CNR-IRPI, Padova)

Botanica, Agraria: Dr.ssa Claudia Angiolini (Università di Siena), Dr.ssa Laura Sadori (Sapienza Università di Roma)

Zoologia, Ecologia: Prof.ssa Annamaria Volpi Ghirardini (Ca' Foscari Università di Venezia), Prof. Vincenzo Vomero (Direttore Musei Scientifici di Roma)

Matematica: Prof. Sergio Invernizzi (Università di Trieste)

Fisica: Prof.ssa Marisa Michelini (Università di Udine)

Chimica, Scienze Farmaceutiche: Prof. Gabriele Caviglioli (Università di Genova)

Archeologia, Antropologia: Dr. Marco Bettelli (CNR-ICEVO, Roma), Dr. Alessandro Vanzetti (Sapienza Università di Roma)

Lingua Inglese: Prof.ssa Andrea Mary Lord (Università di Modena e Reggio Emilia)



Associato alla Unione
Stampa Periodica Italiana

ISSN 0365 - 7027

Autorizzazione del Tribunale di Modena n. 387 del 10 agosto 1962

Direttore Responsabile: Giovanni Tosatti

Redazione: Atti della Società dei Naturalisti e Matematici di Modena

Largo S. Eufemia 19, 41121 Modena, Italia

sito web: www.socnatmatmo.unimore.it

e-mail: giovntos@unimore.it

74° Congresso Nazionale dell'Unione Zoologica Italiana



Centro S. Geminiano, Modena
30 settembre – 3 ottobre 2013

Con il contributo di:



PICCIN

ZANICHELLI



CASA EDITRICE AMBROSIANA

Con il patrocinio di:



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI
DI MODENA E REGGIO EMILIA



Comune di Modena



Provincia di Modena



SOCIETÀ DEI NATURALISTI
E MATEMATICI DI MODENA



Consorzio Italiano
per il DNA barcoding



Accademia Nazionale di Scienze,
Lettere e Arti di Modena

COMITATO ORGANIZZATORE

(Università di Modena e Reggio Emilia)

Roberto Bertolani (Presidente), Enzo Ottaviani, Maria Agnese Sabatini, Tiziana Altiero, Ivano Ansaloni, Antonella Franchini, Roberto Guidetti, Davide Malagoli, Milena Marini, Marina Mauri, Lucrezia Mola, Aurora Pederzoli, Lorena Rebecchi, Luigi Sala, M. Antonio Todaro, Paolo Tongiorgi.

COMITATO SCIENTIFICO

Presidente

Ettore Olmo (Presidente U.Z.I.), Università Politecnica delle Marche

Componenti

Roberto Bertolani, Università di Modena e Reggio Emilia

Gaetano Ciarcia, Università di Napoli “Federico II”

Elvira De Matthaeis, Università di Roma “La Sapienza”

Fiorenza De Bernardi, Università di Milano

Roberto Guidetti, Università di Modena e Reggio Emilia

Angela Mauceri, Università di Messina

Enzo Ottaviani, Università di Modena e Reggio Emilia

Nicolò Parrinello, Università di Palermo

Tomaso Patarnello, Università di Padova

Mario Pestarino, Università di Genova

Lorena Rebecchi, Università di Modena e Reggio Emilia

Maria Agnese Sabatini, Università di Modena e Reggio Emilia

Franco Verni, Università di Pisa

SEGRETERIA ORGANIZZATIVA

Università di Modena e Reggio Emilia:

Dipartimento di Scienze della Vita, Modena

Dipartimento di Educazione e Scienze Umane, Reggio Emilia

<http://www.uzi2013.unimore.it>

congressouzi2013@unimore.it



INDICE GENERALE DEL VOLUME

<i>Simposio 1</i>		
Ambienti estremi	pag.	11
<i>Simposio 2</i>		
Immunità ed evoluzione	pag.	37
<i>Simposio 3</i>		
Zoologia applicata e conservazione	pag.	61
<i>Simposio 4</i>		
Biologia e genetica di popolazioni	pag.	103
<i>Poster a tema libero</i>	pag.	137
<i>Workshop</i>	pag.	177
Indice degli Autori	pag.	181
Elenco dei Soci SNMM	pag.	189



Modena, 30 settembre 2013

Cari Soci ed Amici,

È la prima volta che l'Unione Zoologica Italiana, in oltre cent'anni di storia, ha scelto Modena per una così importante iniziativa scientifica, e questo non può che essere per noi un grande onore. Questa Associazione si basa soprattutto, anche se non esclusivamente, sulla Zoologia e sull'Anatomia Comparata, discipline biologiche di sintesi che hanno avuto ed hanno forte sviluppo sulla scia della teoria evuzionistica di Darwin, quindi tradizionali, ma anche in continuo rinnovamento grazie a problematiche sempre vive ed abbinata all'utilizzo di metodologie all'avanguardia. Gli argomenti trattati sono quanto mai attuali ed i risultati contribuiscono ad incrementare le nostre conoscenze culturali e applicative, oltre a fornire un continuo supporto a molte altre branche della Biologia.

Una breve lettura del programma ci consente di apprezzare tra i vari contributi, sia la presenza di un forte contenuto culturale, che di un consistente aspetto applicativo in ricerche che inevitabilmente si basano sul primo aspetto. Entrando nello specifico, nel Simposio 1 si considerano gli organismi di ambienti estremi. Vengono riferiti, oltre che la loro distribuzione geografica, nuovi risultati sugli adattamenti che consentono a pochi gruppi di animali di vivere in ambienti decisamente inospitali per la maggior parte dei viventi, evidenziando spesso notevoli potenzialità applicative di queste ricerche. Nel Simposio 2 sono analizzati, anche dal punto di vista evolutivo, i meccanismi dell'immunità, gli attori dei sistemi di difesa interni essenziali alla sopravvivenza di tutti gli organismi. Il Simposio 3 fa il punto sui diversificati aspetti applicativi della Zoologia e sul coinvolgimento di questa disciplina nella conservazione dell'ambiente, degli alimenti e dei beni culturali. Il Simposio 4 si occupa della diversità animale e della sua conservazione integrando analisi ecologiche, molecolari, genetiche e statistiche. Il Congresso si chiude con un Workshop sul *DNA barcoding*, un approccio metodologico nato solamente 10 anni fa, ma già molto diffuso e in forte sviluppo. Nel Workshop vengono considerati, in particolare, gli aspetti applicativi della metodica del *DNA barcoding* collegati all'individuazione ed alla tracciabilità degli organismi.

Mi sia consentito, alla fine, ringraziare tutti i collaboratori, gli sponsor, i patrocinatori e la Società dei Naturalisti e Matematici di Modena che ha pubblicato gli Atti di questo 74° Congresso dell'Unione Zoologica Italiana.

Roberto Bertolani



SIMPOSIO 1: AMBIENTI ESTREMI

Chairpersons: Lorena Rebecchi, Angela Mauceri

Gli organismi che vivono in ambienti considerati estremi, o sottoposti a forti variazioni stocastiche, sono sempre più oggetto di studi approfonditi, tesi a comprendere quali adattamenti, strutturali, fisiologici e molecolari, abbiano consentito loro di superare notevoli stress e di compiere l'intero ciclo vitale in ambienti ostili per la maggior parte dei viventi. Appare di grande interesse anche la conoscenza della loro distribuzione geografica e delle particolari comunità che costituiscono.

Comunicazioni



PATTERNS OF TERRESTRIAL DIVERSITY IN THE EXTREME ENVIRONMENTS OF ANTARCTICA

PETER CONVEY

*British Antarctic Survey, NERC, High Cross, Madingley Road, Cambridge CB3
0ET, UK*

Although its major components have been known almost since the earliest exploring expeditions, even today the terrestrial biota of Antarctica is surprisingly poorly described in detail. It is clear that most currently ice-free ground in Antarctica would have been covered and scoured by glacial advances at the Last Glacial Maximum or previous maxima, with known exceptions including parts of the Victoria Land Dry Valleys and some inland nunataks and mountain ranges at altitude, which host their own largely unique biota. However, as new baseline survey data have become available, in combination with the application of techniques of molecular biological analysis, strong evidence has been obtained indicating that long-term persistence and regional isolation is a feature of the Antarctic terrestrial biota whose generality has not previously been appreciated. As well as creating a new paradigm in which to consider the evolution and adaptation of the continent's terrestrial biota, the changing understanding of biodiversity in Antarctica opens important new cross-disciplinary linkages with the geological and glaciological history of the continent itself.

Terrestrial organisms in Antarctica – where diversity consists mainly of invertebrates, lower plants and microbes – clearly have a long evolutionary history spanning the development towards the extreme environmental conditions that characterise the continent today. Stress adaptations, taking a considerable proportion of organismal energy budgets and trading off against opportunities in other elements of life history strategies, are a major feature of their biology. Superimposed on this emerging historical template of Antarctic biogeography and evolutionary adaptation, this biota now faces the twin challenges of responding to the complex processes of climate change facing some parts of the continent, and the direct impacts associated with human activities in the very limited areas of terrestrial habitat.



LA STORIA EVOLUTIVA DEI COLLEMBOLI ANTARTICI RICOSTRUITA ATTRAVERSO L'ANALISI DEI MARCATORI GENETICI

ANTONIO CARAPELLI¹, PIETRO P. FANCIULLI¹, PETER CONVEY²,
FRANCESCO FRATI¹

¹Dipartimento di Scienze della Vita, Università degli Studi di Siena; ²British Antarctic Survey, NERC, Cambridge, UK

I Collembola sono l'unico gruppo di esapodi che popolano l'ecosistema strettamente terrestre del Continente Antartico. La maggior parte delle specie sono endemiche e vivono nelle regioni costiere che stagionalmente sono libere dai ghiacci. Di queste, *Friesea grisea* è presente in entrambe le regioni biogeografiche in cui è diviso il Continente (Antartide Marittimo e Continentale). In questo studio la sequenza del gene nucleare 28S rDNA è stata utilizzata per verificare il livello di divergenza genetica tra le popolazioni. Sulla specie *Folsomotoma octooculata*, ampiamente diffusa nelle Isole South Shetlands, è stata condotta un'analisi di genetica di popolazione, basata sugli aplotipi mitocondriali. Per *F. octooculata* è stata anche ottenuta la sequenza dell'intero genoma mitocondriale (mtDNA). Per entrambe le specie sono state studiate le caratteristiche morfologiche della chetotassi ordinaria e sensoriale. In questo studio sono state applicate le più diffuse tecniche di estrazione, amplificazione e sequenziamento del DNA. L'analisi è stata condotta mediante programmi bioinformatici per il calcolo di parametri genetici e di ricostruzione dei network aplotipici. Le 22 popolazioni appartenenti ai due gruppi Peninsulari e Continentali della specie *F. grisea* costituiscono clusters separati, confermando l'elevato livello di divergenza genetica già evidenziato dall'analisi degli aplotipi mitocondriali. In tutte le popolazioni della Terra Vittoria (ad eccezione di Cape Hallett) è presente almeno una copia pseudogene del 28S rDNA. L'analisi aplotipica condotta su 70 esemplari di 7 popolazioni di *F. octooculata* rivela una sostanziale uniformità genetica con un moderato numero di aplotipi (17/70; $D_{max} = 0,3\%$). L'mtDNA di quest'ultima specie presenta il *gene order* più comune tra i Pancrustacea. Le due specie mostrano un'evidente uniformità morfologica intraspecifica. I risultati ottenuti hanno stabilito che *F. octooculata* è poco differenziata dal punto di vista genetico, con una presumibile origine pre-*Last Glacial Maximum*. L'analisi delle popolazioni di *F. grisea* suggerisce che le popolazioni delle due località dell'Antartide appartengono ad almeno due specie criptiche.



DIVERSITÀ GENETICA E DISTRIBUZIONE GEOGRAFICA IN UNA SPECIE PANANTARTICA, *Acutuncus antarcticus* (TARDIGRADA, HYPHSIBIIDAE)

MICHELE CESARI¹, SANDRA McINNES², ROBERTO BERTOLANI³, LEONARDO MORI¹, LORENA REBECCHI¹, ROBERTO GUIDETTI¹

¹Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia;

²British Antarctic Survey, Natural Environment Research Council, UK;

³Dipartimento di Educazione e Scienze Umane, Università di Modena e Reggio Emilia

L'origine della fauna continentale antartica è oggetto di ampia discussione. La distribuzione dei vari taxa potrebbe essere il risultato di una dispersione in atto (*recolonization hypothesis*), o di una distribuzione Gondwaniana (*glacial refugia hypothesis*). Entrambe le ipotesi mancano però di conferme per le scarse conoscenze sulla fauna invertebrata antartica. Per trovare prove a favore di una o dell'altra ipotesi è stata analizzata la diversità genetica e la distribuzione dei tardigradi, uno dei taxa più rappresentati nella fauna antartica continentale. Sono stati analizzati esemplari della specie endemica *Acutuncus antarcticus* (Eutardigrada, Hypsibiidae), campionati in sedimenti di pozze permanenti o semipermanenti di sette località lungo un transetto nord-sud in Terra Vittoria. I due punti di campionamento più vicini tra loro distavano circa 23 km, i più lontani circa 622 km. Per 65 esemplari sono state ottenute le sequenze dei geni 18S e *cox1*, poi state analizzate insieme alle corrispondenti sequenze disponibili in GenBank e BOLD. È stata calcolata la diversità genetica e aplotipica tra individui (*p-distance*, Kimura 2-parametri) e tra popolazioni (diversità genetica di Nei, FST, numero di migranti) e costruita una rete di aplotipi. Su alcune popolazioni è stata inoltre effettuata l'analisi cariologica e valutata la *sex ratio*.

Tutti gli individui (analizzati *ex novo* o disponibili nelle banche dati) appartenevano alla stessa specie e avevano la stessa sequenza per il gene 18S e una distanza genetica per il gene *cox1* minore del 5%. La maggior parte delle popolazioni presentava più aplotipi, con l'eccezione di quelle situate nella parte più a nord del transetto, risultate omogenee. Alcuni aplotipi erano presenti in diverse località anche distanti tra loro. Le popolazioni, sempre formate da sole femmine ($2n = 12/14$), erano geneticamente differenziate, ad eccezione di quelle situate nella parte centrale del transetto. *A. antarcticus* è quindi una specie panantartica molto diffusa, in ambiente dulciacquicolo. Le popolazioni con maggiore variabilità genetica sono in concomitanza con l'*hotspot* di biodiversità individuato sulle coste di Terra Vittoria, che si ipotizza sia servito da *glacial refugium* durante gli eventi di glaciazione che caratterizzano il continente.

Finanziamento: Programma Nazionale Ricerche in Antartide (PEA-2009).



SEGNALI CHIMICI (FEROMONI) DI UN CILIATO PSICROFILO A DISTRIBUZIONE BIPOLARE, *Euplotes nobilii*: MODIFICAZIONI STRUTTURALI IN FUNZIONE ADATTATIVA

CLAUDIO ALIMENTI, ADRIANA VALLESI, PIERANGELO LUPORINI

*Laboratorio di Biologia animale e Microbiologia eucariotica, Università degli
Studi di Camerino*

Ceppi di popolazioni interfeconde di *Euplotes nobilii* raccolti da vari siti costieri antartici e artici si sono dimostrati capaci di discernere costitutivamente nell'ambiente feromoni rappresentati da proteine di 52-63 aminoacidi, attive nel promuoverne la riproduzione e il fenomeno sessuale della coniugazione. Alcuni di questi feromoni sono stati purificati da ceppi sia antartici, sia artici in quantità sufficienti per potere analizzare le modificazioni strutturali che ne permettono l'attività a temperature di congelamento dell'acqua e ne giustificano il comportamento da proteine psicrofile. Pur mantenendo il motivo architettonico a tre eliche-alfa intimamente connesse da ponti disolfuro, tipico dei feromoni caratterizzati da *E. raikovi* che è una specie di acque temperate strettamente correlata filogeneticamente con *E. nobilii*, i feromoni di *E. nobilii* si contraddistinguono per le seguenti peculiarità: (a) maggiore estensione (principalmente a livello dell'ammino terminale) delle regioni non strutturate a scapito di quelle strutturate; (b) minor densità di ponti disolfuro rispetto al numero di residui che compongono la catena polipeptidica; (c) maggior quantità di aminoacidi polari e aromatici e minore di quelli idrofobici. Il significato adattivo di questo complesso di peculiarità strutturali e chimiche è stato avvalorato da analisi di denaturazione termica in acqua ed in assenza di agenti denaturanti, che hanno rivelato una termostabilità dei feromoni di *E. nobilii* marcatamente minore rispetto a quelli di *E. raikovi*. Mentre i primi vanno incontro a denaturazione in un intervallo di temperatura compreso tra 55 °C e 70 °C, i secondi conservano le loro strutture secondarie fino a 95 °C. Queste osservazioni aprono interessanti prospettive anche in campo biotecnologico-applicativo.



MECCANISMI MOLECOLARI DI ADATTAMENTO AL FREDDO: ANALISI DEL TRASCRITTOMA DEL CILIATO PSICROFILO ANTARTICO *Euplotes focardii*

SANDRA PUCCIARELLI, RAGHUL RAJAN DEVARAJ, CRISTINA MICELI
Scuola di Bioscienze e Biotecnologie, Università degli Studi di Camerino

Le acque costiere antartiche ospitano una ricca varietà di microorganismi eucariotici, tra cui ciliati del genere *Euplotes*. I ciliati rappresentano un ottimo modello di studio per la comprensione dei meccanismi molecolari alla base del successo evolutivo degli psicrofili. Infatti questi organismi, essendo unicellulari, sono direttamente esposti a qualsiasi variazione ambientale. Per affrontare lo studio dell'adattamento ambientale a livello molecolare ed effettuare un'analisi statistica e computazionale adeguata, è necessario avere accesso ad una vasta quantità di sequenze geniche. Per questo abbiamo analizzato il trascrittoma del ciliato antartico *Euplotes focardii*, strettamente psicrofilo e stenoterma. Abbiamo ottenuto 7,158 sequenze assemblate. Solo lo 0,7% dei trascritti deriva da eventi di splicing alternativo dello stesso gene, mentre lo 1,5% ritiene introni contenenti codoni STOP in frame suggerendo l'intervento del meccanismo di *non-sense mediated mRNA decay* per evitare la terminazione prematura del processo di traduzione. Inoltre, lo 0,7% dei trascritti sembra richiedere fenomeni di *frameshifting* traduzionali per produrre geni funzionali, come riportato anche in altre specie di *Euplotes*.

Per una interpretazione funzionale del trascrittoma, abbiamo effettuato un'annotazione delle sequenze basata sulla Gene Ontology, utilizzando il software Blast2GO: la maggior parte dei trascritti corrisponde a proteine coinvolte nella difesa da stress ossidativo e nel controllo del corretto *folding* delle proteine. Inoltre, abbiamo analizzato l'inducibilità da stress ambientali dei geni codificanti le *Heat-Shock Protein* (HSP) 70. Tramite qRT-PCR abbiamo verificato che questi geni sono sovraespressi in cellule di *E. focardii* sottoposte a stress ossidativo. Diversamente, questo ciliato non mostra una risposta a stress termici. Questi risultati suggeriscono che un aumento delle difese allo stress ossidativo e alla *cold denaturation* delle proteine rappresentano due importanti aspetti evolutivi che hanno permesso l'adattamento degli organismi marini antartici al loro habitat.



L'OROLOGIO CIRCADIANO NEL KRILL ANTARTICO *Euphausia superba*

CRISTIANO BERTOLUCCI¹, GABRIELLA M. MAZZOTTA², ALBERTO
BISCONTIN², CRISTIANO DE PITTÀ², RODOLFO COSTA²

¹Dipartimento di Scienze della Vita e Biotecnologie, Università degli Studi di
Ferrara; ²Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Padova

Gli ambienti polari sono caratterizzati da estreme variazioni stagionali di fotoperiodo, di intensità e spettro della luce solare, di estensione dei ghiacci, e di disponibilità di cibo. Gli animali che si sono evoluti in questi ambienti estremi rappresentano interessanti modelli di studio per la comprensione dell'evoluzione dell'orologio circadiano. Una specie chiave dell'ecosistema marino antartico è il krill *Euphausia superba*. Obiettivo della ricerca è caratterizzare gli elementi molecolari dell'orologio circadiano di *E. superba*. Utilizzando un approccio RTPCR con primers disegnati sulle regioni conservate di sequenze omologhe, ad oggi abbiamo identificato geni orologio *Cry* e *Clock*, due componenti fondamentali del sistema circadiano di numerosi animali. La sequenza di *EsCry* è distribuita in sette esoni e sei introni e copre una regione genomica di ~8,3 kb. La sequenza codificante è costituita da 1638 bp tradotte in una proteina di 545 amminoacidi. *EsCry* appartiene alla famiglia dei criptocromi ed ha un'elevata similarità (> 80%) con gli orologi degli artropodi *Talitrus saltator*, *Chunio marinus* e *Apis mellifera*. *EsCRY* presenta la struttura tipica dei criptocromi, con un dominio fotoliasico comune all'N-terminale e una regione C-terminale divergente. Le quantificazioni dei livelli di mRNA e proteina hanno dimostrato come *EsCry* sia espresso ritmicamente in tutti i distretti del corpo (testa, che include occhio composto e cervello, addome, toracopodi e fotofori) con un picco alle 6:00. *Clock* è il secondo gene orologio che abbiamo identificato nel genoma di *E. superba*. *EsClk* ha un elevato grado di similarità (> 75%) con gli orologi identificati in altre specie di artropodi e la sequenza aminoacidica dedotta mette in evidenza la presenza di domini HLH, PAS e PAC fondamentali per la funzionalità della proteina. Anche *EsClk* è espresso in maniera ritmica nei diversi organi del krill quali testa e toracopodi. I presenti risultati rappresentano un primo, importante, contributo all'identificazione e alla caratterizzazione dei componenti molecolari dell'orologio circadiano endogeno di *E. superba*.



EFFETTI DELLE RADIAZIONI ULTRAVIOLETTE E DELLA TEMPERATURA SU UN ORGANISMO DELLA MEIOFAUNA ANTARTICA: *Acutuncus antarcticus* (EUTARDIGRADA)

TIZIANA ALTIERO¹, ROBERTO GUIDETTI², ILARIA GIOVANNINI², MICHELE CESARI², GIGLIOLA MONTORFANO³, ANGELA MARIA RIZZO³, ROBERTO BERTOLANI¹, LORENA REBECCHI²

¹Dipartimento di Educazione e Scienze Umane e ²Dipartimento di Scienze della Vita, Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia; ³Dipartimento di Farmacologia e Scienze Biomolecolari, Università degli Studi di Milano

I cambiamenti climatici in atto, oltre ad aumentare la temperatura, riducono la quantità di ozono troposferico. Questo porta ad un aumento delle radiazioni UV, con conseguenze negative su salute umana ed ecosistemi. Tardigradi e rotiferi, principali componenti della meiofauna terrestre antartica, sono vulnerabili agli effetti sinergici di temperatura e UV; la loro stagione di sviluppo coincide con il periodo primaverile antartico, in cui si ha una diminuzione dell'ozono. Sono state quindi analizzate le risposte fisiologiche e biochimiche all'incremento di temperatura e UV nell'eutardigrado *Acutuncus antarcticus*, una delle specie più abbondanti nelle briofite e nei piccoli invasivi di acqua dolce dell'Antartide.

Esperimenti di essiccamento in condizioni controllate hanno evidenziato che *A. antarcticus* attua l'anidrobiosi, con un'elevata sopravvivenza (92,8%), insolita per una specie di tardigrado dulciacquicola. Gli antiossidanti non sembrano responsabili di tale sopravvivenza; ad eccezione della catalasi, non sono emerse differenze significative nell'attività/quantità di antiossidanti tra esemplari idratati e secchi, a differenza di quanto osservato in *Paramacrobiotus richtersi*, tardigrado prettamente "terrestre" di zone temperate. Esperimenti tesi a valutare la resistenza di esemplari attivi di *A. antarcticus* all'incremento della temperatura (da 8 °C a 41 °C) hanno dimostrato che sono in grado di tollerare temperature elevate (a 33 °C = 100% vivi; a 37 °C = 35% vivi), anche se per breve tempo. Entrambi gli stati fisiologici (idratato ed essiccato) di *A. antarcticus* hanno dimostrato una buona resistenza alle radiazioni UV. Gli esemplari idratati hanno resistito fino alla dose di 61,9 kJ m⁻² (5% vivi), mentre quelli in stato essiccato fino alla dose di 74,8 kJ m⁻² (7,5% vivi). Negli animali attivi l'effetto negativo degli UV aumenta in combinazione con l'incremento della temperatura (LD₅₀ = 28,6 kJ m⁻²: 8 °C = 42,6% vivi; 15 °C = 1,7% vivi), così come negli esemplari secchi (LD₅₀ = 30,0 kJ m⁻²: 8 °C = 5,7% vivi; 15 °C = 0,0% vivi), dimostrando l'esistenza di un effetto sinergico di temperatura e radiazioni UV. Pur restando in attesa di maggiori informazioni sul ciclo vitale, si può formulare l'ipotesi che questa specie antartica possieda ampie potenzialità di sopravvivenza ad eventuali cambiamenti ambientali. Finanziamento: Programma Nazionale Ricerche in Antartide (PEA-2009).



CROSS-TALKING TRA SISTEMA OREXINERGICO E CATESTATINA NEL NUCLEO PERIVENTRICOLARE IPOTALAMICO DURANTE L'IBERNAZIONE DI *Mesocricetus auratus*

MARIA MELE, ENNIO AVOLIO, RAFFAELLA ALÒ, LUCIA MOSCIARO,
MARCELLO CANONACO

*Laboratorio di Neuroanatomia Comparata, Dipartimento di Ecologia, Biologia e
Scienze della Terra (DiBEST), Università della Calabria, Arcavacata di Rende*

L'ibernazione è una strategia adattativa che attraverso il rallentamento delle attività fisiologiche vitali consente ai Mammiferi di attivare processi molecolari protettivi verso insulti ischemici in aree cerebrali specifiche per il *feeding* e il *motor behaviors*, il controllo cardiovascolare, il ciclo sonno-veglia e la temperatura corporea. Tra queste, il nucleo periventricolare ipotalamico (Pe) rappresenta un importante centro di coordinamento di tali attività attraverso l'azione esercitata dal sistema orexinergico (ORXergico) e dal peptide neuroattivo catestatina (CST). A tal proposito, lo scopo di questo studio è stato quello di valutare gli effetti indotti dall'infusione del Pe con orexina-A (ORX-A), CST e ORX-A+CST su *motor behaviors* e soprattutto sul *feeding* durante le varie fasi del ciclo d'ibernazione in un roditore ibernante facoltativo (*Mesocricetus auratus*). Dalla somministrazione dei suddetti agenti farmacologici è risultato il ruolo oressigenico predominante dell'ORX-A, mentre la CST ha indotto un effetto anti-obesità. L'analisi molecolare d'ibridazione *in situ* ha evidenziato un'elevata espressione del recettore 2 dell'ORX (ORX2R) indotta sia dal trattamento con ORX-A che con ORX-A+CST, durante la fase di ingresso, nei nuclei ventro- e dorso-mediale ipotalamici (VMH, DMH). Al contrario, il trattamento con CST ha determinato, durante tutte le fasi del ciclo d'ibernazione, un *up-regulation* del ORX2R maggiormente nel nucleo sopraottico (SO), sede di rilascio del peptide anoressigenico ossitocina, conducendo all'azione anti-obesità di tale peptide. Dall'analisi neurodegenerativa mediante Amino Cupric Silver Stain, inoltre, si è potuto constatare come tutti i trattamenti effettuati abbiano indotto una riduzione dei segnali argirofilici soprattutto nell'ipotalamo, supportando il suo ruolo come "centro di integrazione" delle attività cardiovascolari, del *feeding* e del ciclo sonno-veglia durante l'intero ciclo d'ibernazione. I risultati ottenuti suggeriscono, per la prima volta, l'esistenza di un *cross-talking* tra la CST e il sistema ORX2Rergico nel controllo di processi fisiologici adattativi tipici degli ibernanti che potrebbe costituire un meccanismo molecolare specifico e utile per la cura di patologie cardiovascolari correlate a disturbi del sonno.



PRIMI RISULTATI SULLA CARATTERIZZAZIONE DELLA SETA DI RAGNI SEGESTRIIDI VIVENTI NEL *NAMIB DESERT*

ERMINIA CONTI¹, EMANUELA BARBAGALLO², SALVATORE BATTIATO²,
ALESSANDRO MARLETTA¹, GIOVANNI COSTA¹, FILIPPO SAMPERI²

¹Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche ed Ambientali, sez. Biologia Animale, Università degli Studi di Catania; ²Istituto di Chimica e Tecnologia dei Polimeri, CNR, Catania

Il deserto del Namib rappresenta una importante ecoregione con innumerevoli endemismi. In varie pianure ghiaiose sono insediate abbondanti popolazioni di ragni Segestriidi del genere *Ariadna*, che scavano nel suolo tane cilindriche individuali, internamente tappezzate con tele di seta. Con questa ricerca abbiamo voluto analizzare le caratteristiche strutturali e meccaniche delle sete sia per verificarne eventuali differenze tra le diverse popolazioni sia per comprenderne il valore adattativo in un ambiente così estremo. In 5 stazioni (4 nel deserto ed 1 esterna) sono stati prelevati campioni di tele e di suolo e rilevati i parametri climatici. Le tele, preliminarmente purificate, sono state poi esaminate mediante spettroscopia infrarosso FTIR, spettrometria di massa MALDI-TOF ed analisi termica. L'analisi granulometrica ha rilevato che l'area esterna al deserto differisce dalle altre esaminate per una elevata presenza di limo ed una bassa presenza di ghiaia. Le sete estratte, analizzate mediante FT-IR, presentano proteine a bassa massa molare (2000-10000 g/mol) e ad alta massa molare (50000-70000 g/mol). Le componenti a bassa massa molare contengono tirosina, prolina, leucina, triptofano, glicina ed alanina, con particolari sequenze tirosina-prolina, tirosina-leucina, prolina-alanina. Gli spettri di massa per quanto simili, indicano differenze nella composizione proteica delle sete prelevate nei diversi habitat. Queste presentano inoltre una componente cristallina con temperature di fusione (T_m) comprese tra 130 °C e 180 °C: esse al massimo del picco sono risultate differenti nelle varie stazioni desertiche e comunque nettamente inferiori a quella relativa all'area esterna al deserto. Le differenze di T_m indicano una diversa composizione delle sete e/o un diverso valore di massa molare media (MM) a parità di composizione ammidica. Le sete presentano, infine, una componente amorfa con una temperatura di transizione vetrosa (T_g) di circa 36-40 °C. I risultati finora conseguiti indicano che le sete presentano composizioni e proprietà termiche probabilmente dipendenti dalle condizioni pedoclimatiche dei differenti habitat. Il proseguimento dello studio lascia pertanto ipotizzare il possibile futuro impiego della caratteristica strutturale della seta quale carattere diagnostico aggiuntivo per l'identificazione di specie, come quelle del genere *Ariadna*, tuttora poco o male conosciute.



***Cerithidea decollata*, UN GASTEROPODE INTERTIDALE CHE FA COSE CHE NON È IN GRADO DI FARE**

ANNA MARTA LAZZERI, MARCO VANNINI, SARA FRATINI

Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Firenze, Firenze

Il Gasteropode *Cerithidea decollata* (Potamididae) è stato studiato in Kenya, in un mangroviato (Mida Creek) dominato da *Avicennia marina*. Le alte maree nel sito di studio variano da 0 a 80 cm (tra Neap e a Spring Tide, rispettivamente) con una disparità diurna oscillante tra 0 e 30%, mostrando qui un complicato andamento oscillante a denti di sega. *C. decollata* si nutre al suolo in bassa marea e si arrampica sui tronchi delle mangrovie (decine di individui per albero) 2-3 ore prima dell'arrivo dell'acqua, installandosi circa 40 cm sopra il livello che verrà raggiunto dalla marea ed evitando così regolarmente ogni contatto con l'acqua. A tutt'oggi non esistono solide ipotesi sul come gli animali siano in grado di prevedere non solo quando, ma anche quanto alta sarà la marea in arrivo.

Recentemente, a Mida Creek, abbiamo eseguito quattro esperimenti traslocando animali prelevati da siti riccamente abitati in siti a loro non familiari, in cui era presente la sola mangrovia *Rhizophora mucronata*, con un'escursione di marea assai più ampia (in 2 siti fino a 160 cm). Gli animali sono stati saggiati su tubi di PVC alti 200 cm, 20 cm di diametro, tubi che si erano già da tempo dimostrati ottimi sostituti dei tronchi di mangrovia.

È risultato che animali collocati nei pressi di tubi su cui la marea sarebbe arrivata ad altezza maggiore sono saliti più rapidamente e più in altro rispetto sia a tubi ove la marea sarebbe arrivata meno alta che rispetto ai controlli (animali saggiati nel loro ambiente familiare).

Apparentemente nessun segnale risultava disponibile in grado di far prevedere a *C. decollata* che quei particolari siti fossero ad un livello più basso (e quindi soggetti ad un'inondazione maggiore) rispetto a quelli da loro quotidianamente sperimentati, nessuna informazione che permettesse loro di risolvere un problema che noi stessi non saremmo stati in grado di risolvere senza avere prima sperimentato le condizioni di marea del sito ignoto. Le ipotesi che stiamo esaminando riguardano il possibile ruolo di micro-vibrazioni generate dall'onda oceanica, possibili effetti piezoelettrici, modificazioni del campo elettrico generato dagli alberi in funzione delle variazioni di salinità della falda e/o possibili rilasci di odori dalle piante stesse.



MEIOFAUNA VAGILE DA PARETI ROCCIOSE DI GROTTA MARINA SOMMERSA

RICCARDO RUSSO, GENUARIO BELMONTE

*Laboratorio di Zoogeografia e Fauna, Università degli Studi del Salento,
DiStEBA, Lecce*

Una sorbona è stata adattata al prelievo di meiofauna vagile da parete rocciosa verticale nella grotta sottomarina del Ciolo (Canale d'Otranto, Salento). La grotta sommersa è un tunnel a fondo cieco della lunghezza di 125 m che si sviluppa a 5 m sotto il livello del mare. Molti studi sono già stati condotti in questo sito, e con differenti metodi (*visual census*, campionamenti fotografici, reti da plankton, nasse, carote di sedimento, pannelli rimovibili). Nessuno di questi, comunque, è stato considerato utile per una raccolta rappresentativa del meiobenthos vagile di roccia. A dire il vero, la meiofauna vagile di grotta è un soggetto del tutto sconosciuto se si eccettuano gli studi pionieri (anni '60 del XX secolo) sugli Harpacticoida. L'esecuzione del campionamento ha dovuto tener conto delle regole basilari da rispettare durante le immersioni in grotta sommersa, ed ha richiesto un periodo di test di 4 successive immersioni e la collaborazione di due speleosubacquei.

I campioni raccolti, con replica, in tre punti a diversa distanza dall'ingresso della grotta, ed in due differenti stagioni, hanno fornito un insieme di organismi classificati secondo circa 100 categorie tassonomiche diverse. Questo numero, derivante da un totale di 12 campioni, da solo testimonia l'efficacia della raccolta se confrontato con quanto rinvenuto su 36 pannelli rimovibili in rappresentazione di 2 anni di tempo, o in 60 campioni di plankton raccolti con retino nell'arco di un anno.

Gli Harpacticoida sono stati considerati in dettaglio, con la scoperta di taxa nuovi per la Fauna d'Italia. Tra questi, rappresentanti non meglio identificati della famiglia Cletopsyllidae, del genere *Perissocope* (Harpacticidae), della specie *Thalestris rufoviolascens* (Thalestridae). La novità faunistica più rilevante, comunque, può essere considerata la raccolta di 36 adulti della specie denominata Harpacticoida *type 2*, nuova per la Scienza e assegnata alla famiglia Novocriniidae.



ANALISI METABOLOMICA IN *Mytilus galloprovincialis* TRASFERITI IN AMBIENTI FORTEMENTE INQUINATI DA STABILIMENTI PETROLCHIMICI

TIZIANA CAPPELLO¹, MARIA MAISANO^{1,2}, ALESSIA GIANNETTO¹, GIUSEPPE
LO PARO¹, SALVATORE FASULO^{1,2}, ANGELA MAUCERI^{1,2}

¹Dipartimento di Scienze Biologiche ed Ambientali, Università degli Studi di
Messina; ²Centro Universitario CUTGANA, Università degli Studi di Catania

La metabolomica ambientale rappresenta un approccio innovativo per individuare efficacemente le risposte strutturali e fisiologiche riscontrabili in organismi bioindicatori a seguito di contaminazione ambientale. Nell'ambito del biomonitoraggio, i mitili, in particolare il genere *Mytilus*, sono ampiamente utilizzati come organismi sentinella per una stima della qualità ambientale. Al fine di identificare nuovi *biomarkers* per monitorare gli effetti degli inquinanti in ambienti acquatici, sono state indagate le risposte metaboliche in tessuti diversi di esemplari di *Mytilus galloprovincialis* stabulati *in situ*.

Seguendo il disegno sperimentale, lotti omogenei di mitili provenienti da un'area di controllo, sono stati trasferiti in gabbie collocate sul fondo marino in un'area petrolchimica altamente inquinata di Priolo (SR) e in una di riferimento, Vendicari (SR), lungo la costa orientale della Sicilia. Dopo 30 giorni, i mitili sono stati prelevati, ed è stato valutato il contenuto di IPA nei tessuti. Le ghiandole digestive (GD), principale sito di bioaccumulo di xenobiotici, e le branchie (B), organo deputato alla respirazione/ alimentazione, sono state analizzate mediante Spettroscopia di Risonanza Magnetica Nucleare Protonica (1H NMR), e gli spettri acquisiti sottoposti ad analisi quali-quantitativa e statistica multivariata (PCA).

Dai risultati ottenuti, in entrambi gli organi si sono osservate diverse classi di metaboliti coinvolti in meccanismi di difesa cellulare, con concentrazioni 10 volte superiori in GD rispetto a B e dominanza di Betaina e Taurina. La PCA ha distinto chiaramente i due siti indagati, e tali differenze sono state associate a variazioni nei metaboliti in correlazione alla funzione fisiologica degli organi in esame. Incrementi in amminoacidi (in GD e B) e osmoliti (in B) indicano alterazioni nell'osmoregolazione nei mitili stabulati a Priolo. Variazioni di Glucosio (ridotto del 68% in GD e aumentato del 118% in B) con aumento di intermedi del ciclo di Krebs e ADP/ATP, e riduzione di Glicogeno (solo in B) indicano alterazioni nel metabolismo energetico. Si può anche ipotizzare una compromissione della neurotrasmissione per le variazioni di Serotonina, Acetilcolina e Tirosina osservate nelle branchie degli individui collocati nel sito influenzato dai reflui industriali.

I dati riportati dimostrano l'efficacia della metabolomica in studi di ecocitotossicologia per una valutazione degli impatti diretti ed indiretti in

condizioni di alterata omeostasi ambientale. Inoltre, rispetto all'esclusivo utilizzo di metodologie fisiche e chimiche, tali indagini consentono la precoce individuazione dei potenziali fattori di rischio ai diversi livelli delle comunità biologiche fino all'uomo.



EFFETTO DELLA MICROGRAVITÀ SU CELLULE DI *Paramecium primaurelia* (PROTOZOA)

ANDREA AMAROLI, GIANLUCA DORIGO, MARIA ANGELA MASINI, FEDERICO BIGGI, LORENZO GALLUS, SONIA SCARFÌ, TOMMASO BONFIGLIO, MARIA GIOVANNA CHESSA

Dipartimento di Scienze della Terra, dell'Ambiente, della Vita, Università degli Studi di Genova

La conquista dello spazio subirà nei prossimi decenni un notevole incremento. Tuttavia, le conoscenze degli effetti che un ambiente così estremo e diverso dal pianeta Terra possono produrre in seguito a più o meno lunghe esposizioni, sono poco noti. In questo studio abbiamo preso come modello sperimentale il protozoo ciliato *Paramecium primaurelia* in quanto rappresenta un eccellente saggio di laboratorio per la valutazione degli effetti di alterazioni ambientali. *Paramecium*, presentando cicli cellulari brevi, consente di analizzare, in tempi rapidi, tali effetti su un cospicuo numero di cellule, su popolazioni geneticamente omogenee e per generazioni successive. Inoltre, i protozoi sono i progenitori dei metazoi e pertanto le loro risposte sperimentali possono essere correlate a quelle degli animali. Cellule di *P. primaurelia* in fase logaritmica di crescita sono state esposte per 24 e 48 ore a condizioni estreme di microgravità simulata mediante un clinostato, strumento in grado di ricreare sulla Terra (gravità 1 g), quasi perfettamente, la mancanza di gravità (10^{-2} – 10^{-4} g). Sono stati valutati tramite delle sonde fluorescenti la capacità di produrre vacuoli alimentari nonché attraverso anticorpi l'organizzazione della tubulina e la presenza di proteine acquaporine, recentemente proposte come proteine canale aventi un ruolo nel processo di fusione degli acidosomi con il vacuolo alimentare in formazione durante il processo di digestione cellulare. Sono state inoltre evidenziate la morfologia e l'integrità del macronucleo attraverso il colorante 4',6-diamidin-2-fenilindolo (DAPI). Le cellule esposte a microgravità simulata mostrano un crescente livello di alterazione della tubulina a livello del citostoma, nonché una incapacità di produrre vacuoli alimentari e la quasi completa assenza di proteine acquaporine. Il macronucleo mostra morfologie alterate e nella maggior parte delle cellule risulta frammentato. In conclusione, le cellule di *P. primaurelia* esposte a microgravità simulata presentando disorganizzazione a livello della tubulina del citostoma non risultano in grado di alimentarsi, passando dalla fase logaritmica di crescita alla fase di affamamento caratterizzata dalla frammentazione del macronucleo.



SIMPOSIO 1:
AMBIENTI ESTREMI

Poster



CAMBIAMENTI NELLA COMPOSIZIONE DEI LIPIDI DI MEMBRANA IN SPECIE MARINE DI *Euplotes* ADATTATI A DIFFERENTI AMBIENTI

ANDREA ANESI¹, CLAUDIO ALIMENTI², ADRIANA VALLESI², GRAZIANO GUELLA¹

¹Laboratorio di Chimica Bioorganica, Dipartimento di Fisica, Università di Trento; ²Laboratorio di Microbiologia Eucariotica e Biologia Animale, Dipartimento di Scienze Ambientali, Università di Camerino

La maggior parte della biosfera terrestre (> 70%) è fredda ed esposta a temperature al di sotto di 15 °C. Tali ambienti sono spesso dominati da microrganismi definiti psicrofili, ossia in grado di riprodursi a basse temperature, comprese tra 0 °C e 20 °C. Per colonizzare tali ambienti, i microrganismi psicrofili hanno evoluto differenti strategie, quali la produzione di proteine anti-gelo, di crioprotettanti, di enzimi che non denaturano a basse temperature e la modificazione della fluidità della membrana plasmatica. In questo lavoro, è stata investigata la composizione dei lipidi di membrana in quattro specie di ciliati marini appartenenti al genere *Euplotes*: *E. polaris* (artico e antartico), *E. focardii* (antartico), *E. raikovi* (Mar Adriatico) e *E. crassus* (Mar Tirreno). I lipidi totali sono stati estratti usando il metodo di Bligh & Dyer (1959) e preliminarmente sottoposti ad analisi ¹H-NMR e ³¹P-NMR. I campioni sono stati poi analizzati mediante RPLC-IT-ESI-MS in modalità positiva e negativa. Gli esteri metilici per analisi GC-FID/MS sono stati ottenuti mediante reazione di Fisher in ambiente acido. Sono stati identificate 13 classi di lipidi, distribuite in diverso modo nelle quattro specie indagate. Sorprendentemente, l'indice di insaturazione delle fosfatidilcoline (PC), classe di lipidi più abbondante in *Euplotes*, e di altri lipidi è più basso nei ceppi polari rispetto a quelli temperati. Le fosfatidiletanolamine (PE) sono invece più insature in *E. polaris* rispetto agli altri ceppi ma non sono presenti nell'altro ceppo polare *E. focardii*, che presenta però specie di fosfatidilglicerol (PG), fosfatidilinositol (PI) e lipidi polari altamente insaturi. L'adattamento di *Euplotes* ad ambienti inospitali è specie-specifico ed è basato su una complessità che va oltre il semplice accumulo di lipidi insaturi. Una caratteristica trasversale ai quattro ceppi è l'elevata percentuale di fosfolipidi recanti catene alchiliche (plasmenil e plasmalogeni) invece che aciliche, soprattutto in PC e PE, e l'abbondanza dell'acido grasso 18:3 (ω 3), costituente almeno il 28% degli acidi grassi totali.



RISCHIO AMBIENTALE NELL'AREA COSTIERA DI GELA: BIOMONITORAGGIO SU *Trachurus trachurus*

CONCETTA CALABRÒ¹, CLARA BERTUCCIO¹, DEBORAH PALOMBIERI¹,
ALESSIO ALESCI⁴, FRANCESCA DE DOMENICO¹, ROBERTO ZENA²,
MARGHERITA CALO³, PATRIZIA LO CASCIO¹

¹Dipartimento di Scienze Biologiche e Ambientali; ²Dipartimento di Scienze del
Farmaco e Prodotti per la Salute; ³Dipartimento di Scienze Veterinarie,
⁴Dipartimento S.A.S.T.A.S., Università degli Studi di Messina

Il territorio di Gela è stato dichiarato dall'Organizzazione Mondiale della Sanità "ad alto rischio di crisi ambientale" per la presenza del Polo petrolchimico che ha arrecato gravi danni all'ambiente e alla salute degli abitanti, con un elevato aumento del tasso di tumori e malformazioni. È stato condotto uno studio morfologico ed immunoistochimico allo scopo di valutare gli effetti dell'impatto ambientale su organi *target*, branchie, muscolo e fegato, di *Trachurus trachurus*, specie ittica utilizzata come biomonitor, campionata nell'area costiera di Gela. A tale scopo sono stati utilizzati come *biomarkers* il citocromo CYP1A, isoforma enzimatica coinvolta nei processi di detossificazione, e la p53, proteina con funzione di gene soppressore tumorale. Il protocollo sperimentale ha previsto campionamenti in vari punti dell'area costiera, in periodi differenti dell'anno, con l'obiettivo di valutare le risposte biochimiche e metaboliche degli organismi in presenza degli agenti inquinanti presenti nell'ambiente marino costiero, ecosistema complesso e dinamico. Lo studio morfologico ha evidenziato alterazioni strutturali come iperplasia dell'epitelio respiratorio, deformazione delle lamelle e congestione dei vasi sanguigni nelle branchie, aumento degli spazi interfibrillari nel muscolo, vacuolizzazione degli epatociti, congestione sinusoidale e aumento dei centri melanomacrofagici nel fegato, confermando che la maggior parte delle sostanze inquinanti si accumula in ordine decrescente nei tessuti di fegato > rene > branchie ~ intestino > muscolo. Le indagini immunoistochimiche hanno evidenziato una induzione sia del CYP1A, enzima preposto alla biotrasformazione di sostanze esogene ed endogene, sia della p53, gene soppressore tumorale. Tali alterazioni, indicatori di stress ambientale, sono state particolarmente evidenti nelle branchie, organi altamente esposti a sostanze inquinanti trasportate dall'acqua, importanti siti di assorbimento di esse, e nel fegato, organo metabolico per eccellenza, soprattutto nei pesci campionati nei mesi più caldi e in prossimità del Polo petrolchimico, confermando l'inquinamento ambientale del Golfo di Gela in conseguenza degli interessi economici che vi si accentrano.



CLONAGGIO ED ESPRESSIONE DI QUATTRO NUOVE SEQUENZE GENICHE CODIFICANTI LA PEROSSIREDOSSINA 6 IN PESCI ANTARTICI

DIANA FERRO¹, FRANCO CATTALINI², RIGERS BAKIU³, GIANFRANCO SANTOVITO²

¹*Institute for Evolution and Biodiversity, Westfälische Wilhelms-Universität, Münster, Germany;* ²*Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Padova, Padova, Italy;* ³*Department of Crop Production, Agricultural University of Tirana, Tirana, Albania*

Le perossiredossine (Prx) sono una famiglia di non-selenio perossidasi di piccole dimensioni (22-27 kDa) che sono in grado di ridurre perossido di idrogeno, idroperossidi organici e perossinitrito, rappresentando così una classe di importanti enzimi antiossidanti che proteggono le cellule contro lo stress ossidativo. In questo lavoro abbiamo caratterizzato per la prima volta la perossiredossina 6 (Prx6) in quattro specie di teleostei antartici (*Trematomus bernachii*, *Trematomus pennelli*, *Gymnodraco acuticeps* e *Chionodraco hamatus*) campionati nel mare di Ross (Baia Terra Nova) nel corso della XVII e della XXI Spedizione Italiana in Antartide, e studiato la trascrizione di questo gene in diversi tessuti, anche in relazione con altri geni del sistema antiossidante, come la superossido dismutasi e glutatione perossidasi. Le sequenze amminoacidiche e nucleotidiche e di questi geni mostrano un'elevata omologia rispetto a Prx di altri metazoi. I residui importanti per la catalisi, inclusi in una tetraide specifica per l'attività fosfolipasica e per l'attività perossidasi, sono conservati. La nostra ricostruzione filogenetica ha confermato l'origine monofiletica del gruppo Prx6. La distribuzione all'interno del clade delle Prx6 dei teleostei antartici riflette l'evoluzione delle specie in quanto le due sequenze di *Trematomus* (famiglia Nototheniidae) emergono insieme e separate dalle Prx6 di *C. hamatus* e *G. acuticeps*, specie appartenenti rispettivamente alle famiglie Channichthyidae e Bathydraconiade. Per capire meglio l'evoluzione delle Prx nei teleostei antartici, sarà necessario caratterizzare le sequenze di altre specie, con l'obiettivo di migliorare la nostra ricostruzione filogenetica. La trascrizione del gene *prx6* è stata studiata in tre specie: *G. acuticeps*, *T. bernachii* e *C. hamatus*. I dati indicano che la trascrizione è presente in tutti i tessuti, specialmente nel muscolo scheletrico e cardiaco, probabilmente in relazione alla loro elevata attività metabolica.

(Progetto finanziato dal M.I.U.R.).



ELEMENTI RIPETUTI IN SPECIE POLARI

MARIKO FORCONI¹, MARIA ASSUNTA BISCOTTI¹, MARCO BARUCCA¹,
TERESA CAPRIGLIONE², ENNIO COCCA³, ETTORE OLMO¹, ADRIANA
CANAPA¹

¹Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente, Università Politecnica delle Marche; ²Dipartimento di Biologia Strutturale e Funzionale, Università degli Studi di Napoli "Federico II"; ³Istituto di Biochimica delle Proteine, CNR, Napoli

Gli elementi ripetuti costituiscono una frazione notevole dei genomi eucariotici. Precedentemente ritenuti "DNA junk", vengono oggi rivalutati per le implicazioni che la loro propagazione comporta nell'evoluzione del genoma. Identificare e caratterizzare gli elementi ripetuti su specie polari può fornire importanti informazioni sul ruolo di tali sequenze nell'adattamento agli ambienti estremi. Nell'ambito del Progetto Nazionale di Ricerca in Antartide sono stati caratterizzati elementi ripetuti e trasponibili del bivalve antartico *Adamussium colbecki* e dei pesci artici del genere *Lycodes*. Il bivalve è stato analizzato tramite la costruzione di una libreria genomica il cui screening ha consentito di identificare sequenze riconducibili al core centrale dell'elemento trasponibile CVA; a elementi trasponibili di Classe II tipo helitron, polinton, zator, EnSpm; e ad un elemento LINE CR1/L2. Del genere *Lycodes* (Perciformes: Zoarcidae), uno dei gruppi ittici maggiormente diffusi in ambiente artico, sono state analizzate cinque specie nelle quali sono stati isolati, tramite PCR e sequenziamento, retrotrasposoni LINE Rex1 e Rex3. Mediante analisi filogenetica si è evidenziata la stretta relazione evolutiva delle sequenze Rex3 ottenute con gli elementi Rex3 dei pesci antartici Notothenioidei.



RISPOSTE MOLECOLARI DI *Mytilus galloprovincialis* A CONDIZIONI ESTREME DI IPOSSIA

ALESSIA GIANNETTO, MARIA MAISANO, TIZIANA CAPPELLO, VINCENZO PARRINO, SABRINA OLIVA, ANTONINO NATALOTTO, SALVATORE FASULO
Dipartimento di Scienze Biologiche e Ambientali, Università degli Studi di Messina

Il costante aumento dell'attività antropica, negli ultimi anni, ha determinato un crescente interesse per l'impatto ecologico sugli ecosistemi acquatici. L'ipossia è una condizione che sovente si manifesta negli ecosistemi marini e, sebbene possa essere il risultato di fattori naturali, più spesso è determinata da fenomeni di eutrofizzazione e da attività antropica. La maggior parte degli organismi acquatici, e in particolare gli invertebrati marini, hanno sviluppato strategie di adattamento alle fluttuazioni dei livelli di ossigeno mediante meccanismi comportamentali, fisiologici e biochimici, che determinano la regolazione del metabolismo e la modulazione dell'espressione genica; tuttavia, la comprensione della risposta molecolare all'ipossia in questi organismi necessita ulteriori indagini. La regolazione dell'espressione genica in risposta alla disponibilità di ossigeno cellulare è modulata principalmente dal fattore di trascrizione HIF-1 α (*Hypoxia-Inducible Factor-1 α*) ampiamente studiato nei sistemi biologici modello, ma ancora poco indagato negli organismi ipossia-tolleranti come gli invertebrati sessili. L'obiettivo del presente studio è indagare la risposta biologica a condizioni estreme di ipossia in individui di *M. galloprovincialis* sottoposti sperimentalmente ad *air exposure* per 48 ore analizzando il pattern di espressione genica correlato all'assenza di ossigeno.

L'analisi quantitativa, mediante qPCR, ha evidenziato, per la prima volta nei mitili, l'induzione dell'espressione di *Hif1 α* nell'epitelio branchiale in risposta all'assenza di ossigeno. Il profilo temporale dei livelli di mRNA è caratterizzato da un aumento di *Hif1 α* già nelle prime ore di *air exposure* e la distribuzione dei trascritti risulta essere tessuto-specifica. La risposta allo stress ossidativo è stata inoltre valutata attraverso lo studio dell'espressione di *Superoxide dismutase* e *Catalase* che risultano sovraespressi negli organismi trattati rispetto ai controlli. Infine è stata dimostrata un'induzione di *Metallothioneins* e *Heat shock protein 70* in relazione alla diminuzione di ossigeno suggerendo, per queste proteine, un'ulteriore coinvolgimento rispettivamente nella risposta antiossidante e nel mantenimento del corretto *fold*ing proteico durante lo stress metabolico indotto da anossia.

Il presente studio ha permesso l'identificazione di *marker* molecolari specifici di risposta dei mitili alla mancanza di ossigeno contribuendo all'ampliamento delle conoscenze dei meccanismi di tolleranza all'ipossia degli invertebrati marini.



ESSICCAMENTO E PRODUZIONE DI SPECIE REATTIVE DELL'OSSIGENO (ROS) IN TARDIGRADI ANIDROBIONTI

ILARIA GIOVANNINI, ROBERTO GUIDETTI, LORENA REBECCHI

Dipartimento di Scienze della Vita, Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia

Anche se l'acqua è essenziale per la vita, organismi di linee evolutive diverse hanno sviluppato la capacità di tollerare un essiccamento estremo entrando in un particolare stato fisiologico reversibile, detto anidrobiosi. Con questo adattamento, rotiferi bdelloidei, nematodi e tardigradi perdono fino al 97% dell'acqua corporea, con sospensione del metabolismo e cambiamenti nell'organizzazione e composizione molecolare delle membrane cellulari. Nei tardigradi essiccati, la sopravvivenza a lungo termine è inversamente proporzionale a temperatura, umidità relativa dell'aria e pressione parziale di ossigeno, fattori abiotici che contribuiscono a danneggiare le molecole biologiche. Una delle principali cause di danno durante l'anidrobiosi sembra essere lo stress ossidativo, dovuto al disequilibrio fra l'eccessiva produzione di specie reattive dell'ossigeno (ROS) e la limitata attività degli antiossidanti. Tuttavia, la produzione di ROS durante l'essiccamento è ben documentata solo in pochi organismi, soprattutto autotrofi, mentre mancano praticamente dati sugli animali anidrobionti e, soprattutto, sull'effettivo accumulo di ROS durante la permanenza in anidrobiosi per lunghi periodi di tempo.

È stata quindi valutata la produzione di ROS nell'eutardigrado anidrobionte *Paramacrobiotus richtersi*, analizzando animali essiccati sperimentalmente in laboratorio [4 h a 18 °C e 80% di umidità relativa dell'aria (RH); 4 h a 18 °C e 50% RH; 12 h in gel di silice] e mantenuti essiccati per vari periodi di tempo (da 1 a 20 giorni). Come controllo sono stati utilizzati animali mantenuti idratati. La produzione di ROS è stata valutata nei globuli cavitari, cellule libere nella cavità corporea dei tardigradi, dopo trattamento degli animali con il marcatore 2,7 diclorodihidrofluoresceina diacetato (DCFH₂-DA) e successiva rilevazione della quantità del prodotto di ossidazione fluorescente 2,7 diclorofluoresceina (DFC), mediante microscopia confocale a scansione laser.

I primi dati indicano che in *P. richtersi* l'entrata in anidrobiosi di per sé non determina la produzione di elevate quantità di ROS, sebbene sia stato dimostrato un incremento dell'attività degli enzimi antiossidanti negli esemplari essiccati rispetto a quelli idratati. La produzione di ROS sembra aumentare quando gli animali essiccati sono mantenuti in anidrobiosi per lunghi periodi di tempo.



***Branchipus schaefferi* E *Tanymastix stagnalis* (CRUSTACEA, ANOSTRACA) DEL LAGO DELL'ORSO: UN CASO DI SINTOPIA FRA DUE SPECIE TIPICAMENTE ALLOPATRICHE**

PAOLA ZARATTINI¹, GRAZIELLA MURA²

¹Dipartimento di Scienze della Vita, Università degli Studi di Trieste; Dipartimento di Biologia e Biotecnologie Charles Darwin, Università degli Studi di Roma "La Sapienza"

La mancanza di caratteri morfologici specie-specifici a livello larvale rende impossibile distinguere la maggior parte delle specie di Anostraci durante i primi stadi di sviluppo (nauplio, metanauplio e juvenis). Ciò ha impedito fino ad oggi di comprendere a pieno i meccanismi di coesistenza attuati da questo taxon, limitando le osservazioni in natura alla fase adulta o alle popolazioni allopatriche. In questo studio proponiamo l'applicazione di un metodo di statistica multivariata per distinguere specie sintopiche a partire dalla schiusa fino al raggiungimento dell'età adulta. *Branchipus schaefferi* e *Tanymastix stagnalis*, specie tipicamente allopatriche, coesistono in una piccola pozza d'alpeggio situata a 1811 m s.l.m. nel Parco Nazionale del Gran Sasso e dei Monti della Laga (Marche, Italia Centrale). Durante quattro anni di studio il sito è stato visitato settimanalmente per la raccolta dei campioni. Le larve, fissate in alcool 80%, sono state suddivise in 6 stadi di sviluppo e sono state misurate considerando 5 variabili morfometriche. L'elaborazione statistica dei dati ci ha permesso di restituire ciascun individuo alla sua specie d'appartenenza, evidenziando alcuni tratti fondamentali del ciclo vitale delle due specie presenti. In particolare, abbiamo potuto osservare che le due specie schiudono simultaneamente e che, in seguito, mostrano una diversa sensibilità alle fluttuazioni delle variabili ambientali: sia il raggiungimento dell'età adulta che il tasso di sopravvivenza sembrano strettamente legati all'andamento climatico dell'anno in studio, che ha quindi un diverso impatto sul ciclo vitale delle due specie in relazione alla forte instabilità del biotopo colonizzato. Al contrario, la velocità di crescita mostra un andamento costante durante tutti gli anni di campionamento e, a parità di stadio di sviluppo, le larve di *T. stagnalis* raggiungono una taglia corporea significativamente maggiore rispetto a quelle di *B. schaefferi*. I risultati sino ad ora ottenuti suggeriscono che durante lo sviluppo larvale le due specie coesistono grazie ad un meccanismo di esclusione trofica.



INTERAZIONE TRA HSP90 E SISTEMA NEURONALE ORXERGICO DURANTE L'ESPOSIZIONE CRONICA AL RAME NEL TELEOSTEO MARINO *Thalassoma pavo*

MERYLIN ZIZZA, ROSA MARIA FACCIOLO, MARCELLO CANONACO

Laboratorio di Neuroanatomia Comparata, Dipartimento di Ecologia, Biologia e Scienze della Terra (DiBEST), Università della Calabria, Arcavacata di Rende

Di recente, il sistema neuronale dell'orexina (ORX) è stato proposto come elemento cruciale nella modulazione di risposte allo stress indotto da inquinanti ambientali. Nonostante ciò, poche informazioni sono disponibili sulla sua interazione con fattori molecolari di protezione, come le *Heat Shock Proteins* (HSP). Con l'intento di valutare gli effetti comportamentali, la risposta neurotrascrizionale dell'HSP90 e i possibili danni neuronali (tramite Amino Cupric Silver Stain), indotti da un'esposizione prolungata al rame (Cu), esemplari di *Thalassoma pavo* sono stati esposti per 21 giorni (d) a una concentrazione nominale subletale di 0,25 mg/L di CuCl₂. Per verificare l'interazione tra l'HSP90 e il sistema ORXergico, al 21 d di esposizione alcuni pesci sono stati sottoposti ad iniezione intraperitoneale di ORX-A (10 ng/g peso corporeo). A partire dal 14 d è stata osservata una notevole ($p < 0,01$) riduzione (-78%) del *feeding*, rispetto ai controlli, divenuta molto pronunciata ($p < 0,001$; -94%) al 21 d. In concomitanza, è stata riportata una notevole riduzione (-74%) dello *swimming*, sin dal 7 d, che corrispondeva ad un incremento significativo (~+145%) dello stato di *rest*. Durante tale periodo sono stati registrati movimenti continui dell'animale verso la superficie dell'acqua e comportamenti motori insoliti, come scatti improvvisi e repentini oltre a perdita di equilibrio durante il nuoto. A livello cerebrale, il Cu ha indotto una generale *up-regulation* dell'HSP90, rispetto ai controlli, come nel caso dei tori longitudinali (TL0; +108%) e della parte laterale del telencefalo dorsale (DL; +72%). In parallelo, numerosi siti encefalici risultavano interessati da eventi degenerativi ed in particolare il telencefalo e il nucleo diffuso del lobo inferiore (NDLI). È stato anche possibile notare come l'ORX-A fosse in grado di attenuare alcune alterazioni comportamentali Cu-dipendenti e l'*up-regulation* dell'HSP90. Contrariamente a ciò, l'ORX-A induceva solo un lieve miglioramento dell'argirofilia causata dal Cu in alcune regioni encefaliche. In conclusione, questi risultati forniscono le prime evidenze sulle alterazioni comportamentali, indotte da un'esposizione cronica al Cu in un teleosteo marino, proponendo il *cross-talking* tra HSP90 e il sistema ORXergico come fattore adattativo allo stress indotto dai metalli, con conseguente attivazione dei meccanismi neuronali di riparazione nei pesci.



SIMPOSIO 2: IMMUNITÀ ED EVOLUZIONE

Chairpersons: Enzo Ottaviani, Nicolò Parrinello

Geni, molecole, cellule e meccanismi dell'immunità sono gli attori dei sistemi di difesa interni essenziali alla sopravvivenza di tutti gli organismi. Il riconoscimento del self/non self e la varietà di risposte che riscontriamo anche in organismi unicellulari e la loro partecipazione ai processi dello sviluppo ne mettono in risalto il significato evolutivo. Si configurano percorsi che seguono strade diverse ma che spesso si intersecano.

Comunicazioni



THE SWEET TOOTH OF INNATE IMMUNITY: THE FIRST BARRIER OR THE TROJAN HORSE?

GERARDO R. VASTA

Department of Microbiology and Immunology, University of Maryland School of Medicine, Institute of Marine and Environmental Technology, Baltimore, Maryland, USA

Although lectins display a limited diversity in recognition, the presence of tandemly arrayed carbohydrate recognition domains (CRDs), of chimeric structures displaying distinct CRDs, of polymorphic genes resulting in multiple isoforms, and in some cases, of a considerable recognition plasticity of their carbohydrate binding sites, significantly expand the lectin ligand-recognition spectrum and lectin functional diversification. Analysis of structural/functional aspects of galectins and F-lectins—the most recently identified lectin family characterized by a unique CRD sequence motif, a distinctive structural fold, and nominal specificity for L-Fuc—has led to a greater understanding of self/non-self recognition by proteins with tandemly arrayed CRDs. Since their initial description, galectins were considered to bind endogenous (“self”) glycans and mediate developmental processes, including cell differentiation and tissue organization or regeneration. In the past few years, however, numerous studies have described the diverse regulatory effects of galectins on immune homeostasis and cancer. More recently, however, evidence has accumulated to support the notion that galectins also bind exogenous (“non-self”) glycans on the surface of potentially pathogenic microbes, parasites, and fungi, suggesting that galectins could function as pattern recognition receptors (PRRs). Galectins, however, can bind similar self/non-self molecular patterns on host and microbial cells. Furthermore, although some galectins can bind and kill bacteria, thereby displaying activity as innate immune recognition and effector factors, it appears that in most cases galectin-mediated recognition favors the potential pathogen rather than the host. Therefore, some galectins do not fit the definition of PRRs, underscoring the significant gaps in our knowledge about the structural and functional diversity, subcellular targeting, localization, and secretion of the galectin repertoire components in any given species, and the host-parasite co-evolutionary processes that have resulted in such interactions.

(Supported by Grant 5R01GM070589 from NIH, and IOS 1050518, IOB- 0618409 and IOS0822257 from NSF).



GENI ORTOLOGHI E PARALOGHI NEL MECCANISMO DI RICONOSCIMENTO *SELF/NON-SELF* DEI CILIATI

ADRIANA VALLESI¹, CLAUDIO ALIMENTI¹, GRAZIANO DI GIUSEPPE²,
FERNANDO DINI², PIERANGELO LUPORINI¹

¹Laboratorio di Biologia Animale e Microbiologia Eucariotica, Università degli Studi di Camerino; ²Dipartimento di Biologia, Università di Pisa

Il riconoscimento *self/non-self* dei ciliati si manifesta in relazione al fenomeno sessuale della coniugazione ed è legato all'evoluzione dei *mating type*, due come i sessi di animali e piante in alcune specie, multipli con numero sia determinato che indeterminato in altre. Le specie di *Euplotes* sono esemplificative dei sistemi multipli di tipo "aperto", con *mating-type* chimicamente distinti uno dall'altro da proteine-segnale diffusibili nell'ambiente, note come feromoni. Sulla base di analisi mendeliane dell'eredità dei *mating-type*, è stato per anni ritenuto che il locus genico del *mating type* (locus *mat*) fosse unico in tutte le specie di *Euplotes*. La caratterizzazione strutturale di alcuni feromoni purificati da tre ceppi interfecondi di *E. crassus* ci ha permesso di condurre una caratterizzazione strutturale anche dei geni che codificano questi feromoni nel genoma trascrizionalmente attivo (macronucleare) della cellula. È risultato che *E. crassus* (e verosimilmente le specie che gli sono strettamente correlate come *E. minuta* e *E. vannus*) contiene non uno, ma due distinti loci *mat*. Un locus, orologio, appare essersi diversificato per evoluzione del locus *mat* di specie filogeneticamente distanti da *E. crassus*, come *E. raikovi* e *E. nobilii*; vi segregano geni determinanti i feromoni che sono *mating-type* specifici. L'altro locus, paralogo, appare invece essersi originato per duplicazione genica; vi segregano geni determinanti feromoni che non sono *mating-type* specifici. Ipotizziamo che questi feromoni strutturalmente identici tra *mating type* mutualmente compatibili siano in grado di interagire con i feromoni *mating-type* specifici e con i loro recettori di membrana, provocando un segnale *self* che previene l'appaiamento in coniugazione e scambio genico tra cellule di uno stesso *mating-type*. Questi due fenomeni sono del tutto usuali nelle specie con feromoni determinati ad un solo locus *mat*.



EVOLUZIONE DEL SISTEMA IMMUNITARIO DEI VERTEBRATI: INFORMAZIONI DALL'ANALISI TRASCRIPTOMICA DEL CELACANTO INDONESIANO (*Latimeria menadoensis*)

FRANCESCO BUONOCORE¹, ALBERTO PALLAVICINI², MARCO GERDOL²,
GIANLUCA DE MORO², ANNA MARIA FAUSTO¹, MARIKO FORCONI¹, ADRIANA
CANAPA³, MARCO BARUCCA³, MARIA ASSUNTA BISCOTTI³, ETTORE OLMO³,
GIUSEPPE SCAPIGLIATI¹

¹Dipartimento per l'Innovazione nei Sistemi Biologici Agroalimentari e Forestali,
Università degli Studi della Tuscia; ²Dipartimento di Scienze della Vita, Università
degli Studi di Trieste; ³Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente,
Università Politecnica delle Marche

Il celacanto è un pesce che si credeva fosse estinto nel tardo Cretaceo. Sorprendentemente, nel 1938, il primo esemplare vivente di celacanto fu scoperto in Sud Africa e fu chiamato *Latimeria chalumnae*. Nel 1997, una seconda specie di celacanto, denominata *Latimeria menadoensis*, fu trovata in Indonesia. Le due specie di celacanto sono morfologicamente molto simili ma differiscono dal punto di vista genetico. Avendo avuto la possibilità di accedere ad alcuni campioni di *Latimeria menadoensis*, abbiamo deciso di focalizzare il nostro lavoro sull'analisi trascrittomiche da fegato e testicoli, utilizzando le tecnologie di sequenza di ultima generazione (NGS) mediante la piattaforma Illumina. Con questa strategia si sono ottenute più di 140.000.000 di sequenze (circa 76.000.000 dal fegato e 68.000.000 dai testicoli). Dopo un accurato lavoro di assemblaggio e allineamento delle sequenze, ne sono state selezionate 66.000 di alta qualità con una lunghezza media di circa 1000 bp. Tali sequenze sono state annotate utilizzando la metodologia del *Gene Ontology* che ha permesso di selezionare le sequenze relative a trascritti di interesse per il sistema immunitario. Uno dei risultati più interessanti è la mancanza di trascritti per le IgM e la presenza, invece, di due trascritti per le IgW. Per quanto riguarda l'immunità adattativa sono stati evidenziati, tra gli altri, i trascritti codificanti per il TcR β , per il CD3 ϵ , CD3 ζ e CD3 γ/δ , e per il CD4 che sono stati analizzati dal punto di vista filogenetico. Per l'immunità innata, sono stati evidenziati i trascritti, tra gli altri, dell'IL-1 β , del lisozima di tipo-g e dell'IL-18. Per tutte le sequenze prese in considerazione si è evidenziato che i geni del sistema immunitario del celacanto sono molto più simili ai corrispondenti geni ortologhi dei tetrapodi rispetto a quelli corrispondenti presenti nei pesci Teleostei.



LA STIMOLAZIONE CON LPS MODIFICA I LIVELLI DI ESPRESSIONE E DISTRIBUZIONE TISSUTALE DI TRASCritti ALTERNATIVI PER UNA RTP IN *Ciona intestinalis*

AITI VIZZINI¹, ANGELA BONURA², DANIELA PARRINELLO¹, MARIA ANTONIETTA SANFRATELLO¹, VALERIA LONGO², PAOLO COLOMBO²
¹Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche, Università degli Studi di Palermo; ²Istituto di Biomedicina ed Immunologia Molecolare "Alberto Monroy", Consiglio Nazionale delle Ricerche, Palermo

Le ascidie (subphylum Tunicata) sono cordati invertebrati il cui sistema immunitario si basa esclusivamente su meccanismi dell'immunità innata quali ad esempio la risposta infiammatoria umorale e cellulare. Grazie alle conoscenze sul genoma di *Ciona intestinalis*, questa ascidia è diventata un modello per lo studio dell'evoluzione dei geni correlati con l'immunità. Precedenti ricerche hanno mostrato che la stimolazione con LPS rappresenta un buon modello sperimentale per studiare i geni coinvolti nella risposta immunitaria innata.

Ascidie sono state inoculate con LPS (sierotipo 055:B5) nella tunica a livello della regione mediana del corpo. RNA totali sono stati estratti da animali non trattati ed inoculati a diversi intervalli di tempo. Gli RNA (non trattato e trattato ad 1 ora) sono stati retro-trascritti e sottoposti ad un ciclo di ibridazione sottrattiva. I geni differenzialmente espressi sono stati clonati e sequenziati. I livelli di espressione e di distribuzione tissutale studiati mediante Real Time PCR e ibridazione *in situ*.

Lo screening della libreria sottrattiva ha permesso l'isolamento di due trascritti, *Ci8short* e *Ci8long*, generati dall'uso di due siti di poliadenilazione alternativi. *Ci8long* presenta rilevanti omologie con diversi componenti della famiglia dei Recettori delle Proteine di Trasporto (RTP). Studi di espressione hanno mostrato che, in seguito a stimolazione con LPS, si ha un incremento dell'espressione di *Ci8short* rispetto a *Ci8long*. Il trascritto relativo a *Ci8long* è stato identificato solamente negli emociti mentre quello per *Ci8short* è espresso negli emociti, nelle cellule endoteliali dei vasi e dell'epitelio del faringe.

Questi risultati hanno dimostrato che la regolazione dell'espressione genica basata su diversi siti di poliadenilazione è una potente strategia ancestrale che influenza sia il livello di espressione, sia la distribuzione tissutale di trascritti alternativi.



INDAGINI SUL SISTEMA DEL COMPLEMENTO NELL'ASCIDIA COLONIALE *Botryllus schlosseri*

NICOLA FRANCHI, LORIANO BALLARIN

Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Padova

Il sistema del complemento rappresenta una importante componente umorale del sistema immunitario dei vertebrati. I componenti del complemento possono essere suddivisi in 5 famiglie geniche: C3/C4/C5, Bf/C2, MASP/C1r-s, C6/C7/C8A/C8B/C9 e Fattore I.

Fino al 1984, si riteneva che il sistema del complemento fosse una prerogativa unica dei vertebrati dal momento che tutti i tentativi di identificare componenti del complemento negli invertebrati erano risultati vani. Negli anni recenti, l'approccio genomico ha rivelato la presenza di geni orloghi dei geni del complemento in deuterostomi, soprattutto echinodermi (echinoidei) e tunicati (ascidie), e protostomi.

Nel nostro laboratorio, abbiamo recentemente completato l'assemblaggio di una collezione di EST, ottenute nel nostro ed in altri laboratori, dell'ascidia coloniale *B. schlosseri* identificando molti trascritti con alta similarità con componenti del complemento dei vertebrati, quali C3, Bf, MASP, MBL e C6. Gli studi *in silico* indicano una stretta affinità tra C3, MASP e MBL di *Botryllus* e i rispettivi orloghi di altri cordati. In particolare, C6 è affine alle proteine C6 delle ascidie solitarie *Ciona intestinalis* e *Halocynthia roretzi* e condivide con esse l'assenza del dominio FIM, responsabile dell'interazione con le altre molecole del complemento nei vertebrati.

Studi di trascrizione dei geni dei componenti del complemento in *B. schlosseri* suggeriscono il coinvolgimento sia della via di attivazione lectinica sia di quella alternativa nella risposta al *non-self* e pongono il problema se la via litica sia effettivamente una caratteristica dei vertebrati.



IL SISTEMA DELLA PROFENOLOSSIDASI IN *Ciona intestinalis*. CARATTERIZZAZIONE E INTERAZIONE TRA FENOLOSSIDASI, PEROSSINECTINA E SUPEROSSIDO DISMUTASI Cu-Zn DIPENDENTE NELLA RISPOSTA INFIAMMATORIA INDOTTA DA LPS

MATTEO CAMMARATA, AITI VIZZINI, DANIELA PARRINELLO, MARIA ANTONIETTA SANFRATELLO, MARIAROSA TRAPANI, VALENTINA MANGANO, NICOLÒ PARRINELLO

Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche Chimiche e Farmaceutiche, Università degli Studi di Palermo

La posizione filogenetica chiave dei tunicati per lo studio sull'evoluzione dei cordati e le attuali conoscenze sul genoma di *Ciona intestinalis*, pongono questa specie come modello per lo studio dell'evoluzione delle risposte immunitarie.

La nostra ricerca, incentrata sul ruolo immunitario del faringe, ha finora messo in luce componenti e meccanismi dell'infiammazione tra cui la migrazione cellulare, fagocitosi, incapsulazione, complemento, sistema proPO, citotossicità, produzione di collagene, e attività degli emociti e dell'epitelio dei vasi.

Negli invertebrati, le fenolossidasi attivate partecipano ai processi di melanizzazione e sono coinvolti in diverse attività biologiche incluse le risposte immunitarie. Il contatto con agenti estranei attiva, attraverso un percorso mediato da serin-proteasi, il sistema della profenolossidasi (proPO) con la conseguente produzione della forma attiva dell'enzima (PO). Nelle ascidie la PO è una o-difenolossidasi contenuta negli emociti. Abbiamo dimostrato che queste cellule si infiltrano nella tunica di *C. intestinalis* dopo l'inoculo di LPS, e che il sistema proPO e le molecole correlate nella tunica sono componenti della risposta infiammatoria.

Le perossinectine, fanno parte della superfamiglia genica delle perossidasi/cicloossigenasi, funzionano come emoperossidasi e fattori di adesione cellulare, potrebbero essere coinvolte nelle reazioni immunitarie degli invertebrati e del sistema di attivazione PO. Sono stati inoltre esaminati gli aspetti biochimici, cellulari e molecolari delle PO. Sono stati identificati e caratterizzati i geni per la PO, per la perossinectina e per la SOD Cu-Zn dipendente. Abbiamo infine seguito l'espressione genica di queste molecole tramite Real-time PCR e ibridazione *in situ* nel corso del processo infiammatorio. L'espressione genica e l'interazione funzionale ipotetica di questi enzimi contribuiscono a una rete complessa responsabile della risposta infiammatoria nelle ascidie.

Questa ricerca è sostenuta dal finanziamento MIUR (PRIN 2010-2011).



L'EQUILIBRIO FRA MORTE E SOPRAVVIVENZA CELLULARE È REGOLATO DAI GENI DELL'AUTOFAGIA NELLA AUTOIMMUNITÀ

JULIANE BECHER¹, FRANCESCO CECCONI^{1,2,3}

¹Laboratorio di Neuroembriologia, IRCCS Fondazione Santa Lucia, Roma;

²Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Roma Tor Vergata, Roma;

³Unit of Cell Stress and Survival, Danish Cancer Society Research Center,
Copenhagen, Denmark

L'induzione del processo degradativo intracellulare noto come autofagia, evolutivamente conservato dal lievito all'uomo, è cruciale per la stimolazione dei linfociti T nei mammiferi. L'inattivazione specifica del gene pro-autofagico *Bcl1* (codificante la proteina Beclin 1) porta alla morte cellulare dopo stimolazione del recettore TCR, e protegge i topi di laboratorio dall'encefalomielite autoimmune sperimentale (un modello della sclerosi multipla umana), grazie al controllo dell'induzione di cellule T autoreattive.

Abbiamo scoperto che il cofattore di Beclin 1, AMBRA1, gioca un ruolo cruciale durante la stimolazione delle cellule T e il loro differenziamento. Una impressionante sovraregolazione di AMBRA1 ha luogo nelle cellule T stimolate, mentre le cellule T naïve a riposo sono caratterizzate da bassi livelli di AMBRA1. Questi eventi sono accompagnati da un aumento dell'autofagia, in particolare in condizioni che portano allo sviluppo di cellule Treg.

Nel corso della ricerca del *network* molecolare responsabile di questa regolazione, abbiamo scoperto che l'incremento di AMBRA1 correla con quello del fattore di trascrizione Foxp3, il principale regolatore delle Treg, e che Foxp3 attiva la trascrizione di AMBRA1. Abbiamo poi silenziato AMBRA1 nelle cellule T naïve per valutare il suo ruolo durante la stimolazione e il differenziamento; abbiamo quindi scoperto che questa proteina 1) svolge un ruolo anti-proliferativo durante il differenziamento delle cellule T e 2) esercita inoltre un *feedback* positivo su Foxp3. Infine, abbiamo indotto l'encefalomielite autoimmune sperimentale in topi mutanti per AMBRA1, rinvenendo in questo modello un esordio precoce della malattia e un severo peggioramento delle condizioni cliniche e fornendo così la prova dell'esistenza di un ruolo di AMBRA1 nel proteggere il sistema nervoso murino dalle malattie autoimmuni. Ciò avverrebbe molto probabilmente tramite la modulazione delle cellule Treg.

Nell'insieme, questi risultati indicano come l'autofagia e AMBRA1 siano in grado di svolgere un ruolo cruciale nel controllo della sopravvivenza e della proliferazione delle cellule T e stabilizzino il fenotipo delle cellule T regolatorie. Questa scoperta verrà discussa alla luce del diverso grado di conservazione evolutiva dei vari fattori di regolazione dell'autofagia.



FENOLOSSIDASI NELLE ASCIDIE E LORO RUOLO NELLE RISPOSTE IMMUNITARIE

LORIANO BALLARIN¹, NICOLA FRANCHI², FILIPPO SCHIAVON¹, SILVIO C.E. TOSATTO¹

¹Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Padova; ²Dipartimento Scienze e Tecnologie Biologiche Chimiche e Farmaceutiche, Università degli Studi di Palermo

Gli enzimi noti come fenolossidasi (PO) appartengono ad una famiglia di proteine a rame (che include anche le emocianine) capaci di convertire i polifenoli a chinoni. Sono ampiamente distribuiti tra gli invertebrati e inducono citotossicità attraverso la produzione di specie reattive dell'ossigeno, un evento importante in molte risposte immunitarie. Nelle ascidie, l'attività fenolossidasica è stata descritta e studiata in specie sia solitarie, sia coloniali: l'enzima è coinvolto nelle reazioni infiammatorie e citotossiche contro cellule o molecole estranee e nella formazione delle aree citotossiche che caratterizzano la reazione di non-fusione tra colonie geneticamente incompatibili dei botrillidi. La trascrizione di geni per PO putative è stata recentemente dimostrata nell'ascidia solitaria *Ciona intestinalis* (CiPO1 e CiPO2) e nella specie coloniale *Botryllus schlosseri*. Allineamenti multipli hanno evidenziato similarità tra le sequenze aminoacidiche dedotte delle PO delle ascidie e le PO dei crostacei, mentre l'analisi della struttura tridimensionale ha rivelato una alta somiglianza con le emocianine degli artropodi, suggerendo la condivisione di un precursore comune. Le PO di *Botryllus* e *Ciona* si collocano nello stesso cluster e conservano le sei istidine dei due siti di legame del rame e altri motivi presenti anche nelle subunità dell'emocianina degli artropodi, coinvolti nella regolazione dell'attività enzimatica. L'ibridazione *in situ* indica nelle cellule a morula, un tipo di emociti citotossici caratteristico delle ascidie, le cellule attive nella trascrizione del messaggero per la PO, in accordo con i risultati dell'analisi citoenzimatica, sottolineando così l'importanza di tali cellule nell'immunosorveglianza e nelle risposte innate.

Questa ricerca è sostenuta dal finanziamento MIUR (PRIN 2010-2011).



CARATTERIZZAZIONE DELL'ATTIVITÀ EMOLITICA DEI CELOMOCITI DI *Holothuria tubulosa* (GMELIN, 1788)

MIRELLA VAZZANA, MONICA CELI, DEBORA RUSSO, NICOLÒ PARRINELLO,
VINCENZO ARIZZA

*Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche Chimiche e Farmaceutiche,
Università degli Studi di Palermo*

L'obiettivo del presente lavoro è stato quello di studiare i meccanismi dell'immunità innata in *Holothuria tubulosa* focalizzando l'attenzione sull'attività citotossica. *Holothuria tubulosa*, vivendo in acque costiere e vicino agli estuari, è esposta ad ambienti che contengono microorganismi potenzialmente patogeni e a fattori stressanti di origine antropica. Riesce a mantenere la sua omeostasi attraverso il suo sistema immunitario. I celomociti rappresentano una componente essenziale per la realizzazione di queste reazioni.

Gli animali sono stati raccolti nella costa di Palermo nei pressi di Mongerbino (lat. 38°06'58" nord, long. 13°30'26" est). I celomociti sono stati raccolti attraverso l'incisione della parete corporea dell'animale e messi in una soluzione anticoagulante. I celomociti sono stati caratterizzati morfologicamente tramite colorazioni istologiche. La reazione citotossicità dei celomociti o del loro lisato è stato valutato contro eritrociti di coniglio e montone o cellule K562. Inoltre è stata valutata l'attività di formazione di placche e attraverso l'*overlay* in PAGE senza SDS è stato possibile individuare le bande proteiche con attività emolitica contro gli eritrociti di coniglio e montone.

La popolazione celomocitaria di *H. tubulosa* contenevano numerosi tipi di celomociti: i fagociti, gli sferulociti e le cellule progenitrici. Questi erano in grado di fagocitare e di formare corpi bruni in difesa dei parassiti. I fagociti erano circa il 30% della popolazione totale e potevano avere due tipi di forme, la petaloide e la filopodiale; gli sferulociti erano i più presenti (circa il 60%), mentre le cellule progenitrici erano circa il 20%. Essi simili ai linfociti avevano un nucleo prominente circondato da un sottile citoplasma. I celomociti di *H. tubulosa* erano in grado di lisare eritrociti di coniglio e di montone o cellule K562. Le molecole citotossiche erano contenute nel citoplasma e potevano essere rilasciate in presenza degli eritrociti. L'*overlay* indicava che i celomociti contenevano due proteine emolitiche. La più alta (I) era calcio indipendente, mentre la più bassa era calcio dipendente (II). Il pattern in SDS-PAGE mostra che la I era composta da tre componenti proteici (52, 42 and 41 kDa), mentre la II pesava 43 kDa.

Nel presente lavoro si riporta che i celomociti di *H. tubulosa* sono citotossici contro diversi tipi cellulari anche in assenza di calcio. La reazione citotossica si attiva dopo il contatto con le cellule *target* e prevede il rilascio delle sostanze



citotossiche. Dati preliminari, utilizzando popolazioni arricchite di celomociti indicano che le attività calcio dipendente ed indipendente sono contenute da differenti tipi cellulari che potrebbero esprimere la citotossicità in modo differenziale. Ulteriori dati sono necessari per comprendere pienamente il loro ruolo nell'immunità e la loro modulazione.



IL RUOLO DELLE MAP KINASI NELLA RISPOSTA DI *Trichoplax adhaerens* A STRESS TERMICO

MICHELE BETTI, ERICA CESARINI, LORETTA GUIDI, MARIA BALSAMO

Dipartimento delle Scienze della Terra, della Vita e dell'Ambiente, Università di Urbino "Carlo Bo"

Trichoplax adhaerens è l'unica specie sino a oggi descritta del phylum Placozoa. Si tratta di organismi marini bentonici, piccoli (< 1 mm), piatti e asimmetrici, lentamente mobili tramite movimento ciliare su fondali duri poco profondi. *Trichoplax* è caratterizzato dall'organizzazione più semplice, forse la più primitiva, tra i metazoi: il corpo piatto consta di due pseudoepiteli privi di lamina basale, tra cui è compreso un reticolo cellulare sinciziale. La specie si riproduce per scissione binaria: la riproduzione sessuale non è ancora stata accertata, ma in coltura è frequente la formazione di oociti putativi in animali apparentemente in fase di degenerazione. Nonostante la semplicità strutturale, *Trichoplax* possiede un genoma complesso che comprende geni di tutte le principali famiglie di geni dei metazoi. Considerato che tutti i componenti essenziali delle vie di segnalazione BMP/TGF e JAK/STAT risultano incomplete per la mancanza di componenti molecolari fondamentali per la trasduzione del segnale, ci si è proposti di studiare il possibile ruolo delle vie di segnalazione MAPK e STAT nel mediare la risposta a stress termico. Colture massive (150-250 individui) mantenute a 22 °C sono state sottoposte a stress termico mediante: esposizione a 30 °C, a 14 °C o a 8 °C fino ai primi segni di sofferenza degli animali (4,30 h, 24 h, 4,30 h rispettivamente), quindi lisate con tampone di lisi PBS (11:9). Sono state effettuate analisi di Western Blotting con anticorpi anti p-MAPKs e p-STATs. I risultati preliminari mostrano che *Trichoplax* in risposta a stress termico attiva una via di segnalazione simile a quelle MAPK e STAT che giocano nei metazoi un ruolo fondamentale per la sopravvivenza. Vie di segnalazione MAPKs e STATs quindi potrebbero essere state già attive e funzionali negli stadi iniziali dell'evoluzione dei metazoi.



MOLECOLE DELL'IMMUNITÀ INNATA IN *Mytilus galloprovincialis*

UMBERTO ROSANI¹, MARCO GERDOL², GIANLUCA DE MORO², LAURA VAROTTO¹, STEFANIA DOMENEGHETTI¹, CHIARA MANFRIN², NIDHI SHARMA¹, PHILIPPE ROCH³, ALBERTO PALLAVICINI², PAOLA VENIER¹

¹Dipartimento di Biologia, Università di Padova; ²Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Trieste; ³Ecosystèmes Lagunaires, CNRS-Université Montpellier 2, France

Le scoperte relative ai sistemi immunitari forniscono argomenti utili a reinterpretare la diversità animale e a chiarire il ruolo dei fenomeni di tipo immunologico nell'evoluzione dei viventi. Tecnologie in continuo sviluppo sostengono oggi l'analisi del trascrittoma, il sequenziamento di nuovi genomi e forniscono dati essenziali per delucidare anche comparativamente struttura e ruolo funzionale di proteine ed altri prodotti genici. In *M. galloprovincialis* il progressivo sequenziamento di EST ha consentito una prima descrizione dell'immunoma (Venier *et al.*, BMC Genomics 2011, 12:69). Senza pretesa di esser esaustivi, aggiorniamo le conoscenze ad oggi disponibili.

Oltre a programmi di gestione e assemblaggio di sequenze, abbiamo applicato algoritmi per riconoscere similarità, domini proteici, strutture secondarie ed altro. Sono state condotte analisi filogenetiche e analisi di espressione genica.

Rispetto al sequenziamento Sanger, le tecnologie di seconda generazione hanno sensibilmente aumentato l'individuazione di geni a basso livello di espressione (assemblee circa 298 M di stringhe di lettura risultanti da vecchi e nuovi cicli di sequenziamento). Abbiamo così identificato trascritti riconoscibili come recettori Toll-like (23 TLR) e fattori di differenziamento mieloide (3 MyD88). In entrambi i casi un solo trascritto è risultato dominante dopo immunostimolazione. Stiamo studiando altri componenti della via NF-kB. Peptidi ricchi di cisteine diversamente arrangiate e con segnale per secrezione sono risultati abbondanti: sembrerebbe un complesso sistema di effettori che include defensine, mitiline, miticine e mitimicina, altri tipi di defensine e mitimacine, e peptidi ancora ignoti.

Il sistema immunitario di mitilo è solo delineato: strutture antiche ed altre più varianti suggeriscono significati adattativi. In mitilo, nuovi recettori e peptidi a funzione ignota si aggiungono ai già noti antimicrobici, alle eterogenee lectine ed a trascritti MIF-like. Si intende procedere con algoritmi opportuni nella identificazione di peptidi e molecole a funzione regolativa. Ringraziamenti a PRIN 20109XZEPR e PRAT CPDA128951.



SIMPOSIO 2: IMMUNITÀ ED EVOLUZIONE

Poster



EMOCITI DI *Pomacea canaliculata*: MORFOLOGIA, FUNZIONI E PLASTICITÀ

ALICE ACCORSI¹, DAVIDE MALAGOLI¹, LAURA BUCCI², ENZO OTTAVIANI¹
¹Dipartimento di Scienze della Vita, Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia; ²Dipartimento di Medicina Specialistica, Diagnostica e Sperimentale, Università degli Studi di Bologna

Il mollusco gasteropode d'acqua dolce *Pomacea canaliculata* è un modello recentemente adottato per studi eco-tossicologici e parassitologici per la tolleranza verso sostanze inquinanti ed il ruolo di ospite intermedio di parassiti umani. Qui sono descritti nuovi aspetti degli emociti di *P. canaliculata* al fine di valutarne il ruolo nelle funzioni immunitarie.

L'analisi dell'emolinfa mediante citofluorimetria ha evidenziato due popolazioni emocitarie distinte per dimensioni e complessità citoplasmatica. Una colorazione specifica per il differenziamento di cellule ematiche ha confermato la presenza di emociti più piccoli (20%), agranulari e basofili, e di emociti aventi dimensioni significativamente maggiori (80%) e tre differenti morfologie: emociti agranulari acidofili, agranulari basofili ed emociti granulari, dotati di granuli acidi. In termini percentuali, le cellule più rappresentate sono gli emociti agranulari basofili (62%), seguite dagli emociti agranulari acidofili (10%) e dai granulari (8%).

In seguito al prelievo, gli emociti rispondono molto rapidamente ai cambiamenti che inevitabilmente intervengono nell'emolinfa. Le cellule più dinamiche sono gli emociti di dimensioni maggiori, la cui popolazione subisce evidenti modificazioni, con la comparsa a 20 min dal prelievo di cellule agranulari con un citoplasma riccamente vacuolizzato ed il nucleo polimorfo. Inoltre intervengono dei cambiamenti nella frequenza delle diverse morfologie osservate, pur rimanendo gli emociti agranulari basofili le cellule circolanti più rappresentate.

In termini funzionali tutti gli emociti aderiscono a vetro o plastica e presentano una forte tendenza ad aggregarsi stabilmente a 5 min dal prelievo. Il test di fagocitosi con *Escherichia coli* inattivati al calore ha evidenziato la capacità fagocitica per circa il 30% degli emociti, percentuale paragonabile a quella registrata in altri molluschi gasteropodi. Tale funzione è propria però della sola popolazione di emociti di dimensioni maggiori. La rapidità con cui gli emociti mutano morfologia e colorabilità dopo il prelievo, la capacità adesiva e la significativa attività fagocitica, plausibilmente contribuiscono alla dimostrata capacità di *P. canaliculata* di adattarsi rapidamente ad ambienti aventi un elevato carico di sostanze inquinanti e/o di agenti potenzialmente patogeni.



LE MODIFICAZIONI DEL TIMO DI *Xenopus laevis* DURANTE LA GUARIGIONE DI FERITE

EVELINA BERTOLOTTI, ANTONELLA FRANCHINI

Dipartimento di Scienze della Vita, Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia, Modena

La riparazione di una ferita è un processo biologico complesso che procede attraverso diverse fasi con l'attivazione coordinata di vari tipi cellulari. Studi in modelli di Vertebrati hanno sottolineato un coinvolgimento assai complesso e critico svolto dalla risposta infiammatoria e dalle cellule immuni nell'orchestrare la qualità della risoluzione del danno tissutale. *Xenopus* neo-metamorfosati sono capaci di perfetta rigenerazione della pelle e tale capacità si riduce gradualmente nel corso della crescita dell'adulto. Per approfondire il ruolo svolto dalle cellule del sistema immunitario, in particolare delle cellule T, il timo di adulti di *X. laevis* di 15 mesi è stato studiato con metodi istochimici ed immunocitochimici nel corso della riparazione di ferite cutanee. Nella fase di formazione del nuovo tessuto di granulazione, 14 giorni dopo la ferita, un maggior numero di linfociti T (immunoreattivi a marcatori di superficie *Xenopus*-specifici) è reclutato nell'area del danno in concomitanza con un aumento significativo delle dimensioni del timo correlato a marcate modificazioni morfo-funzionali, soprattutto in area midollare. In questa regione, è presente un maggior numero di cellule mucocita-simili, cellule granulari basofile e mioidi; si osservano strutture (non presenti nei controlli) che ricordano i corpuscoli di Hassall presenti nel timo di Mammifero, cellule dendritiche in conformazione attiva e vasi fortemente dilatati circondati da aggregati di linfociti. Inoltre, già nei primi giorni dopo la ferita si assiste ad un aumento del numero di cellule, quali alcune cellule basofile, cellule epiteliali isolate o parte della parete di cisti epiteliali, cellule dendritiche e qualche cellula mioide (la cui positività è in relazione alla fase maturativa), immunoreattive ad anti-TNF- α . Le differenze osservate persistono anche durante la fase di rimodellamento dell'area del danno e con il procedere del processo riparativo il timo recupera gradualmente struttura e immunoreattività simili al controllo. Dai risultati emerge che nel corso della guarigione di una ferita sono indotte modificazioni nel timo, che coinvolgono cellule del microambiente e molecole (quali TNF- α) critiche per la funzionalità dell'organo, che suggeriscono una stimolazione della sua attività e fanno pensare ad un contributo della componente linfocitaria negli eventi cellulari e molecolari che mediano i processi riparativi.



IMMUNOLocalizzazione DEI RECETTORI Trk NEL TRATTO DIGERENTE DI ANAMNI IN SVILUPPO

IVAN CUOGHI, LUCREZIA MOLA, AURORA PEDERZOLI

Dipartimento di Scienze della Vita, Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia

I recettori Trk sono proteine tirosinchinasiche transmembrana ligandi delle neurotrofine, fattori di crescita nervosa e regolatori neuronali. Studi filogenetici hanno dimostrato che neurotrofine e Trk si sono evoluti negli agnati attraverso eventi di duplicazione genica. Recettori Trk sono stati di recente localizzati in sedi extranervose di numerosi vertebrati, pertanto abbiamo focalizzato l'attenzione sulla ricerca immunoistochimica di queste molecole nel canale alimentare di due anamni in diversi momenti dello sviluppo: *Dicentrarchus labrax* e *Salamandra salamandra salamandra*.

Le indagini immunoistochimiche sono state condotte su 5 esemplari per ogni stadio fissati in Bouin, utilizzando gli anticorpi anti - Trk A, anti - Trk B e anti - Trk C, diluiti 1:100 per la metodica ABC e 1:50 per l'immunofluorescenza.

Nel digerente di entrambe le specie sia fibre e neuroni del sistema nervoso enterico, sia cellule epiteliali ed endocrine hanno mostrato immunoreattività (IR) ai tre anticorpi. In salamandra il quadro dell'IR è risultato più intenso ed esteso ad un maggior numero di cellule e di regioni del digerente di esemplari in premetamorfosi. Diversamente la spigola ha evidenziato una maggiore reattività negli stadi fino a 23 giorni dalla schiusa; nell'adulto resta comunque un'intensa IR al TrkB, presente sia a livello epiteliale che nervoso.

In letteratura risultano dati sulla localizzazione dei recettori Trk nel digerente di anfibi anuri, ma non di urodela. In *Xenopus* l'IR ai recettori Trk aumenta temporaneamente durante i primi stadi metamorfici. Nonostante la metamorfosi degli urodela non sia così vistosa quanto quella degli anuri e il regime alimentare rimanga invariato, i nostri dati supportano l'idea che durante lo sviluppo della salamandra il digerente sia bersaglio di neurotrofine, in particolare in premetamorfosi.

Nei teleostei adulti l'IR ai recettori Trk è nota in diverse specie; nella spigola, oltre che nell'adulto, l'IR. è stata riscontrata nel digerente di avannotti da 1 a 3 mesi. Dai nostri risultati si evince che il passaggio dall'alimentazione endotrofica a quella exotrofica dei teleostei (in spigola corrispondente al 18° giorno di sviluppo) rappresenta un momento cruciale dello sviluppo del tubo digerente che richiede l'azione delle neurotrofine.



GENI CODIFICANTI METIONINA SULFOSSIDO REDUTTASI NEL PROTOZOO CILIATO *Tetrahymena* *thermophila*

DIANA FERRO¹, RIGERS BAKIU², FRANCO CATTALINI³, OLIMPIA
COPPELLOTTI³, ESTER PICCINNI³, GIANFRANCO SANTOVITO³

¹Institute for Evolution and Biodiversity, Westfälische Wilhelms-Universität,
Münster, Germany; ²Department of Crop Production, Agricultural University of
Tirana, Tirana, Albania; ³Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di
Padova, Padova, Italy

L'accumulo delle modificazioni post-traduzionali delle proteine, mediata dall'azione delle specie reattive dell'ossigeno (ROS), è ritenuta essere una delle principali cause dell'invecchiamento e delle malattie legate all'età. Per prevenire o invertire queste modificazioni proteiche si sono evoluti meccanismi che coinvolgono le componenti del sistema di difesa antiossidante. Mentre la maggior parte dei danni alle proteine prodotte dalle ROS è irreversibile, l'ossidazione delle metionine può essere recuperato dal sistema metionina solfossido reduttasi (Msr), che include MsrA (che ripara l'enantiomero S della metionina solfossido) e MsrB (che ripara l'enantiomero R). L'azione del sistema Msr può impedire danni irreversibili a carico delle proteine (ad esempio la carbonilazione proteica), contribuendo alla resistenza antiossidante cellulare ed estendendo così la vita dell'organismo. Inoltre, molte ricerche hanno dimostrato che l'ossidazione delle metionine sia nell'inibitore di kappa B-alfa sia nella calcineurina (una fosfatasi regolata da Ca²⁺ e calmodulina) può alterare le loro funzioni e conseguentemente influenzare i livelli di trascrizione mediata da NFAT e NFκB, specialmente nei linfociti T del sistema immunitario. Con l'obiettivo di esplorare questo campo abbiamo progettato alcuni esperimenti usando il protozoo ciliato *T. thermophila* come organismo modello, per caratterizzare i geni codificanti Msr. L'RNA totale è stato purificato da cellule di *T. thermophila* ceppo SB210 coltivate in terreno PPYG raccolte dopo tre giorni di crescita esponenziale. I primer per l'amplificazione del cDNA di Msr sono stati progettati dopo le analisi incrociate tra i database NCBI e *T. thermophila* genome. I dati ottenuti indicano che solo uno dei quattro geni sinora annotati è costitutivamente espresso. Il decorso temporale dell'espressione genica è stato analizzato mediante RT-PCR, utilizzando gli stessi primer utilizzati per la clonazione e il sequenziamento, in cellule di *T. thermophila* coltivate in condizioni normali e dopo esposizione a Cu²⁺, metallo con proprietà proossidanti. Le sequenze nucleotidiche ed amminoacidiche dei quattro geni sono stati confrontate con quelle ortologhe di altri organismi ed utilizzate per effettuare analisi filogenetiche.

(Progetto finanziato dal M.I.U.R.)



LA MILZA DI *Xenopus laevis* NEL CORSO DELLA RIPARAZIONE DI FERITE CUTANEE

ANTONELLA FRANCHINI, ANNALaura DELLA ROCCA, EVELINA
BERTOLOTTI

*Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia,
Modena*

Gli Anfibi sono modelli di Vertebrati ideali e più utilizzati per studiare diversi aspetti dell'immunità e per analizzare i meccanismi alla base dei processi riparativi e della perdita del potenziale rigenerativo. Le cellule del sistema immunitario svolgono un ruolo fondamentale nel guidare la qualità del ripristino dell'integrità tessutale dopo un danno, con coinvolgimento di risposte immunitarie sia innate sia adattative. Sono state studiate le modificazioni morfo-funzionali della milza, principale organo linfoide secondario, in *Xenopus laevis* adulti di 15 mesi durante la riparazione di ferite cutanee. Le risposte indotte nell'organo sono risultate essere in relazione alle diverse fasi della guarigione della ferita. Le dimensioni aumentano in modo significativo dopo 14 giorni, quando si forma ed è attivo il tessuto di granulazione nell'area in riparazione e le modificazioni strutturali della milza sono particolarmente evidenti. Si osserva una maggiore estensione della zona marginale e della polpa bianca la quale presenta manicotti linfatici ben sviluppati, che circondano arteriole dilatate e spesso associati ad ampi noduli simili ai follicoli secondari con centri germinativi dei linfonodi. Un aumento del numero di cellule positive ad anticorpi anti-citochine (TNF α , TGF β 1) e -iNOS, soprattutto nella polpa bianca, si osserva nei primi giorni dopo la ferita e diventa particolarmente marcato al 14° giorno. Aumentano anche le cellule immunoreattive ad anti-CD3 ϵ , marcatore delle cellule T, nella zona marginale. Un mese dopo la ferita, sia in polpa rossa sia in polpa bianca, maggiore è il numero delle cellule pigmentate che, con il procedere del processo di guarigione dell'area lesionata, si aggregano in piccoli cluster di dimensioni crescenti. Al termine del periodo di osservazione (6 mesi), i quadri strutturali e di immunoreattività ritornano simili a quelli osservati in animali non operati. I risultati indicano un coinvolgimento della milza nel processo di riparazione di una ferita con sviluppo dei compartimenti T e B dipendenti e la produzione di fattori molecolari che potrebbero facilitare le interazioni tra componenti coinvolti nelle risposte immunitarie. La capacità di rigenerazione completa di una ferita, osservata nelle larve ed in animali neo-metamorfosati, viene gradualmente persa durante la crescita dell'adulto e può essere correlata alla maturazione dell'immunità adattativa che diventa efficiente dopo l'anno di età.



CARATTERIZZAZIONE DELLA RISPOSTA CELLULARE ED UMORALE IN ADULTI DI *Pterostichus melas italicus* DEJEAN, 1828 (COLEOPTERA, CARABIDAE)

ANITA GIGLIO¹, PIETRO BRANDMAYR¹, PIERO G. GIULIANINI²

¹Dipartimento di Biologia, Ecologia e Scienze della Terra, Università della Calabria; ²Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Trieste

Molte specie appartenenti alle famiglia dei carabidi hanno un ruolo importante nelle reti trofiche degli agroecosistemi come predatori di specie infestanti. Esse possono essere utilizzate come modelli per individuare gli effetti negativi prodotti su specie benefiche da sostanze chimiche usate nella lotta contro specie infestanti. Studi recenti hanno dimostrato che variazioni nei parametri umorali e cellulari del sistema immunitario di invertebrati possono essere usati come segnali precoci per monitorare gli effetti di sostanze xenobiotiche introdotte durante pratiche agricole. In questo lavoro è stata caratterizzata l'attività di fagocitosi degli emociti circolanti e l'attività dell'enzima fenolossidasi in *P. melas italicus*. Questa specie è un predatore generalista di specie infestanti nelle reti trofiche degli agroecosistemi della Calabria ed è, quindi, importante valutarne l'abilità a resistere e tollerare infezioni che ne possano compromettere la fitness. L'attività di fagocitosi indotta *in vivo* è stata valutata inoculando a singoli individui particelle di lattice dal diametro di 0,9 μm e fissando, dopo due ore dall'inoculo, gli emociti per l'analisi ultrastrutturale. Dopo il trattamento, conte emocitarie differenziali hanno evidenziato una diminuzione percentuale del numero dei granulociti e dei proemociti circolanti (che passano da $13,40 \pm 5,83\%$ a $6,13 \pm 3,36\%$ e da $1,10 \pm 0,35\%$ a $0,80 \pm 0,41\%$, rispettivamente) ed un coinvolgimento specifico nella fagocitosi dei plasmacociti che dal $76,13 \pm 7,00\%$ crescono al $89,13 \pm 3,83\%$, di cui $42,50 \pm 3,34\%$ presentano particelle di lattice nei fagosomi. L'attività della fenolossidasi plasmatica (PO) è stata valutata misurando spettrofotometricamente la formazione di dopachrome usando come substrato DLDOPA. I valori sono espressi come unità di assorbanza a 492 nm/ μL di emolinfa. L'attività della PO plasmatica risulta di $0,0521 \pm 0,0026 A_{492}/\mu\text{L}$ a 30 min (n = 20), dopo attivazione chimica della pro-PO con metanolo il valore arriva a $0,0816 \pm 0,0153 A_{492}/\mu\text{L}$ a 30 min (n = 26) suggerendo la presenza di una rilevante quantità di proenzima nell'emolinfa di *P. melas italicus*.



POSSIBILE RUOLO IMMUNITARIO DELLA HSP70 IN LARVE DI *Dicentrarchus labrax* (L.)

LUCREZIA MOLA¹, ANDREA GAMBARELLI², AURORA PEDERZOLI¹

¹Dipartimento di Scienze della Vita e ²Museo di Zoologia, Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia

Le *Heat Shock* sono proteine altamente conservate deputate al ripiegamento proteico e identificate inizialmente in cellule sottoposte a shock termico; attualmente è noto che più in generale sono coinvolte nelle risposte a stress di vario tipo. Da diversi anni stiamo conducendo ricerche sulla comparsa e localizzazione di molecole regolative durante lo sviluppo larvale della spigola. In questo lavoro abbiamo preso in esame l'immunolocalizzazione della HSP70 in larve sottoposte a shock con antigeni batterici (LPS).

Le indagini sono state condotte su 3 gruppi (10 esemplari ognuno) di larve di 24 giorni (controlli, trattati per 1h con LPS 10 U/ml a temperatura ambiente fissati immediatamente al termine del trattamento e trattati nello stesso modo ma fissati dopo 1h dalla fine del trattamento). È stato utilizzato l'anticorpo anti-HSP70/HSC70 (H-300) (Santa Cruz Biotechnology, CA, USA) 1:100 e la metodica avidina-biotina.

I risultati hanno mostrato un diverso quadro di immunoreattività (IR) nelle larve trattate rispetto ai controlli; lo stress con LPS incrementa l'IR alla HSP70 in cellule della pelle, delle branchie, dell'intestino terminale, del fegato e dell'ipofisi e induce l'IR nei dotti collettori renali. Tali effetti sono particolarmente evidenti negli esemplari fissati immediatamente dopo il trattamento.

Questi dati indicano un coinvolgimento della HSP70 nelle risposte allo stress di molti organi larvali. In precedenti indagini abbiamo ipotizzato che alcune molecole notoriamente implicate nelle risposte allo stress (ACTH, ossido nitrico e CRF) possano avere un ruolo, svolto con modalità paracrine e/o autocrine, nelle precoci risposte immunitarie della spigola, prima del completo differenziamento del GALT. I risultati qui riportati potrebbero indicare che la HSP70 fa parte del pool di molecole responsabili delle precoci risposte immunitarie nelle larve di spigola.

Inoltre in questa ricerca è stata dimostrata, per la prima volta nei teleostei, un'IR alla HSP70 nell'ipofisi larvale e un suo incremento dopo stress con LPS. Ciò supporta l'idea che una relazione funzionale tra l'espressione di HSP e l'asse ipotalamo-ipofisi-adrenale, già avanzata per i mammiferi, possa essere un tratto comune dei vertebrati.



PARAMETRI PER VALUTARE GLI EFFETTI DI *Bacillus thuringiensis* (BERLINER, 1915) SU LARVE E ADULTI DI *Rhynchophorus ferrugineus* (OLIVIER, 1970)

DEBORA RUSSO, MONICA CELI, VINCENZO ARIZZA, MIRELLA VAZZANA, BARBARA MANACHINI

Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche Chimiche e Farmaceutiche, Università degli Studi di Palermo

L'attività di ricerca svolta ha avuto come obiettivo lo studio degli effetti del batterio entomopatogeno *Bacillus thuringiensis* sui parametri biologici e sul sistema immunitario, in particolare sugli emociti, del *Rhynchophorus ferrugineus* o punteruolo rosso, fitofago che negli ultimi anni ha provocato seri danni a diversi generi di palme, e che rappresenta un parassita difficile da controllare.

Un prodotto commerciale basato su Bt è stato testato contro larve e adulti di *R. ferrugineus*, raccolti da palme infestate della specie *Phoenix canariensis* nella provincia di Palermo. È stata valutata la risposta cellulare del punteruolo mediante prelievo di emolinfa e conta emocitaria, e sono stati esaminati i livelli di stress indotti dal Bt mediante la valutazione dell'espressione proteica delle *Heat Shock Protein* (HSP70) nel supernatante di lisati cerebrali del rinfocoro.

I risultati ottenuti evidenziano che Bt ha effetti sul numero e sul tipo di emociti del punteruolo rosso, in quanto causa una diminuzione significativa degli emociti nelle prime 24 ore di trattamento, soprattutto a carico di plasmacociti e granulociti. L'espressione delle HSP70 è risultata modulata nel tempo in risposta all'ingestione del Bt, con un aumento significativo a 6 ore dal trattamento, a cui segue un ripristino più o meno efficiente delle normali condizioni di controllo.

Dalle analisi condotte si può concludere che dosi sub-letali di *B. thuringiensis* testati contro larve e adulti di *R. ferrugineus*, rappresentano per il punteruolo rosso un fattore di stress, in quanto causano alterazioni a livello cellulare, nonché variazioni della composizione di emociti, e inducono nella cellula l'espressione modulata nel tempo della proteina HSP70, indicatore cellulare di stress. Ulteriori analisi sono necessarie per meglio comprendere la possibile correlazione tra la riduzione di emociti e la modulazione di HSP70.



SIMPOSIO 3: ZOOLOGIA APPLICATA E CONSERVAZIONE

Chairpersons: Maria Agnese Sabatini, Tomaso Patarnello

Le competenze degli zoologi stanno fornendo apporti sempre più interessanti e qualificanti in campo applicativo. Si spazia dal controllo biologico, alla tracciabilità e conservazione degli alimenti, alla conservazione dei beni culturali, a problematiche di tipo forense, all'utilizzo degli animali come indicatori, all'allevamento di specie con fini assai diversificati (oltre che a scopo alimentare, per produzione di metaboliti bioattivi, per test di ecotossicità, per ricostruzioni dentali e ossee, ecc.). Il simposio vuole fare il punto su queste problematiche attuali e sui non meno importanti e molteplici aspetti della conservazione.

Comunicazioni



ENTOMOLOGIA APPLICATA PER LA CONSERVAZIONE DEI BENI CULTURALI

ELISABETTA CHIAPPINI

*Istituto di Entomologia e Patologia vegetale, Università Cattolica del Sacro Cuore,
Piacenza*

Ricerca di base e ricerca applicata sono le “convergenze parallele” che permettono di arrivare a precisi obiettivi concreti. La ricerca di base fornisce, infatti, informazioni essenziali per successivi studi applicativi. Nel settore dell'entomologia dei beni culturali, però, e in Italia in particolare, sono rari gli studi scientifici di base che forniscano dati a supporto di una successiva indagine su aspetti applicati. Anche la produzione straniera è piuttosto limitata e datata. Inoltre, come sottolineano Plarre & Krüger-Carstensen (2011), spesso le informazioni a cui si fa riferimento nelle pubblicazioni scientifiche derivano a loro volta da altre citazioni per cui i riferimenti originali sono, di fatto, molto ridotti.

Come tutti gli insetti che vivono a contatto con l'uomo, anche quelli che attaccano i beni culturali possono essere specie autoctone o alloctone e rappresentare, quindi, una minaccia più o meno grave. La conoscenza della loro ecologia è fondamentale ai fini di una valutazione del rischio e della definizione di efficaci misure preventive.

Allo stesso modo, altri campi d'indagine scientifica possono essere “sfruttati” per ottenere informazioni con risvolti concreti. Negli insetti la morfologia degli apparati boccali è direttamente connessa alle modalità di attacco e al tipo di substrato utilizzato: nel caso di larve xilofaghe, ad esempio, la forma delle mandibole rivela la frazione del legno e le sostanze che forniscono il nutrimento all'individuo e quindi il tipo e la pericolosità dell'attacco.

L'efficacia o meno di un sistema di monitoraggio si basa sulla conoscenza del comportamento dell'insetto nei confronti della trappola per quanto concerne attrattivo, forma, posizione e condizioni ambientali in cui si opera, così come la difesa si fonda sulla conoscenza dei parametri vitali di una determinata specie quando si vogliono utilizzare mezzi fisici o sulla fisiologia quando si intendano sfruttare possibilità di lotta chimica.

In conclusione, nonostante nel settore dei beni culturali le informazioni di base sui biodeteriogeni animali siano alquanto limitate, la ricerca applicata, fondamentale per la loro conservazione, ha ottenuto risultati interessanti, stimolando, al contempo, approfondimenti nell'ambito della ricerca pura.



ECHINODERMI E BIOMIMETICA: POTENZIALITÀ APPLICATIVE DI MATRICI COLLAGENE

MICHELA SUGNI¹, CRISTIANO DI BENEDETTO¹, VALENTINA ALONGI¹, ALICE BARBAGLIO¹, CHIARA BONFANTI¹, GRAZIELLA MESSINA¹, TIZIANA MARTINELLO², MARCO PATRUNO², M. DANIELA CANDIA CARNEVALI¹

¹Dipartimento di Bioscienze, Università degli Studi di Milano; ²Dipartimento di Biomedicina Comparata ed Alimentazione, Università degli Studi di Padova

La biomimetica è una nuova disciplina in cui il design di materiali innovativi è ispirato a tessuti naturali. Lo scopo di questo lavoro è stato quello di produrre e caratterizzare bio-matrici collagene ottenute dai tipici tessuti connettivi “dinamici” degli echinodermi, i Tessuti Connettivi Mutabili, da utilizzare come substrato per colture cellulari e, in prospettiva futura, per applicazioni di ingegneria tissutale. È stato quindi sviluppato un protocollo specifico che permette di estrarre fibrille collagene native (strutturalmente integre) dalla membrana peristomiale (PM) del comune riccio di mare *Paracentrotus lividus*. Il collagene così ottenuto è stato utilizzato per preparare film di differente spessore, che sono stati successivamente caratterizzati in termini di organizzazione strutturale microscopica, proprietà meccaniche (test isometrici) e biocompatibilità *in vitro* utilizzando diversi tipi di cellule staminali di mammifero: cellule miogeniche (cellule satellite) e cellule mesenchimali stromali. Le analisi morfologiche hanno confermato l'organizzazione fibrillare delle matrici che fornisce un ambiente strutturale simile a quello nativo tipico della matrice extracellulare. I test meccanici hanno mostrato valori medi del Modulo di Young pari a 150 MPa, valori marcatamente superiori rispetto ai substrati collagene di mammifero comunemente usati per colture cellulari. Questo permette di riprodurre più fedelmente le condizioni meccaniche del tessuto nativo e suggerisce l'utilizzo di tali matrici in applicazioni di ingegneria tissutale dove sia richiesta un'elevata resistenza meccanica. I test di biocompatibilità hanno mostrato come la matrice di collagene di riccio di mare non sia apparentemente citotossica per le cellule di mammifero che, al contrario, sopravvivono, proliferano e vanno incontro a differenziamento molecolare. Nel complesso i dati ottenuti finora dimostrano le notevoli potenzialità di lavorare con substrati estratti da questi invertebrati marini e incoraggiano lo sviluppo di tali matrici per future applicazioni di ingegneria tissutale.



ILLUMINA NEXT GENERATION SEQUENCING APPLICATO ALLA DETERMINAZIONE DI GENOMI MITOCONDRIALI DI CROSTACEI DI INTERESSE ALIMENTARE

MASSIMILIANO BABBUCCI¹, ANDREA BASSO¹, LAURA BERARDI¹, CARLOTTA MAZZOLDI², EMILIO REGINELLA², MARIO SBRANA³, TOMASO PATARNELLO¹, ENRICO NEGRISOLO¹

¹Dipartimento di Biomedicina ed Alimentazione, Università degli Studi di Padova;

²Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Padova; ³CIBM, Centro Interuniversitario di Biologia Marina ed Ecologia Applicata "G. Bacci", Livorno

L'attuale commercio di prodotti ittici fa sì che sullo stesso mercato si trovino specie provenienti da diverse parti del mondo. L'identificazione di tali taxa risulta impossibile, applicando caratteri morfo-anatomici, quando gli esemplari sono stati variamente processati e lavorati lungo la filiera alimentare. Si deve quindi procedere ad un riconoscimento molecolare dei differenti campioni in modo che essi siano assegnabili con certezza ad una determinata specie, anche dopo che hanno subito processi di trasformazione. Il semplice *DNA barcode* si è rivelato spesso inadatto per questo scopo ed è pertanto necessario sviluppare un set di marcatori molecolari che permettano di affrontare in modo efficace il problema. Il genoma mitocondriale (mtDNA) è una molecola compatta che si è ampiamente dimostrata idonea per l'identificazione molecolare di specie. Applicando un approccio di *Next Generation Sequencing* (Illumina) abbiamo sequenziato in maniera completa/parziale 34 genomi mitocondriali di crostacei, incluse numerose specie di interesse alimentare presenti nei mercati ittici italiani. L'esteso data set ha consentito di raggiungere vari obiettivi e cioè: (a) identificare nuovi *gene order* per gli mtDNA; (b) effettuare uno studio di genomica comparativa ed evolutiva sugli mtDNA dei Decapoda; (c) sviluppare modelli di struttura secondaria per i geni *rrnS* e *rrnL* nei Decapoda; (d) identificare le porzioni di mtDNA più variabili e quindi più adatte allo sviluppo di *marker* per il riconoscimento delle più importanti specie di crostacei di interesse alimentare presenti sui mercati ittici italiani.



METODI MOLECOLARI PER L'UTILIZZO DELLA MEIOFAUNA COME INDICATORE DI QUALITÀ AMBIENTALE IN AMBIENTE MARINO

DIEGO FONTANETO

*Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto per lo Studio degli Ecosistemi,
Verbania Pallanza*

L'utilizzo di liste di specie animali per informare decisioni di conservazione della natura ha una storia consolidata in ambiente continentale, mentre in mare l'uso di liste locali di specie è più ridotto. I motivi sono duplici: da una parte, l'ambiente marino è considerato meno confinato, con possibilità di spostamento e dispersione degli organismi non paragonabili all'ambiente terrestre; dall'altro lato, non ci sono studi su gruppi animali da poter usare quali indicatori, come avviene invece per molti gruppi di insetti in ambiente terrestre. La disponibilità di recenti tecniche molecolari per l'identificazione di specie in un comparto faunistico ricco, diversificato e con potenziali specie a distribuzione limitata come la meiofauna potrebbe fornire uno strumento valido per il monitoraggio biologico degli ambienti marini per informare la conservazione di questo ambiente. Scopo del presente lavoro è quello di fornire indicazioni sulla validità dei metodi di sequenziamento massivo nella meiofauna.

Abbiamo analizzato sequenze dei due marcatori più comuni, 18S e COI, provenienti da oltre 12.000 organismi della meiofauna, appartenenti a diversi phyla animali, usando 4 tecniche diverse per ottenere unità tassonomiche da dati di sequenze molecolari (*Barcoding*, ABGD, K/theta e GMYC).

Il marcatore comunemente utilizzato, 18S non è risultato in grado di riconoscere le specie morfologiche e produce sottostime per un fattore 0,4. La COI invece produce sovrastime, in media di un fattore 7,6, essendo in grado di individuare specie criptiche in molti taxa. I risultati con la COI sono inoltre più coerenti tra le tecniche di tassonomia molecolare, mentre i risultati dal 18S sono anche dipendenti dal metodo utilizzato.

La raccomandazione principale è quella di non usare 18S come marcatore, anche se è stato comunemente utilizzato finora.



IL CONTRIBUTO AGLI STUDI ECOLOGICI DELL'IDENTIFICAZIONE NEI PROTOZOI DI MOLECOLE DEPUTATE ALLA NEUROTRASMISSIONE: IL MODELLO *Dictyostelium discoideum*

ANDREA AMAROLI

DISTAV – Università degli Studi di Genova

Numerosi organismi sono stati proposti negli ultimi decenni come modelli alternativi alla sperimentazione animale per la valutazione degli effetti di alterazioni ambientali. In questo contesto i protozoi grazie alla loro natura di singola cellula eucariote/organismo rappresentano dei modelli sperimentali bioetici che rispondono alle richieste delle strategie 3Rs. I protozoi sono eccellenti saggi di laboratorio in quanto: i) come singole cellule espongono direttamente i loro recettori nell'ambiente circostante risultando sensibili alle modificazioni ambientali; ii) come organismi rispondono direttamente agli stimoli ambientali comportandosi al pari degli animali come unità di selezione; iii) hanno brevi cicli cellulari che consentono di analizzare in un breve tempo gli effetti di un inquinante su un cospicuo numero di cellule, su popolazioni geneticamente omogenee e per generazioni successive; iv) sono i progenitori dei metazoi e pertanto le loro risposte sperimentali possono essere correlate a quelle degli animali. È inoltre importante sottolineare come l'identificazione nei protozoi di molecole deputate alla neurotrasmissione quale il sistema GABAergico in *Paramecium primaurelia* e *Dictyostelium discoideum*, nitrgergico in *Paramecium primaurelia*, colinergico in *Paramecium primaurelia*, *Dictyostelium discoideum*, *Euplotes crassus*, con caratteristiche simili a quelle dei vertebrati apre la via ad un loro nuovo e moderno utilizzo negli studi ecologici. In questo lavoro verrà evidenziato come l'identificazione e la caratterizzazione dell'attività della colinesterasi in *Dictyostelium discoideum* abbia permesso di inserire tale modello in studi riguardanti gli effetti dell'inquinamento prodotto da campi elettromagnetici a bassissima intensità e frequenza (rete luce) su cellule nervose. Le cellule di *Dictyostelium* hanno evidenziato come tali frequenze inducano alterazione dell'attività dell'enzima colinesterasi in modo tempo di esposizione dipendente e reversibile.



SULLA DIFFUSIONE DI NEURONI OLFATTIVI STIMOLATI DA COMPONENTI FEROMONICI E COMPOSTI DI ORIGINE VEGETALE NEGLI INSETTI

ANTONIO DE CRISTOFARO

Dipartimento Agricoltura, Ambiente e Alimenti; Università degli Studi del Molise

La percezione di componenti feromonici e composti volatili di origine vegetale negli insetti è generalmente considerata operare, nel sistema olfattivo, attraverso percorsi indipendenti. A livello periferico, sono stati riportati numerosi esempi di neuroni sensoriali olfattivi antennali altamente specializzati sia nella percezione di composti feromonici che di sostanze volatili di origine vegetale. La modulazione delle risposte comportamentali ai feromoni, indotta da composti volatili emessi dalla pianta ospite, è stata riportata in un numero sempre maggiore di specie fitofaghe, anche come conseguenza, a livello del sistema nervoso centrale, dell'arborizzazione, nei lobi antennali, di neuroni olfattivi specifici. Il presente lavoro ha avuto l'obiettivo principale di indagare, mediante l'utilizzazione di tecniche di registrazione da singola cellula sensoriale, sull'eventuale presenza di neuroni sensoriali in grado di percepire entrambe le categorie di composti volatili. L'analisi dei risultati ha dimostrato che nelle 12 specie studiate [*Lobesia botrana* (Denis et Schiffermuller), *Cydia pomonella* (L.), *Cydia fagiglandana* (Zeller), *Cydia splendana* (Hubner) (Lepidoptera Tortricidae); *Phthorimaea operculella* (Zeller) (Lepidoptera Gelechiidae); *Ephestia kuehniella* (Zeller) (Lepidoptera Pyralidae); *Bactrocera oleae* (Rossi), *Ceratitis capitata* (Wiedemann) (Diptera Tephritidae); *Musca domestica* L. (Diptera Muscidae); *Drosophila melanogaster* Meigen, *Drosophila simulans* (Sturtevant) (Diptera Drosophilidae); *Tenebrio molitor* L. (Coleoptera Tenebrionidae)] sono presenti neuroni olfattivi generalisti, stimolati sia da componenti feromonici che da composti di origine vegetale. La percezione simultanea, da parte di uno stesso neurone sensoriale, di un componente feromonico e di uno o più composti volatili emessi dalla pianta ospite o dal substrato alimentare, può certamente rappresentare, a livello periferico, una nuova possibilità di integrazione del segnale olfattivo; tale fenomeno, d'altronde, è di notevole interesse in quanto potrebbe avere conseguenze nella difesa delle colture. Da un punto di vista strettamente applicativo, infatti, appare appropriato ipotizzare che queste "interferenze periferiche" possano culminare in risposte comportamentali variabili, di grande importanza pratica laddove strategie di monitoraggio o controllo basate sull'uso di feromoni sono adottate in differenti contesti culturali, caratterizzati da diverso *background* odoroso, in cui talora mostrano un'efficacia variabile.



ALIENI IN EMILIA-ROMAGNA: GESTIONE E PROSPETTIVE

LARA MAISTRELLO¹, NICOLETTA VAI², MASSIMO BARISELLI², ROCCHINA TISO², MAURO BOSELLI², ANSELMO MONTERMINI³, ANDREA CATELLANI³, STEFANO CARUSO⁴, GIOVANNA MONTEPAONE⁴, GIACOMO VACCARI⁴, DAVIDE DRADI⁵, ROBERTO FERRARI⁶, ELENA COSTI¹

¹Dipartimento di Scienze della Vita e Biogest-Siteia, Università di Modena e Reggio Emilia; ²Servizio Fitosanitario Regione Emilia Romagna; ³Consorzio Fitosanitario Provinciale di Reggio Emilia; ⁴Consorzio Fitosanitario Provinciale di Modena; ⁵ASTRA Faenza; ⁶Agenzia del Territorio, Crevalcore, Bologna

Il crescente traffico internazionale di merci e persone favorisce l'introduzione di numerose specie di insetti in paesi diversi dai luoghi di origine, causando impatti ambientali negativi e gravi perdite economiche in tutto il mondo. Questo lavoro rappresenta la sinergia tra UNIMORE e gli enti preposti alla gestione delle avversità fitosanitarie in Emilia-Romagna (ER) nel fronteggiare il recente ingresso di 3 insetti "alieni", originari dell'Asia, potenzialmente molto dannosi all'economia regionale e nazionale: la Vespa Cinese del Castagno *Dryocosmus kuriphilus* (Hymenoptera, Cinipidae), il moscerino *Drosophila suzukii* (Diptera, Drosophilidae) e la cimice *Halyomorpha halys* (Heteroptera, Pentatomidae).

Dryocosmus kuriphilus introdotto nel 2002 in Piemonte, è dal 2008 in ER dove si è diffuso in tutti i castagneti. La lotta biologica a questo fitofago galligeno con il parassitoide specifico *Torymus sinensis* importato dal DIVAPRA (TO), si è attuata in ER anche grazie all'autoproduzione dei parassitoidi, tramite la gestione di aree di moltiplicazione e laboratori di allevamento (BIOGEST-SITEIA, CAA). La progressione da 12 lanci (2011), a 62 (2012) a 155 (2013) con 39 e 70 lanci prodotti in regione negli ultimi 2 anni conferma che l'antagonista in ER si è ambientato e si riproduce. Nei prossimi anni altri lanci completeranno la copertura del territorio regionale per garantire l'instaurarsi dell'equilibrio tra antagonista e ospite e ridurre i danni a livelli accettabili.

Drosophila suzukii, nel 2009 in Trentino - Alto Adige e in ER dal 2011, carpofofo polifago con elevato potenziale riproduttivo, rappresenta una seria minaccia per la frutticoltura. Dal monitoraggio attivato nel 2010 è emersa un'ampia diffusione su tutto il territorio regionale con danni soprattutto su ciliegio e picchi di popolazione nei periodi freschi/umidi. Sono in corso prove di valutazione di strategie di gestione integrata a basso impatto ambientale.

Halyomorpha halys, rilevata per la prima volta in Italia proprio a Modena nel 2012 grazie ad una raccolta didattica di insetti, si profila come il fitofago potenzialmente più dannoso, data l'estrema polifagia. In USA a pochi anni dall'introduzione si è



rivelata tra i peggiori infestanti di varie piante da frutto, ortive ed ornamentali. Il sistema di monitoraggio attivato nel territorio a maggio 2013 mira a delimitare la presenza della cimice e individuare le principali specie ospiti in modo da delineare la potenziale incidenza economica.



CONFIDENCE OF EXTINCTION INDEX: UNO STRUMENTO PER IDENTIFICARE LE SPECIE MEDITERRANEE SCOMPARSE DEL TAXON HYDROZOA

CINZIA GRAVILI¹, FERDINANDO BOERO^{1,2}

¹Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche e Ambientali, Di.S.Te.BA,
Università del Salento, Lecce; ²CNR-ISMAR, Genova

Gli Hydrozoa del Mediterraneo costituiscono uno dei taxa di invertebrati marini meglio conosciuto, in seguito alla recente compilazione di una monografia a livello specifico seguita da una revisione mondiale della diversità del taxon Hydrozoa che riporta 3.702 specie attualmente considerate valide. Il numero di specie viene continuamente aggiornato e la fauna mediterranea di Hydrozoa (Siphonophora esclusi) è sicuramente una delle più conosciute al mondo, comprende a oggi 398 specie, tale elenco è in continuo aumento. Molte nuove segnalazioni sono etichettate come NIS (Specie Non Indigene), specie che sono state precedentemente descritte altrove e il cui arrivo in Mediterraneo è stato causato dalle attività antropiche. Tuttavia, molte specie segnalate in passato, non sono registrate nelle ultime decadi. Una valutazione realistica della biodiversità specifica richiede l'aggiunta di nuove specie, nonché la sottrazione di quelle che non sono segnalate per un certo periodo di tempo nella stessa area. L'utilizzo del *confidence of extinction index* ha permesso di identificare le specie estinte o i casi di probabile estinzione. L'analisi delle segnalazioni di Hydrozoa del Mediterraneo ha evidenziato che delle 398 specie conosciute solo 156 specie (39%) sono state segnalate negli ultimi dieci anni, mentre 55 specie (14%) non sono state segnalate da almeno 41 anni. Il 60% delle specie scomparse sono considerate 'casi di estinzione', e l'11% 'casi di probabile estinzione'. Il più grande contingente di specie scomparse è quello endemico del Mediterraneo (33%), seguito dal boreale (20%); il 14% delle specie scomparse è di tipo mediterraneo-atlantico, i contingenti indo-pacifico e circumtropicale rappresentano l'11% ciascuno, il 4% è cosmopolita, il 2% tropicale-atlantico, e il 5% non è classificabile. Fluttuazioni nella composizione in specie di una certa area causano pesanti variabilità nell'espressione della biodiversità sia strutturale che funzionale. Come conseguenza, la biodiversità di qualsiasi regione dovrebbe essere analizzata mediante la sua evoluzione temporale, attraverso la rilevazione dei cambiamenti e delle loro cause potenziali.



USO DI CATASTE DI LEGNA PER IL MONITORAGGIO DEL COLEOTTERO SAPROXILICO *Morimus asper* (SULZER, 1776) (COLEOPTERA: CERAMBYCIDAE)

STEFANO CHIARI^{1,2}, MARCO BARDIANI², AGNESE ZAULI³, SÖNKE
HARDERSEN², FRANCO MASON⁴, LAURA SPADA², ALESSANDRO
CAMPANARO^{1,2}

¹Dipartimento di Biologia e Biotecnologie "Charles Darwin", Università di Roma
"La Sapienza"; ²Corpo Forestale dello Stato, Centro Nazionale per lo Studio e la
Conservazione della Biodiversità Forestale "Bosco Fontana"; ³Dipartimento di
Scienze, Università Roma Tre; ⁴Corpo Forestale dello Stato, Centro Nazionale per
lo Studio e la Conservazione della Biodiversità Forestale di Verona

Informazioni su presenza, struttura e dinamica delle popolazioni di specie minacciate sono necessarie per valutarne il rischio di estinzione e sono utili nelle applicazioni di monitoraggio, gestione e conservazione delle stesse. Gli organismi saproxilici, cioè specie che sono dipendenti dalla necromassa legnosa o da altre specie saproxiliche durante almeno una fase del loro ciclo vitale, sono stati identificati come uno tra i gruppi funzionali della fauna forestale Europea maggiormente minacciati (Speight, 1989). Tra questi, i coleotteri sono stati proposti come indicatori d'integrità forestale perché fortemente dipendenti dal legno morto, e quindi particolarmente sensibili alle pratiche di gestione forestale. In questo studio è stato testato l'uso di 29 cataste di legna, differenti per dimensioni ed essenza arborea di provenienza, come esca per rilevare la presenza e l'abbondanza del coleottero saproxilico *Morimus asper* (Sulzer, 1776) (Coleoptera: Cerambycidae) nella Riserva Naturale Statale Bosco della Fontana. L'uso delle cataste ha permesso di registrare complessivamente 172 eventi di cattura relativi a 118 individui (92 maschi, 26 femmine) di *M. asper*, con una probabilità media di rilevare la presenza della specie del $53 \pm 9\%$ (\pm ES). La probabilità di presenza della specie è risultata molto alta ($\psi = 0.94$), costante nel tempo e influenzata dalla dimensione della catasta di legna. Per stimare la probabilità di presenza-assenza di *M. asper* con la più alta attendibilità e precisione sono necessarie cataste di legna di almeno $0,50 \text{ m}^3$. Per valutare l'abbondanza della popolazione sono state confrontate stime ottenute con recenti modelli, basati sulla presenza-assenza o sul numero di avvistamenti, con i più comuni modelli basati sulla cattura-marcatura-ricattura di individui. I modelli che si basano sul numero di avvistamenti risultano essere il miglior compromesso tra costi e accuratezza delle stime, indicando che una valutazione attendibile dell'abbondanza di *M. asper* si può ottenere senza marcare gli individui. Poiché le cataste di legna attraggono adulti di *M. asper*, e altri organismi saproxilici, possono potenzialmente agire come trappole ecologiche se tagliate e/o rimosse durante o dopo la stagione di campionamento. Pertanto, è necessario lasciare le cataste *in situ* e preservarle fino alla loro completa degradazione.



METODI DI INDAGINE BIOACUSTICA NELLA DETERMINAZIONE DELLE COMUNITÀ DI CHIROTTERI

PAMELA PRIORI¹, DINO SCARAVELLI²

¹Dipartimento di Scienze della Terra, della Vita e dell'Ambiente, Università di Urbino; ²Laboratorio di Ecologia dei Patogeni, Dipartimento di Scienze Mediche Veterinarie, Università di Bologna, Ozzano dell'Emilia, Bologna

Nell'applicazione dei protocolli di conservazione e nell'*assessment* relativo alle opere da porre sul territorio, è divenuta prioritaria la definizione delle comunità di Chirotteri. I Chirotteri italiani comprendono almeno 35 specie, di cui 13 di Allegato II - Direttiva Habitat, e necessitano prioritaria attenzione per la conservazione e per la valutazione di possibili impatti. Per le particolari nicchie ecologiche, fenologia, comportamento ed elusività, i Chirotteri sono difficili da individuare e studiare con le metodologie classiche. Grazie alla microelettronica, grande potenzialità di indagine in campo è derivata dalla trasduzione dei loro segnali ultrasonici con diversi metodi allo scopo di identificare le specie presenti e la consistenza delle popolazioni. Per determinare la composizione della comunità in relazione alle variabili ambientali sono stati raccolti con metodi standardizzati di trasduzione e registrazione digitale segnali di chirotteri in diverse stazioni italiane con caratteristiche ecosistematiche diversificate. Sono stati raccolti sia in punti di ascolto della durata di 10/20 min e sia in transetti operati a 10 km/h per almeno 2 km. Ogni serie di segnali è stata correlata alle variabili strutturali degli ecosistemi e alle coordinate geografiche mediante GPS. Dai risultati conseguiti emergono per importanza la scelta dei metodi di analisi e la distribuzione delle registrazioni nelle varie fasce temporali notturne. Per una valutazione completa della comunità presente, in ciascun sito preso in esame, sono necessari tempi prolungati di registrazione nelle diverse fasce temporali in quanto le specie hanno fenologie differenziate ed un utilizzo dell'habitat frazionato. Le componenti ambientali che paiono avere maggiore influenza nella definizione delle comunità sono quelle di tipo strutturale e geografico. In base ai dati rilevati nelle diverse zone su temperatura, tipologia di habitat, durata di registrazione, condizioni meteorologiche, data nonché scelta del metodo (punto di ascolto/transetto), si sono confrontati i risultati ottenuti in termini di numero di contatti e numero di specie presenti, mediante analisi multivariata con SPSS. In particolare il parametro "temperatura" è risultato non influente rispetto a "velocità vento". Il parametro a maggiore influenza è certamente il mese scelto di indagine seguito da "tipologia di habitat". Nessuna differenza è risultata a livello quantitativo tra i due metodi utilizzati. I risultati sono discussi alla luce di esempi in cui la definizione di comunità complesse ha indotto scelte di "opzione 0" o la definizione di specifiche mitigazioni.



VARIAZIONI CROMATICHE NEL GECO (*Tarentola mauritanica*): CAUSALITÀ DIRETTA E ADATTAMENTI EVOLUTIVI

DOMENICO FULGIONE, MARTINA TRAPANESE, VALERIA MASELLI, CLELIA LEGA, MARIA BUGLIONE, DANIELA RIPPA

Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Napoli "Federico II"

La colorazione del corpo degli animali può influenzare la fitness attraverso i suoi effetti sulla termoregolazione, la elusione dei predatori o lo stato sociale. Cambiamenti di fattori ambientali che interessano queste funzioni potranno innescare cambiamenti concordanti nella colorazione. Tali variazioni cromatiche possono verificarsi nel corso di diverse scale temporali e possono essere genetiche o plastiche. Diversi studi hanno dimostrato che la frequenza di varietà di colorazione possono cambiare drasticamente in risposta alla variazione ambientale, e questi studi sono diventati esempi di evoluzione adattativa. Tuttavia, molti animali cambiano colore nel corso della vita di un singolo individuo, su scale temporali che variano tra i secondi e gli anni. Nel gecko (*Tarentola mauritanica*) è stata solo recentemente schematizzata la modalità di cambiamento cromatico della pelle. Questo camaleontismo affonda le causalità in specifici *constraint* evolutivi che dipendono dallo stile di vita di questo geconide. Le variazioni cromatiche sono evidenziate in tempi relativamente brevi (120 min circa) e sono indipendenti dalla temperatura. La presenza di luce sembra determinante nell'attivazione del cambiamento cromatico che investe l'intero animale. Sono stati indagati i meccanismi molecolari che sono alla base di tali variazioni e gli adattamenti specifici mediante un approccio sperimentale sia in natura che in laboratorio. Questo studio apre interessanti prospettive riguardo futuri approfondimenti sulla collocazione ecologica della specie e le potenzialità evolutive.



INTRODUZIONE DI UN GRUPPO DI PINGUINI AFRICANI (*Spheniscus demersus*) IN UN NUOVO EXHIBIT: COMPORTAMENTO E VISITOR EFFECT

LAURA OZELLA¹, IRENE CARNOVALE², LIVIO FAVARO¹, DANIELA PESSANI¹
¹Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi, Università degli Studi di
Torino; ²Bioparco Zoom, Cumiana (Torino)

Il mantenimento in cattività di una specie in pericolo può contribuire alla sua conservazione solo se ne viene garantito il benessere. Il comportamento, indice di benessere, può venire influenzato anche dalla presenza di osservatori umani. Scopo dello studio è valutare il comportamento di esemplari di *Spheniscus demersus* (specie *endangered*) dopo il trasferimento in un nuovo *exhibit*, nel Bioparco Zoom di Cumiana (TO), dotato di un'ampia piscina per gli animali che comunica, visivamente, con una piscina per i visitatori. In particolare si è inteso valutare sia le differenze relative al tempo dedicato dai pinguini ad effettuare diversi comportamenti, sia l'effetto dei visitatori sulla loro permanenza in acqua. La raccolta dei dati, effettuata su 7 pinguini, è avvenuta nel periodo di massima affluenza di visitatori; le osservazioni, effettuate in 3 sessioni (T1, T2, T3), seguendo il metodo *focal animal sampling*, sono state condotte sulle 7 categorie comportamentali: *impassive posture*, *vigilance*, *comfort behaviour*, *allopreening*, *aggressive behaviour*, *locomotion*, *pool*. Il tempo di permanenza in acqua di ciascun pinguino è stato messo in relazione con il numero di visitatori situati davanti alle finestre che separano le due piscine. I risultati delle osservazioni, durate nel complesso 84 ore, hanno evidenziato una differenza significativa nella durata dei comportamenti di *impassive posture* ($p = 0,018$), che diminuisce, e di *aggressive behaviour* ($p = 0,009$), che aumenta. La permanenza in acqua degli animali in relazione al numero di visitatori evidenzia una correlazione negativa nei 3 periodi, statisticamente significativa solo nei periodi T1 ($\rho = -0,759$; $p < 0,001$) e T2 ($\rho = -0,693$; $p < 0,001$). È possibile interpretare la diminuzione dell'inattività e l'aumento delle interazioni aggressive nel tempo come un miglioramento del benessere degli animali: i soggetti esibiscono un comportamento più attivo e meno inibito. Il numero di visitatori influisce sulla durata della permanenza in acqua nei primi 2 periodi, mentre nel terzo periodo questa è indipendente dal numero di visitatori, risultato che permette di ipotizzare l'abituazione dei pinguini alla presenza umana.



COOPERAZIONE E STAZIONI DI RICERCA IN MADAGASCAR E COMORE: DUE IMPORTANTI STRUMENTI PER ATTUARE PIANI DI CONSERVAZIONE

CRISTINA GIACOMA¹, MARCO GAMBA¹, VALERIA TORTI¹, MARCO BONATO¹,
EMILIO BALLETO¹, DANIELA ANTONACCI¹, MARIA CHIARA PAIRE¹, JONAH
RATSIMBAZAFY², ROSE MARIE RANDRIANARISON², AHMED OULEDI³,
KAMALIDDINE AFRAITANE³, EUSTACHE MIASA⁴, GABRIELE BECCARO⁵,
GIANCARLO BOUNOUS⁵

¹Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi, Università degli Studi di
Torino, Torino; ²GERP (Groupe d'Étude et de Recherche sur les Primates du
Madagascar), Lot 34, Cité des Professeurs, Fort Duchesne, Madagascar; ³Faculté
des Sciences et Technique, Université des Comores, Union des Comores; ⁴GRENE
(Gestion des Ressources Naturelles et de l'Environnement), Université de
Toamasina, Madagascar; ⁵Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e
Alimentari, Università degli Studi di Torino, Grugliasco, Torino

IUCN colloca il Madagascar e le isole Comore tra i maggiori *hotspot* di biodiversità del pianeta. Tuttavia, in seguito alla crescente perdita di ampie porzioni di foresta, la biodiversità di queste regioni è in drammatico declino. Poiché l'economia locale si basa principalmente sullo sfruttamento delle risorse naturali, preservare le foreste e la loro biodiversità appare cruciale per uno sviluppo economico e rurale sostenibile in entrambi i Paesi.

L'Università di Torino, attraverso un esteso partenariato internazionale, ha affrontato il problema della conservazione e gestione della biodiversità e dello sviluppo socio-economico delle zone rurali, attraverso l'attuazione di piani di cooperazione allo sviluppo.

Il progetto SCORE (*Supporting Cooperation for Research and Education*) finanziato dal programma EDULINK (*9th European Development Fund, Reference: EuropeAid/126851/D/ACT/Multi*), ha permesso di attivare una laurea magistrale a titolo congiunto in "Conservazione della biodiversità e sviluppo sostenibile". I giovani laureati hanno raggiunto così un livello di formazione che ha permesso loro di inserirsi professionalmente nelle attività previste dai piani di azione delle aree protette.

L'attuazione del progetto BIRD (*Biodiversity Integration and Rural Development; Contract FED/2009/217077*) ha sostenuto la partecipazione attiva della popolazione locale nella crescita economica tramite un incremento delle attività formative, la commercializzazione di prodotti agricoli locali, l'auto sostenibilità energetica e l'insediamento di una stazione di ricerca in foresta. In questo contesto i Centri di ricerca di Maromizaha (Madagascar) e Moroni (Comore) hanno favorito



la ricerca, ma soprattutto hanno rappresentato dei punti d'incontro per la popolazione. Sono state così promosse iniziative per la gestione delle risorse naturali nelle aree protette, per promuovere l'ecoturismo e una rete di micro-finanza.

I progetti dell'Università di Torino hanno favorito l'intervento di un partenariato solido in situazioni di criticità ambientale e socio-economica e hanno consentito l'integrazione con le popolazioni locali in un'ottica di cooperazione volta allo sfruttamento sostenibile delle risorse. Le azioni hanno incrementato le conoscenze e ridotto la povertà dei villaggi che ricavano il loro sostentamento primario dalle foreste.



**SIMPOSIO 3:
ZOOLOGIA APPLICATA E CONSERVAZIONE**

Poster



IL CONSORZIO ITALIANO PER IL *DNA BARCODING*

CONSORZIO ITALIANO PER IL *DNA BARCODING*

www.barcodingitaly.it

Il *DNA barcoding* è una metodica molecolare che permette l'identificazione di entità biologiche attraverso l'analisi di una piccola porzione di DNA. Il *DNA barcoding* è così definito in quanto la sequenza di nucleotidi che compone il frammento di DNA definisce in modo specifico una data specie, così come il codice a barre dei supermercati definisce uno specifico prodotto. L'identificazione degli organismi unicellulari e pluricellulari attraverso il *DNA barcoding* è diventata in pochi anni una diffusa realtà nel mondo della ricerca. Ha inoltre generato ambiziose iniziative internazionali come l'*International Barcode of Life*, il quale rappresenta una ottima opportunità per lo studio della diversità sia a livello locale che globale.

In Italia diversi laboratori svolgono ricerche in cui il *DNA barcoding* è utilizzato per lo studio della biodiversità, per la tracciabilità alimentare, e per l'identificazione di frodi commerciali. Ad oggi, questi laboratori hanno lavorato in modo indipendente tra loro, ma recentemente è stato creato, grazie al supporto della Società Italiana di Biologia Evoluzionistica (SIBE), dell'Unione Zoologica Italiana (UZI) e della Società Botanica Italiana (SBI), il *Consorzio Italiano per il DNA barcoding* con lo scopo di costruire una rete di istituzioni pubbliche e private che utilizzano o hanno intenzione di utilizzare tale metodica.

I principali obiettivi del Consorzio sono: creazione di un *network* tra i partecipanti per aumentare collaborazioni e attività comuni; identificazione di laboratori di riferimento per attività di formazione indirizzate ai giovani ricercatori; identificazione delle linee di ricerca attive in Italia, pianificazione di progetti comuni; connessione con enti internazionali che operano nel campo del *DNA barcoding* per scambiare idee, ricerche e risultati; connessione tra le istituzioni dedite alla ricerca e le realtà commerciali private e pubbliche che lavorano sull'identificazione degli organismi.

Partecipano al Consorzio sia istituzioni pubbliche che laboratori privati.

Tra le prime attività del Consorzio vi è stata la creazione di una piattaforma digitale (www.barcodingitaly.it), l'organizzazione di un "Corso base di *DNA barcoding*" (11-12 giugno, Modena), e un workshop "Applicazione del *DNA barcoding* nell'identificazione e tracciabilità degli organismi" (3 ottobre 2013, Modena).

Per info e iscrizioni consultare il sito www.barcodingitaly.it o scrivere a barcodingitaly@gmail.com, o contattare le persone di riferimento: maurizio.casiraghi@unimib.it, michele.cesari@unimore.it,



MONITORAGGIO EMATOLOGICO MEDIANTE DETERMINAZIONE DELL'ACHE E DEL TFR, QUALI BIOMARKERS DI DANNO TOSSICO DA PESTICIDI NEL RATTO

SILVANA ALBINO¹, ANGELA UNGARO¹, MARIA LAURA POLLIO¹, MARIA
GRAZIA RUGGIERO¹, PAOLO DANISE², ALESSANDRA PICA¹

¹Dipartimento di Biologia, Università di Napoli "Federico II"; ²Dipartimento di
Oncoematologia P.O. Tortora, Pagani, Napoli

Sono state studiate le alterazioni ematologiche prodotte da danno tossico indotto in ratti Wistar dall'assunzione di DDE con la dieta, mediante monitoraggio dei parametri ematologici e l'identificazione di *biomarkers*, quali l'acetilcolinesterasi (AChE) e il recettore per la transferrina (TfR) sulle cellule eritroidi.

Ratti Wistar di sesso maschile, di 60 giorni di età e del peso di 400 g, suddivisi in 4 gruppi sperimentali sottoposti rispettivamente a: 1) dieta iperlipidica (40% in grassi) associata a trattamento con DDE (10 mg/kg per peso corporeo) per 4 settimane (T2); 2) dieta standard (10% in grassi) associata a DDE (10 mg/kg per peso corporeo) per 4 settimane (T2); 3) dieta iperlipidica (40% in grassi) associata a trattamento con DDE (10 mg/kg per peso corporeo) per 4 settimane (T2) seguite da 2 settimane di dieta di restrizione (T3); 4) dieta standard (10% in grassi) associata a DDE (10 mg/kg per peso corporeo) per 4 settimane (T2) seguite da 2 settimane di dieta di restrizione (T3).

Monitoraggio ematologico su campioni di sangue con litio eparina: determinazione spettrofotometrica dell'Hb, microematocrito, conta cellulare in camera di Bürker, formula leucocitaria, indici eritrocitari, analisi spettrofotometrica dell'AChE, rivelazione in immunocitochimica e in immunofluorescenza dell'AChE e del TfR su apposizioni midollari prima (T0) e dopo (T2-T3) trattamento con DDE.

Nei ratti di tutti i gruppi sperimentali, tra tempo iniziale (T0) e tempo finale (T2-T3) si è osservato: diminuzione della concentrazione di Hb, dell'Ht, del numero degli eritrociti e dei leucociti, dell'MCHC, e un aumento dell'MCV e dell'MCH; diminuzione dell'attività dell'AChE; riduzione della immunopositività dell'AChE e aumento della immunopositività del TfR nelle cellule eritroidi midollari.

L'assunzione del DDE con la dieta induce anemia macrocitica e citopenia periferica probabilmente conseguente a danno tossico midollare. Inoltre, la riduzione dell'attività enzimatica dell'AChE, la ridotta positività dell'AChE e l'aumentata positività del TfR a seguito di trattamento con DDE, suggeriscono che sia l'AChE che il TfR possano essere impiegati come *markers* di danno tossico da pesticidi.



VALUTAZIONE ECOTOSSICOLOGICA DELL'UTILIZZO IN AGRICOLTURA DI PRODOTTI DERIVANTI DALLA DIGESTIONE ANAEROBICA DI RIFIUTI

MICHELE D'ERRICO¹, ISABELLA LANCELLOTTI², MARIA AGNESE SABATINI¹, ROSA TAURINO², FABIO TATÀNO³, MARINA MAURI¹

¹Dipartimento di Scienze della Vita e ²Dipartimento di Ingegneria "Enzo Ferrari", Università di Modena e Reggio Emilia; ³Dipartimento di Scienze di Base e Fondamenti Sez. BioMIA - BioMatematica, Modellistica ed Ingegneria Ambientale, Università di Urbino "Carlo Bo"

Negli ultimi anni è notevolmente aumentato l'interesse per la digestione anaerobica come tecnica di trattamento di scarti agroindustriali che trasforma la sostanza organica in *biogas*. I prodotti di scarto del trattamento, i digestati, possono essere utilizzati in agricoltura come fertilizzanti, ammendanti o materiale adsorbente, con interessanti prospettive nell'ambito di un'agricoltura sostenibile. Il digestato oggetto di questo studio è stato ottenuto dalla digestione anaerobica in condizioni mesofile di vinaccioli e noccioli di prugna, miscelati in rapporto 1:1 in termini di solidi volatili con un fango biologico ottenuto dal trattamento di acque reflue urbane. Al fine di valutare l'impatto che tale digestato potrebbe avere sull'ambiente una volta aggiunto al suolo, ne è stato valutato l'effetto su sopravvivenza e riproduzione del collembolo *Folsomia candida* seguendo il protocollo ISO in terreno artificiale formato da sabbia (70%), caolino (20%) e torba di sfagno (10%) con aggiunta di CaCO₃ fino a raggiungere un pH di $6,0 \pm 0,5$ (ISO 11267:1999). Il test ha previsto l'esposizione di esemplari di 12 giorni di *F. candida* per 28 giorni a concentrazioni differenti di digestato nel terreno (0; 1%; 2,5%; 4%; 5%). Inoltre, poiché era emerso che l'aggiunta di digestato al terreno artificiale determinava un innalzamento del pH, è stata preparata una serie di campioni senza digestato in terreno portato a pH 7,2. I terreni sperimentali sono stati caratterizzati in termini di sostanza organica (LOI), concentrazione totale di CaCO₃, salinità e pH. Differenze e similarità fra i gruppi sperimentali sono state saggiate tramite analisi univariate e multivariate (SPSS, PRIMER 5). Una diminuzione significativa della sopravvivenza dei collemboli è stata osservata solo per la concentrazione di digestato al 5% (in media pH = 8,0). La concentrazione al 2,5% (in media pH = 7,8) si è dimostrata sufficiente a produrre un'inibizione della fecondità pari al 41%, mentre non risulta significativa la differenza di fecondità tra il controllo (in media pH = 6,5) e i campioni in cui è stato aggiunto 1% di digestato (in media pH = 7,5). Pertanto la soglia di tossicità per la sopravvivenza può essere collocata fra la concentrazione al 4% e quella al 5% di digestato e per la riproduzione fra 1% e 2,5%. Non sono state evidenziate, invece, differenze significative tra i campioni



con digestato al 2,5% e i campioni senza digestato portati a pH = 7,2 e la loro stretta similarità è confermata dalla CLUSTER Analysis. Un possibile effetto biologico legato direttamente alla modificazione di pH del terreno può, pertanto, essere preso in considerazione.



RISULTATI PRELIMINARI SULLA CRIOCONSERVAZIONE DEGLI SPERMATOZOI DI ASTORE (*Accipiter gentilis*)

ANNA MARIA FAUSTO¹, FEDERICA BATOCCO¹, ANNA RITA TADDEI²,
ANNELISSE CASTILLO³, DANIELE ARCIONI⁴, ENZO ARCIONI⁵, MARGHERITA
MARZONI⁶

¹Dipartimento per l'Innovazione nei sistemi Biologici, Agroalimentari e Forestali, Università degli Studi della Tuscia; ²CGA sezione Microscopia Elettronica, Università degli Studi della Tuscia; ³Collaboratore esterno; ⁴Centro per la Riproduzione Assistita, Assisi; ⁵CCN; Capranica; ⁶Dipartimento Scienze Veterinarie, Pisa

Gli interventi per la conservazione delle specie selvatiche minacciate di estinzione prevedono due diverse tipologie di azione: *in situ*, attraverso la preservazione dell'habitat, generalmente su larga scala, ed *ex-situ*, mediante riproduzione e propagazione delle specie individuali in cattività. Nella seconda strategia giocano un ruolo fondamentale la crioconservazione del seme e l'inseminazione artificiale in quanto permettono sia l'aumento degli individui, sia il mantenimento della variabilità genetica di una specie. Il congelamento del seme è un processo altamente specie-specifico e finora è stato realizzato maggiormente per specie avicole di interesse economico; per quelle selvatiche, invece, è ancora necessario mettere a punto idonee metodologie. In questo lavoro sono riportati i primi risultati di un progetto sulla crioconservazione degli spermatozoi di astore, specie annoverata tra quelle a Minore Preoccupazione nella lista rossa italiana. Il seme è stato raccolto settimanalmente durante la stagione riproduttiva da esemplari di diverse età, allevati secondo il metodo cooperativo. Questa metodica fa sì che gli animali, isolati dai conspecifici, socializzino con l'uomo a tal punto che, se stimolati opportunamente, rilasciano spontaneamente lo sperma sul guanto dell'operatore. Per ogni prelievo sono stati valutati diversi parametri: volume e concentrazione dello sperma, ultrastruttura, vitalità e motilità degli spermatozoi. I campioni con le caratteristiche ritenute migliori sono stati sottoposti al processo di crioconservazione con il metodo del gocciolamento diretto in azoto liquido per la formazione del pellet. Prima del congelamento più dell'80% degli spermatozoi sono risultati vitali e motili, dopo l'intero processo, invece, circa il 35% si sono rivelati vitali e di questi circa il 20% sono risultati motili. Il più basso valore di motilità rispetto a quello di vitalità, come già riscontrato in altre specie, è probabilmente dovuto a danni a livello ultrastrutturale che limitano il movimento flagellare. Questi risultati, discussi in relazione a quelli presenti in letteratura per altre specie, indicano una buona conservazione dello sperma scongelato che risulta quindi idoneo per possibili prove di inseminazione. Il presente lavoro, seppur



basato su un piccolo numero di campioni, ci ha consentito di sviluppare un protocollo idoneo per il congelamento del seme di astore, fornendo un utile contributo per la messa a punto di programmi di crioconservazione degli spermatozoi in altre specie.



STUDIO DELL'ATTIVITÀ BIOLOGICA DI SEMIOCHIMICI PER UNA STRATEGIA INNOVATIVA DI BIOCONTROLLO DI *CACOPSYLLA PYRI* (HEMIPTERA, PSYLLIDAE)

SONIA GANASSI^{1,2}, PATRICK DI SANTO³, STEFANO CIVOLANI⁴, STEFANO CASSANELLI², MARIA AGNESE SABATINI², ANTONIO DE CRISTOFARO³

¹Centro Interdipartimentale per il Miglioramento e la Valorizzazione delle Risorse Biologiche Agro-Alimentari (BIOGEST-SITEIA); ²Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia; ³Dipartimento Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Università del Molise; ⁴Dipartimento di Scienze della Vita e Biotecnologie, Università di Ferrara

Cacopsylla pyri è uno dei più importanti insetti dannosi al pero in Emilia-Romagna poiché causa una significativa riduzione qualitativa e quantitativa della produzione. Il contenimento del fitofago, basato su un numero limitato di fitofarmaci, è spesso insoddisfacente e con risultati variabili soprattutto quando manca il contributo naturale del suo predatore, *Anthocoris nemoralis*. È stato pertanto intrapreso uno studio per valutare l'attività biologica di semiochimici intraspecifici (feromoni sessuali) ed interspecifici (sostanze volatili di origine vegetale) su *C. pyri* per una strategia innovativa di biocontrollo di tale fitofago. Lo studio si articola in due linee di indagine; la prima ha previsto l'ottenimento, sia da femmine che da maschi di *C. pyri*, di estratti cuticolari la cui attività biologica è stata valutata mediante indagini elettroantennografiche (EAG) e comportamentali (olfattometro a Y). Le risposte EAG hanno evidenziato come le miscele di composti volatili presenti negli estratti ottenuti da femmine fossero in grado di stimolare il sistema olfattivo dei maschi. Indagini olfattometriche successive hanno dimostrato come i maschi fossero significativamente attratti sia dalle femmine che dal loro estratto cuticolare, evidenziando la presenza di feromoni sessuali in corso di identificazione. La seconda linea di indagine riguarda l'individuazione di sostanze volatili emesse da diverse cultivar di pero in grado di influenzare il comportamento di *C. pyri* e di conseguenza la scelta della pianta ospite. Tutte le sostanze volatili saggiate hanno evocato risposte EAG: alcune risposte sono risultate significativamente più elevate per entrambi i sessi.



TASSONOMIA E CONSERVAZIONE. LA PRESENZA DI CARATTERI POLIMORFICI NEI CROSTACEI ANFIPODI RISULTA UN FATTORE LIMITANTE PER LA DELIMITAZIONE DELLE SPECIE

DAVIDE IACIOFANO, SABRINA LO BRUTTO

Dipartimento STeBiCeF, Università degli Studi di Palermo

Lo studio e il monitoraggio della biodiversità assumono grande importanza negli ecosistemi acquatici dell'area europea, dove si assiste a cambiamenti della fauna causati dal riscaldamento del clima e dalla diffusione di specie aliene invasive. In questo scenario, il gruppo dei Crostacei Anfipodi gioca un ruolo importante come strumento di valutazione della diversità nelle comunità acquatiche. Diversi sono i casi di segnalazione di specie marine invasive, tra questi l'anfipode *Parhyale explorator* Arresti (1989), lungo le coste della Turchia.

In Sicilia sono stati raccolti anfipodi appartenenti alla fam. Hyalidae che mostrano caratteri condivisi con il gen. *Parhyale* e il gen. *Ptilohyale*. Gli individui manifestano un certo grado di polimorfismo nell'anatomia esterna, sebbene risultino conspecifici sulla base dello studio del 16S-DNA.

Analizzando i caratteri morfologici, la chiave tassonomica della fam. Hyalidae, revisionata da Bousfield e Hendrycks nel 2002, è risultata inadeguata. Secondo gli autori, i generi *Parhyale* e *Ptilohyale* differiscono per un certo numero di caratteri, che non sono risultati discriminanti nei campioni siciliani. Gli individui, infatti, presentano caratteri teoricamente propri dell'uno e dell'altro genere.

L'inclusione nelle chiavi di identificazione di caratteri dal dubbio valore tassonomico si riscontra anche quando si utilizza la chiave del gen. *Parhyale* proposta da Arresti (1989): nel campione siciliano sono presenti individui geneticamente identici che mostrano due forme dell'uropode 3 (ramo esterno soltanto con gruppo di spine apicali, e ramo esterno con spine lungo il margine esterno e disgiunte dal gruppo di spine distali) rispettivamente ascrivibili, *sensu* Arresti, a *P. explorator* e *P. plumicornis*.

Queste osservazioni mostrano la necessità di un sistema stabile di classificazione e di criteri certi per definire le specie e sollevano dei forti dubbi sulla presunta specie invasiva riportata nel Mediterraneo orientale. La possibilità di disporre di classificazioni solide e condivise è sicuramente un pre-requisito indispensabile per la comprensione della reale diversità biologica del Mar Mediterraneo, anche ai fini di una corretta tutela della stessa.

Queste osservazioni mostrano la necessità di un sistema stabile di classificazione e di criteri certi per definire le specie e sollevano dei forti dubbi sulla presunta specie invasiva riportata nel Mediterraneo orientale. La possibilità di disporre di



classificazioni solide e condivise è sicuramente un pre-requisito indispensabile per la comprensione della reale diversità biologica del Mar Mediterraneo, anche ai fini di una corretta tutela della stessa.



L'ALLEVAMENTO DEL MAIALE E LA CACCIA AL CINGHIALE IN EPOCA ROMANA, INFERENZE MOLECOLARI

CLELIA LEGA¹, LORENZO ROOK¹, PASQUALE RAIA², DOMENICO FULGIONE³, DANIELA RIPPA³, VALERIA MASELLI³

¹Dipartimento di Scienze della Terra, Università di Pisa; ²Dipartimento di Scienze della Terra, dell'Ambiente e delle Risorse, Università di Napoli "Federico II";

³Dipartimento di Biologia, Università di Napoli "Federico II"

Le antiche attività socio-culturali rappresentano un affascinante aspetto che può essere chiarito mediante la combinazione della biologia molecolare e della zooarcheologia: l'analisi di resti animali, recuperati da scavi archeologici, permette di ottenere numerose informazioni riguardo l'economia, le tecniche di allevamento o di sfruttamento e le pratiche rituali in antichi insediamenti umani. Data la loro complessità, gli insediamenti di epoca romana rappresentano i casi più studiati. Molteplici sono le fonti riguardanti l'uso del genere *Sus* in questo periodo storico: tutte suggeriscono, oltre al cinghiale ampiamente cacciato, la presenza di almeno due razze di maiali, di cui una larga, bianca, grassa con gambe corte, orecchie penzolone ed una seconda più piccola, setolosa con le gambe lunghe, principalmente usata per la carne. Questo studio vuole contribuire, con dati biomolecolari, alla comprensione del complesso utilizzo del genere *Sus* presso due fiorenti centri urbani di epoca romana. Abbiamo analizzato reperti ossei di *Sus scrofa* in due insediamenti romani, nella città di Pompei e nello scavo archeologico de La Purissima, presso Alghero, entrambi del I d.C. I campioni sono stati assegnati al genere *Sus* morfologicamente e, in seguito, è stato approntato uno studio di biologia molecolare, grazie al quale sono state analizzate le sequenze del D-loop del mtDNA e del gene MC1R dell'nDNA. I reperti ossei sono stati classificati morfologicamente come maiali nel primo sito (Pompei), e cinghiali nel secondo (Alghero). Le sequenze mitocondriali invece assegnano entrambi al clade europeo, il più diffuso e presente in tutta Europa. La caratterizzazione del DNA nucleare è in accordo con l'assegnazione morfologica, validando così i nostri strumenti molecolari. Tale approccio rappresenta un utile strumento nell'interpretazione dei dati e dei reperti archeologici. Inoltre, la comprensione delle attività umane e della relazione con la fauna selvatica e domestica in epoca storica permette di chiarire aspetti dello stile di vita delle popolazioni che avrebbero potuto avere importanti ripercussioni nel plasmare la fauna selvatica e domestica delle nostre regioni.



SPECIE NON NATIVE E CONTROLLO DELLA BIODIVERSITÀ

ADRIANO MADONNA¹, SAMANTHA TROCCHIA¹, DEA RABBITO¹, MERSIA FORMICOLA¹, GIULIA GUERRIERO^{1,2}

¹Dipartimento di Biologia; ²CIRAM, Università degli Studi di Napoli "Federico II", Napoli

Il Mar Mediterraneo, per la sua ricchezza di biodiversità, è uno degli ecosistemi più importanti del mondo. Negli ultimi decenni, però, molte bio-invasioni si sono verificate attraverso lo Stretto di Gibilterra a causa di cambiamenti idroclimatici e il Canale di Suez per il surriscaldamento globale. Tra le questioni più dibattute dell'inquinamento biologico, la principale è relativa ai processi biotici del rapporto nativo-invasore. Le informazioni riportate da frammenti di geni mitocondriali permettono un'inequivocabile identificazione delle specie autoctone e alloctone in maniera particolare da uova, larve e carcasse, fornendo discriminazione di specie non native e gli estremi per un corretto controllo della biodiversità. La nostra indagine ha permesso l'identificazione morfologica di alcune specie pervenute dal Golfo di Gaeta: *Fistularia commersonii*, *Sphoeroides pachygaster* e *Aulopus filamentosus*, confermata dalla loro sequenza della subunità 1 della citocromo c ossidasi, e il sequenziamento *ex novo* del 12S mt-rRNA di *Aulopus filamentosus*. Tra le specie esaminate *Fistularia commersonii* e *Sphoeroides pachygaster* sono specie non native penetrate nel Mediterraneo attraverso il Canale di Suez (Mar Rosso) e lo Stretto di Gibilterra, rispettivamente; *Aulopus filamentosus*, è, invece, una specie autoctona anche se di insorgenza sporadica.



L'ELEVATO LIVELLO DI GLUTAMMATO NELL'ALGA INVASIVA *Caulerpa racemosa* INFLUENZA IL COMPORTAMENTO ALIMENTARE DEL SARAGO MAGGIORE (*Diplodus sargus*)

LAURA MAGLIOZZI¹, ERNESTO MOLLO², GIANLUCA POLESE³, ANTONIO TERLIZZI¹, SERENA FELLINE¹, SALVATORE DE BONIS³, BIAGIO D'ANIELLO³
¹Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche ed Ambientali, Università del Salento, CoNISMa, Lecce; ²Istituto di Chimica Biomolecolare, CNR, Pozzuoli, Napoli; ³Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Napoli "Federico II"

L'invasione della clorofita marina *Caulerpa racemosa* è uno degli eventi più emblematici nella storia delle specie introdotte nel Mediterraneo, per la sua enorme diffusione e l'impatto sulle comunità autoctone. *Caulerpa racemosa* è una componente importante della dieta del sarago maggiore (*Diplodus sargus*). Uno dei principali metaboliti algali (il pigmento bisindolico caulerpina) si accumula nei muscoli, nel fegato e nel cervello del pesce. Nell'alga, inoltre, sono stati rilevati elevati livelli di glutammato, ben noto stimolante della assunzione del cibo nell'uomo. Questa ricerca valuta il possibile ruolo dei composti dietarici algali nel determinare alterazioni nel comportamento alimentare in *D. sargus*. Inoltre, attraverso l'analisi etologica delle relazioni antagonistiche tra gruppi di pesci sottoposti a diverso regime alimentare, è stato studiato l'eventuale effetto dei composti algali sul loro comportamento sociale. Durante una fase di pretrattamento i pesci sono stati alimentati con 1 grammo di cibo non trattato per giorno, mentre durante la successiva fase la stessa quantità di cibo è stata implementata aggiungendo rispettivamente 0,1 mg/g di caulerpina e 55 mg/g di glutammato (dosi naturalmente presenti nell'alga). L'esperimento è stato monitorato mediante riprese giornaliere di 5 min, al termine delle quali il residuo di cibo è stato recuperato, disidratato e ripesato per ottenere la quantità media assunta.

La ricerca ha permesso di osservare che sia la quantità di cibo giornaliero medio ingerito dal singolo pesce, che il numero di attacchi al cibo aumentavano significativamente ($p < 0,01$) quando il cibo era stato trattato con glutammato, laddove il cibo trattato con caulerpina non produceva variazioni significative. D'altra parte, un incremento nei comportamenti antagonistici si verificava tra i pesci in seguito alla somministrazione di glutammato, mentre la somministrazione di caulerpina era associata ad una diminuzione dell'aggressività. I risultati ottenuti suggeriscono che l'elevata appetibilità dell'alga sia in parte dovuta al suo elevato contenuto di glutammato, mentre l'accumulo di caulerpina nel cervello del pesce potrebbe essere all'origine di un comportamento sociale alterato.



INDUZIONE DELLA CRESCITA OVARICA DI *Procambarus clarkii* (GIRARD, 1852) MEDIANTE SILENZIAMENTO DELL'ORMONE GONADO-INIBITORIO

CHIARA MANFRIN¹, LUCA PERUZZA¹, SOOK J. CHUNG², ALBERTO PALLAVICINI¹, PIERO G. GIULIANINI¹

¹Dipartimento di Scienze della Vita, Università degli Studi di Trieste; ²IMET, University of Maryland, Baltimore, MD, USA

Il progetto RARITY (LIFE 10/NAT/IT/000239) si pone tra i vari obiettivi il contrasto alla diffusione e il contenimento numerico di *Procambarus clarkii* in FVG. Il gonad (o vitellogenesis) inhibiting hormone (GIH/VIH) è il principale modulatore negativo della crescita ovarica nei Crostacei Decapodi (Giulianini & Edomi, 2006) ed è un buon candidato per una tecnica innovativa che prevede la somministrazione orale di questo ormone mediante esche al fine di ridurre la fitness riproduttiva di questa specie aliena invasiva. Per validare il ruolo inibitorio del GIH sulle gonadi di *P. clarkii* si è proceduto al silenziamento di questo ormone mediante iniezione di 10 µg/animale di dsRNA, codificante per la regione C terminale del GIH. Gli animali sperimentali sono stati trattati con 4 iniezioni a giorni alterni, un gruppo di controllo è stato iniettato con tampone sterile isotonic, un terzo gruppo è stato epeduncolato bilateralmente per eliminare la fonte endogena di GIH. Inoltre, 5 animali sono stati sacrificati all'inizio dell'esperimento per valutare lo stadio di maturità (T0). Dopo il trattamento gli animali iniettati con dsRNA presentano un valore medio di indice gonadosomatico (GSI) di $0,51 \pm 0,13$ (n = 8), il gruppo di controllo un GSI di $0,22 \pm 0,04$ (n = 8) e gli animali epeduncolati un GSI di $0,28 \pm 0,04$ (n = 7). L'analisi statistica non ha evidenziato differenze significative tra i GSI dei diversi gruppi a fine trattamento rispetto ai valori iniziali, ma il gruppo trattato con dsRNA presenta una tendenza alla significatività nel confronto con il gruppo iniettato con tampone sterile (p = 0,10). Inoltre, il T0 mostra valori di GSI molto bassi (GSI < 0.2), indice di uno stato fisiologico ancora lontano dalla possibilità di avere crescite significative degli ovari. I dati confermano il ruolo inibitorio del GIH in *P. clarkii* e la potenzialità di questa tecnica già usata nei Crostacei per diminuire il periodo di intermura con il silenziamento dell'ormone inibitorio della muta (MIH) (Pamuru *et al.*, 2012). È in corso un nuovo esperimento di durata doppia, con aumento della dose di dsRNA iniettato e con utilizzo di esemplari ad uno stadio di maturità più avanzato.



ALLESTIMENTO DI UNA LIBRERIA FAGICA DI ESPRESSIONE PER LA PRODUZIONE DI MOLECOLE ATTRATTIVE PER IL TRAPPOLAGGIO DI *Procambarus clarkii* (GIRARD, 1852)

LORENA MARSON¹, FEDERICA PIAZZA¹, ALBERTO PALLAVICINI¹, FIORELLA FLORIAN¹, PAOLO EDOMI¹, LAURA AQUILONI¹, MARCO GERDOL¹, PIERO G. GIULIANINI¹

¹Dipartimento di Scienze della Vita, Università degli Studi di Trieste;

²Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Firenze

Nell'ambito del progetto europeo RARITY (LIFE 10/NAT/IT/000239), stiamo mettendo a punto nuove metodologie per il trappolaggio specie-specifico al fine di contrastare la diffusione della specie aliena invasiva *Procambarus clarkii* in FVG. I Crostacei Decapodi rilasciano attraverso l'urina molecole a valenza feromonale di fondamentale importanza nelle interazioni aggressive e sociali. In particolare, le femmine durante il periodo riproduttivo rilasciano nell'ambiente molecole per attrarre i maschi (Aquiloni & Gherardi, 2010). Nei Decapodi, grandi quantità di peptidi sono prodotti in ghiandole associate al nefroporo e alla ghiandola verde e si pensa che essi abbiano un ruolo nella segnalazione interindividuale (Atema & Steinbach, 2007). È stata allestita una libreria fagica di espressione a partire da mRNA estratto dalle ghiandole associate al nefroporo e alla ghiandola verde. La libreria ottenuta presenta un numero di $1,6 \times 10^7$ cloni. L'analisi di 98 sequenze estratte casualmente permette di ascriverle tutte al genoma di *P. clarkii*. Sono stati selezionati 15 pool fagici attraverso doppia interazione in vitro con espianti di antennule (sede dei chemorecettori) di maschi di *P. clarkii* in fase riproduttiva (morfotipo F1, stadio E). I fagi selezionati con questa metodica risultano arricchiti di almeno un ordine di grandezza rispetto alla libreria e al primo ciclo di interazione. I fagi risultanti da una delle selezioni sono stati sequenziati e dall'analisi delle sequenze è emerso che tutte sono diverse e appartenenti al genoma di *P. clarkii*, a conferma che il legame con i recettori delle antennule è specifico e che non ci sono state contaminazioni. Viene dimostrata la potenzialità di questa tecnica, che permette di vagliare contemporaneamente milioni di fagi diversi che espongono sulla superficie i peptidi di interesse e che contengono il DNA che codifica il corrispondente peptide. I fagi dei *pool* selezionati, separatamente liofilizzati, verranno testati per la loro capacità attrattiva su maschi sessualmente maturi mediante saggi comportamentali.



ANALISI CRITICA SULL'IMPORTANZA DELLA DURATA DEI CAMPIONAMENTI NELLE RICERCHE SULLE COMUNITÀ DI ISOPODI ONISCIDEI

GIUSEPPINA MESSINA¹, MARTINA BARCHITTA², GIUSEPPE MONTESANTO¹,
ELISA PEZZINO¹, ANTONELLA AGODI², DOMENICO CARUSO¹, BIANCA M.
LOMBARDO¹

¹Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche ed Ambientali – Sezione di
Biologia Animale “M. La Greca”, Università degli Studi di Catania;

²Dipartimento “G.F. Ingrassia”, Università degli Studi di Catania

Le ricerche relative alla diversità degli Isopodi Oniscidei condotte su diversi habitat, finalizzate spesso alla conoscenza di interrelazioni esistenti tra questi e le diverse tipologie di suolo, vegetazione, ecc., vengono effettuate impiegando varie tipologie di campionamento. Le *pitfall traps* rappresentano il metodo di campionamento più utilizzato poiché consente di valutare la struttura e l'abbondanza delle popolazioni e quindi la misura della diversità specifica di una comunità. La possibilità di ottenere misure affidabili della diversità dipende infatti dalla metodologia con cui vengono raccolti i dati, in particolare i periodi di campionamento, poiché, se da un lato si tende ad allungare il periodo al fine di evitare la perdita di informazioni, dall'altro è necessario tenere conto del costo del reperimento dei dati in termini di tempo, materiali e personale impegnato nella ricerca. In letteratura, la stima della diversità degli Isopodi viene spesso fatta sulla base di dati ottenuti da campionamenti limitati ai mesi primaverili e/o autunnali. Abbiamo voluto verificare se la quantità di informazione ecologica, in termini di ricchezza specifica ed abbondanza, contenuta nella serie di campionamenti standardizzati da noi effettuati per 24 mesi con cadenza mensile (all'interno della R.N.O. “Saline di Trapani e Paceco”), è maggiore rispetto a quella ottenuta utilizzando solo i campionamenti relativi a determinati mesi dell'anno. A tal fine, utilizzando i test t-student, Mann-Whitney e Kolmogorov-Smirnov sono stati confrontati i valori medi del numero di specie e di individui raccolti mensilmente nei due anni con i valori ottenuti dai campionamenti nei mesi pari, dispari e nei mesi di marzo, aprile, maggio, giugno, settembre ed ottobre. Dai risultati è emerso che la differenza non è significativa per nessuna delle due variabili (numero di individui e di specie). Se il campionamento fosse stato condotto per un solo anno, si sarebbe ottenuta in media la stessa abbondanza e ricchezza specifica dell'altro anno; altrettanto se il campionamento fosse stato effettuato solo nei mesi pari, dispari o solo nei mesi sopra indicati e solo per un anno. Inoltre, non sarebbe cambiato in entrambi i casi il rapporto sessi. I risultati sembrano dare la possibilità di considerare validi anche studi basati su periodi limitati di campionamento.



ANALISI DELLE SPECIE DI UCCELLI INDICATRICI DELLE HNV FARMLAND: UN CASO DI STUDIO IN UN'AREA PROTETTA DELL'ITALIA CENTRALE

FEDERICO MORELLI¹, EDOARDO BIONDI², SIMONA CASAVECCHIA²,
RICCARDO SANTOLINI¹, DIANA GALDENZI², MARIA BALSAMO¹, SIMONE
PESARESI²

¹Dipartimento di Scienze della Terra, della Vita e dell'Ambiente, Università degli Studi di Urbino "Carlo Bo"; ²Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari ed Ambientali, Università Politecnica delle Marche, Ancona

Gli agroecosistemi rappresentano uno degli habitat più estesi in Europa e caratterizzati da un'elevata ricchezza di specie di uccelli. Tuttavia, negli ultimi decenni, i paesaggi agricoli sono stati oggetto di rapidi cambiamenti su larga scala, causati principalmente dall'intensificazione e meccanizzazione delle attività agricole. Recenti studi sono stati condotti al fine di valutare la qualità di questi paesaggi, definendo il pregio naturale dei terreni agricoli (HNV). In particolare l'utilizzo delle informazioni cartografiche e fitosociologiche e quindi delle comunità di piante come bioindicatori hanno permesso l'identificazione e la classificazione delle HNV *farmland* (aree agricole ad alto valore naturale) in un'area protetta dell'Italia centrale, il Parco Naturale Regionale del Conero. Gran parte del territorio del Parco (55%) risulta interessato da attività di tipo agricolo. Analizzandone la diversità e la naturalità in termini fitosociologici e di habitat (dir. 92/43/CEE) sono state identificate e mappate le seguenti classi HNV: HNV 1 praterie (1%), HNV 2 (21%), HNV 3 (16%), HNV 4 (5%), HNV 5 (Non HNV) (57%).

In questo lavoro è stata effettuata un'analisi delle specie indicatrici utilizzando l'indice di associazione IndVal, al fine di: i) studiare, a livello di paesaggio, le relazioni tra la presenza delle specie di uccelli e le diverse classi HNV per il Parco Naturale Regionale del Conero, ii) contribuire alla caratterizzazione degli habitat utilizzati dagli uccelli, e iii) definire un set di specie di uccelli indicatrici, idonee al monitoraggio e alla diagnosi dello stato dell'agroecosistema. Nell'area di studio sono stati inoltre eseguiti 116 campionamenti e registrate 35 specie di uccelli. La ricchezza media di specie per plot è risultata 11, compresa fra un minimo di 5 ad un massimo di 16 specie. Per ogni specie è stata identificata la classe HNV più affine in termini di specificità (componente B di IndVal) e predittività (componente A di IndVal). L'approccio utilizzato in questo lavoro è utile per il riconoscimento ed il monitoraggio dei diversi livelli di naturalità degli agroecosistemi e rappresenta quindi un importante strumento operativo per le politiche gestionali e conservative delle specie e degli habitat a scala locale e regionale.



MALFORMAZIONI DELLE LARVE DI *Chironomus riparius* MEIGEN, 1804 E CONTAMINAZIONE DA METALLI PESANTI IN UN CORSO D'ACQUA DELL'ITALIA CENTRALE

MATTEO PALLOTTINI, ALESSANDRA DI VEROLI, FEDERICO SANTORO,
ROBERTA SELVAGGI, FRANCESCO SCARDAZZA, DAVID CAPPELLETTI,
ENZO GORETTI

*Dipartimento di Chimica, Biologia e Biotecnologie, Università degli Studi di
Perugia*

Lo studio intende esaminare l'incidenza delle malformazioni boccali (*mentum*) nelle larve di chironomidi (Diptera) per valutare gli effetti tossici della contaminazione da metalli pesanti in un corso d'acqua (Torrente Genna, Umbria) soggetto ad elevati carichi di sostanza organica, in gran parte prodotti da allevamenti (suini). I metalli (in particolare rame e zinco) sono utilizzati come oligoelementi nei mangimi per soddisfare le esigenze nutrizionali degli animali. L'indagine è stata condotta stagionalmente in 4 stazioni di campionamento (2012). Le concentrazioni dei metalli pesanti (Pb, Cu, Cd, Cr, Zn e Ni) sono state determinate nei sedimenti, nelle acque e nei tessuti larvali dei chironomidi. In quest'ultimo caso, circa 300/500 larve (IV instar) di *Chironomus riparius* sono state utilizzate in ogni stazione, previa rimozione della capsula cefalica utilizzata per l'analisi delle malformazioni del *mentum*. Successivamente ogni esemplare è stato classificato in base ad un protocollo morfologico: Classe 1 (*mentum* non malformato), classe 2 (*mentum* con malformazione lieve); classe 3 (*mentum* con malformazione grave). Nei sedimenti i valori medi di Cd, Cr e Ni sono risultati maggiori alla St. 3, Zn e Cu alla St. 2 e Pb alla St. 1. Nelle acque i maggiori valori medi dei metalli sono stati trovati alla St. 1 tranne che per Zn (St. 3). Nei tessuti larvali i valori medi più elevati sono stati rilevati alla St. 3 per tutti i metalli ad eccezione del Ni (St. 2). Nel complesso, l'incidenza delle malformazioni (cl. 2 + 3) era molto alta e pari a circa al 56%. I valori più alti di deformità sono stati rilevati alla St. 2 (65%), principalmente per l'aumento delle malformazioni gravi (40%). In media, le malformazioni lievi (cl. 2) hanno mostrato, ad eccezione della St. 2 (24,5%), valori costanti (31%). L'alta incidenza di malformazioni gravi (cl. 3: 30%) è probabilmente legata all'elevato livello di contaminazione da metalli pesanti nei sedimenti, in particolare il rame che mostra il valore medio più alto proprio nella St. 2. Questo studio mette in evidenza che le malformazioni dei chironomidi sono un efficace *endpoint* per valutare gli effetti tossici della contaminazione da metalli pesanti.



LA STRUTTURA ACUSTICA DEI SEGNALI TONALI COME STRUMENTO PER L'IDENTIFICAZIONE DI UNITÀ DI CONSERVAZIONE NEI DELFINIDI

ELENA PAPALE, CRISTINA GIACOMA

Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi, Università degli Studi di Torino

I segnali acustici sono considerati una importante espressione della diversità fenotipica. Tuttavia, la comprensione del contributo genetico sulla forma del segnale è resa complessa dall'influenza di diverse pressioni selettive. Questo studio si prefigge di valutare se la struttura acustica dei segnali di comunicazione permetta l'identificazione di unità evolutive in specie con apprendimento vocale. Si propone inoltre di esaminare quali fattori favoriscano la variabilità del segnale e in che modo la influenzino. Abbiamo confrontato le caratteristiche dei segnali emessi in Atlantico e in Mediterraneo da tre specie di delfinidi: *Tursiops truncatus*, *Delphinus delphis* e *Stenella coeruleoalba*. Sono stati misurati 5 parametri di frequenza, 4 di modulazione e la durata del segnale dei fischi registrati durante 123 sessioni. I suoni analizzati risultano correttamente assegnabili ai due bacini considerati con una percentuale superiore al 79%. I parametri di frequenza presentano maggiore stabilità intra-specifica rispetto ai parametri di durata e modulazione (Coefficienti di Variazione: parametri di frequenza 19-48, di durata 35-56, di modulazione 80-189). La frequenza minima, parametro significativamente correlato alle dimensioni, non risulta statisticamente differente né per delfino comune né per *Stenella striata* (Mann Whitney test: $N = 707$, $U = 0,03$, $P = 0,97$; $N = 1615$, $U = 0,88$, $P = 0,38$). In presenza di un flusso genico tra i gruppi studiati, differenze significative sono evidenti solo a livello dei parametri di modulazione (specialmente nel numero di massimi e minimi) che risultano correlati con fattori sociali/comportamentali. Le condizioni ecologiche, compreso il rumore ambientale, influenzano tutte le tipologie di parametri e similarità tra i valori sono state registrate in condizioni ecologiche affini. I risultati confermano che la variabilità delle caratteristiche acustiche permette di identificare unità distinte in accordo con i dati di differenziamento genetico. Le differenze genetiche o l'adattamento locale da soli non sono in grado di spiegare tutta la variabilità nei segnali ma ulteriori fattori contribuiscono al risultato influenzando ciascun parametro in modo differente.



VALUTAZIONE DELLA CONTAMINAZIONE COSTIERA DA METALLI PESANTI CON L'UTILIZZO DEL BLENNIDE BIOINDICATORE *Parablennius sanguinolentus* (PALLAS, 1814)

VALENTINA PULVIRENTI¹, CHIARA COPAT², VENERA FERRITO¹, GIOVANNI ARENA², SALVATORE SCIACCA², MARGHERITA FERRANTE², CONCETTA TIGANO¹

¹Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche ed Ambientali, Università di Catania; ²Dipartimento di Anatomia, Biologia e Genetica, Medicina Legale, Neuroscienze, Patologia Diagnostica, Igiene e Sanità Pubblica (Gian Filippo Ingrassia), Università di Catania

È ormai noto in letteratura che i metalli pesanti, se presenti in alte concentrazioni nell'ambiente acquatico, hanno singolari capacità di bioaccumularsi negli organismi marini provocando danni che si ripercuotono su tutti i livelli di organizzazione dei sistemi biologici. Obiettivo di questo studio è la valutazione dell'inquinamento da metalli pesanti in campioni di sedimento e acqua e nel muscolo di *Parablennius sanguinolentus* di 10 siti costieri del Mediterraneo, correlando i valori di bioaccumulo nel muscolo con la presenza di micronuclei negli eritrociti e, dove è stato possibile, con il livello di frammentazione del DNA, tramite *Comet assay* (Tigano *et al.*, 2009). I campionamenti sono stati effettuati tra il 2008 e il 2010 nei seguenti siti: 1) Rapallo (GE), 2) Antignano (LI), 3) S. Marinella (Roma) (SM), 4) Brindisi (BR), 5) Cupra marittima (AN), 6) Area Marina Protetta (AMP) "Plemmirio" (Siracusa) (PL), 7) Riposto (Catania) (RP), 8) Trapani (TP), 9) AMP "Isole Ciclopi" Acitrezza (Catania) (AC), 10) Augusta (Siracusa) (AU). L'analisi dei metalli pesanti, il test dei micronuclei sono stati condotti in accordo con Tomasello *et al.* (2012). Dai dati ottenuti emerge una sensibile contaminazione da Hg, Pb, Cr e Ni nei sedimenti del porto turistico di Rapallo (GE), AU e LI, località di intensa attività petrolchimica e chimica. I dati del bioaccumulo indicano una contaminazione da Pb, Hg e Cr negli esemplari di AU e di GE; in particolare, nel sito di AU si riscontrano i valori più elevati dell'indice IMBI (Indice Medio di Bioaccumulo Individuale) e le percentuali più elevate di frammentazione del DNA rilevata sia con il test dei micronuclei che con il test Comet (Pulvirenti *et al.*, 2013). L'elevata contaminazione da inquinanti genotossici, sia nei sedimenti che nel muscolo degli esemplari esaminati di AU e GE, confermano i dati già ottenuti per il sito di AU (Pulvirenti *et al.*, 2013), dove è stato riscontrato un sensibile impoverimento della ittiofauna costiera. Appare peculiare la presenza di elevate concentrazioni di Pb nel muscolo dei campioni dell'AMP "Isola dei Ciclopi", probabilmente in relazione alle attività legate al porto turistico e peschereccio di questo sito. È evidente che la qualità ambientale delle AMP è negativamente influenzata dalla contiguità con aree fortemente antropizzate.



***Rhinolophus hipposideros* (MAMMALIA, RHINOLOPHIDAE) COME NUOVO OSPITE PER *Brachytarsina flavipennis* (DIPTERA, STREBLIDAE) IN ITALIA**

DINO SCARAVELLI¹, PAMELA PRIORI², MARIA BALSAMO²

¹Laboratorio di Ecologia dei Patogeni, Dipartimento di Scienze Mediche Veterinarie, Università di Bologna, Ozzano dell'Emilia, Bologna; ²Dipartimento di Scienze della Terra, della Vita e dell'Ambiente, Università di Urbino, Urbino

Tra i ditteri a vita parassitaria vi sono due famiglie che hanno evoluto particolarità morfofisiologiche connesse con i chiroterteri loro ospiti. La complessa fenologia di questi mammiferi influenza in modo articolato la loro fauna parassitaria il cui rapporto con l'ospite risente anche delle variazioni biogeografiche. Tra i parassiti dei chiroterteri italiani predominano gli appartenenti alla famiglia dei Nycteribiidae, tutti atteri, con 9 specie (Rivosecchi, 1995). Di contro la famiglia Streblidae conta 240 specie a livello mondiale ma soltanto *Brachytarsina flavipennis* Macquart, 1851 è conosciuta per l'Italia (Lanza, 1999). Nell'ambito di una ricerca volta ad indagare le faune parassitarie dei chiroterteri italiani ed a chiarire i legami ecologici tra ospite, parassita e i diversi ambienti occupati come rifugi, sono in fase di esplorazione rifugi che ospitano le diverse fasi fenologiche dei mammiferi ospiti (letargo, swarming o riproduzione) per verificare i carichi parassitari mediante catture dirette sul corpo degli ospiti o sulle pareti dei rifugi. In data 4/2/2013, in un tunnel che funge da roost invernale ed estivo per una comunità mista di *Miniopterus schreibersii*, *Myotis blythii*, *Rhinolophus hipposideros*, *R. ferrumequinum* e *R. euryale*, due esemplari di *Brachytarsina flavipennis* sono stati riscontrati sul patagio di un individuo di *Rhinolophus hipposideros* svernante. Il tunnel, con temperatura interna compresa tra 14 e 17 °C nei diversi periodi dell'anno, è localizzato nella Toscana centro-meridionale, in provincia di Pisa. Il parassita è stato rinvenuto anche su *R. euryale* e *M. schreibersii*, con 1-3 individui per ospite. Lo stato di letargo degli ospiti ha permesso solo rilievi occasionali per non creare disturbo. *Brachytarsina flavipennis* è stata quindi rilevata in Italia su *R. ferrumequinum*, *R. euryale*, *R. mehelyi* e *M. schreibersii* (Lanza, 1994), mentre per l'Europa è stata occasionalmente segnalata anche su *R. hipposideros*, *Myotis myotis*, *M. blythii* e *M. capaccini*, quando questi ultimi vivano in colonie miste (Hürka, 1962). È interessante rilevare infine come i parassiti fossero attivi su ospiti ibernanti. La segnalazione, prima per l'Italia, va a confermare l'ampia eurifagia del parassita che dall'ospite considerato principale, *Rhinolophus euryale*, può diffondersi in condizioni di sintopia a specie ospiti filogeneticamente affini o anche distanti come *Miniopterus schreibersii*.



PRESENZA DELLA CHITRIDIOMICOSI IN SARDEGNA E CONSEGUENZE SULLE POPOLAZIONI DI EUPROTTO SARDO *Euproctus platycephalus* (AMPHIBIA, URODELA)

GIULIA TESSA^{1,2}, TRENTON W.J. GARNER³, GIUSEPPE SOTGIU², STEFANO
BOVERO², CRISTINA GIACOMA¹

¹Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi, Università degli Studi di
Torino, Torino, Italy; ²Associazione no-profit Zirichiltaggi SWC, Sassari, Italy;
³Institute of Zoology, Zoological Society of London, London, United Kingdom

Negli ultimi decenni è risultata sempre più evidente una tendenza al declino degli anfibi, tanto su scala globale che locale, ed una delle maggiori minacce è stata identificata nelle patologie infettive emergenti. Di queste la più imminente a livello mondiale è la chitridiomicosi, causata dal fungo *Batrachochytrium dendrobatidis*. Questo chitridiomicete può provocare declino ed estinzione di popolazioni e di intere specie. In Europa è ampiamente diffuso, ma solamente in Spagna ed Italia sono state documentate mortalità di massa causate da questo patogeno. La Sardegna risulta la regione più colpita in Italia, con morie di massa di adulti e larve di discoglossa sardo, *Discoglossus sardus*, ed un cospicuo numero di popolazioni di euprotto sardo, *Euproctus platycephalus*, infette. L'euprotto sardo, endemico dell'isola, è considerato *Endangered* dalla IUCN in quanto sono presenti ormai meno di 50 popolazioni. Il nostro studio si è posto l'obiettivo di valutare effetti diretti e indiretti dell'infezione da chitridiomicete. A questo scopo abbiamo monitorato, durante 4 anni, le popolazioni infette dell'euprotto sardo site nei Monti del Limbara, Nord Sardegna, a 800-950 m s.l.m. Sono stati effettuati monitoraggi stagionali per valutare l'eventuale presenza di mortalità di massa nella specie e di sintomi specie-specifici legati alla patologia, e sono state utilizzate analisi scheletrocronologiche per verificare un'incidenza della patologia sui tassi di crescita e sulla struttura di popolazione. Le popolazioni di euprotto sardo apparentemente non subiscono mortalità di massa, ma la patologia causa negli individui infetti difficoltà nell'accrescimento e, nelle popolazioni infette, anomalie nella struttura in classi d'età e una drastica diminuzione dell'effettivo, rivelandosi una seria minaccia per la specie.



LA COAGULAZIONE NELL'ORSO BRUNO MARSICANO (*Ursus arctos marsicanus*)

ANGELA UNGARO¹, SILVANA ALBINO¹, MARIA GRAZIA RUGGIERO¹, MARIA LAURA POLLIO¹, MAURIZIO MARESCA², ALESSANDRA PICA¹

¹Dipartimento di Biologia, Università di Napoli "Federico II"; ²Laboratorio di Patologia clinica, Settore Emostasi P.O. Mauro Scarlato Scafati, Salerno

L'obiettivo dello studio è stato quello di valutare il sistema coagulativo attraverso lo studio della via estrinseca e di quella intrinseca dell'orso bruno marsicano (*Ursus arctos marsicanus*) del quale non sono presenti dati in letteratura. Tale specie è attualmente classificata dall'IUCN come "critico", ovvero a rischio estremamente alto di estinzione in natura.

Il primo esemplare utilizzato per lo screening emocoagulativo è stato un esemplare femmina del peso di 150 kg. Il prelievo, eseguito in primavera nel Parco Faunistico d'Abruzzo di Castel di Sangro, Località Brionna, è stato effettuato, dopo narcosi, con accesso venoso giugulare in provette vacutainer contenenti rispettivamente EDTA, litio eparina e sodiocitrato. L'EDTA si è rivelato un anticoagulante non efficace in tale specie. Dal campione eparinizzato è stato effettuato l'emocromo e uno screening ematochimico completo dello studio della funzionalità epatica. Dal campione citratato è stato ottenuto, previa centrifugazione, il plasma usato per la determinazione dell'assetto coagulativo mediante metodi, sia automatizzati (Coagulometro Advance IL con reagenti refrigerati e temperatura di lavoro e incubazione a 37 °C) sia manuali, in BM a 37 °C. Attraverso i test PT (tempo di protrombina) e aPTT (tempo di protrombina parziale attivata), misura della concentrazione di fibrinogeno sec. la metodica funzionale di Clauss (aggiunta di eccesso di Trombina). Il plasma dopo centrifugazione presentava una tenue intensità cromogena.

Dalle analisi effettuate l'esemplare è risultato in stato di buona salute. La valutazione del test del PT, *in toto*, come ci si aspettava dalla debole intensità cromogena, non ha dato risultati. Il tempo di protrombina è stato quindi effettuato allungando i tempi di incubazione e applicando la tecnica del Mix con uguali quantità di Plasma umano normale. I risultati ottenuti dopo correzione mostrano un INR normale e inferiore a 1. L'aPTT è invece fallito anche in tempi estesi. Per contro i valori del fibrinogeno riscontrati si sono rivelati molto più alti rispetto a quelli medi dell'uomo.

Da questi risultati sembrerebbe che l'orso marsicano mostri una deficienza fattoriale FXII, FXI, FIX, FVIII, Callicreina, Chininogeno ad alto peso Molecolare (HMWK) responsabili a cascata dell'attivazione della via intrinseca. Sono in corso analisi su altri esemplari.



SIMPOSIO 4: BIOLOGIA E GENETICA DI POPOLAZIONI

Chairpersons: Roberto Bertolani, Ettore Olmo

Lo studio delle caratteristiche demografiche, fenotipiche e genetiche delle popolazioni animali svolge un ruolo importante per la comprensione dei fenomeni evolutivi. Di tale studio si occupa la Biologia delle popolazioni, una disciplina integrata che comprende la genetica delle popolazioni e l'ecologia delle popolazioni. Lo sviluppo delle metodologie di analisi ecologiche, molecolari e statistiche hanno dato un grande sviluppo a queste discipline ed alle problematiche della biodiversità e della conservazione.

Comunicazioni



GENETICA DELLE POPOLAZIONI ANIMALI: L'EVOLUZIONE DI UNA DISCIPLINA

VALERIO SBORDONI

Dipartimento di Biologia, Università di Roma "Tor Vergata"

In quasi tutte le definizioni la genetica delle popolazioni viene descritta come quella branca della genetica che studia la distribuzione e la variazione spaziale e temporale dei geni e dei genotipi nelle popolazioni. Ma queste definizioni hanno un sapore riduzionista, e non rendono merito alla grande articolazione tematica dei metodi e degli obiettivi che questa disciplina ha sviluppato a partire dalla sua nascita, guadagnando nel tempo amplissimo respiro culturale.

La genetica delle popolazioni è diventata presto l'intelaiatura razionale della teoria darwiniana dell'evoluzione ed è stato in quest'ambito, fin dall'inizio, che la biologia ha potuto dotarsi di strumenti matematici, come da sempre avviene nella fisica e nelle altre scienze "dure".

Cercherò di raccontare le principali tappe nell'evoluzione di questa disciplina che si è andata differenziando in due principali campi di studio: l'uomo da un lato, tutti gli altri organismi dall'altro. Differenze determinate soprattutto dalla natura degli interrogativi, non tanto dagli strumenti analitici utilizzati. I grandi temi dell'evoluzione e le dialettiche filosofiche che li hanno percorsi hanno trovato un terreno particolarmente fertile nella genetica delle popolazioni animali. Qui la ricerca empirica (sviluppata nell'ambito della genetica ecologica), efficacemente sostenuta da metodologie sempre più innovative per lo studio della variabilità, si confronta con una modellistica via via più puntuale e sofisticata, in grado di descrivere le determinanti temporali (teoria della coalescenza, filogenesi) e spaziali (teoria delle metapopolazioni, *landscape genetics*, filogeografia, ecc.) della variazione genetica.

Mimetismo, speciazione, conservazione della natura, epidemiologia, specie aliene, competizione intraspecifica, variazione geografica, sono solo alcune delle parole chiave che caratterizzano gli approcci tematici studiati con gli strumenti della genetica di popolazioni.

Avendo percorso quasi mezzo secolo di ricerca in alcuni di questi ambiti, ho avuto la fortuna di conoscere molte persone che hanno fatto la storia di questa disciplina; dalle loro testimonianze emerge un interessante schema genealogico delle principali scuole, dove l'effetto del fondatore ha avuto un ruolo rilevante.



IL CONTRIBUTO DELLA DEMOGRAFIA ALLA BIOLOGIA DELLA CONSERVAZIONE: IL CASO STUDIO DEI CETACEI MEDITERRANEI

ALESSIA ROSSI¹, PIERO MANFREDI², GUIDO GNONE³, MICHELA BELLINGERI³, SILVIO NUTI⁴, GIOVANNI SANTANGELO¹

¹Dipartimento di Biologia, Università di Pisa - CISSC; ²Dipartimento di Economia, Università di Pisa - CISSC; ³Acquario di Genova; ⁴Centro CE.TU.S./O.T.C., Viareggio

Lo studio demografico delle popolazioni naturali può rivelarsi di grande aiuto per la conservazione di specie *long-lived* caratterizzate da un basso tasso di riproduzione. I modelli di popolazione vengono utilizzati per proiettare la struttura di una popolazione nel tempo e valutarne le condizioni e le probabilità di sopravvivenza. Lo studio demografico delle popolazioni di Cetacei presenta notevoli difficoltà legate alla scarsità di dati disponibili. Scopo delle nostre ricerche è quello di analizzare la struttura demografica della (sotto)popolazione di tursiopo (*Tursiops truncatus* Montagu, 1821) del Mar Ligure attraverso due differenti approcci: il primo basato sui dati di foto-identificazione provenienti dagli avvistamenti e l'altro sui dati di spiaggiamenti, nel periodo 1986-2011. La (sotto)popolazione è stata suddivisa in stadi vitali sulla base della taglia e dell'età presunta ad essa associata (*newborns*, *calves* e giovani-adulti); si sono poi costruite *life-tables* e *mortality tables* (sugli spiaggiamenti), da cui sono state desunte le sopravvivenze e i tassi di riproduzione. Sulla base dei dati di foto-identificazione raccolti nel Mar Ligure orientale nel periodo 2006-2011, suddivisi in due sotto-periodi (2006-2008; 2009-2011) sono state costruite per la prima volta due *life-tables*. La struttura della (sotto)popolazione presenta un andamento monotono decrescente, in cui il valore massimo di mortalità si ha nel primo stadio vitale (88,05% nel triennio 2006-2008; 81,17% nel triennio 2009-2011). Il tasso geometrico di accrescimento tra i due sotto-periodi maggiore di 1 ($\lambda = 1,12$) indica un notevole incremento della (sotto)popolazione nel tempo, confermato anche dalle stime di abbondanza, ottenute con la tecnica *mark-recapture*. Poiché vi sono buone evidenze che la (sotto)popolazione esaminata non sia soggetta a fenomeni di migrazione, tale accrescimento sarebbe dovuto ad un autentico aumento demografico. Per l'ulteriore sviluppo di queste ricerche sarà necessaria la messa a punto di un protocollo di campionamento che preveda la raccolta di specifici dati. Taglia o stadio vitale e sesso degli individui sono informazioni indispensabili per descrivere la struttura di popolazione. Sarebbe inoltre utile la costruzione di curve di crescita basate sull'analisi sclerocronologica dei denti e della taglia degli individui spiaggiati.



GENETICA E CONSERVAZIONE DELLA SALAMANDRINA DI SAVI (*Salamandrina perspicillata*): VERIFICA DI NUOVI MARCATORI ED EVIDENZA DI MULTIPATERNITÀ

VALENTINA ROVELLI¹, ETTORE RANDI², FRANCESCA DAVOLI², DANIELE MACALE³, MARCO ALBERTO BOLOGNA¹, LEONARDO VIGNOLI¹

¹Dipartimento di Scienze, Università degli Studi Roma Tre; ²Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale (ISPRA); ³Fondazione Bioparco di Roma

La salamandrina di Savi (*Salamandrina perspicillata*) è una specie endemica dell'Italia peninsulare, classificata dalla IUCN come *Least Concern*. *Salamandrina perspicillata* è piuttosto diffusa lungo tutto l'arco appenninico tuttavia, a causa della sua elusività e distribuzione puntiforme, si rendono necessari ulteriori studi per approfondire il suo attuale stato di conservazione. Abbiamo testato il potere di risoluzione di 10 loci microsatellite (Hauswaldt *et al.*, 2011) allo scopo di verificare la loro utilità e validità come strumenti per studi di genetica della conservazione, con due obiettivi specifici: 1) stimare la variabilità genetica all'interno di popolazioni; 2) investigare per la prima volta modelli di paternità in questa specie. Abbiamo amplificato i 10 loci in due PCR multiple, ciascuna composta da 5 primers. Successivamente abbiamo genotipizzato 129 individui adulti, provenienti dal Parco Regionale di Vejo (Lazio, RM), raccolti tra il 2007 e il 2012. Eterozigosità osservata ed attesa, deviazioni dall'equilibrio di Hardy-Weinberg, probabilità di identità e frequenze alleliche ad ogni locus sono state calcolate utilizzando il software GenAEx 6.5. Abbiamo trovato una media di 6,2 alleli per locus, mentre i valori di eterozigosità osservata ed attesa sono stati $H_o = 0,617$ e $H_e = 0,622$. Tutti i loci rispettano gli assunti dell'equilibrio di Hardy-Weinberg, eccetto uno (SALA-NC7) che è stato escluso dalle analisi. La probabilità di identità a 9 loci è risultata $PI = 1,0E-07$ e $PIsibs = 1,03E-3$. L'affidabilità dei genotipi ottenuti è stata verificata mediante 10 repliche di 8 individui, che hanno restituito valori di *drop-out* allelico $ADO = 0$ e falsi alleli $FA = 0$. Per verificare l'abilità di questi marcatori di rilevare anche fenomeni di multipaternità, abbiamo genotipizzato otto femmine (raccolte gravide nel loro ambiente naturale) e la loro prole (278 larve in totale; 30 larve in media per ogni femmina). La ricostruzione dei genotipi paterni è stata ottenuta mediante l'utilizzo del software Colony 2.0.3.5, rivelando che in media ogni femmina ha raccolto spermatofores di 3 diversi maschi (min = 2, max = 4). I nostri risultati mostrano che questo set di marcatori può essere efficacemente utilizzato per stimare l'entità della variabilità genetica e per rivelare fenomeni di multipaternità in *S. perspicillata*.



DEMOGRAFIA E DINAMICA DI POPOLAZIONE IN *Indri indri*

MARCO GAMBA¹, VALERIA TORTI¹, JONAH RATSIMBAZAFY², ZO H. RABEMANANJARA³, ROSE MARIE RANDRIANARISON², VIVIANA SORRENTINO¹, GIOVANNA BONADONNA¹, CRISTINA GIACOMA¹

¹Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi, Università di Torino;

²GERP, Groupe d'Étude et de Recherche sur les Primates de Madagascar, Antananarivo, Madagascar; ³Université de Toamasina, GRENE, Gestion de Ressources Naturelles et Environnement, Toamasina, Madagascar

I *pattern* di nascita, mortalità e migrazione sono importanti descrittori della *life history* di una specie e possono essere efficaci indicatori dello stato di una popolazione in risposta a disturbi ambientali. Compariamo in questo lavoro 10 anni di dati demografici di tre popolazioni di indri (*Indri indri*), una specie longeva con maturità a circa 7 anni di età, con basso tasso riproduttivo (mediamente un piccolo ogni 2 anni) e cure parentali lunghe. Indri vive in un ambiente forestale del Madagascar soggetto a eventi catastrofici, eventi che si manifestano con relativa frequenza.

Abbiamo studiato 16 gruppi di indri nella parte orientale del Madagascar, nelle foreste di Andasibe-Mantadia, di Maromizaha e di Anzojorobe. La raccolta dati è stata condotta da Settembre a Dicembre, dal 2004 al 2012, riconoscendo individualmente ogni animale e collezionando le informazioni riguardanti i canti, il comportamento spaziale e la struttura dei gruppi.

I dati dimostrano come l'organizzazione sociale di indri sia basata su una monogamia sociale a medio termine con dispersione natale in entrambi i sessi. Il gruppo familiare difende attivamente un territorio ed annuncia la propria presenza con i canti. In tutte le popolazioni studiate i gruppi hanno mostrato variazioni nella composizione, con *takeover* di maschi, morti e inserimenti nei gruppi d'individui estranei. Dal punto di vista comportamentale si è anche registrato un evento di *extra-paircopulation*.

L'organizzazione sociale di Indri si fonda sulla monogamia, ma il sistema potrebbe essere più flessibile rispetto a quanto si ritenesse in precedenza. In particolare la monogamia sociale potrebbe non tradursi in monogamia sessuale e genetica. Sono in corso analisi volte ad appurare il grado di diversità genetica intra-popolazionale e il contributo delle *extra-paircopulation* alla struttura genetica della popolazione.



RICERCHE ECOLOGICHE SU POPOLAZIONI ITALIANE DI *Osmoderma eremita* (COLEOPTERA SCARABAEIDAE CETONIINAE)

STEFANO CHIARI¹, AGNESE ZAULI¹, PAOLO AUDISIO², GIUSEPPE MARIA CARPANETO¹

¹Dipartimento di Scienze, Università Roma Tre; ²Dipartimento di Biologia e Biotecnologie Charles Darwin, Università di Roma "La Sapienza"

L'ecologia di *Osmoderma eremita* (Scopoli, 1763), un coleottero scarabeide saproxilico di grande taglia, protetto dalla Direttiva Habitat, è stata studiata approfonditamente su popolazioni dell'Europa settentrionale, soprattutto in Svezia (Ranius *et al.*, 2005, 2009; Hedin *et al.*, 2008; Svensson *et al.*, 2009) al fine di raccogliere informazioni utili per la sua conservazione. Più recentemente, sono iniziate ricerche a lungo termine sulle popolazioni italiane, le più meridionali note per la specie in senso stretto (Audisio *et al.*, 2009; Carpaneto *et al.*, 2010; Chiari *et al.*, 2012a, b, 2013). A partire dal 2009 è iniziato un campionamento non-invasivo finalizzato a rilevare la presenza della specie nel Lazio e raccogliere informazioni sull'abbondanza delle sue popolazioni, sulla capacità di dispersione e sulla scelta dei siti di riproduzione. Il campionamento ha utilizzato diversi modelli di trappole a caduta e a intercettazione, con o senza feromoni attrattivi. Ciò ha permesso di selezionare i metodi più idonei in base a parametri come la capacità di cattura, il costo, il tempo di allestimento, ecc. Per studiare l'abbondanza delle popolazioni, è stato utilizzato il metodo di Cattura-Marcatura-Ricattura; invece, per stimare il tasso e la distanza di dispersione, è stato applicato il metodo della radio-telemetria usando tag miniaturizzati di 0,45 g. Per individuare i siti di ovodeposizione, è stato usato il metodo del *Wood Mould Sampling*, analizzando i detriti legnosi all'interno delle cavità degli alberi al fine di trovare le larve. I risultati mostrano che l'uso combinato di trappole a caduta senza attrattivi e di trappole ad intercettazione del tipo *Black-Cross-Window* innescate con feromoni specifici permette di rilevare la presenza della specie e l'abbondanza delle popolazioni. Quest'ultima risulta molto minore in Italia rispetto alla Svezia, probabilmente a causa della distribuzione più dispersa degli alberi cavi e alle loro minori dimensioni nei nostri boschi. Il tasso e le distanze massime e medie di dispersione sono più elevati rispetto a quelli delle popolazioni nordiche (massima distanza rilevata: 1500 m nel Lazio, 180 in Svezia). Gli alberi preferiti per la riproduzione sono quelli vivi, con abbondante quantità di rosime nelle cavità. La rarità della specie in Italia potrebbe dipendere dalla scarsità di vecchi alberi cavi negli ambienti naturali, dovuta alle tecniche di gestione forestale basate su frequenti tagli.



GONOCORICI O ERMAFRODITI? POLIMORFISMI SESSUALI MULTIPLI NELLE POPOLAZIONI DEL POLICHETE MARINO *Ophryotrocha labronica*

MARIA CRISTINA LORENZI, GABRIELLA SELLA

Dipartimento di Scienza della Vita e Biologia dei Sistemi, Università degli Studi di Torino

Le specie gonocoriche con progenitori ermafroditi potrebbero conservare variabilità genetica per la determinazione del sesso e questa potrebbe determinare una qualche labilità del fenotipo sessuale. Il polichete marino *Ophryotrocha labronica* potrebbe esserne un esempio: ha un marcato dimorfismo sessuale, ha progenitori ermafroditi e le diverse popolazioni potrebbero nascondere diversi gradi di specializzazione dei fenotipi sessuali. Abbiamo perciò analizzato l'espressione del sesso in tre popolazioni geograficamente distanti (Los Angeles, CA, San Diego, CA, Genova, I), ma interfertili, di questo polichete. L'analisi dei gameti ha mostrato che esistono 4 fenotipi sessuali e che questi hanno frequenza diversa nelle differenti popolazioni: maschi puri, maschi funzionali (con spermatozoi funzionali e ovociti non funzionali), femmine pure, femmine funzionali (con ovociti funzionali e spermatozoi non funzionali).

Aggiungendo all'esame dei gameti quello dei caratteri sessuali secondari (dimensioni corporee, dimensioni della mandibola e numero di ghiandole a rosetta), i 4 fenotipi si potevano classificare nei due generi maschile e femminile, ma il grado di dimorfismo sessuale differiva tra popolazioni. Nella popolazione di Los Angeles, dove il dimorfismo sessuale era poco marcato, tutti gli individui esaminati producevano sia ovociti che spermatozoi, sebbene usassero solo o gli uni o gli altri nella riproduzione. Nelle altre popolazioni erano presenti maschi e/o femmine pure ma con frequenze diverse.

Le tre popolazioni di *O. labronica* studiate possono essere esempi, unici per ora, di diversi stadi evolutivi intermedi tra ermafroditismo e gonocorismo e mostrano come lo studio delle popolazioni possa dare importanti informazioni sulla variazione biologica nella specializzazione sessuale. Vengono discusse le implicazioni di questi risultati sulla nostra percezione dei sistemi riproduttivi: le differenze tra i due sessi possono essere considerate più in termini quantitativi che qualitativi.



DISTRIBUZIONE DELLA VARIABILITÀ GENETICA E MORFOLOGICA NEL FRAGOLINO, *Pagellus erythrinus* (SPARIDAE), NEL MAR MEDITERRANEO

ELISA ANGIULLI, ANNA RITA ROSSI, FRANCESCO COLLOCA, GIANDOMENICO ARDIZZONE, LUCIANA SOLA

Dipartimento di Biologia e Biotecnologie Charles Darwin, Università di Roma "La Sapienza"

Il fragolino, *Pagellus erythrinus*, è una specie oggetto di sfruttamento, le cui conoscenze biologiche sono ancora relativamente limitate. In questo studio è stata affrontata l'analisi della distribuzione della variabilità genetica nel fragolino a diverse scale geografiche e in relazione con zone di transizione note all'interno del Mediterraneo e tra Mar Mediterraneo e Oceano Atlantico. Al fine di valutare la connettività genetica, sono stati raccolti esemplari della specie in un totale di 16 siti, lungo le coste italiane (13 siti), tunisine (2 siti) e portoghesi (1 sito), e sono stati utilizzati due tipi di marcatori molecolari, il DNA mitocondriale (sequenziamento della Regione di Controllo e analisi RFLP del citocromo b), e quello nucleare (10 loci microsatellite), in grado di indagare a diverse scale temporali. L'analisi morfologica è stata condotta mediante un approccio di morfometria geometrica, utilizzando 20 punti omologhi (*landmarks*), distribuiti lungo tutto il corpo degli esemplari.

Sono state individuate tre differenti linee mitocondriali simpatriche, ognuna delle quali include individui appartenenti a quasi tutti i siti di campionamento, senza alcun *pattern* geografico riconoscibile. L'origine di questi tre aplogruppi è stata interpretata come conseguenza di un periodo di isolamento, seguito da contatto secondario, riconducibile alle oscillazioni climatiche del Pleistocene.

I microsatelliti hanno permesso di rilevare una debole strutturazione genetica ($F_{st} = 0,006$ $p < 0,05$) e la presenza di sottopopolazioni attribuibili alle principali discontinuità oceanografiche e alle correnti locali dell'area.

La morfometria geometrica ha consentito di individuare una variazione morfologica sia nella componente della taglia che della forma, sia tra i siti che tra i sessi. La variabilità nella taglia potrebbe essere riconducibile alle differenti condizioni ambientali e anche all'ermafroditismo proteroginico, proprio della specie; le differenze nella forma hanno evidenziato la presenza di un lieve dimorfismo sessuale. Non è stata osservata correlazione tra variabilità genetica e quella morfologica, indicazione che la notevole plasticità fenotipica della specie riflette fenomeni di divergenza/convergenza adattativa.



POPOLAZIONI MODERNE ED ESTINTE DI FRANCOLINO NERO (*Francolinus francolinus*, GALLIFORMES): UN APPROCCIO GENETICO-MOLECOLARE

GIOVANNI FORCINA, MONICA GUERRINI, FILIPPO BARBANERA

Dipartimento di Biologia, Unità di Zoologia e Antropologia, Università degli Studi di Pisa

Le ricerche di tipo filogeografico possono rivelarsi problematiche per i taxa il cui areale è esteso ed include aree poco accessibili. A ciò è verosimilmente imputabile la scarsità di studi sul francolino nero (*Francolinus francolinus*), fasianide la cui distribuzione si estende da Cipro attraverso il Medio Oriente e l'Asia centrale fino al Bangladesh. Al fine di caratterizzare la struttura genetica della specie nel suo intero *range*, numerosi reperti (*toe pads*, penne: $n = 76$) prelevati da esemplari residenti in collezioni ornitologiche (1830-1967) di 14 musei di storia naturale in Europa e Stati Uniti sono stati adoperati unitamente a campioni di tipo moderno (penne: $n = 203$) raccolti in 12 paesi. Selezionati *ad hoc*, i tessuti museali sono stati analizzati in un laboratorio per analisi di DNA antico. I campioni provenienti dalla Sicilia, facendo capo ad una popolazione estinta di origine ignota, sono stati oggetto di notevole interesse. Un frammento della Regione di Controllo del DNA mitocondriale (185 pb) è stato amplificato e sequenziato per l'intero *dataset* ($n = 279$); i soli campioni moderni sono stati inoltre genotipizzati a 9 loci del DNA microsatellitare. L'indagine del DNA mitocondriale ha messo in luce una robusta struttura genetica intra-specifica, nella quale le sei sottospecie tradizionalmente riconosciute figurano in tre aplogruppi di due sottospecie ciascuno che si susseguono da est ad ovest riflettendo una struttura filogeografica più articolata di quanto finora ipotizzato su base morfologica. Tali risultati trovano sostanziale riscontro nei dati ottenuti dal DNA microsatellitare che ha evidenziato una marcata distinzione tra le popolazioni che occupano la porzione orientale dell' areale (subcontinente indiano) e tutte le altre. Inoltre, l'attribuzione della maggior parte dei campioni siciliani alle linee mitocondriali più diffuse a Cipro sembra confermare l'ipotesi secondo cui la passata presenza della specie in Sicilia sarebbe riconducibile ad un'introduzione operata nel Medioevo dai cavalieri di ritorno dalle Crociate in Medio Oriente.

L'identificazione di aplotipi siciliani ascrivibili alle sottospecie dell'Asia orientale suggerisce invece un secondo, recente ma del tutto inatteso evento di introduzione, peraltro non dissimile da quelli di cui sono stati oggetto specie evolutivamente affini (coturnice orientale).



BUONE SPECIE SENZA *BARCODING GAP*? PRIMI DATI GENOMICI SULLA FILOGENESI DELLE SPECIE ALPINE DEL GRUPPO *Erebia tyndarus* (LEPIDOPTERA)

PAOLO GRATTON¹, ALESSANDRA TRASATTI¹, GIORGIO RICCARDUCCI¹,
EMILIANO TRUCCHI², SILVIO MARTA¹, GIULIANA ALLEGRUCCI¹,
DONATELLA CESARONI¹, VALERIO SBORDONI¹

¹Dipartimento di Biologia, Università di Roma "Tor Vergata", ²Centre for Ecological and Evolutionary Synthesis (CEES), University of Oslo

I rappresentanti Alpini e Appenninici del gruppo *Erebia tyndarus* (Lepidoptera, Satyridae) rappresentano un complesso problema tassonomico e biogeografico che ha appassionato generazioni di lepidotterologi. Dati morfologici, cariotipici, ecologici, genetico-molecolari ed esperimenti di incrocio in laboratorio hanno portato a descrivere fino a cinque specie strettamente affini: *E. tyndarus*, *E. calcaria*, *E. nivalis*, *E. cassioides* ed *E. carmenta* (quest'ultima considerata spesso come una sottospecie di *cassioides*). Ciononostante, la delimitazione delle specie, le loro relazioni filogenetiche, e l'origine della loro peculiare distribuzione geografica, sono ancora poco chiare, tanto che questo gruppo è stato preso ad esempio di un taxon di 'cattive specie' per le quali la definizione di una tassonomia filogeneticamente 'corretta' può essere frustrante, o addirittura priva di senso (Descimon & Mallet, 2009).

In questo lavoro, abbiamo esteso i dati già disponibili sul DNA mitocondriale del gruppo *tyndarus*, sequenziando 1190 bp del gene *cox1* (comprendenti l'intera regione barcoding di ca. 650 bp) in 136 individui rappresentativi dell'intera distribuzione del gruppo, e applicato una tecnica di sequenziamento genomico a rappresentazione ridotta (RAD *sequencing*) su un sotto-campione di 45 individui.

I nostri risultati confermano l'assenza di un segnale filogenetico nel gene *cox1* che permetta di identificare la monofilia delle specie, che non mostrano sinapomorfie nell'intero tratto sequenziato. Al contrario, l'analisi di alcune centinaia di brevi sequenze nucleari (95 bp ognuna) permette di identificare quattro linee evolutive molto ben distinte, corrispondenti alle specie *E. tyndarus*, *E. nivalis*, *E. calcaria* ed *E. cassioides*+*carmenta*, seppure con dei probabili segnali di introgressione tra *E. nivalis* ed *E. tyndarus* nell'unica località dove queste si trovano in simpatria. La discrepanza tra i dati mitocondriali e i dati nucleari nei nostri risultati sottolinea l'importanza del flusso genico e della ricombinazione nel genoma nucleare nel definire l'identità filogenetica di specie che si trovano in uno stadio precoce di divergenza.



CARATTERIZZAZIONE GENETICA DI ESEMPLARI DOMESTICI E URBANI DI COLOMBO (*Columba livia*)

NADIA MUCCI¹, DANIELE BIGI², NATALE EMILIO BALDACCINI³, DIMITRI
GIUNCHI³, ETTORE RANDI¹

¹Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale (ISPRA), Laboratorio di Genetica, Ozzano Emilia, Bologna; ²Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-Alimentari (DISTAL), Università di Bologna; ³Dipartimento di Biologia, Università di Pisa

Obiettivo principale della ricerca è stato quello di descrivere la variabilità genetica esistente in sei razze domestiche di colombo (*Columba livia*) e in alcune popolazioni urbane italiane. Sono stati raccolti 189 campioni di penne da colombi appartenenti a sei razze domestiche, quattro autoctone italiane (Reggianino, Sottobanca, Triganino Modenese e Viaggiatore Italiano da Esposizione) e due di origine straniera (Colombo Viaggiatore e Pavoncello), ma allevate in Italia da molto tempo, nonché da ulteriori 78 individui provenienti da quattro città dell'Italia centro-settentrionale. Tra quelle autoctone, il Triganino Modenese e il Reggianino hanno origini antichissime ed entrambe sono suddivise in due sottorazze. Il DNA estratto dai campioni è stato analizzato con un pannello di 14 loci microsatellite e i risultati sono stati analizzati con metodi di statistica classica e bayesiana.

I risultati preliminari presentano una chiara distinzione fra le diverse razze domestiche, evidenziando una maggiore distanza genetica fra quelle che storicamente hanno avuto origine in aree differenti. I dati ottenuti dalle analisi di Triganino Modenese e Reggianino inoltre mostrano distanze genetiche compatibili con il frequente scambio di riproduttori tra le sottorazze. Gli individui provenienti dai contesti urbani analizzati mostrano generalmente una composizione genetica molto simile a quella di alcune razze domestiche, anche se sono ben evidenti differenze riconducibili ai singoli processi di formazione delle diverse popolazioni urbane, oltre al modesto interscambio esistente tra di esse. I dati sulle razze domestiche confermano quelli storici relativi ai processi di selezione a partire da razze molto antiche o da individui selvatici. Ulteriori informazioni per chiarire i processi di addomesticamento e l'origine di alcune popolazioni cittadine potrebbero derivare dallo studio di popolazioni selvatiche di *Columba livia*. A tal proposito prevediamo di ampliare il campionamento con esemplari appartenenti a colonie selvatiche in Sardegna e Tunisia, di incrementare lo studio dei colombi domestici con l'analisi di nuove razze e di ampliare il numero di contesti urbani campionati. Dati recenti relativi allo studio del genoma di colombo permetteranno l'integrazione dello studio dei geni neutrali con l'analisi di geni funzionali negli esemplari domestici, urbani e selvatici.



RELAZIONI FILOGENETICHE TRA SPECIE DEL GENERE *Orchestia* (AMPHIPODA) BASATE SU SEQUENZE DI GENI MITOCONDRIALI E NUCLEARI

DOMENICO DAVOLOS, ELVIRA DE MATTHAEIS

*Dipartimento di Biologia e Biotecnologie Charles Darwin, Università di Roma
"La Sapienza"*

Lo status tassonomico di diversi crostacei anfipodi è stato recentemente oggetto di revisioni che hanno preso in considerazione dati morfologici, molecolari e biogeografici. Le nostre indagini filogenetiche, tuttora in corso, su anfipodi talitridi esaminati a vari livelli tassonomici, sono basate su sequenze di regioni sia mitocondriali che nucleari. I geni mitocondriali in esame codificano le citocromo ossidasi I e II (COI e COII) localizzati in una regione genica che nei talitridi presenta un peculiare riarrangiamento in relazione a genomi mitocondriali di altri crostacei. I loci nucleari in esame codificano per proteine, tra cui l'istone H3, riconosciute utili per ricavare accurate inferenze evolutive. Nel presente lavoro, vengono riportati i risultati molecolari in gran parte relativi a specie appartenenti al genere *Orchestia* provenienti dalle isole Canarie (Oceano Atlantico) e da varie aree del Mediterraneo e del Nord Est Atlantico. Tra le specie di *Orchestia* esaminate, tre sono endemiche delle isole Canarie (*O. canariensis*, *O. gomeri*, *O. guancha*), due sono endemiche del Mar Mediterraneo (*O. montagui*, *O. stephensi*), tre hanno distribuzione geografica più ampia (*O. gammarellus*, *O. garbinii*, *O. mediterranea*); *O. cavimana* è nota per l'isola di Cipro e di alcune località sul Mar Nero. L'analisi filogenetica delle specie di *Orchestia* ha rivelato interessanti raggruppamenti riguardanti specie già descritte e taxa morfologicamente criptici. Da questi dati, si confermano alcuni rapporti evolutivi precedentemente osservati con l'analisi degli allozimi. I nostri risultati, integrati con dati biogeografici, appaiono in grado di chiarire le relazioni evolutive sia all'interno del genere *Orchestia* che di altri generi della famiglia Talitridae.



DIVERSITÀ GENETICA E *PATTERN* FILOGEOGRAFICI IN *Mauremys leprosa* (TESTUDINES, GEOEMYDIDAE)

FRANCESCO SACCO¹, FEDERICO MARRONE¹, MARCO ARCULEO¹, UWE FRITZ²

¹Dipartimento STEBICEF, Università degli Studi di Palermo, ²Museum of Zoology Senckenberg, Natural History Collections Dresden

Mauremys leprosa (Schweigger, 1812) è un geoemydide a distribuzione ibero-magrebina. In nord Africa tale distribuzione è fortemente influenzata dalla catena montuosa dell'Atlante. I pochi campioni di *M. leprosa* provenienti dalla Tunisia e dall'Algeria analizzati ad oggi presentano aplotipi vicini a quelli riscontrati a sud della catena montuosa dell'Atlante. È sembrato quindi opportuno incrementare il numero di campioni provenienti dalla Tunisia e dall'Algeria così da ottenere un quadro più accurato della distribuzione dei diversi aplotipi di *M. leprosa* in Maghreb, nonché dei flussi genici tra le sue popolazioni. Questa specie costituisce infatti un valido modello per lo studio dell'impatto di barriere biogeografiche di differente efficacia sulla struttura genetica delle testuggini palustri.

Campioni di 83 individui di *M. leprosa*, raccolti in Maghreb e nella penisola Iberica, sono stati utilizzati per lo studio di due geni del DNA mitocondriale: il citocromo b ed il *dloop*. L'analisi filogenetica è stata condotta attraverso un approccio di ML.

I risultati ottenuti hanno evidenziato tre gruppi monofiletici ben caratterizzati: un primo gruppo che include solo i due individui campionati nella zona di Marrakech, un secondo che include quasi tutti gli individui del Marocco settentrionale e quelli iberici, e un ultimo, più numeroso, che include gli individui tunisini, algerini, e della parte del Marocco a sud della catena dell'Atlante. Quest'ultimo, più strutturato, consente di individuare al suo interno tre ulteriori gruppi monofiletici, due relativi a popolazioni marocchine a sud dell'Atlante, ed un terzo che include i campioni algerini e tunisini.

Benché questi primi dati abbiano un valore esclusivamente esplorativo, permettono di osservare *pattern* da indagare in futuro. Risaltano la grande diversità genetica dei campioni marocchini, suggerendo che tale area rappresenti l'*hot-spot* di diversità genetica della specie, la presenza di aplotipi esclusivi dell'area di Marrakech, e, di contro, la grande omogeneità dei campioni raccolti nel Maghreb centro-orientale, probabile frutto di una colonizzazione recente ad opera della specie.



STUDIO DELLA VARIABILITÀ GENETICA DEL GOBIDE PROGENETICO, *Aphia minuta* (Risso, 1810) (PERCIFORMES, GOBIIDAE)

PAOLO RUGGERI, ANDREA SPLENDIANI, MASSIMO GIOVANNOTTI,
TATIANA FIORAVANTI, PAOLA NISI CERIONI, VINCENZO CAPUTO
BARUCCHI

DiSVA, Università Politecnica delle Marche, Ancona

Aphia minuta è un piccolo gobide progenetico e una specie *target* per la pesca in diverse parti del suo areale di distribuzione. In questo lavoro sono stati isolati 15 microsattelliti dal genoma di questa specie e con 12 di essi è stata analizzata la variabilità genetica in cinque campioni del Mar Mediterraneo e un campione dell'Oceano Atlantico. I campioni mediterranei di *Aphia* sono risultati più polimorfici rispetto al campione atlantico. Questo risultato potrebbe essere il frutto di eventi demografici che hanno interessato la località atlantica studiata o suggerire che passati eventi paleoclimatici abbiano avuto un ruolo nel regolare il flusso genetico a livello dello stretto di Gibilterra tra questi due popolamenti. In particolare, le vicende paleoclimatiche del Pleistocene possono aver giocato un ruolo nel modificare il livello di connettività tra questi due bacini. A supporto di quest'ultima ipotesi si pone la strutturazione che è stata osservata tra l'area atlantica e il Mar Mediterraneo, sia con metodi bayesiani (STRUCTURE) che con il calcolo del differenziamento genetico basato sul Φ_{ST} . Un'ulteriore sottostruttura è stata identificata all'interno del Mar Mediterraneo tra la sua porzione occidentale e il Mar Adriatico. Pertanto, l'assenza di un significativo isolamento per distanza (IBD) indicherebbe che le relazioni tra questi gruppi è regolata più da fattori biologici/ecologici e non dalla distanza geografica che li separa. Questi risultati concordano con quanto riportato per altre specie con una distribuzione geografica simile a quella di *Aphia*, nelle quali la strutturazione genetica è stata messa in relazione con la presenza di barriere oceanografiche, quali il fronte Orano-Almeria e quello presente nel Canale di Sicilia. L'identificazione di una struttura genetica, che individua unità evolutive indipendenti, rappresenta un'informazione importante per una corretta gestione dei popolamenti di questa specie.



**SIMPOSIO 4:
BIOLOGIA E GENETICA DI POPOLAZIONI**

Poster



STUDIO DEL DIFFERENZIAMENTO GENETICO TRA POPOLAZIONI DELLA SCIFOMEDUSA *Pelagia noctiluca* NEL MAR MEDITERRANEO E NELL'ATLANTICO ORIENTALE

GIORGIO AGLIERI¹, CHIARA PAPETTI², LORENZO ZANE², FERDINANDO
BOERO¹, STEFANO PIRAINO¹

¹Di.S.Te.B.A., Università del Salento; ²Dipartimento di Biologia, Università di
Padova

Le dinamiche di popolazione della medusa luminosa *Pelagia noctiluca* (Forsskål, 1775) sono ancora poco note, nonostante le conseguenze negative dei frequenti *bloom*. Questa specie va, infatti, incontro a improvvisi incrementi nella densità di popolazione che perdurano per anni (circa 12) prima di ridimensionarsi. Osservazioni recenti rivelano che la frequenza di questi fenomeni è in aumento.

In genere, specie oloplanctoniche a fecondazione esterna e ad alta capacità di dispersione come *P. noctiluca* mostrano elevato flusso genico tra popolazioni. Tuttavia, l'alternanza di periodi di abbondanza/rarità della specie in alcuni siti, e l'elevata frequenza in ristrette aree geografiche può suggerire l'esistenza di dinamiche più complesse, quali la presenza di specifici comportamenti riproduttivi e/o di meccanismi passivi di aggregazione in prossimità di fronti idrografici o di zone di mescolamento tra acque profonde e acque superficiali. Questo studio ha lo scopo di verificare l'esistenza di differenziamento genetico tra popolazioni di *P. noctiluca* nel Mar Mediterraneo e nell'Atlantico orientale. A tal fine, sono stati sviluppati e ottimizzati 9 marcatori microsatelliti polimorfici, utilizzati per la genotipizzazione di 489 individui da 11 località differenti. Per alcuni siti, i campionamenti sono stati replicati periodicamente per ottenere informazioni anche su scala temporale. In quasi tutte le popolazioni e per la maggior parte dei loci è stato riscontrato un eccesso di omozigoti. Questo risultato, esclusa l'interferenza di artefatti tecnici ed errori di genotipizzazione tramite test *ad hoc*, suggerisce un alto livello di *inbreeding*, un fenomeno che potrebbe dipendere da fattori idrografici locali e dal comportamento gregario della specie, elementi che possono rendere più probabile l'incontro tra gameti appartenenti a individui imparentati. Le analisi hanno inoltre evidenziato un ridotto livello di differenziamento all'interno dell'area studiata a carico di poche popolazioni, confermando così come il ciclo olopelagico e l'alta capacità di dispersione di *P. noctiluca* permettano di mantenere un elevato flusso genico tra le popolazioni.



CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE E DINAMICA DEL RETROTRASPOSONE NON-LTR R2 NELLA SPECIE *Bacillus atticus* (PHASMIDA, BACILLIDAE)

LIVIA BONANDIN, CLAUDIA SCAVARELLO, ANDREA LUCHETTI, BARBARA MANTOVANI

Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali (BiGeA), Università degli Studi di Bologna

La famiglia di elementi mobili ad inserzione specifica attualmente più studiata è rappresentata dal retrotrasposone autonomo non-LTR R2, le cui copie s'inseriscono nella sequenza 5'-TTAA↓GGTAGC-3' del gene ribosomale 28S, compromettendone la produzione di copie funzionali.

Al fine di studiare la dinamica evolutiva e la capacità di trasposizione in un genoma a trasmissione unisessuata, è stata condotta la caratterizzazione molecolare dell'elemento R2 nella specie partenogenetica obbligata di insetto stecco *Bacillus atticus*.

La sequenza completa di R2 è stata ottenuta mediante la tecnica del *primer walking*. Il numero di copie dei geni ribosomali e dell'elemento R2 è stato valutato con metodiche standard di *dot blot*, mentre l'attività di trasposizione è stata studiata sui profili di inserzione attraverso l'analisi delle varianti delete al 5' attraverso *Southern blot*. Lo studio è stato condotto su tre femmine parentali e sulle loro discendenze (10 individui ciascuna) di due popolazioni siciliane (Scoglitti e Necropoli Camarina).

L'elemento R2 in *B. atticus* ha una lunghezza di 3507 bp; la regione 5'UTR (171 bp) precede una ORF di 3177 bp, codificante una proteina di 1058 aminoacidi; la regione 3'UTR inclusa (159 bp) termina con una coda di poli-(A) caratteristica dei retrotrasposoni. La comparsa di nuove inserzioni di varianti delete al 5' (da 2 a 7) nelle discendenze rispetto alle due femmine parentali di Scoglitti e di 3 nuove inserzioni nella progenie della femmina parentale di Necropoli Camarina, mostra che l'elemento R2 è attivo. In quest'ultima discendenza sono stati anche osservati 2 eventi di delezione completa ad indicare che, contrariamente a quanto atteso secondo l'ipotesi *Muller's ratchet* i meccanismi di *turn-over* genomico sembrano attivi anche nei genomi partenogenetici.

I dati sono parzialmente in accordo con quelli precedentemente ottenuti su popolazioni unisessuate della specie partenogenetica facoltativa *B. rossius*; di particolare importanza sarà il confronto con i dati in via di ottenimento sulla specie gonocorica affine, *B. grandii*.



MONITORAGGIO DELLO SVILUPPO DELLA RESISTENZA AGLI INSETTICIDI NEL LEPIDOTTERO *Lobesia botrana*

STEFANO CASSANELLI¹, GIULIA CASALI², MARIA ROSA PAGNI², LORETTO GARCIA², GIANFRANCO PRADOLESI², ALDA BUTTURINI³, STEFANO CIVOLANI⁴

¹Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia;

²Centro di Saggio Coop. Terremerse (RA); ³Servizio Fitosanitario Regione Emilia-Romagna; ⁴Dipartimento di Scienze della Vita e Biotecnologie, Università di Ferrara

La Tignoletta della vite, *Lobesia botrana* (Denis & Schiffermüller, 1775), lepidottero tortricide, è una delle principali avversità entomologiche della vite, a causa dei danni arrecati dalle larve agli acini dell'uva. Il quadro delle sostanze attive più frequentemente utilizzate nella difesa della vite dalla tignoletta comprende attualmente prodotti quali methoxyfenozide e indoxacarb, recentemente affiancati dall'emamectina, chlorantraniliprole e spinosad. Nella produzione integrata la scelta e l'impiego razionale dei mezzi di difesa deve necessariamente tener conto della possibilità che i fitofagi sviluppino progressivamente una ridotta suscettibilità ai prodotti fitosanitari (resistenza). Lo studio si è proposto d'indagare in popolazioni raccolte in Emilia-Romagna: a) la presenza di resistenza alle sostanze attive introdotte da tempo sul mercato; b) la sensibilità alle nuove sostanze attive da poco introdotte nei programmi di difesa integrata c) la presenza di resistenza crociata tra le diverse sostanze attive. Le metodiche di laboratorio utilizzate sono state messe a punto nell'ambito delle attività di ricerca di progetti CRPV finanziati dalla Regione Emilia-Romagna e prevedono l'analisi della sensibilità degli insetti alle singole sostanze attive (biosaggi) e del livello di attività detossificante gli insetticidi (test enzimatici). Le indagini svolte mostrano l'efficacia dei prodotti di più recente introduzione e un calo della tenuta dei principi attivi con uno storico d'uso prolungato, associato ad un aumento delle attività enzimatiche detossificanti GST ed MFO. In conclusione lo studio ha rivelato l'esistenza di un progressivo adattamento metabolico in *L. botrana* come risposta ai trattamenti con i principi attivi d'utilizzo più datato. Tale adattamento, tuttavia, non consente il contrasto dell'azione insetticida prodotta dalle nuove molecole, determinando l'assenza di resistenza crociata fra i prodotti con una diversa tempistica d'inserimento nei disciplinari di difesa.



DIVERSITÀ GENETICA DELLE POPOLAZIONI INTRODOTTE DI VONGOLA VERACE FILIPPINA *Venerupis philippinarum* IN EUROPA

STEFANIA CHIESA^{1,2}, LIVIA LUCENTINI³, ROSA FREITAS⁴, FRANCESCO
NONNIS MARZANO², FABIOLA MINELLO¹, ETELVINA FIGUEIRA⁴,
EMANUELE ARGESE¹

¹Dipartimento di Scienze Molecolari e Nanosistemi, Università di Venezia Ca' Foscari; ²Dipartimento di Bioscienze, Università di Parma; ³Dipartimento di Biologia Cellulare e Ambientale, Università di Perugia; ⁴Departamento de Biologia & CESAM, Universidade de Aveiro, Portugal

La vongola verace filippina *Venerupis philippinarum* (Adams & Reeve, 1850) è un mollusco bivalve appartenente alla famiglia Veneridae, introdotta in Europa dalla regione indo-pacifica negli anni '70 del secolo scorso. Ad oggi, l'Italia rappresenta il primo produttore europeo ed il secondo produttore mondiale. Nonostante l'elevato valore economico, la biologia di questa specie presenta ancora aspetti sconosciuti, in particolare quelli legati alla sua variabilità genetica. Il presente studio ha previsto l'applicazione di marcatori molecolari in grado di valutare eventuali differenze intraspecifiche tra 12 popolazioni introdotte nell'Alto Adriatico, nella costa atlantica della Spagna e del Portogallo, attraverso un approccio integrato fra sequenziamento del gene mitocondriale *16S* rDNA e genotipizzazione di sette loci microsatelliti. L'analisi del gene mitocondriale *16S* rDNA ha evidenziato un elevato livello di variabilità genetica: sono stati identificati complessivamente 11 aplotipi, di cui uno diffuso in tutte le popolazioni analizzate, mentre gli altri hanno una connotazione regionale o trans-popolazionale che ha delineato una netta struttura biogeografica tra le popolazioni Atlantiche e Mediterranee. L'analisi dei loci microsatelliti ha evidenziato un elevato livello di polimorfismo, associato ad un elevato livello di introgressione tra le popolazioni analizzate. Sei loci su sette mostrano alleli nulli, fenomeno particolarmente frequente nei bivalvi. I risultati ottenuti suggeriscono che le 12 popolazioni analizzate siano state oggetto di introduzioni, ed "effetti del fondatore" multipli. I *pattern* di introgressione riscontrati per i microsatelliti possono essere riferibili sia a fenomeni di convergenza, sia a flusso genico legato alla dispersione delle larve.



ANALISI DELLA STRUTTURA DI POPOLAZIONE DI LARVE DI *Engraulis encrasicolus* NELLO STRETTO DI SICILIA SU BASE MORFOMETRICA E GENETICA

ANGELA CUTTITTA¹, ANNA MARIA PAPPALARDO⁵, GRAZIA MARIA ARMERI¹, BERNARDO PATTI¹, ANGELO BONANNO¹, VITO DE PINTO⁵, VENERA FERRITO⁵, FRANCO ANDALORO², TERESA MAGGIO², ALDO NICOSIA¹, MARIANNA MUSCO¹, MONICA SALAMONE¹, ENZA MARIA QUINCI¹, GUALTIERO BASILONE¹, GIUSEPPA BUSCAINO¹, SALVATORE ARONICA¹, SALEM ZGOZI³, AKRAM EL TURKI³, MOHAMED HAMZA³, ROBERTA MIFSUD⁴, SALVATORE MAZZOLA¹

¹Istituto per l'Ambiente Marino, CNR Trapani; ²ISPRA sts Palermo; ³Marine Biology Research Centre, Tajura, Tripoli, Libya; ⁴Department of Fisheries and Aquaculture - MSDEC Għammieri, Ngiered Road Marsa, MRS 3303 Malta;

⁵Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche ed Ambientali Università di Catania

La struttura di popolazione di larve di *Engraulis encrasicolus* nello Stretto di Sicilia è stata studiata su base morfometrica e genetica per verificare la presenza di diversi stock larvali e valutare l'influenza di alcuni parametri ambientali sulla loro distribuzione e sul loro reclutamento. L'analisi genetica è stata condotta amplificando e sequenziando la porzione al 5' della regione di controllo del mtDNA di 74 larve campionate durante le campagne oceanografiche Bansic 2010 e MedSudMed-10, svoltesi in corrispondenza del picco riproduttivo dell'acciuga. Nelle cinque aree di campionamento (3 lungo la costa meridionale della Sicilia, 1 a Malta e 1 in Libia) sono stati identificati 27 aplotipi di cui uno comune alle aree siciliane costiere e alla Libia; i campioni dell'area a largo della Sicilia e di Malta mostrano invece aplotipi unici o condivisi tra individui dello stesso sito. La diversità aplotipica è pari a 0,897 e quella nucleotidica 0,021. L'AMOVA ha riportato un valore di FST significativamente diverso da 0, indicando un'eterogeneità genetica tra i campioni. Il *Median-Joining Network*, il *Neighbour Joining* e l'analisi delle componenti principali (PCA) hanno evidenziato la presenza di due aplogruppi principali che si separano senza un criterio geografico. L'analisi morfometrica effettuata prendendo in considerazione i parametri riportati da Diaz *et al.* (2009), ha evidenziato che *head length* HL e *body dimension* BD discriminano meglio i gruppi nelle varie zone. In particolare le larve della zona a largo della piattaforma siciliana e di Malta, a parità di lunghezza standard ed età, sono quelle di maggiori dimensioni. Ciò è riconducibile al regime delle correnti superficiali che potrebbe avere convogliato in quest'area le larve nate in prossimità della costa, che grazie all'imponente giro ciclonico verificatosi, potrebbero essere



state trattenute in questa zona ed avere trovato le condizioni ottimali di accrescimento. Questi risultati, sebbene preliminari, fanno ipotizzare la presenza di due aree riproduttive (corrispondenti ai due aplogruppi ritrovati) a partire dalle quali le larve, influenzate dalle correnti principali e dagli altri parametri oceanografici, si spostano rimescolandosi nelle aree campionate lungo la costa siciliana e libica nonché a largo e sulla piattaforma continentale maltese.



STUDIO ISTOLOGICO, FILOGENETICO E MICROBIOLOGICO SU *Gammarus elvirae* (AMPHIPODA), SPECIE ENDEMICA DELL'APPENNINO CENTRALE

DOMENICO DAVOLOS, CLAUDIO CHIMENTI, VALENTINA IANNILLI, LUCILLA
RONCI, ANDREA SETINI, BIANCAMARIA PIETRANGELI, ELVIRA DE
MATTHAEIS

*Dipartimento di Biologia e Biotecnologie Charles Darwin, Università di Roma
"La Sapienza"*

Gammarus elvirae Iannilli & Ruffo, 2002 è un crostaceo anfipode presente in fiumi e torrenti dell'Appennino centrale (Italia). Questa specie svolge un ruolo ecologico importante nei processi di degradazione di fibre e residui vegetali. In *G. elvirae*, come in altri crostacei, l'utilizzo trofico dei polisaccaridi strutturali vegetali richiede la presenza nel canale alimentare (generalmente nell'epatopancreas) di enzimi cellulolitici, endogeni e/o di origine microbica. Tuttavia, poco si conosce sui diversi tratti dell'apparato digerente di questa specie. Nel presente lavoro, è stata effettuata un'analisi morfologica ed un'indagine istologica dell'intestino anteriore, medio e posteriore di *G. elvirae*. Sono stati, inoltre, analizzati sia il gene mitocondriale codificante la citocromo ossidasi I (COI) che il gene nucleare codificante per il fattore di allungamento EF1. Inoltre, per indagare il microbioma nelle regioni del canale alimentare di *G. elvirae*, è stata eseguita un'analisi con metodi colturali e, per rilevare batteri non coltivabili, ibridazione *in situ* con sonde fluorescenti (FISH) di specifiche sequenze 16S rDNA della subunità ribosomiale minore. I dati ottenuti hanno permesso di interpretare sia le caratteristiche dell'apparato digerente adatte a tritare e filtrare fibre vegetali sia la funzione digestiva dei diversi tipi cellulari. I risultati istologici sono discussi anche sulla base di sequenze di geni sia mitocondriali che nucleari di *G. elvirae* ed altre specie del genere *Gammarus*. Il sequenziamento del trascritto ed analisi metagenomiche potranno permettere di approfondire gli studi molecolari su *G. elvirae* e relativo microbiota.



CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE E DISTRIBUZIONE DI *Kalotermes* spp. IN ITALIA (BLATTODEA, TERMITOIDEA, KALOTERMITIDAE)

ANDREA LUCHETTI, BARBARA MANTOVANI

Dipartimento BiGeA, Università degli Studi di Bologna

Nell'ambito delle termiti europee il quadro tassonomico e filogenetico della famiglia Rhinotermitidae (t. sotterranee) è stato ampiamente studiato, mentre la situazione è ancora poco esplorata per la famiglia Kalotermitidae (t. del legno secco). Tradizionalmente, è riportata la presenza della sola specie *Kalotermes flavicollis* su tutto l'areale meridionale europeo. Tuttavia, recenti analisi filogeografiche hanno indicato l'esistenza di almeno quattro linee evolutive. Una prima linea, distribuita dalle isole egee fino alla penisola italiana, corrispondente a *K. flavicollis sensu stricto*; una linea distribuita in Sardegna e Corsica; una linea presente nel sud della Francia; una ulteriore linea, indicata in precedenza come "linea B", ritrovata in due località della costa toscana. È stata infine descritta una nuova specie, *K. italicus*, distribuita nel grossetano. Per ottenere un quadro di maggior dettaglio sulla distribuzione e diversità di tali taxa, sono state campionate colonie di *Kalotermes* spp. in 10 nuove località (8 in Italia, 1 in Francia, 1 in Spagna) ed è stato amplificato e sequenziato in due individui per colonia un tratto di DNA mitocondriale di 912 bp, comprendente parte del gene *cox1*, e i geni *trnL* e *cox2*. Le sequenze ottenute sono state analizzate insieme a quelle ottenute in precedenza, rappresentanti le quattro linee mitocondriali sopradescritte e la nuova specie *K. italicus*. Gli alberi filogenetici di *Maximum Likelihood* e di inferenza Bayesiana sono concordi nell'indicare quattro principali cluster. Il primo cluster comprende le colonie identificate come *K. flavicollis s.s.* assieme a quelle campionate in Lazio. Il secondo cluster include colonie del gruppo Sardo-Corso ed una campionata a Firenze. Il terzo cluster comprende le colonie francesi analizzate in precedenza e quella spagnola (Siviglia). Il quarto cluster comprende i) la linea B, ii) la nuova colonia francese (Marsiglia), iii) una colonia raccolta a Capalbio, iv) una colonia ritrovata alle Isole Tremiti e v) gli aplotipi di *K. italicus*. In generale, le analisi condotte concordano con i pattern di differenziazione individuati in precedenza e nell'attribuzione delle colonie della linea B a *K. italicus*, la cui distribuzione appare pertanto molto più estesa ed articolata di quanto indicato dagli studi precedenti.



METODOLOGIE GENETICHE A SUPPORTO DELL'INDAGINE FORENSE IN *Testudo graeca*, *T. hermanni* E *T. marginata*

CHIARA MENGONI¹, NADIA MUCCI¹, ELISA BERTI², ETTORE RANDI¹

¹Laboratorio di Genetica, Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale (ISPRA), Ozzano dell'Emilia, Bologna; ²Centro Tutela e Ricerca Fauna Esotica e Selvatica Monte Adone, Associazione ONLUS, Sasso Marconi, Bologna

Visto il sempre maggior numero di implicazioni legali (prelievi illegali sulle popolazioni naturali, furti, bracconaggio, ecc.) inerenti alla fauna selvatica, è indispensabile che l'indagine genetica a supporto delle azioni legali venga sempre più ottimizzata. Una delle principali difficoltà riscontrata nei prelievi sulle testuggini (*Testudo graeca*, *Testudo marginata*, *Testudo hermanni*) si verifica al momento del prelievo di materiale biologico dall'animale, essendo il prelievo di sangue molto invasivo e pericoloso per l'animale e il prelievo di cellule buccali fortemente ostacolato dalla retrazione della testa dell'animale. Spesso le pratiche di prelievo devono prevedere inoltre l'apertura forzata della bocca, con elevati rischi per l'integrità della colonna vertebrale, con particolare riferimento agli individui di piccole dimensioni. Lo scopo del presente studio è stato quello di validare un metodo di prelievo alternativo che presentasse un elevato livello di praticità e riducesse i rischi per gli animali campionati. Abbiamo effettuato un campionamento su 37 esemplari appartenenti a *Testudo graeca*, *Testudo marginata*, *Testudo hermanni*. Si tratta di animali confiscati a privati e in affidamento presso il Centro Tutela e Ricerca Fauna esotica e selvatica Monte Adone in provincia di Bologna. Da ciascun individuo è stato ottenuto un prelievo di sangue, un prelievo buccale e uno cloacale. Il DNA estratto dai campioni è stato amplificato con un pannello di 9 loci e i risultati ottenuti dalle diverse matrici biologiche sono stati messi a confronto. I risultati mostrano valori di successo di amplificazione e di *drop out* allelico molto simili per il campionamento buccale e cloacale. I risultati ottenuti dai prelievi di sangue mostrano generalmente dei valori ottimali, anche se la resa e il *drop out* allelico sono evidentemente influenzati anche dall'utilizzo di marcatori non specie-specifici.

Il prelievo caudale garantisce una genotipizzazione comparabile a quelle del prelievo buccale, riducendo i rischi di infortunio a carico della colonna vertebrale. Un'ulteriore ottimizzazione del metodo è sicuramente rappresentata dall'identificazione e utilizzo di nuovi *markers* per le singole specie. A tale proposito si prevede di integrare il presente studio con l'identificazione di nuovi marcatori attraverso le nuove tecniche di *Next Generation Sequencing*.



CAMPIONI MEDITERRANEI DI *Merluccius merluccius*, CON PARTICOLARE RIFERIMENTO ALLE AREE DI NURSERY ITALIANE

VALENTINA MILANA¹, PIERO BARANI², ANNA RITA ROSSI¹, LUCIANA SOLA¹, GIANDOMENICO ARDIZZONE²

¹Dipartimento di Biologia e Biotecnologie C. Darwin e ²Dipartimento di Biologia Ambientale, Università di Roma "La Sapienza"

Il nasello, *Merluccius merluccius* (Linnaeus, 1758), è una specie di notevole importanza economica, comune tra i 70 e i 370 m di profondità e distribuita lungo le coste dell'Atlantico Nord Orientale e del Mediterraneo e lungo le coste meridionali del Mar Nero. Per questa specie è nota la presenza di due stock geneticamente differenziati, uno Atlantico e l'altro Mediterraneo. All'interno del Mediterraneo, pur essendo disponibili molte informazioni di carattere demografico ed ecologico, gli studi genetici finora effettuati hanno prodotto risultati non univoci sulla presenza o meno di strutturazione. Ciò può essere in parte attribuito alla eterogeneità dei marcatori e dei piani di campionamento impiegati, come pure all'utilizzo di esemplari disomogenei per classi di età.

In questo studio è stata affrontata l'analisi della distribuzione della variabilità genetica in *M. merluccius* a diverse scale geografiche, al fine anche di verificare la connettività tra le diverse aree di *nursery* italiane. A tale scopo sono stati utilizzati sia marcatori nucleari (9 loci microsatellite) che mitocondriali (mtDNA: sequenziamento di CR, *cyt b* e COI). In totale sono stati analizzati 328 individui giovanili (taglia < 12 cm) campionati in sei *nursery* italiane stabili, e, per confronto, in due aree distanti geograficamente, ai due estremi del Mediterraneo, Malaga (Mediterraneo occidentale) e Cipro (Mediterraneo orientale). I risultati ottenuti sull'intero *dataset* sono congruenti con un'ipotesi di recente espansione e colonizzazione del *M. merluccius* nel bacino del Mediterraneo ed evidenziano la presenza di una strutturazione della specie al suo interno. Considerando le sole *nurseries* italiane, invece, le analisi mostrano una sostanziale omogeneità genetica tra di esse, suggerendo, quindi, l'esistenza di un'unica popolazione lungo le coste italiane. Queste informazioni costituiscono quindi un utile strumento ai fini della valutazione e della definizione degli stock di nasello in questa porzione del Mediterraneo.



IL DNA BARCODING NELL'IDENTIFICAZIONE MOLECOLARE DEGLI STADI LARVALI DI PESCI MESOPELAGICI

ANNA MARIA PAPPALARDO¹, VENERA FERRITO¹, ANGELO SARDELLA¹,
TERESA MAGGIO², GEMMA BIONDO³, BERNARDO PATTI³, ANGELO
BONANNO³, SALVATORE MAZZOLA³, ANGELA CUTTITTA³

¹Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali, Università di
Catania; ²ISPRA, sts Palermo; ³Istituto per l'Ambiente Marino Costiero, CNR,
Trapani

I pesci mesopelagici rappresentano una componente numericamente importante della fauna ittica di profondità e, pur non essendo economicamente rilevanti, lo sono indirettamente in quanto costituiscono una cospicua parte della dieta di specie di elevato valore economico. L'abbondanza e la distribuzione delle specie mesopelagiche, di difficile cattura, è spesso valutata attraverso l'identificazione degli stadi larvali facilmente reperibili nell'ambiente pelagico. Tuttavia, l'identificazione morfologica di tali larve non è sempre efficace ed immediata, in quanto molte specie in fase di preflessione condividono caratteri meristici e morfometrici e ciò rende il loro riconoscimento molto complesso o addirittura ambiguo. Nel presente studio viene testata l'efficacia del *DNA barcoding* come supporto molecolare all'identificazione di stadi larvali di Mictofidi catturati come specie accessorie, durante le campagne oceanografiche svolte nel Canale di Sicilia nell'ambito del progetto Europeo "Distribution, biology and biomass estimates of the Sicilian channel anchovy" tra il 2007 e il 2010. È stata allestita una *library* di sequenze di riferimento da esemplari appartenenti a 4 diverse specie della famiglia Myctophidae. Sono stati quindi analizzati 20 esemplari di larve non identificate o di dubbia identificazione morfologica. Le sequenze di un frammento di circa 650 bp del gene della citocromo ossidasi I (COI) (*DNA Barcode*) ottenute dai campioni presi in esame, sono state comparate con la *library* di riferimento ed è stato quindi possibile assegnare la maggior parte degli esemplari alle specie *Myctophum punctatum* e *Ceratoscopelus maderensis*. L'analisi delle sequenze di 2 campioni non ha confermato l'identificazione condotta su base morfologica, mentre entrambi gli approcci non hanno consentito l'identificazione di altri 2 esemplari larvali. In quest'ultimo caso è possibile ipotizzare che le sequenze *barcode* della specie corrispondente non siano ancora presenti in banca dati o, in alternativa, che si tratti di specie criptica.



ANALISI DELLE SEQUENZE DEL CITOCROMO *b* E PATTERN DI STRUTTURAZIONE GENETICA IN *Gobius* *paganellus* L. (TELEOSTEI, GOBIIDAE)

ANNA MARIA PAPPALARDO¹, RADEK ŠANDA², JASNA VUKIĆ³, MARCELO KOVAČIĆ⁴, VENERA FERRITO¹

¹Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche ed Ambientali, Università di Catania; ²National Museum, Prague, Czech Republic; ³Department of Ecology, Charles University, Praha, Czech Republic; ⁴Prirodoslovni Muzej Rijeka, Rijeka Croatia

Il Teleosteo *Gobius paganellus* L. è una specie costiera e intertidale vivente in acque poco profonde dove predilige sostare in anfratti o in piccole pozze ricoperte di vegetazione. È distribuito nell'Atlantico orientale dalle coste scozzesi a quelle del Senegal, nel Mediterraneo e nel Mar Nero. La specie grazie alle sue caratteristiche biologiche (uova adesive, larve bentoniche, adulti cripto-bentonici) risulta particolarmente interessante per comprendere la relazione esistente tra il suo potenziale di dispersione e la segregazione geografica o connettività tra le sue popolazioni. A tal fine, in questo studio, è stata analizzata la struttura genetica della specie utilizzando un frammento di 590 pb del citocromo *b* come marcatore molecolare. Sono state studiate 8 popolazioni di *G. paganellus* campionate in diverse stazioni del Mar Adriatico, del Mar Jonio, del Canale di Sicilia, del Mediterraneo nord-occidentale e dell'Atlantico centro-settentrionale. Dall'analisi delle 120 sequenze ottenute è stato possibile definire 60 aplotipi. Il *Median Joining Network* e gli alberi *Neighbour Joining* e *Maximum Likelihood* hanno evidenziato la presenza di 4 aplogruppi: 2 atlantici, 1 del Mar Adriatico e infine 1 aplogruppo con aplotipi ampiamente condivisi tra le popolazioni del Mar Jonio, Canale di Sicilia e Mediterraneo nord-occidentale. Il pattern geografico di variazione molecolare riscontrato potrebbe essere conseguenza degli eventi paleoclimatici che hanno interessato le popolazioni prese in esame durante le glaciazioni pleistoceniche, oltre che di barriere fisiche che mantengono attualmente isolate le popolazioni.



PRIMO CASO DI AUTOFECONDAZIONE IN UN MICROTURBELLARIO MARINO (*Pseudomonocelis paupercula*) RILEVATO TRAMITE TECNICHE DI GENETICA DI POPOLAZIONE

FABIO SCARPA¹, PIERO COSSU¹, TIZIANA LAI¹, DARIA SANNA¹, GIAN LUCA
DEDOLA², MARCO CURINI-GALLETTI¹, MARCO CASU¹

¹Dipartimento di Scienze della Natura e del Territorio, Università di Sassari;

²Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università di Sassari

L'ermafroditismo insufficiente è un fenomeno che si verifica in molti Phyla animali e, in alcuni taxa, incluso quello dai Platelminti, rappresenta la strategia riproduttiva predominante. Al contrario, i casi di autofecondazione registrati tra gli animali sono pochi. Le analisi morfologiche condotte per la descrizione di una nuova specie di microturbellario marino, *Pseudomonocelis paupercula* (Platyhelminthes: Proseriata), hanno mostrato la presenza di spermatozoi nei dotti femminili degli individui isolati sin dalla nascita, evidenziando l'esistenza di un collegamento tra i sistemi riproduttivi maschili e femminili che permetterebbe l'autofecondazione. L'obiettivo del presente studio è stato quello di indagare la biologia riproduttiva di *P. paupercula* utilizzando tecniche molecolari di genetica di popolazione applicate alla *parentage analysis*. Come marcatori molecolari sono stati scelti gli alloenzimi e gli ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*). I 18 loci alloenzimatici testati sono risultati essere monomorfici, mentre i marcatori ISSR hanno mostrato differenze tra le popolazioni che consentono di verificare se la prole, ottenuta da esperimenti di biologia riproduttiva, deriva da autofecondazione oppure da incrocio. I dati ISSR sono stati elaborati mediante l'uso dei software Structure 2.2.3 e NewHybrids 1.1, che sono in grado di assegnare ciascun individuo ad un cluster di appartenenza indipendentemente dalla sua reale provenienza. I risultati ottenuti suggeriscono che l'autofecondazione non solo è presente ma sembra essere la strategia di riproduzione più comune in questa specie, con solo l'8% della progenie risultante dalla riproduzione incrociata. Gli stessi dati ci mostrano inoltre che, come ipotizzabile in specie interstiziali con sviluppo diretto e con limitate possibilità di dispersione, la struttura genetica è dipendente dalla collocazione geografica. Sulla base di quanto emerso dal presente studio, *P. paupercula* rappresenta il primo caso finora rinvenuto di specie marina di microturbellario che adotta la strategia riproduttiva dell'autofecondazione. È ipotizzabile che, poiché la specie vive in microhabitat salmastri altamente frammentati, l'habitat possa costituire il fattore chiave nella selezione della strategia riproduttiva.



IL GATTO SELVATICO (*Felis silvestris silvestris*): UN TEST PER UN METODO MULTIDISCIPLINARE DI STUDIO POPOLAZIONISTICO

EDOARDO VELLI^{1,4}, MARCO ALBERTO BOLOGNA¹, SILVIA CASTELLI²,
NICOLE MARINI³, ETTORE RANDI⁴

¹Dipartimento di Scienze, Università Roma Tre; ²Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali, Università di Bologna; ³Dipartimento di Bioscienze, Università di Parma; ⁴Laboratorio di Genetica, ISPRA, Ozzano dell'Emilia, Bologna

Il gatto selvatico è uno dei mammiferi carnivori di medie dimensioni più elusivi nella nostra penisola. Le principali minacce per la sua conservazione sono rappresentate dalla frammentazione degli habitat e in particolare dall'ibridazione con il gatto domestico. La sua conservazione è quindi strettamente correlata ad una buona conoscenza della sua ecologia e delle caratteristiche di purezza genetica. L'obiettivo del progetto è stato di definire un metodo replicabile e standardizzato per lo studio della popolazione peninsulare italiana del gatto selvatico. Lo studio ha avuto due obiettivi principali: (a) impostare un metodo di campionamento funzionale, integrando diverse strategie; (b) sviluppare la capacità di rilevare gli ibridi utilizzando nuovi marcatori genetici come mtDNA (ND5) e regioni associate al ChrY (STR e SNP). Nella fase di campionamento, particolare attenzione è stata rivolta all'utilizzo di *hair-trap* (paletti sbrecciati) marcate con tintura di valeriana (*Valeriana officinalis*). Tale metodo è stato testato poche volte in Italia, con scarsi risultati. Il nostro scopo era quindi di definire un protocollo corretto per una sua applicazione sul nostro territorio e verificarne l'efficienza. È stata selezionata un'area di 28 km² all'interno del Parco Nazionale delle Foreste Casentinesi, suddivisa in celle di 1x1 km. In corrispondenza del centro e del vertice di ogni cella è stata posta una *hair-trap*. I controlli sono stati eseguiti ogni 10 giorni da novembre 2012 a giugno 2013. A partire da marzo sono state collocate 10 fototrappole in corrispondenza dei paletti e spostate ogni 30 giorni in celle adiacenti. Inoltre, sono stati raccolti campioni fecali lungo i transetti che collegavano i paletti. I campioni genetici sono stati genotipizzati utilizzando 12 marcatori STR. I campioni raccolti ammontano a 29 campioni di pelo, 31 depositi fecali e 27 riprese video. I dati genetici sono stati incrociati con quelli fotografici. Sono stati individuati un numero minimo di 8 animali, tra cui almeno un presunto ibrido. I marcatori su mtDNA e ChrY si sono dimostrati efficaci nel verificare l'assegnazione alle due sottospecie e il grado di introgressione. La variabilità individuale nella risposta alla valeriana e la bassa resa genetica dei campioni provenienti dalle *hair-trap* dimostrano l'inefficacia del metodo se non affiancato da altre tecniche.



QUANDO SARÒ GRANDE, NON ARRIVERÒ IN RITARDO: UNO STUDIO A LUNGO TERMINE SULLA SALAMANDRINA DI SAVI EVIDENZIA VARIAZIONI ONTOGENETICHE DELLA STRATEGIA RIPRODUTTIVA

LEONARDO VIGNOLI¹, VALERIA SUPERTI¹, MARCO A. BOLOGNA¹,
FRANCESCA DELLA ROCCA²

¹Dipartimento di Scienze, Università degli Studi di Roma Tre; ²Dipartimento di
Biologia Animale, Università degli Studi di Pavia

È stato condotto uno studio demografico a lungo termine (14 anni: 1999-2012) su una popolazione di Salamandrina di Savi (*Salamandrina perspicillata*, Savi, 1821; Amphibia, Salamandridae) nella Riserva Naturale dell'Insugherata (Lazio, Roma). *Salamandrina perspicillata* è un anfibio con habitus terricolo in cui solo le femmine entrano in acqua per ovideporre. Uno studio biennale sulla medesima popolazione (Della Rocca *et al.*, 2005) ha evidenziato (a) una correlazione negativa tra il momento di ingresso in acqua delle femmine per l'attività di ovideposizione e la taglia degli individui, e (b) un tasso di mortalità degli stadi di uova ed embrioni crescente con il protrarsi del periodo di ovideposizione. Ipotizzando che l'ingresso precoce in acqua sia una strategia secondo cui gli individui più vecchi si avvalgono di esperienze pregresse per ottenere un vantaggio in termini di successo riproduttivo, sono stati analizzati i dati riguardanti 139 individui ricatturati più volte nei diversi anni su un totale di 765 campionati in totale. Si è testato se uno stesso individuo tenda ad anticipare il giorno di ingresso in acqua con l'avanzare dell'età e se, in generale, gli individui più anziani entrino in acqua prima rispetto a quelli considerati giovani. La frequenza degli individui che hanno anticipato nel tempo il momento di ingresso in acqua ($n = 102$) rispetto a quelli che non hanno mostrato variazioni o variazioni di segno opposto ($n = 27$) è significativamente maggiore ($\chi^2 = 30,47$; gdl = 1; $p = 0$). Tale risultato evidenzia un *trend* di anticipazione del giorno di ingresso in acqua da parte dei singoli individui nel corso degli anni. È quindi dimostrata una strategia nella variazione del momento di ingresso in acqua che segue l'ontogenesi degli individui. Gli individui già ricatturati negli anni (più grandi e presumibilmente più anziani) anticipano il giorno di ingresso rispetto a quelli osservati per la prima volta nella popolazione e più piccoli ($n = 1251$; $R = -0,103$; $p = 0,0002$; $N_{\text{vecchi}} = 571$; mediana giorno ingresso = 22; $N_{\text{nuovi}} = 717$; mediana = 26; $U = 170526,5$; $p = 0$).

Le femmine di salamandrina di Savi che anticipano il giorno di entrata in acqua sono mediamente più piccole di quelle che non hanno mostrato questo andamento, dimostrando come in media gli individui più piccoli tendano con il passare degli anni a entrare in acqua sempre più precocemente mentre gli individui più grandi (e



probabilmente già anziani) entrino in media prima in acqua e mantengano inalterato il momento di ingresso. Cambiamenti di strategia riproduttiva correlati all'ontogenesi non sono noti per gli anfibi urodela. Questo studio a lungo termine rappresenta un primo contributo sulle variazioni delle modalità riproduttive durante la vita degli individui di anfibi urodela.



POSTER A TEMA LIBERO



INDICATOR SPECIES ANALYSIS (ISA) APPLICATA A CENOSI A CHILOPODI IN FORMAZIONI FORESTALI DELL'ALTO LAZIO

FRANCESCO BAINI, MARZIO ZAPPAROLI

*Dipartimento per la Innovazione nei sistemi Biologici, Agroalimentari e Forestali,
Università degli Studi della Tuscia, Viterbo*

Allo scopo di valutare il ruolo dei Chilopodi come indicatori della qualità ambientale, con questo studio si è voluto verificare la possibilità di individuare specie caratterizzanti le tipologie forestali di una data area tramite l'uso dell'*Indicator Species Analysis* (ISA), un metodo largamente impiegato nell'analisi delle comunità ecologiche (Dufrene & Legendre, 1997, Ecol. Monogr., 67: 345-366) ma ancora poco utilizzato negli studi sulle comunità di questi miriapodi. Sono stati pertanto analizzati i risultati di una indagine sulla componente edafica di zoocenosi a Chilopodi in formazioni forestali seminaturali della Provincia di Viterbo (Lazio, Italia centrale). L'indagine è stata condotta per un anno (novembre 2005-ottobre 2006) in sei stazioni rappresentative delle principali formazioni forestali dell'area (I: bosco a *Quercus suber*, II: bosco a *Q. cerris* con pascolo semibrado, III: bosco misto a *Quercus* spp., IV: bosco ceduo a *Castanea sativa*, V: bosco misto a latifoglie dominato da *Q. cerris*, VI: bosco a *Fagus sylvatica*) mediante campionamenti mensili standardizzati (selezione manuale di 1 m² di lettiera con vaglio entomologico, tre repliche/stazione). In totale sono stati campionati 1.086 individui appartenenti a 26 specie. La procedura ha permesso di individuare specie significativamente indicatrici in quattro stazioni su sei (stazioni I, III, V, VI). Si tratta di elementi forestali, alcuni dei quali legati a specifiche formazioni vegetali. Tra questi figurano i geofilomorfi *Strigamia acuminata* Leach, elemento a corotipo europeo, legato a boschi mesofili, rinvenuto esclusivamente nella stazione dominata da *F. sylvatica* (Monte Cimino), e *Geophilus richardi* (Brölemann), elemento a corotipo mediterraneo, caratterizzante le formazioni miste a latifoglie, rinvenuto nel bosco misto a *Quercus* spp. (Monte Palanzana). Nessuna specie indicatrice è stata individuata nelle due rimanenti stazioni (stazioni II, IV), caratterizzate da maggiore disturbo antropico.



IL SISTEMA NERVOSO DI *Octopus vulgaris* COME MODELLO DI STUDIO DELLA NEUROGENESI ADULTA

CARLA BERTAPELLE, LUCA TRONCONE, GIANLUCA POLESE, ANNA DI
COSMO

Dipartimento Biologia, Università degli Studi di Napoli "Federico II"

La neurogenesi adulta è il processo mediante il quale nascono e si differenziano nuove cellule nervose nel sistema nervoso di un organismo adulto. È ormai assodato che nel cervello persistano cellule staminali, confinate in nicchie neurogeniche, che supportano la formazione di nuovi circuiti nervosi. Il processo è influenzato da una moltitudine di fattori intrinseci ed estrinseci, tra i primi ricordiamo ormoni steroidei e fattori di crescita, tra i secondi l'apprendimento, l'arricchimento dell'ambiente circostante, gli stimoli sensoriali. La neurogenesi adulta è stata riscontrata in organismi che presentano un'elevata complessità strutturale e funzionale del sistema nervoso, quali pesci, rettili, uccelli e mammiferi, e, tra gli invertebrati, crostacei decapodi e insetti. Sia nei vertebrati sia negli invertebrati, la neurogenesi adulta avviene in zone che presentano un elevato grado di plasticità strutturale e che svolgono un ruolo fondamentale nell'apprendimento, nella memoria e nell'integrazione di stimoli sensoriali, ciò suggerisce che il processo sia indispensabile per il supporto delle capacità cognitive più avanzate. Data la non conoscenza di questo processo nei cefalopodi, abbiamo ritenuto interessante utilizzare *Octopus vulgaris* come modello per lo studio della neurogenesi adulta poiché presenta un sistema nervoso centralizzato caratterizzato da: organizzazione strutturale e funzionale gerarchica; capacità cognitive avanzate; complesse abilità comportamentali. Vi sono inoltre diverse corrispondenze funzionali e strutturali tra i lobi del cervello di *Octopus* e specifiche aree del cervello di mammiferi e insetti in cui ha luogo la neurogenesi, quali ippocampo e *mushroom bodies*. Mediante esperimenti di immunoistochimica condotti sul sistema nervoso, in cui è stato utilizzato un anticorpo anti-Bromodeossi Uridina, un intercalante nucleotidico, *marker* della fase S del ciclo cellulare, abbiamo individuato le aree del sistema nervoso in proliferazione. Tali aree sono localizzate nel sistema verticale-frontale, sede dell'apprendimento e della memoria, dove sono presenti delle strutture riconducibili a nicchie di cellule in proliferazione. Questo suggerisce la possibilità che nel cervello di *Octopus* abbia luogo il processo della neurogenesi adulta.



PRIMA SEGNALAZIONE DELLA SPECIE TROPICALE *Paraleucilla magna* KLAUTAU ET AL., 2004 (PORIFERA, CALCAREA) NEL MAR LIGURE

MARCO BERTOLINO¹, CATERINA LONGO², GIUSEPPE CORRIERO², MAURIZIO PANSINI¹, GIORGIO BAVESTRELLO¹

¹Dipartimento di Scienze della Terra dell'Ambiente e della Vita (DISTAV),
Università di Genova; ²Dipartimento di Zoologia, Università di Bari

Il Mar Mediterraneo negli ultimi decenni ha sperimentato un continuo incremento della temperatura media delle acque che ha determinato fenomeni di meridionalizzazione delle porzioni più settentrionali del bacino e la diffusione di specie tropicali la cui penetrazione può essere naturale oppure determinata da cause antropiche (acque di zavorra o maricoltura). Per quanto riguarda gli invertebrati bentonici, nel Mar Mediterraneo, sono presenti un elevato numero di specie esotiche, soprattutto crostacei e molluschi. Solo 5 specie di Demosponge, sono state segnalate come specie lesepsiane, mentre per quanto riguarda le spugne calcaree, l'unica specie conosciuta è *Paraleucilla magna*, descritta per la prima volta a Rio de Janeiro (Brasile). In Mediterraneo è stata inizialmente segnalata nel 2001, nel Mar Ionio (Mar Piccolo e Mar Grande di Taranto) e successivamente a Porto Cesareo, Brindisi, Golfo di Napoli, Malta (Baia di Marsaxlokk), costa nordoccidentale del bacino occidentale e a Ploče (Croazia). Al di fuori del bacino del Mediterraneo è distribuita lungo le coste del Brasile, Azzorre e coste portoghesi.

Paraleucilla magna vive attaccata alle conchiglie dei bivalvi, substrati artificiali e raggiunge la sua massima espansione in autunno e all'inizio dell'inverno. L'introduzione di questa specie si pensa che sia dovuta agli allevamenti di bivalvi e per la sua velocità di propagazione viene considerata una specie invasiva. Dall'inizio del 2012 ad oggi *P. magna* è stata osservata nella Riviera Ligure di Levante (Promontorio di Portofino, Paraggi e Pontetto), in una fascia batimetrica compresa tra 0,5 e 4 m di profondità, attaccate ai mitili e alle alghe calcaree (*Peyssonnelia*). L'identificazione è stata basata su esemplari raccolti da tutti i siti. La segnalazione di *P. magna* è particolarmente rilevante, in quanto conferma come questa specie abbia una notevole capacità di espandersi e colonizzare nuovi substrati ed anche perché il Mar Ligure, situato nell'area più settentrionale dell'intero bacino, rappresenta la zona meno invasa da specie aliene. È ipotizzabile che l'ingresso nel Mar Ligure sia dovuto all'importazione di giovani mitili da Taranto, da parte dei mitilicoltori di La Spezia.



IMPATTO DELLA PESCA SULLE COMUNITÀ BENTONICHE DI FONDO DURO DEL MEDITERRANEO PROFONDO

MARZIA BO¹, SIMONE BAVA², SIMONEPIETRO CANESE³, MICHELA ANGIOLILLO³, RICCARDO CATTANEO-VIETTI⁴, GIORGIO BAVESTRELLO¹

¹Dipartimento per lo Studio della Terra, dell'Ambiente e della Vita, Università degli Studi di Genova; ²Area Marina Protetta Isola di Bergeggi, Savona; ³Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale (ISPRA), Roma; ⁴Università Politecnica delle Marche, Ancona

Uno studio comparativo, basato su immagini ROV, è stato effettuato su quattro banchi rocciosi situati tra 80 e 280 m di profondità nel Mar Ligure (Secca del Mantice e Banco di Santa Lucia) e nel Mar Tirreno (Secca delle Vedove, Golfo di Salerno; Banco Marco, Egadi) con l'obiettivo di descrivere i danni dovuti alle attività da pesca sulle comunità bentoniche mediterranee di fondo duro.

Le riprese ROV hanno fornito dati circa l'abbondanza e la diversità delle comunità megabentoniche rappresentate principalmente da cnidari arborescenti, quali gorgonacei e coralli neri. I video sono stati poi utilizzati per caratterizzare l'impatto della pesca sulla base di vari indicatori. L'indicatore di disturbo più rappresentativo è risultato il numero di fotogrammi mostranti tracce di attrezzi da pesca persi con un valore massimo di 56% per la Secca delle Vedove. Evidenze indirette del passaggio degli attrezzi, quali la presenza di colonie fortemente epibiontate, danneggiate o la scarsità di specie strutturanti, sono state considerate come segni addizionali di disturbo.

Sono stati osservati danni tangibili degli attrezzi in tutti i siti considerati, principalmente ad opera di lenze da palangaro (presenti fino nel 33% dei fotogrammi). Questi attrezzi, infatti, possono rimanere facilmente intrappolati in specie arborescenti le cui caratteristiche scheletriche giocano quindi un ruolo importante nel favorire o meno la sopravvivenza alla frizione meccanica. Inoltre è stata osservata una relazione inversa tra la presenza di attrezzi e la vicinanza alla costa che potrebbe essere presa in considerazione in futuri piani di gestione.

Questi dati mettono in evidenza per la prima volta in Mediterraneo l'entità dell'impatto delle attività di pesca sulle comunità profonde di fondo duro e sottolineano la necessità di specifiche misure di conservazione nei piani di gestione costiera sia a livello locale che nazionale allo scopo di proteggere ecosistemi unici che rischiano di scomparire ancor prima di essere studiati.



VALUTAZIONE DEI DIFETTI SCHELETRICI IN EMBRIONI DI *Danio rerio* (HAMILTON, 1882) (TELEOSTEA: CYPRINIDAE) INDOTTI DA CONTAMINAZIONE CON ZINCO

MARIA VIOLETTA BRUNDO¹, FABIO MARINO², MARCO ALBANO², GIOVANNI BRIGUGLIO², STEFANIA SIMONE², VERONICA MAZZEI², DANILO VITALE², ROBERTA PECORARO¹, GUGLIELMO LONGO¹, ANTONIO SALVAGGIO³
¹Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali, Università di Catania; ²Dipartimento di Scienze Veterinarie, Università di Messina; ³Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia "A. Mirri"

Lo scopo del presente studio è quello di valutare l'interferenza dello zinco sul processo di ossificazione durante lo sviluppo embrionale di *Danio rerio*, noto anche come *zebrafish*, considerato un ottimo modello di studio sperimentale. L'indagine è stata condotta, previa autorizzazione del Ministero della Salute, su embrioni di *zebrafish wild-type* tenuti in una *fish facilities* presso il Centro di Ittiopatologia Sperimentale della Sicilia (C.I.S.S.) dell'Università di Messina. Come già noto in letteratura (Dave *et al.*, 1987) le anomalie scheletriche in embrioni di *Danio rerio* possono essere visualizzate solo dopo il settimo giorno dalla schiusa e, quindi, dopo aver contaminato un cospicuo numero di uova con diverse concentrazioni di zinco, gli embrioni a 7, 14 e 21 giorni di sviluppo sono stati trattati con calceina, cromoforo fluorescente specifico per le strutture scheletriche calcificate e analizzati al microscopio confocale. Altri campioni sono stati, invece, inclusi per la microscopia ottica e sezioni di 4 µm sono state colorate secondo Schilling *et al.* (1996).

Le analisi hanno evidenziato che le più elevate concentrazioni di zinco saggiate riducono sia la sopravvivenza sia la schiusa delle uova ed inoltre causano evidenti anomalie a carico delle diverse strutture scheletriche. Responsabile di tali alterazioni è una riduzione della calcificazione in seguito alla sostituzione del calcio con lo zinco durante il processo di ossificazione. In particolare, in tutti gli esemplari esaminati, sono state osservate, lungo tutta la colonna vertebrale, estese aree di decalcificazione a livello degli emiarchi basidorsali e basiventrali che ne hanno determinato una accentuata ed anomala curvatura. Altre anomalie sono state evidenziate a carico delle spine vertebrali, dei raggi spinali e di alcune ossa del cranio ed, in particolare, del premascellare e dentale con un notevole affusolamento del muso.



RUOLO DELLE METALLOTIONEINE NEL PROCESSO DI DETOSSIFICAZIONE DA METALLI PESANTI IN *Apis mellifera* LINNAEUS (INSECTA: HYMENOPTERA)

MARIA VIOLETTA BRUNDO¹, ROBERTA PECORARO¹, VERONICA MAZZEI¹,
DANILO VITALE¹, VALENTINA TITTARELLI¹, MARGHERITA FERRANTE²,
ANTONIO SALVAGGIO³

¹Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali, Università di
Catania; ²Dipartimento "G.F. Ingrassia", Università di Catania; ³Istituto
Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia "A. Mirri"

Obiettivo della ricerca è stato quello di verificare la presenza nella borsa melaria di *Apis mellifera* di un sistema di detossificazione che permetta di eliminare dal miele i metalli pesanti captati dalle api nell'ambiente. Dai dati presenti in letteratura, infatti, si evince che nel miele i metalli pesanti o sono assenti o si riscontrano solo in tracce, mentre le api e i loro prodotti, fatta eccezione per il miele, sono da sempre considerati ottimi bioindicatori di tali contaminanti (Yarsan *et al.*, 2007; Frias *et al.*, 2008; Kalbande *et al.*, 2008; Achumudume & Nwafor, 2010; Van der Steen *et al.*, 2011). La bottinatrice, subito dopo la suzione, già durante il viaggio di ritorno, inizia la trasformazione del nettare in miele all'interno della sua borsa melaria mediante l'aggiunta di enzimi da parte dell'apparato digerente. Il miele viene quindi immagazzinato in apposite celle con opercolo. Sulle api, prelevate da arnie poste sia in un'area industrializzata sia in un'area a basso impatto antropico site nel territorio di Siracusa, sono state condotte indagini di tipo analitico mediante ICPMS per la ricerca dei metalli e analisi proteomiche per la ricerca di MT e Hsp70 basate su impiego di tecniche immunoistochimiche e *western-blotting*. Le indagini condotte mediante ICP-MS sui campioni prelevati nelle due diverse aree non hanno mai evidenziato differenze significative nel contenuto in metalli, mentre le diverse analisi proteomiche hanno dimostrato la presenza di MT e di Hsp70 solo a carico dell'epitelio della borsa melaria dimostrando quindi, l'esistenza in tale sede di un valido sistema di detossificazione.



CARATTERIZZAZIONE MORFOLOGICA E MOLECOLARE DI 19 POPOLAZIONI DI PROTISTI CILIATI APPARTENENTI AL GENERE *Spirostomum* EHRENBERG, 1838

DANIELA CARDUCCI¹, GIOVANNA BARBIERI¹, VITTORIO BOSCARO¹,
NATALIA A. LEBEDEVA², ALESSIA ROSSI¹, MARCUS SENRA³, FRANCO
VERNI¹, GIULIO PETRONI¹, SERGEI I. FOKIN²

¹Dipartimento di Biologia, Università di Pisa; ²Department of Invertebrate
Zoology, Saint-Petersburg State University; ³Instituto de Biologia, Universidade
Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil

Le specie di protisti ciliati appartenenti al genere *Spirostomum* Ehrenberg, 1838 sono prevalentemente batterivore, caratterizzate da un corpo allungato di dimensioni cospicue e dotate di una elevata capacità contrattile. Alcune delle morfospesie sono state ritrovate in un'ampia gamma di condizioni ambientali e sono considerate importanti bioindicatori ecologici degli ambienti saprobiontici. Il presente studio si propone di descrivere con un approccio sia morfologico che molecolare 19 popolazioni ascrivibili al genere *Spirostomum* e di fornire informazioni sulla possibile presenza di specie criptiche.

Le popolazioni studiate provengono da aree geografiche molto distanti tra loro e da ambienti sia dulciacquicoli che salmastri. Gli organismi sono stati mantenuti in coltura per le successive analisi morfologiche e molecolari per alcuni mesi. Le osservazioni e le misurazioni morfometriche sono state svolte *in vivo* tramite microscopia ottica a contrasto interferenziale (D.I.C.) e a seguito di colorazione cellulare (reazione di Feulgen). Le cellule sono state isolate e fissate in etanolo per poi essere sottoposte a caratterizzazione tramite PCR e sequenziamento diretto dei seguenti marcatori molecolari: il gene codificante per l'SSU rRNA, la regione ITS1-5.8S-ITS2 ed il gene mitocondriale codificante la subunità I della citocromo *c* ossidasi (COI). Le sequenze ottenute sono state comparate con sequenze omologhe depositate nelle banche-dati (GenBank) tramite BLAST e processate con il pacchetto software di analisi filogenetica comparativa ARB.

La maggior parte delle popolazioni analizzate sono risultate morfologicamente ascrivibili alle specie *Spirostomum minus*, *Spirostomum teres* e *Spirostomum ambiguum*. Le analisi filogenetiche confermano la monofilia del genere *Spirostomum* e di due delle specie – *S. teres* e *S. ambiguum* – sebbene *S. teres* mostri un alto livello di variabilità intraspecifica a livello molecolare. Le popolazioni morfologicamente identificate come *S. minus*, al contrario, clusterizzano in due gruppi distinti suggerendo quindi la presenza di possibili specie criptiche. Una delle popolazioni analizzate si differenzia sia morfologicamente che molecolarmente dalle altre suggerendo la possibile esistenza di una nuova specie.



IDENTIFICAZIONE DI SPECIE ITTICHE ATTRAVERSO MARKERS DI DNA MITOCONDRIALE

ROSARIA CHIAPPETTI¹, ANNA CARMELA CUCCINIELLO¹, SAMANTHA TROCCHIA¹, FAGR K. ABDEL GAWAD^{1,2}, GAETANO CIARCIA^{1,3}

¹Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Napoli "Federico II";

²Department of Water Pollution Research, Centre of Excellence for Advanced Science, National Research Center (NRC), Dokki, Giza, Egypt; ³CIRAM, Università degli Studi di Napoli "Federico II"

La globalizzazione del commercio di prodotti ittici e di trasformati della pesca associata alla scarsità delle risorse marine ed alla più recente crisi economica mondiale ha favorito l'aumento delle sostituzioni di specie pregiate di pesci commestibili con altri di minor valore commerciale. In questo contesto, l'identificazione di specie rappresenta un elemento chiave per individuare le frodi ed il commercio illegale dei prodotti della pesca. I marcatori di DNA mitocondriale più frequentemente utilizzati sono il citocromo b (cytb), la citocromo c ossidasi I (COI) ed i geni per gli RNA ribosomiali (rRNA) 16S e 12S. Nel corso di quest'anno, abbiamo esaminato filetti di alcuni pesci commestibili, molto diffusi, venduti in Italia e spesso oggetto di sostituzione fraudolenta. Abbiamo ottenuto il *barcode* della COI (654 bp) e la sequenza del gene 12S (420 bp) per tutti i campioni analizzati, e li abbiamo confrontati con le sequenze di riferimento presenti in banche dati (GenBank e BOLD). I risultati hanno mostrato un elevato numero di frodi, per esempio, per i filetti di "dentice", *Dentex dentex* sostituiti per il 75% con *Pagellus erythrinus* e per il 5% con *Pagrus pagrus*. Allo stesso tempo, gli studi condotti sul gene mitocondriale 12S ci hanno dato la possibilità di arricchire il database genetico per *Pagellus erythrinus*.



GRADIENTE DI LUMINANZA E GRADIENTE SPETTRALE NELL'ORIENTAMENTO DI *Talitrus saltator* (MONTAGU) (CRUSTACEA, AMPHIPODA)

CARLOTTA CONTI¹, LINDA BOLOGNESI¹, LUCA MERCATELLI², ALBERTO UGOLINI¹

¹Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Firenze; ²Istituto Nazionale di Ottica, CNR, Firenze

La capacità di recupero zonale di molte specie di artropodi litorali, tra le quali l'anfipode *Talitrus saltator*, è basata sulla utilizzazione di molteplici fattori di orientamento quali, ad esempio, sole, luna, fattori celesti, visione del paesaggio, campo magnetico terrestre (Pardi L., Ercolini A. 1986. Boll. Zool. 53: 139-160). Recentemente è stato dimostrato, che il gradiente celeste di luminanza, rappresenta un ulteriore fattore orientante utilizzato dai talitri nel recupero zonale e nella identificazione del riferimento solare (Ugolini A. *et al.*, 2012. J. Exp. Biol. 215: 2814-2819, 2012). Nessuna ricerca è stata condotta sull'utilizzazione del gradiente spettrale del cielo da parte dei talitri.

La presente ricerca approfondisce l'indagine sulla utilizzazione da parte di *T. saltator* del gradiente di luminanza ed esamina in via preliminare l'utilizzazione del gradiente spettrale.

Gli esperimenti sono stati condotti in ambiente confinato sia in luce naturale che artificiale. L'apparato sperimentale era costituito da un cilindro di plexiglas opalino. I gradienti di luminanza e spettrali artificiali erano prodotti da diapositive proiettate, tramite un pc, un videoproiettore ed uno specchio di rimando, sul disco di plexiglass opalino messo a copertura del cilindro. L'immagine proiettata è vista dai talitri dal lato inferiore del disco. Le immagini sono state elaborate tramite calcoli software e verificate per mezzo di un luminanzometro, posto nella posizione occupata dagli animali. Sono state realizzate diverse diapositive in modo da variare il gradiente di luminanza e quello spettrale separatamente. L'astro era rappresentato da una fibra ottica inserita a 45° sulla parete del cilindro.

I risultati confermano che: 1) il gradiente di luminanza del cielo rappresenta uno stimolo orientante celeste utilizzato da *T. saltator* sia in presenza che in assenza della visione del sole. Inoltre, 2) il gradiente spettrale è percepito e impiegato dai talitri nell'orientamento zonale anche se non sembra costituire un riferimento orientante bussolare cronometricamente compensato.



UN ABERRANTE NUOVO GENERE DI CHINORINCHI, CON ANALISI DELLA SUA POSIZIONE FILOGENETICA E DELLE RELAZIONI INTERNE AL PHYLUM

MATTEO DAL ZOTTO¹, MARTIN V. SØRENSEN²

¹Centro Interuniversitario di Biologia Marina ed Ecologia Applicata "G. Bacci", Livorno; ²Natural History Museum of Denmark, University of Copenhagen, Denmark

Il phylum Kinorhyncha è costituito da circa 200 specie meiobentoniche rinvenute nei mari di tutto il mondo. La sistematica del gruppo è fondata unicamente su caratteristiche morfologiche e poche sono state finora le indagini filogenetiche, tra le quali una sola, preliminare, ha utilizzato dati di genetica molecolare. La recente scoperta, in sabbie provenienti dal Brasile, di una specie di particolare interesse, poiché non ascrivibile a nessun genere noto, ha fornito lo spunto per intraprendere uno studio approfondito sulle relazioni interne del phylum. Gli esemplari brasiliani sono caratterizzati da un tronco molto flessibile e circolare in sezione trasversale. I segmenti 1, 2 e 11 sono formati da anelli cuticolari interi, mentre i segmenti dal 3 al 10 presentano placche articolate ventralmente. Il collo, privo di placidi, ha l'aspetto di un segmento addizionale. Il segmento terminale porta una spina mediana dorsale e due coppie di spine laterali. Poiché le caratteristiche anatomiche rendono difficile la collocazione del nuovo genere nell'ambito del phylum, le sue relazioni filogenetiche sono state indagate utilizzando come *marker* il gene nucleare 18S rRNA; nella ricerca sono state coinvolte altre specie raccolte durante studi paralleli. Complessivamente sono state analizzate le sequenze di 48 specie, appartenenti a 15 generi e 8 famiglie ripartite nei due ordini in cui il phylum viene suddiviso: Homalorhagida e Cyclorhagida. Le analisi, condotte con tre metodi diversi, *Maximum Likelihood*, Massima Parsimonia e Inferenza Bayesiana, evidenziano chiaramente che il nuovo genere è un homaloragide basale, sebbene le sue caratteristiche morfologiche sembrassero in prima istanza indicare affinità con il ciclomagide *Cateria*. Le topologie rivelano inoltre importanti differenze rispetto alla sistematica tradizionale, di fatto indicando come non monofiletici i due ordini oggi riconosciuti. Le novità più eclatanti riguardano l'inclusione nel clade degli Homalorhagida della famiglia Dracoderidae, attualmente affiliata ai Cycloragida, e alcune alleanze tra taxa anch'essi inclusi al momento nell'ordine Cycloragida. I risultati ottenuti, nel dimostrare che molti aspetti dello scenario evolutivo corrente sono da riconsiderarsi, suggeriscono una rivalutazione in chiave evolutivista di alcuni caratteri morfologici finora negletti negli studi filogenetici.



ACCUMULO DI ANTIOSSIDANTI INTRODOTTI CON LA DIETA NELL'ENCEFALO DI RATTO ADULTO

PAOLA FERRI¹, PATRIZIA AMBROGINI¹, LORENZO GENNARI², DONATO ANGELINO², MAURIZIO SIMMACO³, LUANA LIONETTO³, SERENA BENEDETTI², PAOLINO NINFALI², PAOLO DEL GRANDE¹

¹Dipartimento di Scienze della Terra, della Vita e dell'Ambiente, ²Dipartimento di Scienze Biomolecolari, Università degli Studi di Urbino "Carlo Bo"; ³Diagnostica Molecolare Avanzata, Az. Osp. S. Andrea, Roma

I polifenoli e la vitamina E sono sostanze naturali presenti nella dieta dotate di capacità antiossidanti. L' α -tocoferolo, principale componente della vitamina E, possiede, inoltre, altre proprietà non legate alla sua funzione antiossidante. L' α -tocoferolo è in grado di accumularsi nel tessuto nervoso, mentre la capacità dei polifenoli nell'attraversare la barriera emato-encefalica è stata poco indagata. Poiché è stato evidenziato che l' α -tocoferolo è in grado di promuovere la biodisponibilità di alcune molecole, in questo lavoro ci siamo proposti di verificare l'accumulo nell'encefalo di α -tocoferolo e quercetina, polifenolo dotato di attività neuroprotettiva *in vitro*, introdotti con la dieta. I livelli di α -tocoferolo e quercetina sono stati valutati mediante HPLC sia nel plasma che nell'encefalo di ratti adulti alimentati con dieta standard e con una dieta supplementata con quercetina o α -tocoferolo o quercetina e α -tocoferolo in associazione. Per valutare gli effetti di tale dieta è stata effettuata l'analisi densitometrica dell'immunoreattività per la 8-idrossi-2'-deossiguanosina (8-OHdG), *marker* del danno ossidativo del DNA, nello strato delle cellule piramidali e nello strato radiato dell'ippocampo. Le analisi con HPLC hanno evidenziato sia nel plasma che nell'encefalo un aumento significativo di α -tocoferolo e di quercetina. Inoltre, la quercetina raggiungeva una concentrazione significativamente maggiore nei ratti alimentati con una dieta supplementata con α -tocoferolo e quercetina in associazione rispetto ai ratti alimentati con una dieta supplementata solo con quercetina. L'analisi densitometrica della immunoreattività della 8-OHdG non ha evidenziato differenze significative tra i gruppi sperimentali fra strato radiato e strato delle cellule piramidali. Questi risultati dimostrano che la somministrazione con la dieta di polifenoli e α -tocoferolo porta ad un accumulo di questi nell'encefalo, dove potrebbero rivelarsi in grado di svolgere un'azione neuroprotettiva in caso di insulto.



SPERMATOZOO E SISTEMA RIPRODUTTORE AVVICINANO *Megadasys* A *Crasiella* (GASTROTRICHA, MACRODASYIDA)

LORETTA GUIDI¹, M. ANTONIO TODARO², MARCO FERRAGUTI³, MARIA BALSAMO¹

¹Dipartimento di Scienze della Terra, della Vita e dell'Ambiente, Università di Urbino "Carlo Bo"; ²Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia; ³Dipartimento di Bioscienze, Università di Milano

L'apparato riproduttore dei Macrodasysida usualmente comprende due testicoli, uno o due ovari e due organi sessuali accessori, frontale (ricettacolo seminale) e caudale (organo copulatore). Organizzazione delle vie genitali, struttura ed ultrastruttura degli organi riproduttivi sono diagnostici a livello di famiglia e il loro uso in chiave filogenetica ha permesso di chiarire la posizione sistematica di alcuni taxa riducendo i conflitti tra gli scenari evuzionistici desunti da caratteristiche morfologiche vs dati molecolari. Estendere le indagini morfologiche sui tratti riproduttivi è importante per quei taxa per i quali le indagini morfologiche e molecolari sono in disaccordo. Uno di questi casi coinvolge i generi *Crasiella* e *Megadasys* raggruppati, su base morfologica, rispettivamente nella famiglia dei Planodasyidae e dei Cephalodasyidae, ma che risultano *sister taxa* su base molecolare. L'uno o l'altro scenario risulterebbe rafforzato se sostenuto da dati emersi dal confronto dell'apparato riproduttore dei taxa coinvolti. Poiché le informazioni sul riproduttore e sugli spermatozoi di *Megadasys* risultano scarse, abbiamo intrapreso uno studio morfologico su esemplari di *Megadasys sterreri* rinvenuti a Lanzarote. Questa specie presenta due lunghi testicoli laterali i cui deferenti confluiscono in un poro ventrale, due ovari laterali all'intestino posteriore, organo frontale e organo caudale ben sviluppati e distinti l'uno dall'altro. Lo spermatozoo è filiforme, formato da acrosoma, complesso nucleo mitocondriale e da flagello con guaina elettrodensa circondante i due tubuli centrali. Le osservazioni hanno evidenziato diversi caratteri anatomici e spermatologici che avvicinano *Megadasys* a *Crasiella* più che ad altri Cephalodasyidae, sostenendo i risultati delle analisi filogenetiche molecolari. I risultati suggeriscono di procedere ad una revisione delle famiglie Cephalodasyidae e Planodasyidae poiché chiaramente polifiletiche.



EFFETTO DELLA COCAINA SULL'ESPRESSIONE DEL NEUROPEPTIDE CART E DEL FATTORE DI TRASCRIZIONE Δ FosB NELL'ENCEFALO DI *Anguilla* *anguilla*

GIUSEPPINA IACHETTA, SALVATORE VALIANTE, MASSIMO MADDALONI,
VINCENZA LAFORGIA, ANNA CAPALDO

Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Napoli "Federico II"

La presenza di concentrazioni variabili di cocaina nelle acque superficiali rappresenta una potenziale minaccia sia per la fauna acquatica sia per l'uomo che si alimenta di specie ittiche esposte a tale contaminazione. È stato dimostrato che l'anguilla europea, *Anguilla anguilla*, una specie a rischio d'estinzione, è in grado di bioaccumulare cocaina nei tessuti (Capaldo A. *et al.*, 2012; Water Air Soil Poll., 223: 2137-43). Lo scopo del presente lavoro è stato quello di verificare gli effetti dell'esposizione cronica alla cocaina nell'encefalo di tale specie. È stata valutata l'espressione del trascritto regolato da cocaina e anfetamina (CART), neuropeptide anoreizzante, del fattore di trascrizione Δ FosB e la presenza di fenomeni neurodegenerativi nell'encefalo di anguilla. Anguille adulte allo stadio silver sono state divise in due gruppi: 1) trattate (un mese con 20 ng/l *die* di cocaina free-base sciolta in etanolo) e 2) controlli. È stato dimostrato, mediante RT-PCR semiquantitativa, che l'esposizione prolungata alla cocaina induce un forte aumento dei livelli dell'mRNA di CART nell'encefalo. È stata evidenziata mediante WB la comparsa di Δ FosB nei trattati. Mediante IHC l'immunoreattività per Δ FosB è stata localizzata in modo particolare nei nuclei dell'area preottica ed ipotalamica. La colorazione con Fluor Jade C ha inoltre mostrato la presenza di zone di neurodegenerazione nell'encefalo di anguille trattate, in particolare nel telencefalo, nel tetto ottico e nell'ipotalamo. Tali aree sono in parte sovrapponibili a quelle che risultano immunoreattive all'anticorpo anti- Δ FosB. In conclusione, il nostro studio dimostra che la cocaina può incidere in vari modi sulla fisiologia dell'animale. In particolare, attraverso la modulazione di CART, la cocaina può agire sui meccanismi legati all'alimentazione nelle anguille, meccanismi ancora in gran parte sconosciuti, mentre la sua azione su Δ FosB potrebbe determinare una riorganizzazione dei circuiti neuronali e fenomeni di neurodegenerazione. I risultati suggeriscono che la cocaina può aggravare il declino dell'anguilla europea, già minacciata dalla contaminazione ambientale.



CARATTERIZZAZIONE IMMUNOISTOCHEMICA DELLE CELLULE AVVOLGENTI NELLE VIE OLFATTIVE PRIMARIE DI *ZEBRAFISH* (*Danio rerio*)

MAURIZIO LAZZARI, SIMONE BETTINI, Valeria FRANCESCHINI

Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali, Università degli Studi di Bologna

Nel sistema olfattivo dei vertebrati la neurogenesi è continua e si protrae per tutta la vita. Le capacità rigenerative dei recettori olfattivi sono connesse a peculiari cellule gliali: le cellule avvolgenti. Un gran numero di studi si è concentrato sulle cellule avvolgenti dei mammiferi a causa di un loro possibile impiego terapeutico nella riparazione delle lesioni del midollo spinale. Le informazioni sulle cellule avvolgenti nei vertebrati non mammiferi sono invece, estremamente scarse. Abbiamo pertanto studiato la caratterizzazione immunoistochimica delle cellule avvolgenti di *zebrafish* che costituisce un buon modello sperimentale rappresentativo dei vertebrati anamni ed è inoltre una specie ampiamente utilizzata come modello di studio in campo embriologico, genetico, neurobiologico, nonché tossicologico. Teste di *zebrafish* (*Danio rerio*) di entrambi i sessi sono state fissate in Bouin, decalcificate in EDTA ed incluse in paraffina. Marcatori delle cellule avvolgenti noti nei mammiferi (GFAP, Vim, S100, NCAM, PSA-NCAM, p75NTR e Gal-1) sono stati ricercati mediante la tecnica della immunoperossidasi condotta su sezioni frontali di 5 μ m. GFAP, S100 e NCAM sono state chiaramente rilevate, mentre Vim ha dato risultato negativo. PSANCAM, p75NTR e Gal-1 hanno mostrato una debole immunomarcatura. Per uno stesso marcatore, il grado di espressione non è uniforme nei vari tratti delle vie olfattive. Inoltre, il pattern di colorazione dei diversi marcatori non è identico. Per i marcatori impiegati, il modello di immunopositività delle vie olfattive di *zebrafish* è diverso da quanto abbiamo precedentemente riscontrato in altri pesci, suggerendo l'esistenza di differenze interspecifiche anche nell'ambito della stessa famiglia. Lo studio ha inoltre dimostrato che le vie olfattive di *zebrafish* esprimono marcatori specifici delle cellule avvolgenti dei mammiferi. Il sistema olfattivo dei vertebrati appare come un sistema primitivo che nel corso dell'evoluzione ha subito solo piccoli cambiamenti, non solo in termini di morfologia, ma anche di caratteristiche molecolari legate al suo funzionamento.



UNA POSSIBILE SPIEGAZIONE DELLO STRANO VIAGGIO DELLE CELLULE GERMINALI PRIMORDIALI (PGCs) IN VERTEBRATI CHE PRODUCONO UOVA MEROBLASTICHE

OSCAR LISI

Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali, Sezione di Biologia Animale "Marcello La Greca", Università degli Studi di Catania

Nei vertebrati che producono uova meroblastiche le PGCs si originano in territori lontani da quelli che daranno origine alle gonadi, persino extraembrionali, con la conseguente necessità di compiere una lunga migrazione per via ematica o attraverso la parete del tubo digerente e il mesentero dorsale. Questo strano comportamento è spiegabile alla luce della "teoria dell'endoderma foglietto secondario" (Pilato, 1992, 1994, 2003, 2007), basata su osservazioni morfologiche e confermata da studi di espressione genica in cellule embrionali (Rodaway & Patient, 2001; Croce & McClay, 2010). Secondo tale teoria la condizione diblastica dei metazoi a partire da una Blastea si è raggiunta non con la formazione di un endoderma digerente bensì di un "ectomesenchima primordiale" che ha ereditato dall'unico strato di cellule costituenti il corpo della Blastea la capacità di digerire e di formare i gameti (col vantaggio di proteggere questi ultimi); solo in uno stadio evolutivo successivo, seppur assai precoce, una porzione di quel materiale avrebbe dato origine al mesoderma attuale e la rimanente parte si sarebbe differenziata nell'endoderma digerente. Nei vertebrati che producono uova divenute telolecitiche (ed in quelle dei mammiferi euteri, secondariamente oligolecitiche), si è avuta la formazione della lamina di ipoblasto vitellino, che deriva da una parte delle cellule che dovrebbero passare all'interno per dare l'endoderma e il mesoderma; tale lamina si forma assai precocemente ed ha il ruolo di chiudere subito l'embrione ventralmente, non essendo esso più in grado di portare dentro tutta la massa di vitello; la parete ventrale definitiva si formerà solo più tardi via via che il vitello viene consumato. Come indicato dal suo stesso nome, a tale lamina è sempre stato attribuito un significato endodermico, tuttavia secondo la teoria dell'endoderma foglietto secondario essa va invece considerata un diretto derivato di quell'ectomesenchima primordiale, capace di dare origine anche alle cellule germinali. Nella lamina di ipoblasto vitellino sono dunque incluse le cellule che daranno le PGCs, le quali quindi si differenzieranno da quella lamina, o da suoi derivati, lontano dal territorio nel quale più tardi si svilupperà l'abbozzo delle gonadi, persino in aree extraembrionali, richiedendo la lunga migrazione a cui si assiste.



L'IBRIDAZIONE INTERSPECIFICA: EVIDENZE E LIMITI DI UN FENOMENO ANCORA DA COMPRENDERE

STEFANIA LO BIANCO, LUCA SINEO

*Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche
(STEBICEF), Università degli Studi di Palermo*

L'interesse per l'aspetto evolutivistico dell'ibridazione interspecifica è cresciuto negli ultimi anni, a giudicare dalla mole di articoli e *review* pubblicati sull'argomento. Fili conduttori di questi lavori sono la considerazione dell'ibridazione avvenuta e la conseguente ricerca delle evidenze che la dimostrano, siano esse morfologiche o genetiche: quasi mai l'evento di ibridazione viene messo in discussione, neppure quando le specie coinvolte sono caratterizzate da sbilanciamenti aneuploidi molto forti.

Generalmente, l'ibridazione tra specie riconosciute come distinte è impedita dall'innescarsi di meccanismi d'isolamento pre- e postzigotici. Questa incompatibilità ci porta a mettere in discussione la facilità con cui lo *status* di ibrido sia stato stabilito in questi lavori. Scopo della presente *review* è quello di investigare il trend del fenomeno nel tempo e i metodi utilizzati per analizzarlo. Prendendo come punto di partenza proprio l'approccio teorico di Dobzhansky, abbiamo analizzato criticamente la letteratura disponibile al riguardo, privilegiando le indagini effettuate sui mammiferi e, in modo particolare, sui primati, data la constatazione che anche minime evidenze di aneuploidia sono non vitali nell'uomo.

Il database che ne abbiamo ricavato ci ha permesso di verificare come l'interesse nei confronti dell'ibridazione sia cresciuto nel tempo e quanto il numero di specie soggette ad ibridazione sia aumentato. Tuttavia, nonostante l'evoluzione delle tecniche, alcuni lavori hanno privilegiato l'approccio morfologico: discriminante, ma non sufficientemente risolutivo. Gli studi che, invece, hanno investigato l'aspetto genetico si sono limitati a ricercare i riarrangiamenti cromosomici che caratterizzano l'ibrido (supposto).

La definizione di buona specie è spesso aleatoria, in quanto frutto di concetti che rappresentano categorie mentali. Non nascondendo che l'introggressione possa essere considerata un valido meccanismo di speciazione, non crediamo, tuttavia, che esso possa manifestarsi così facilmente in specie caratterizzate da profonde differenze genomiche. Riteniamo che ulteriori indagini – in particolare, mediante approcci come l'ibridazione *in situ* miranti al confronto di ampie aree cromosomiche di omologia – siano necessarie per approfondire le nostre conoscenze su un fenomeno ancora in gran parte da comprendere.



EFFETTI CITOTOSSICI *IN VITRO* DI ESTRATTI DI *Mytilus galloprovincialis* E *Sparus aurata* ESPOSTI A BENZO(A)PIRENE

PATRIZIA LO CASCIO¹, DEBORAH PALOMBIERI¹, CONCETTA CALABRÒ¹,
ROBERTO ZENA², DEBORAH FRATANTONIO², ANTONIO SPECIALE²,
ANTONINA SAIJA²

¹Dipartimento di Scienze Biologiche e Ambientali e ²Dipartimento di Scienze del Farmaco e Prodotti per la Salute, Università degli Studi di Messina

Gli Idrocarburi Policiclici Aromatici (IPA) costituiscono un gruppo di contaminanti ambientali ubiquitari, considerati agenti cancerogeni in quanto l'esposizione a tali composti, attraverso il consumo di cibo contaminato, è correlata alla comparsa di cancro nell'uomo. Il presente studio è stato effettuato per valutare *in vitro* gli effetti citotossici indotti in leucociti umani da estratti di *Mytilus galloprovincialis* e *Sparus aurata* sperimentalmente sottoposti a intossicazione con Benzo(a)pirene [B(a)P] (0,5 e 1 mg/l per i mitili, 2 mg/l per i pesci, per 12, 24 e 72 h), indicatore di riferimento della potenza oncogena della classe degli IPA. Nello studio sono stati valutati la vitalità cellulare mediante colorazione con Trypan Blue, la frammentazione del DNA mediante elettroforesi su gel di agarosio e i livelli di Glutazione intracellulare (GSH) con *Elmans reagent*. I leucociti, isolati da sangue umano di donatori sani mediante separazione con Histopaque-1077, sono stati coltivati in pozzetti, ai quali sono stati addizionati 10 µl di estratti di mitili e pesci (solubilizzati in DMSO) ed incubati per 24 h. Per il controllo negativo le cellule sono state esposte al solo veicolo (DMSO) mentre per il controllo positivo le cellule sono state trattate con camptotecina (0,5 µg/ml) come induttore dell'apoptosi. Nei leucociti così trattati non è stato osservato un effetto statisticamente significativo sulla vitalità cellulare; solo gli estratti di mitili hanno avuto un debole effetto citotossico rispetto al veicolo DMSO. È stato inoltre osservato un decremento significativo dei livelli di GSH, importante antiossidante intracellulare, per tutti gli estratti in esame rispetto ai controlli. La valutazione dell'apoptosi ha evidenziato una degenerazione dei leucociti, più evidente per quelli trattati con estratti di mitili. Pertanto si può supporre che l'ingestione di questi alimenti in quantitativi tali da produrre in circolo livelli di B(a)P paragonabili a quelli usati non sia particolarmente nociva per la salute dell'uomo. Tuttavia, in condizioni reali, l'esposizione a miscele di IPA potrebbe portare ad un effetto sinergico con un potenziale citotossico maggiore.



NOTE SU DISTRIBUZIONE E “AREE DI NURSERY” DI DUE SPECIE DI TRIGLIDI (SCORPAENIFORMES) NEL NORD-CENTRO ADRIATICO

CHIARA MANFREDI^{1,2}, STEFANO MONTANINI^{1,2}, MARCO STAGIONI^{1,2},
STEFANO TOMMASINI¹, MARIA VALLISNERI¹

¹Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche ed Ambientali, Università di Bologna, Bologna; ²Laboratorio di Biologia Marina e Pesca, Università di Bologna, Fano

Il ruolo degli habitat costieri come *nurseries* del novellame di specie ittiche è fondamentale in relazione alla conservazione ed alla gestione delle risorse alieutiche. Ancora oggi il concetto di nursery è ambiguo ed è necessario considerare la combinazione di vari fattori, quali densità, accrescimento, sopravvivenza del novellame e migrazione verso gli habitat degli adulti, per determinare se un habitat è utilizzabile come *nursery* per il reclutamento dei giovanili. A tale scopo è stata condotta un'analisi su distribuzione e aree di *nurseries* del capone cocchio, *Aspitrigla cuculus* (L.) e del capone ubriaco, *Trigloporus lastoviza* (Bonnaterre, 1788) in Adriatico (GSA 17) fra il 1996 e il 2008. I risultati preliminari mostrano che l'area di distribuzione di *A. cuculus* copre tutto l'Adriatico centrale (ad eccezione delle acque profonde della fossa di Pomo/Jabuka) e le zone costiere occidentale e orientale dell'Adriatico; i giovanili sono distribuiti principalmente in mare aperto nell'Adriatico centrale; l'area di *nursery* che mostra il maggiore indice di persistenza ($PI > 0,75$) risulta sul fondo molle a nord della fossa di Pomo/Jabuka tra 100 e 200 m di profondità. Si conferma quindi che l'area a ridosso e all'interno della fossa di Pomo/Jabuka rappresenta una delle principali aree di nursery per molte specie demersali, indicandone la notevole influenza sulle attività di pesca. I risultati preliminari relativi a *T. lastoviza* mostrano che è distribuita principalmente nella parte mediana ed orientale dell'Adriatico settentrionale e nella zona del canale fra Spalato e Dubrovnik, generalmente fino a 100 m di profondità; i giovanili sono concentrati soprattutto lungo la costa nord-orientale; l'area di *nursery* che mostra il maggiore indice di persistenza ($PI > 0,75$) è stata individuata al largo dell'isola di Pag.



PRIMO CONTRIBUTO ALLA FILOGENESI DEI DIPTOMIDI PALEARTICO-OCCIDENTALI (COPEPODA, CALANOIDA)

FEDERICO MARRONE, MARCO ARCULEO

*Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche,
Università degli Studi di Palermo*

L'attuale assetto sistematico dei diptomidi palearatici trova le sue fondamenta in lavori della prima metà del XX secolo. Questo assetto è stato generalmente accettato dalla comunità scientifica, senza che tuttavia venisse mai proposta una ricostruzione dei rapporti filogenetici tra i generi, i sottogeneri e le specie della famiglia. I caratteri oggi utilizzati per la caratterizzazione delle specie sono per lo più autoapomorfici, utili al fine della identificazione dei taxa ma dallo scarso significato nell'ottica della ricostruzione della filogenesi del gruppo a causa dalla mancata individuazione di un numero sufficiente di sinapomorfie. Benché la natura monofiletica dei generi attualmente riconosciuti sia oggi implicitamente accettata dai tassonomi del gruppo, questa non è stata mai testata con l'ausilio di tecniche molecolari.

Il nostro lavoro, di cui presentiamo in queste sede i risultati preliminari, ha l'obiettivo di testare la natura monofiletica dei generi individuati su base morfologica, indagare la naturalità ed il significato tassonomico dei taxa di rango sottogenerico, e di proporre una filogenesi dei taxa presenti nel Paleartico occidentale. A questo fine sono stati amplificati e sequenziati due frammenti dei geni 28S e H3 in 38 specie appartenenti a 13 generi delle tre sottofamiglie di diptomidi oggi note per l'area di indagine (*i.e.* Diaptominae, Paradiaptominae e Speodiaptominae). Le sequenze ottenute sono state analizzate con approcci di *Maximum Likelihood* e di *Bayesian Inference*, ottenendo delle topologie congruenti e ben supportate.

La sottofamiglia Paradiaptominae viene confermata come gruppo monofiletico, mentre non vi è supporto molecolare per distinguere l'unico rappresentante della sottofamiglia Speodiaptominae incluso nelle analisi rispetto ai rappresentanti della sottofamiglia Diaptominae. I generi "tradizionali" risultano in buona misura confermati come gruppi monofiletici, benché i rapporti tra i taxa appartenenti ai generi *Eudiaptomus* e *Copidodiaptomus*, e *Mixodiaptomus* e *Diaptomus* risultino allo stato attuale delle indagini poco chiari e necessitano di ulteriori approfondimenti. I sottogeneri sono stati confermati come gruppi naturali nei generi *Hemidiaptomus* e *Diaptomus*, ma non all'interno del genere *Arctodiaptomus*.



PLASTICITÀ TRANS-GENERAZIONALE DELLA TOLLERANZA TERMICA NEL POLICHETE *Ophryotrocha labronica* (ANNELIDA: DORVILLEIDAE)

GLORIA MASSAMBA-N'SIALA, ROBERTO SIMONINI, DANIELA PREVEDELLI
*Dipartimento di Scienze della Vita, Università degli Studi di Modena e Reggio
Emilia*

Il fenotipo e l'ambiente materno sono noti essere importanti fattori in grado di influenzare il fenotipo dei discendenti. Tuttavia, poco si sa del loro ruolo nell'influenzare la tolleranza termica della prole. Abbiamo utilizzato il polichete marino *Ophryotrocha labronica* (Annelida: Dorvilleidae) per 1) studiare l'effetto che la temperatura ambientale materna ha sulle risposte di tolleranza termica dei discendenti, 2) stabilire se questo effetto è mantenuto anche nella fase adulta dei discendenti, e 3) valutare il ruolo dello stadio di sviluppo pre-zigotico dei discendenti nel definire il risultato dell'effetto materno.

Abbiamo misurato i limiti di tolleranza termica superiori e inferiori di individui adulti acclimatati a 18 °C o 30 °C, le cui madri erano state fatte crescere a 24 °C e, al raggiungimento della maturità sessuale, erano state esposte a 18 °C o 30 °C sia ad uno stadio precoce che uno tardivo dell'oogenesi.

Quando la temperatura materna e quella della prole differiva e l'esposizione da 24 °C a 18 °C o 30 °C avveniva ad uno stadio precoce dell'oogenesi, venivano prodotti discendenti più resistenti sia al freddo che al caldo, suggerendo l'esistenza di un effetto materno di tipo "anticipatorio" innescato dal segnale termico sperimentato dalle madri. Al contrario, quando le madri sperimentavano la variazione termica in una fase più tardiva dell'oogenesi, la tolleranza termica dei discendenti si riduceva (rispetto a quanto osservato quando temperatura materna e della prole si eguagliavano). L'esistenza di limiti nella trasmissione del segnale materno nel corso dello sviluppo pre-zigotico potrebbe spiegare quest'ultimo risultato. Infine, l'influenza materna è stata mantenuta fino allo stadio adulto dei discendenti.

Per la prima volta in una specie marina, abbiamo dimostrato l'esistenza di plasticità trans-generazionale nella tolleranza termica. I nostri risultati sono importanti per migliorare la comprensione delle strategie evolute dalle specie in ambienti termicamente fluttuanti e sono utili nel definire le risposte degli organismi nei confronti dell'inasprimento delle variazioni termiche in conseguenza ai cambiamenti climatici.



ATTIVITÀ SPERMIOFAGICA NELL'APPARATO GENITALE FEMMINILE IN ALCUNE SPECIE DI ISOPODI ONISCIDEI (CRUSTACEA)

VERONICA MAZZEI, MARIA VIOLETTA BRUNDO, GUGLIELMO LONGO
Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali, Università degli Studi di Catania

Gli Isopodi Oniscidei, così come altri ordini dei Peracarida, sono caratterizzati da un modello peculiare di spermatozoo costituito dal corpo principale della cellula, contenente un nucleo allungato e sacciforme sormontato da un acrosoma cuneiforme, e, collegata a esso anteriormente, una lunga coda rigida dalla struttura di tipo paracristallino. Dopo l'accoppiamento, parte degli spermatozoi viene trasferita all'interno del ricettacolo seminale dove essi mantengono inalterata la loro organizzazione ed il loro potere fecondante anche per lunghi periodi di tempo (Vandel, 1941; Longo & Trovato, 2008). Nel corso della presente indagine ultrastrutturale, condotta su un congruo numero di femmine sessualmente mature e accoppiate di alcune specie appartenenti alle famiglie Halophilosciidae e Philosciidae, sono stati osservati diffusi fenomeni di spermiofagia a carico di parte degli spermatozoi presenti nel ricettacolo seminale ma anche di una parte di essi localizzata all'interno dell'ovario. L'attività spermiofagica riguarda esclusivamente la coda spermatica che appare localizzata entro cavità tubulari, delimitate da membrana, presenti nelle cellule epiteliali del ricettacolo seminale e nelle cellule follicolari dell'ovario, all'interno delle quali vanno incontro a una progressiva demolizione, probabilmente basata su un'attività digestiva di tipo enzimatico, senza apparente intervento lisosomiale. Quadri di un'evidente attività spermiofagica, con aspetti relativi alla cattura e alla internalizzazione degli spermatozoi, sorprendentemente simili a quelli riscontrati negli Oniscidei, sono già stati descritti nella spermateca di alcune specie di Anellidi Oligocheti (Richards & Fleming, 1982) e Policheti (Westheide, 1988); l'attività spermiofagica osservata negli Oligocheti, sarebbe essenzialmente rivolta all'eliminazione degli spermatozoi invecchiati; nel caso invece dei Policheti, i quadri di spermiofagia, osservati a carico delle cellule del ricettacolo seminale, sono stati interpretati come rivolti a fornire un apporto trofico supplementare agli oociti in accrescimento. Similmente il ruolo della lunga coda degli spermatozoi degli Oniscidei, di natura essenzialmente proteica, sarebbe quello di rappresentare un consistente investimento trofico paterno al processo riproduttivo.



PLASTICITÀ NELL'ESPRESSIONE DEL FENOTIPO SESSUALE IN TRE SPECIE GONOCORICHE DI *Ophryotrocha*

STEFANIA MECONCELLI, CHIARA NEBIOLO, ALESSANDRA LERDA, MARIA
CRISTINA LORENZI, GABRIELLA SELLA

*Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi, Università degli Studi di
Torino*

Nelle specie gonocoriche del genere *Ophryotrocha* sono stati osservati due tipi di plasticità nell'espressione del fenotipo sessuale: 1) individui sessualmente maturi capaci di produrre gameti del sesso opposto, anche se non funzionali 2) femmine e maschi "inducibili" il cui fenotipo sessuale è stato influenzato durante lo sviluppo dal sesso di un adulto. Utilizzando le tre specie gonocoriche, *Ophryotrocha labronica*, *Ophryotrocha robusta* ed *Ophryotrocha macrovifera*, abbiamo voluto verificare in che modo l'ambiente sociale influisce sull'espressione del fenotipo sessuale e in che misura questo fenotipo può variare durante lo sviluppo dell'individuo e nello stadio adulto. L'esperimento è consistito di due fasi: 1) crescita degli animali dal momento della schiusa fino alla maturità sessuale in coppia con un adulto o in isolamento 2) allevamento degli individui sessualmente maturi con un individuo adulto dello stesso sesso o del sesso opposto. Alla fine di ognuna delle due fasi sperimentali un sottocampione di individui è stato sacrificato al fine di determinare il numero di individui capaci di produrre gameti del sesso opposto. I risultati mostrano la presenza di un effetto da parte dell'ambiente sociale sull'espressione del fenotipo sessuale (maschi puri, femmine pure, maschi funzionali, ossia maschi con spermatozoi funzionali e con ovociti non funzionali e femmine funzionali, ossia femmine con ovociti funzionali e spermatozoi non utilizzati): i giovani tendono a differenziarsi sessualmente in modo da formare una coppia eterosessuale. Inoltre questa plasticità risulta essere ristretta alla fase giovanile. Viene discusso il ruolo dell'ambiente sociale sulla presenza e lo sviluppo di fenotipi sessuali multipli.



CONNESSIONI OLFATTORIE E NUCLEI ABENULARI IN ALCUNE SPECIE DI CONDROITTI

DANIELA MINELLI, FEDERICO ANDERMARCHER, VIOLETTA
COLLEVECCHIO, BRUNO SABELLI

*Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali (BiGeA), Università
degli Studi di Bologna, Bologna*

Il sistema di connessioni tra telencefalo, abenule e nucleo interpeduncolare rappresenta una delle vie nervose dell'encefalo dei Vertebrati meglio conservate nel corso dell'evoluzione. Per approfondirne lo studio nei Condroitti abbiamo utilizzato la octadecilindocarbocianina (Dil), tracciante fluorescente che diffonde nel doppio strato fosfolipidico delle membrane plasmatiche marcando i neuroni sia per via retrograda che anterograda (Honig *et al.*, 1989). Abbiamo trattato con Dil alcuni cervelli di *Chiloscyllium arabicum*, *Scyliorhinus canicula*, *Mustelus mustelus*, *Raja asteralis*, *Myliobatis aquila* e *Hydrolagus mirabilis*; le sezioni sono state osservate al microscopio a fluorescenza dotato di un set di filtri per la rodamina. Altre sezioni sono state colorate col metodo Giemsa e analizzate al microscopio ottico. In tutte le specie indagate l'abenula sinistra è notevolmente più grande di quella destra e reca l'evidente suddivisione in *pars medialis* e *pars lateralis*. Anche le connessioni nervose sia afferenti (*stria medullaris*) che efferenti (*fasciculus retroflexus*) alle abenule mostrano un calibro maggiore nel lato sinistro, corrispondente ad una quantità maggiore di fibre marcate. I dati concordano con la precedente analisi (Collevecchio, 2008) effettuata su *S. canicula* mediante l'utilizzo della calbindina D-28k, riscontrabile nei pesci esclusivamente nel sistema nervoso centrale: l'abenula sinistra mostra più cellule e fibre immunopositive di quella destra, il che indica la distribuzione asimmetrica di questa proteina chelante il calcio. Il presente studio insieme a quello immunostochimico, sottolinea l'esistenza nei Condroitti di differenze tra i due nuclei riguardanti la loro dimensione relativa, organizzazione neuronale e connettività. Tale situazione, il cui significato funzionale non è ancora del tutto chiaro, è ben conservata nei pesci cartilaginei ed è stata da noi finora riscontrata nei Teleostei in modo evidente solo in alcuni Pleuronettiformi e nell'Anguilliforme *Synphobranchus kaupii*. Si potrebbe interpretare questo fenomeno come un possibile adattamento all'ambiente bentonico e di profondità.



PRIME INDAGINI SULLE ABITUDINI ALIMENTARI DI *Trigloporus lastoviza* (SCORPAENIFORMES: TRIGLIDAE) IN ADRIATICO

STEFANO MONTANINI^{1,2}, MARCO STAGIONI^{1,2}, CLAUDIA BENASSI
FRANCIOSI², ALESSANDRA ANIBALDI², MARIA VALLISNERI¹

¹Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche ed Ambientali, Università degli Studi di Bologna; ²Laboratorio di Biologia Marina e Pesca, Fano, Università degli Studi di Bologna

Trigloporus lastoviza (Bonnaterre, 1788), volgarmente nota come “gallinella o capone ubriaco”, in Adriatico è distribuita principalmente a nord, nella zona centroorientale e nell’area compresa tra Spalato e Dubrovnik, fino a 100 m di profondità, in acque poco profonde, potendo quindi disporre di una maggiore diversità di prede rispetto ad altri triglidi (per es. *Aspitrigla cuculus*) che vivono a profondità maggiori. È stato analizzato il contenuto stomacale di 138 esemplari adulti di *T. lastoviza* prelevati in Adriatico durante 4 campagne di pesca a strascico, 2 invernali e 2 estive condotte tra il 2007 e il 2012. Su tutti gli esemplari sono stati registrati i parametri biometrici (LT, mm), peso corporeo (P, g), sesso (valutato sulla base dell’analisi macroscopica delle gonadi), sono state identificate le prede fino al livello tassonomico più basso possibile, successivamente pesate, contate, fotografate, mediante sistema computerizzato di immagini. I dati sono stati informatizzati con database relazionale “Microsoft Access” e analizzati mediante pacchetto statistico “R ver. 3.0.1”. Sono stati calcolati i principali indici alimentari, al fine d’individuare la tipologia qualiquantitativa del regime alimentare di *T. lastoviza*. I risultati ottenuti mostrano che la dieta verte essenzialmente su crostacei (IRI% = 95,8%), per lo più decapodi. *Galathea intermedia* e *Liocarcinus* sp. rappresentano le specie prevalenti. Nonostante il fatto che la popolazione bentonica costiera del Mediterraneo nordorientale sia caratterizzata da elevata diversità specifica, questa non si riflette nel contenuto stomacale di *T. lastoviza*, indicando con queste indagini preliminari, che la specie tende a comportarsi da “predatore selettivo”, nutrendosi preferibilmente di pochi organismi specifici, in accordo con la letteratura relativa ad altre aree geografiche. Concludendo, si conferma l’importanza degli studi relativi alla biologia trofica ed ai rapporti predapredatore, essenziali per quantificare i ruoli ecologici dei diversi componenti delle comunità marine.



CARATTERIZZAZIONE DI UN DNA SATELLITE AD AMPIA DISTRIBUZIONE NEI LACERTIDAE

PAOLA NISI CERIONI¹, MASSIMO GIOVANNOTTI¹, VERONICA ROJO²,
ANDREA SPLENDIANI¹, PAOLO RUGGERI¹, VINCENZO CAPUTO BARUCCHI¹
¹*DiSVA, Università Politecnica delle Marche, Ancona, Italia;* ²*Universidad de*
Coruña, A Coruña, Spagna

Il DNA satellite (satDNA) è composto da sequenze organizzate in tandem, solitamente localizzate nelle regioni eterocromatiche dei cromosomi e con funzione incerta. Per contribuire ad aumentare le relativamente scarse conoscenze su questa componente genomica nei rettili squamati, è stata effettuata una caratterizzazione molecolare e citogenetica di un satDNA in lacertidi appartenenti a 5 generi differenti (*Archaeolacerta*, *Iberolacerta*, *Lacerta*, *Podarcis* e *Timon*).

Il DNA genomico, isolato da 12 specie, è stato digerito con diversi enzimi di restrizione. Tra questi, *TaqI* ha prodotto una banda di circa 200 pb, che è stata isolata, clonata e sequenziata. Le sequenze sono state allineate con CLUSTALW e le relazioni filogenetiche ricostruite con MEGA v.5, usando il metodo *Neighbour-Joining*. L'organizzazione genomica dell'elemento isolato è stata verificata con il *Southern Blot*. I cromosomi metafasici sono stati ottenuti da colture di fibroblasti e utilizzati in esperimenti di FISH con sonde fluorescenti biotinilate prodotte marcando cloni dell'elemento *TaqI*.

Il *Southern Blot* ha rivelato che l'elemento *TaqI* rappresenta un satDNA con un monomero di 186-190 pb. L'analisi delle relazioni filogenetiche individua 5 cladi principali corrispondenti ai generi indagati, mentre la distinzione di specie appare inefficiente. Gli esperimenti di FISH indicano una localizzazione pericentromerica su 10-20 cromosomi del complemento diploide, e solo in *L. bilineata*, *TaqI* marca anche il cromosoma W.

I risultati indicano che il satellite *TaqI* è estremamente conservato nel genoma dei lacertidi e che il suo impiego come sonda filogenetica è efficace nell'individuazione dei generi. La sua conservatività potrebbe essere attribuita alla localizzazione pericentromerica su poche coppie di omologhi e al numero relativamente basso di ripetizioni entro il genoma, che impedirebbero un'efficace evoluzione concertata all'interno delle specie. Infine, la presenza di questo elemento sul cromosoma W di *L. bilineata*, ma non di altre specie, suggerisce che l'amplificazione di sequenze ripetute nei cromosomi sessuali dei lacertidi sia dovuta al coinvolgimento casuale di DNA non codificante anziché di sequenze sesso-specifiche.



ASSOCIAZIONE TRA STYLASTERIDAE (CNIDARIA, HYDROZOA) E CIRRIPEDI PEDUNCOLATI

DANIELA PICA, STEFANIA PUCE

Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente, Università Politecnica delle Marche

Lo scheletro calcareo (*coenosteum*) prodotto dagli idroidi appartenenti alla famiglia Stylasteridae è spesso colonizzato da numerosi metazoi, quali spugne, gasteropodi, policheti, copepodi, cirripedi balanomorfi. In aggiunta, per la prima volta, è qui riportata l'associazione tra Stylasteridae e cirripedi peduncolati. Gli esemplari studiati appartengono alla specie antartica *Errina fissurata* e provengono dalla collezione del Museo Nazionale dell'Antartide "Felice Ippolito" di Genova. Le osservazioni sono state eseguite mediante stereomicroscopio e microscopio elettronico a scansione. Otto esemplari della specie *Trianguloscalpellum* sp., appartenente alla famiglia Scalpellidae (Crustacea, Scalpelliformes), sono stati identificati preferenzialmente nelle porzioni apicali delle colonie di *E. fissurata*. I cirripedi presentano differente taglia, infatti, individui di circa 5 mm sono stati osservati alla base di esemplari di circa 1,5 cm, ma lungo la colonia sono presenti anche individui di taglia intermedia, compresa tra 1 e 1,3 cm. Il peduncolo degli esemplari più piccoli è stato visto inserito all'interno dei dattilopori, pori dai quali fuoriescono i dattilozoidi. Negli esemplari di maggiori dimensioni il peduncolo è, invece, parzialmente ricoperto dal *coenosteum* del corallo. In presenza del cirripede, si osservano lungo le colonie di *E. fissurata* anche numerose protuberanze calcaree che in sezione longitudinale hanno rivelato al loro interno la presenza delle scaglie tipiche del peduncolo. Questo suggerisce che si tratti di peduncoli che, dopo il distacco accidentale del capitolo o a seguito della morte del cirripede, siano stati ricoperti dallo scheletro del corallo. Il fatto che il *coenosteum* avvolga parzialmente la base del peduncolo indica una reazione da parte del corallo all'insediamento del cirripede. Quest'ultimo probabilmente interferisce con la normale crescita del corallo inducendo la formazione di "galle" lungo la colonia. Una simile associazione e reazione è stata precedentemente riportata per alcune sclerattinie nordatlantiche e neozelandesi che rappresentano inoltre gli unici altri cnidari a scheletro calcareo che siano stati osservati finora in simbiosi con cirripedi peduncolati.



CONTROLLO MULTYPEPTIDERGICO DELL'OLFATTO IN *Octopus vulgaris*

GIANLUCA POLESE, CARLA BERTAPELLE, LUCA TRONCONE, ANNA DI
COSMO

Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Napoli "Federico II"

L'organo olfattorio di *Octopus vulgaris* è presente in due piccole fossette, difficilmente identificabili, poste ai lati della testa, posteriormente e ventralmente agli occhi in prossimità del margine mantellare. L'epitelio olfattivo ricopre il lume della fossetta all'interno della quale vi è una sorta di protuberanza mobile che le conferisce, in sezione, un aspetto a Ω che ne aumenta la superficie funzionale. Un nostro primo studio morfologico su tale organo ci ha consentito di evidenziare le tipologie cellulari presenti in tale tessuto e di compararle alle strutture olfattive già descritte di altri cefalopodi, ma ad oggi sono davvero pochi gli studi funzionali sull'olfatto di questo taxon e non vi è alcun dato riguardante *O. vulgaris*. Mediante metodiche di immunoistochimica classica, abbiamo localizzato a livello sia del lobo olfattorio che dell'organo olfattorio una serie di peptidi: GnRH; FMRFammide; NPY; APGWammide; *G α -olf*; *G α -q*; OMP; PCNA. Cellule immunoreattive ad anti GnRH, APGWammide e *G α -q* sono state osservate nel lobo olfattorio mentre nell'organo olfattorio sono state riscontrate fibre e terminazioni nervose che raggiungono sia le ring cells sia i neuroni olfattivi sensoriali (NOS). Una diffusa immunoreattività per FMRFammide, APGWammide e NPY è stata riscontrata nei NOS a livello citoplasmatico. A sottolineare il coinvolgimento del NPY nella modulazione della mucosa olfattiva contestualmente allo stato energetico dell'animale è stato rilevata immunoreattività in un numero maggiore di cellule in animali che avevano subito un periodo di digiuno. *G α -olf* e OMP sono peptidi coinvolti nella trasduzione del segnale olfattivo, immunoreattività per queste molecole è stata riscontrata in diverse popolazioni di NOS distribuite nell'epitelio sensoriale. La PCNA, noto *marker* di proliferazione, presente nelle aree periferiche dell'epitelio è indicativa di un continuo rimaneggiamento che procede dalle zone periferiche verso il centro. L'analisi complessiva dei dati riportati, evidenziano un ruolo modulatore, sia a livello centrale che periferico, esercitato dalle molecole esaminate sull'olfatto, sottolineando che meccanismi e molecole fondamentali per la vita degli animali si evolvono parallelamente.



ESPRESSIONE GENICA DIFFERENZIALE IN EMBRIONI MASCHIO E EMBRIONI FEMMINA DI GECO LEOPARDO (*Eublepharis macularius*)

RAFFAELE RONCA, ANIELLO MOCCIA, MIMMO TURANO, TERESA
CAPRIGLIONE

Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Napoli "Federico II"

Fino ad oggi restano incomplete le informazioni sul network genico e molecolare che guida la gonadogenesi dei vertebrati, sia per quanto riguarda le diverse componenti che per le rispettive funzioni. Perfino nei mammiferi, la mancanza di dati sui geni espressi nel corso delle prime fasi di sviluppo gonadico, ha costituito un limite alla possibilità di delineare un quadro definitivo per i geni che regolerebbero le fasi iniziali di sviluppo ovarico (Piprek R.P., 2009; J. Appl. Genet. 50: 347-360). Durante lo sviluppo embrionale, il tipo di gonade in formazione, influenza l'ambiente ormonale gonadico che, a sua volta, può creare differenze di sesso al di fuori delle gonadi stesse. Vari studi recenti indicano che, secondo un'analisi più accurata, i fattori che influenzano il sesso gonadico, agirebbero in parallelo, anche, nel determinare una polarizzazione sessuale nei tessuti di tutto il corpo (Arnold A.P. *et al.*, 2013; Develop. Dyn. 242: 371-7379). In particolare, nei topi, determinerebbero importanti differenze fenotipiche legate al metabolismo. I rettili con determinazione del sesso dipendente dalla temperatura, sono considerati un buon modello per identificare i geni espressi nelle diverse fasi della gonadogenesi e studiare i loro effetti sullo sviluppo dei due generi. Per il nostro studio abbiamo usato come animale modello il gecko leopardino, *Eublepharis macularius*, il cui sviluppo embrionale viene guidato dalla temperatura di incubazione delle uova. Nel periodo riproduttivo, ogni femmina di *E. macularius*, dopo l'accoppiamento, depone una coppia di uova. Abbiamo incubato per una settimana le uova deposte a temperature ideali sia per lo sviluppo di soli maschi 32,5 °C che di sole femmine 26,0 °C. Mediante *Differential Display*, abbiamo, quindi, analizzato le differenze nel pattern di espressione genica durante le prime fasi di sviluppo gonadico sessuale. Dalla comparazione dei profili è stato possibile identificare un cospicuo numero di bande differenzialmente e/o specificamente espresse nei due sessi. Il sequenziamento e l'interrogazione delle banche dati hanno restituito sia geni appartenenti a diverse classi funzionali (metabolismo basale, proliferazione cellulare, proteine strutturali, metabolismo respiratorio ecc.) sia allineamenti con ESTs a funzione non nota. A conferma dei risultati ottenuti, è stato effettuato un profilo di espressione genica mediante qRT-PCR includendo sia le sequenze identificate, sia geni canonicamente coinvolti nel differenziamento sessuale quali *sox9* e *wnt4*. L'analisi quantitativa ha confermato un'attivazione differenziale per tutti i geni da noi studiati.



BIODIVERSITÀ DELLE COMUNITÀ DI CILIATI DI AMBIENTI DULCIACQUICOLI NATURALI E ANTROPIZZATI DELLA PROVINCIA DI PISTOIA: UNO STUDIO MULTIDISCIPLINARE

ALESSIA ROSSI, VITTORIO BOSCARO, DANIELA CARDUCCI, VALENTINA
SERRA, LETIZIA MODEO, FRANCO VERNI, SERGEI I. FOKIN, GIULIO
PETRONI

Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Pisa

Le comunità di protisti ciliati sono da sempre studiate utilizzando approcci morfologici ai quali, negli ultimi anni, si sono affiancati approcci combinati morfologici-molecolari o esclusivamente molecolari. Il presente lavoro ha lo scopo di caratterizzare le comunità di ciliati di ambienti dulciacquicoli naturali e antropizzati della provincia di Pistoia attraverso più approcci.

L'area di studio comprende ambienti naturali quali laghi, torrenti e paludi, e ambienti antropizzati quali vasche per l'acquacoltura e un lago di pesca sportiva. In ogni sito di campionamento sono state prelevate due repliche: una per l'osservazione *in vivo* e una, fissata in etanolo, per successive analisi molecolari. I campioni sono stati prelevati da ciascun sito in autunno e primavera. La caratterizzazione delle comunità di ciliati si avvarrà di due approcci; un approccio combinato morfologico-molecolare e un secondo esclusivamente molecolare.

Nell'ambito del primo approccio, il campione appena raccolto è stato diviso in tre aliquote; un'aliquota è stata arricchita con chicco di riso il giorno del campionamento in modo da sostenere da subito la crescita batterica; nelle altre due aliquote, l'arricchimento è stato effettuato dopo una settimana. Per ogni campione si è provveduto al riconoscimento dei diversi taxa mediante osservazioni *in vivo* a tempo zero (giorno del campionamento) e dopo 1, 2, 3, 5 settimane. Ove possibile è stato sequenziato il gene codificante il 18S rRNA per confermare l'identificazione morfologica degli organismi individuati. Il secondo approccio, prevederà il pirosequenziamento di una regione ipervariabile del gene codificante il 18S rRNA a partire dal DNA estratto dalla seconda replica raccolta.

Presentiamo qui i risultati preliminari relativi al primo approccio di caratterizzazione; oltre ai taxa più comuni e i taxa caratterizzanti singoli siti di campionamento, l'osservazione dei campioni ripetuta nel tempo dopo arricchimento ha evidenziato la presenza di una biodiversità criptica della ciliatofauna: specie inizialmente non osservabili nel campione perché presenti in basse concentrazioni o perché presenti in stato quiescente sono risultate evidenti a distanza di una o più settimane dopo l'arricchimento.



PATOLOGIE E CAUSE DI MORTALITÀ IN COLONIE DI CHIROTTERI NELLA GROTTA DEI PIPISTRELLI (SR)

ANTONIO SALVAGGIO¹, ROBERTA POLIZZI², MARIA VIOLETTA BRUNDO^{2,3},
ROSARIO GRASSO², FILADELFO BROGNA³, MANUELA ALLEGRA FILOSICO²,
MARIA TERESA SPENA², PAOLO AGNELLI⁴

¹Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia "A. Mirri"; ²Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche ed Ambientali, Università degli Studi di Catania;

³Dipartimento Azienda Regionale Foreste Demaniali, Ufficio Provinciale di Siracusa, U..O. "Gestione Aree Protette"; ⁴Museo di Storia Naturale dell'Università degli Studi di Firenze, Sezione di Zoologia "La Specola"

La ricerca è stata condotta nell'ambito di uno studio sui Chiroteri della Grotta dei Pipistrelli, nella R.N.O. "Pantalica, Valle dell'Anapo e Torrente Cavagrande". La grotta ospita circa 8000 esemplari appartenenti ad almeno 5 specie. Scopo della ricerca è stato quello di indagare le patologie che hanno condotto a morte numerosi esemplari. Il fenomeno è stato esaminato considerando sia le patologie proprie delle specie oggetto di studio, la cui conoscenza è finalizzata alla loro salvaguardia, sia quelle potenzialmente trasmissibili all'uomo, con particolare riguardo alla salute pubblica. Gli esemplari rinvenuti morti appartengono alle specie *Rhinolophus euryale*, *Rhinolophus mehelyi* e *Myotis myotis*, largamente diffuse in Europa, Asia e Africa settentrionale. In Italia, *R. mehelyi* è presente ormai soltanto in Sardegna e Sicilia, dato che per l'Italia continentale le ultime presenze risalgono agli anni '60 del secolo scorso in Puglia. Un preoccupante trend popolazionistico negativo interessa anche le residue popolazioni insulari, tanto che la specie è stata recentemente valutata come Vulnerabile nella IUCN Italian Red List. Per tale motivo, la colonia della Grotta dei Pipistrelli necessita di particolari attenzioni conservazionistiche. Gli esemplari, rinvenuti tra febbraio e aprile 2013, in numero di 3 per ogni specie, non mostravano traumi apparenti e, a causa dei frequenti rilievi, lo stato di conservazione delle carcasse era buono. Dopo l'esame necroscopico, sono stati processati per analisi istopatologiche e microbiologiche. In particolare, per le analisi istopatologiche sono stati prelevati porzioni di organi, fissati in formalina e successivamente inclusi in paraffina. Le sezioni ricavate sono state colorate con ematossilina-eosina. L'osservazione microscopica ha permesso di identificare le infezioni polmonari a carattere infiammatorio, come le patologie a maggior incidenza nelle specie, indipendentemente da età e sesso. Nei soggetti affetti da polmonite a livello splenico è stata inoltre riscontrata iperplasia della polpa bianca. Lo studio dimostra come i pipistrelli non siano solo vettori di agenti patogeni per l'uomo, come evidenziato da numerose ricerche svolte in Europa in questi ultimi decenni, ma siano a loro volta suscettibili a diverse patologie, che possono essere causa di morte e compromettere in modo preoccupante la numerosità e quindi la conservazione delle colonie stesse.



MEIOFAUNA COME BIOINDICATORE DELL'IMPATTO DEI FIUMI SULL'ECOSISTEMA MARINO COSTIERO: UN CASO STUDIO NELL'ADRIATICO CENTRALE

CLAUDIA SBROCCA, FEDERICA SEMPRUCCI, MARIA BALSAMO

*Dipartimento di Scienze della Terra, della Vita e dell'Ambiente (DiSTeVA),
Università degli Studi di Urbino*

Le coste marine sono un esempio di ecosistema delicato e vulnerabile, fortemente soggetto agli effetti degli apporti dei corsi d'acqua. Al fine di valutare questi effetti, in particolare sulle comunità zoobentoniche litorali, è stato effettuato uno studio sulla meiofauna di un tratto costiero dell'Adriatico centrale, che ha consentito anche di valutare la qualità ecologica dei sedimenti dell'area in esame. Lo studio ha interessato quattro siti lungo la costa marchigiana tra Gabicce e Fano (PU): Fiorenzuola di Focara (F), Monte Brisighella (B), foce del fiume Foglia (FO) e foce del fiume Metauro (M). A novembre 2011 e giugno 2012 sono stati effettuati campionamenti di sedimento a 500 m dalla riva, per la determinazione della granulometria e del contenuto in sostanza organica e per l'analisi della meiofauna, e sono stati misurati i principali parametri chimico-fisici della colonna d'acqua. I campioni per lo studio della meiofauna sono stati trattati con MgCl₂ 7%, quindi fissati in formalina neutra 4% e colorati con Rosa Bengala. La meiofauna è stata estratta mediante setacciatura a maglie di 500-42 µm e centrifugazione in gradiente di silica gel, quindi smistata nei taxa principali e conteggiata allo stereomicroscopio. Il valore più elevato di densità media è stato registrato a giugno ($2387,5 \pm 1557,2$ ind. 10 cm⁻²), quello minimo a novembre ($1620,3 \pm 1007,3$ ind. 10 cm⁻²). Sono stati complessivamente rinvenuti 14 taxa dei quali i nematodi rappresentavano in tutti i casi il *taxon* dominante (92%), seguiti da platelminti (3,5%) e copepodi (2,2%). L'analisi comparativa delle comunità ha evidenziato condizioni ecologiche peggiori nei siti F e FO, dove soprattutto a novembre sono risultati più abbondanti *taxa* tolleranti. Mentre in FO ciò può essere imputato direttamente agli apporti del fiume Foglia, in F, sito non interessato da corsi d'acqua o scarichi, appare invece legato all'effetto delle piene del Po. A confermare questa ipotesi, la presenza al largo, di una massa d'acqua a bassa salinità, segnalata da ARPAM in quel periodo, e sovrapposta ad acque più dense, cui vanno ricondotti i bassi valori di salinità, le alte concentrazioni di Chl-*a* e l'incremento dell'attività fitoplanctonica rilevati.



EFFETTI DELL'ADDESTRAMENTO NEI CANI GUIDA PER NON VEDENTI E DA SALVATAGGIO NAUTICO

ANNA SCANDURRA¹, PAOLA VALSECCHI², EMANUELA PRATO-PREVIDE³,
BIAGIO D'ANIELLO⁴

¹Dipartimento di Scienze e Tecnologie Ambientali Biologiche e Farmaceutiche, Seconda Università di Napoli; ²Dipartimento di Biologia Evolutiva e Funzionale, Università degli Studi di Parma; ³Dipartimento di Fisiopatologia Medico-chirurgica e dei Trapianti, Sezione di Psicologia, Università degli Studi di Milano; ⁴Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Napoli "Federico II"

Frequentemente i cani interagiscono con l'uomo usando lo sguardo, un comportamento che può essere modulato dal loro sviluppo ontogenetico, come dimostrato nei cani addestrati per compiti specifici. In questo studio è stato analizzato il comportamento di cani addestrati per il salvataggio nautico e per la guida di non vedenti, posti davanti ad un compito irrisolvibile. A tale scopo sono stati utilizzati 58 cani tra Labrador e Golden retrievers: 23 cani da salvataggio (S), 18 cani guida (G) e 17 non addestrati (U). Il test è stato eseguito in un locale chiuso utilizzando un apparato costituito da una tavola di legno e un contenitore di vetro rovesciato, al di sotto del quale è stato posto del cibo. Nel locale erano presenti il conduttore e un estraneo posizionati vicino all'apparato e posti l'uno di fronte all'altro. Dopo alcune prove, in cui al cane è stato permesso di spostare il barattolo per reperire il cibo, il contenitore è stato bloccato per 1 minuto, rendendo il compito impossibile. L'analisi dei comportamenti singoli ha mostrato differenze significative nel numero di cani che non hanno mai guardato le persone: S = 2 di 23, G = 8 di 18; U = 1 di 17 (Fisher test: $p = 0,0068$). Nessuna differenza è stata riscontrata nella latenza a guardare l'estraneo, ma valori significativi sono stati riscontrati verso il conduttore sia nella latenza ($H_{2,58} = 13,77$; $p = 0,001$), sia nella frequenza ($H_{2,58} = 15,97$; $p = 0,0003$). In particolare, i G hanno guardato il conduttore più tardi ($p < 0,001$) e meno frequentemente ($p = 0,0003$) rispetto ai S. In più, i G hanno guardato il conduttore anche meno frequentemente degli U ($p = 0,048$). Inoltre, i G mostrano una tendenza ad interagire più a lungo con l'apparato sperimentale rispetto ai S e agli U ($H_{2,58} = 5,29$; $p = 0,07$). Questi dati mostrano che i cani G preferiscono concentrarsi prevalentemente sulla risoluzione del compito, piuttosto che richiedere l'aiuto di un umano rispetto ai cani S e U. Tale caratteristica probabilmente è acquisita durante il loro percorso educativo, che prevede una certa autonomia decisionale davanti agli ostacoli. Tuttavia, altri studi sono necessari per escludere l'effetto della limitata frequentazione degli uomini, poiché durante il loro addestramento i cani G vivono prevalentemente nella scuola, piuttosto che in una famiglia umana come gli altri gruppi.



I CHIROTTERI DELLA GROTTA DEI PIPISTRELLI (SR): UN *UNICUM* NELLA SICILIA SUD-ORIENTALE

MARIA TERESA SPENA¹, MANUELA ALLEGRA FILOSICO¹, FILADELFO BROGNA², COSTANZA DIPASQUALE³, ANTONIO PUMA⁵, ROSARIO GRASSO¹, PAOLO AGNELLI⁴

¹Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche ed Ambientali, Università degli Studi di Catania; ²Dipartimento Azienda Regionale Foreste Demaniali, Ufficio Provinciale di Siracusa, U.O. "Gestione Aree Protette"; ³Studio Mapping, Ragusa; ⁴Museo di Storia Naturale dell'Università degli Studi di Firenze, Sezione di Zoologia "La Specola"; ⁵A.Re.A multimediale, Modica, Ragusa

La Grotta dei Pipistrelli si trova nella R.N.O. "Pantalica, Valle dell'Anapo e Torrente Cavagrande" (Sicilia sud-orientale) e ospita una ricca colonia mista di Chiroteri. Nel gennaio 2012 è iniziato un monitoraggio programmato per la determinazione delle specie presenti, la stima del numero degli esemplari, la definizione della stagionalità delle presenze e per l'ottenimento di dati utili alla futura definizione della tendenza del popolamento.

Le specie sono state determinate attraverso lo studio di esemplari ritrovati morti e con l'esame diretto o fotografico all'interno della cavità. Il conteggio diretto degli esemplari presenta oggettive difficoltà per le grandi altezze delle volte e quindi per la distanza da cui è possibile osservare gli esemplari in riposo. Più preciso il conteggio per osservazione diretta durante la fase di involo serale, quando gli esemplari escono attraverso una piccola apertura (ca. 2,25 m²) che permette un conteggio affidabile. Sono state sinora osservate almeno 5 specie: *Rhinolophus ferrumequinum*, *R. euryale*, *R. mehelyi*, *Myotis myotis vel blythii*, *Miniopterus schreibersii*. Il numero massimo registrato in estate (conteggio in uscita serale e a vista in grotta degli esemplari non involati) è stato di circa 8000 esemplari nel mese di giugno 2013. nettamente dominanti i Miniotteri e i grandi *Myotis*, spesso mescolati in fitte aggregazioni, appigliati alle volte più alte della grotta. La loro consistenza è valutabile in circa il 95% delle presenze e sicuramente si tratta di colonie riproduttive per l'osservazione di giovani nel mese di luglio 2012. Più rari risultano i Rinolofi di cui sono stati osservati dei giovani nel luglio 2012. Nella stagione invernale si sono contate poche centinaia di esemplari fino ad un minimo di 75 animali, tutti appartenenti al genere *Rhinolophus*, nel dicembre 2012. Questo studio preliminare della Grotta dei Pipistrelli ha messo in evidenza la sua importanza per la conservazione della chiroterofauna siciliana. Di particolare rilievo la presenza della piccola colonia di *Rhinolophus mehelyi*, che rappresenta probabilmente l'ultima colonia siciliana e una delle poche in Italia, dato il costante calo numerico che affligge questa specie. La migliore conoscenza della chiroterofauna della Grotta dei Pipistrelli permetterà l'adozione dei più utili interventi per la conservazione di questa preziosa emergenza naturalistica.



UN ENIGMATICO NUOVO GENERE DI GASTROTRICHI MARINI DALLA JAMAICA

M. ANTONIO TODARO¹, FRANCESCA LEASI², PAOLO TONGIORGI¹

¹Dipartimento di Scienze della Vita, Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia; ²National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, Washington D.C.

La ricerca si inserisce nell'ambito del progetto US-NSF "An International Approach to the Biodiversity, Biogeography and Evolution of Caribbean Gastrotricha" nel corso del quale sono state investigate diverse isole caraibiche. Nel 2011 le indagini si sono concentrate sulla Jamaica dove sono state censite circa 50 specie di cui molte nuove per la scienza. Tra queste ultime una, ordine Macrotrichida, risulta particolarmente interessante poiché non ascrivibile a nessun genere noto. Gli esemplari di aspetto vermiforme, lunghi circa 1 mm e larghi al massimo 45 μm , presentano: cuticola liscia; capo poco differenziato; margini laterali del corpo pressoché paralleli, leggermente ondulati oltre metà faringea causa delle voluminose ghiandole epidermiche; estremità posteriore bifida in virtù di due brevi 'piedi' caudali ciascuno corredato di 3 tubuli adesivi, due distali ed uno lungo il margine mediale. Oltre ai tubuli caudali, l'apparato adesivo consta, per ogni lato, di 3 brevi tubuli anteriori, disposti ad arco a circa 60 μm dal margine anteriore, 6 tubuli laterali, di cui uno a metà del corpo ed i restanti distribuiti regolarmente lungo la parte posteriore del tronco, e 2 tubuli ventro-laterali inseriti nella regione media del faringe; non sono stati osservati tubuli adesivi sulla superficie dorsale del corpo, dove sono impiantate numerose setole tattili e sono ben visibili i pori delle ghiandole epidermiche. Apparato riproduttore ermafrodita; i deferenti bilaterali, con pacchetti discreti di spermatozoi, convergono nella regione posteriore del tronco, sul piano mediale, in una struttura sacciforme identificabile come l'*organo caudale* di molti Macrotrichida. Altri pacchetti di spermatozoi sono visibili anteriormente alla confluenza dei deferenti e appaiono raccolti in una distinta struttura sacciforme identificabile come l'*organo frontale* e pertanto sarebbero da ritenersi allospermi. Di più difficile interpretazione sono altri *clusters* di spermatozoi che appaiono disordinatamente distribuiti a ridosso del grosso ovocita posizionato a metà del tronco in tutti gli esemplari maturi. La morfologia esterna e l'organizzazione del sistema riproduttore non consentono di affiliare il nuovo genere a nessuna delle famiglie note, né al riguardo si è dimostrata risolutiva l'analisi filogenetica basata sul gene 18S rRNA che ha coinvolto l'intero spettro tassonomico dell'Ordine Macrotrichida.



APPROCCIO MULTIMARKERS ALL'INQUINAMENTO DA PETROLIO IN *Solea solea* DI CANAL DEL SUEZ

SAMANTHA TROCCHIA^{1,3}, FAGR KH. ABDEL-GAWAD², MAGDY ALWANY³,
GIULIA GUERRIERO^{1,4}

¹Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Napoli "Federico II", Napoli;

²Department of Water Pollution Research, Centre of Excellence for Advanced Science, National Research Center (NRC), Dokki, Giza, Egypt; ³Department of Marine Science, Suez Canal University, Ismailia, Egypt; ⁴CIRAM, Università degli Studi di Napoli "Federico II", Napoli

Grandi scarichi provenienti da piattaforme produttrici di petrolio e gas hanno portato a preoccupanti effetti biologici negativi nell'ambiente marino. Il nostro studio ha avuto lo scopo di valutare lo stress ossidativo, la genotossicità e l'espressione di geni *biomarkers* coinvolti nella riproduzione della sogliola, *Solea solea* campionata in diversi siti del Canale di Suez. Le difese antiossidanti cellulari operate da glutazione perossidasi (GPx) e glutazione S-transferasi (GST) sono state utilizzate come *biomarkers* di stress ossidativo; la frammentazione del DNA, i saggi dei micronuclei e le Proteine *Heat Shock* 30 (HSP-30) e β 90 (HSP- β 90) come indicatori dell'alterazione di geni legati alla riproduzione. È stata valutata l'influenza dell'inquinamento da petrolio in pelle, gonadi, fegato e branchie di sogliola campionata nel sito inquinato, Floating port e nel porto di pesca di Atakah. I risultati hanno rivelato che, sogliole prelevate dal porto di pesca di Atakah mostrano livelli più elevati di attività antiossidante e un grado inferiore di frammentazione del DNA e di formazione di micronuclei, nonché down-regolazione dei geni HSP-30 e HSP- β 90 rispetto a quelli campionati nel sito inquinato di Floating port. Correlazioni tra i *biomarkers* esaminati suggeriscono che gli effetti osservati siano dovuti ad agenti inquinanti induttori di stress ossidativo e che la loro applicazione porterebbe ad un beneficio nel controllo della fertilità e dello sviluppo commerciale.



EFFETTI DI NANOPARTICELLE DI POLISTIRENE SULL'EMBRIOGENESI DI *Xenopus laevis*

MARGHERITA TUSSELLINO¹, FRANCESCO SPERANZA¹, FABIO FORMIGGINI²,
SABATO FUSCO², PAOLO ANTONIO NETTI², ROSA CAROTENUTO¹

¹Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Napoli "Federico II"; ²Center
for Advanced Biomaterials for Health Care @CRIB, Istituto Italiano di
Tecnologia, Napoli

L'impiego di nanoparticelle (NP) utili per diverse applicazioni (cosmetica, abbigliamento, alimentazione e *drug delivery*) riscuote un vivo interesse. In medicina offrono la possibilità unica di superare la barriera cellulare per dirigere molecole verso *targets* specifici come le droghe utilizzate in chemioterapia. Per promuovere il giusto sviluppo di tali tecnologie è essenziale chiarire le potenziali conseguenze per la salute umana associate all'esposizione alle NP. La principale preoccupazione riguarda le loro piccole dimensioni e la possibilità che possano essere internalizzate inadeguatamente, in rapporto con le loro caratteristiche fisico-chimiche e con la natura delle cellule *target* (Gorth *et al.*, 2011; Pompa *et al.*, 2011; Shawna *et al.*, 2011). Le NP di polistirene da noi utilizzate sono considerate materiale "biologicamente inerte". L'impiego del sistema modello *Xenopus laevis*, permette di saggiare l'eventuale tossicità delle NP *in vivo*, valutandone gli effetti sullo sviluppo embrionale. A questo scopo sono state somministrate con due diversi protocolli: la microiniezione in uno dei blastomeri di embrioni allo stadio 2 cellule e il "contatto" che consiste nell'allevamento di embrioni in 1/10 Ringer contenente NP. Per entrambi i tipi di esperimenti sono state analizzate la morfologia, la percentuale di mortalità e l'espressione di alcuni marcatori embrionali quali: *bra* (mesoderma presuntivo), *myod1* (mesoderma parassiale) e *sox9* (creste neurali). Gli embrioni sia microiniettati che a "contatto" presentano malformazioni di testa, intestino e coda, edemi variamente diffusi e mostrano, inoltre, uno sviluppo più lento. Gli embrioni microiniettati presentano un alto tasso di mortalità mentre quelli a "contatto" hanno un tasso di mortalità simile ai *w.t.* La microscopia confocale ha evidenziato la presenza di NP nell'intestino, nella faringe e nello strato esterno della retina, non nel cervello. I marcatori usati presentano tutti modificazioni dell'espressione. Questi dati suggeriscono un effetto tossico/teratogenico ma non letale delle NP per gli embrioni trattati alle condizioni precedentemente descritte.



RIORGANIZZAZIONE DEGLI SPERMATODESMI DI *Tylopsis liliifolia* (ORTHOPTERA: PHANEROPTERINAE) ALL'INTERNO DELLA SPERMATOFORA E DELLA SPERMATECA

RENATA VISCUSO, ANGELA PIAZZA, DANILO G.M. VITALE

Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali, Sezione di Biologia Animale "Marcello La Greca", Università degli Studi di Catania

Precedenti indagini sulla genesi degli spermatodesmi in *Tylopsis liliifolia* ed il loro transito nelle vie genitali maschili hanno evidenziato caratteristiche peculiari rispetto a quanto sin'ora noto per altre specie di Tettigoniidae inerenti, in particolare, l'organizzazione della cap e dell'acrosoma (Viscuso *et al.*, 1998; 1999; 2001; 2002; 2012; Guerra & Esponda, 1999). Durante il percorso all'interno dello spermidotto, inoltre, gli spermatodesmi, non vanno incontro a modifiche e vengono trasferiti alle vie genitali femminili tramite una voluminosa spermatofora che viene fissata esternamente a livello del gonoporo. Alla luce di tali riscontri ci è sembrato interessante prendere in esame l'organizzazione di tali formazioni, a livello morfologico ed ultrastrutturale, prelevate all'interno della spermatofora; l'indagine è stata estesa anche alla spermateca che rappresenta l'organo di accumulo dei gameti in attesa della loro interazione con il gamete femminile. Dai risultati ottenuti si è evidenziato che nelle spermatofore appena deposte il sacco spermatico contiene spermatodesmi con una organizzazione sovrapponibile a quella riscontrata nelle vescicole seminali. A un'ora dalla deposizione, invece, gli spermatozoi, sono tutti isolati a causa del totale smantellamento della cap e vengono rapidamente trasferiti alle vie genitali femminili raccolti in piccoli gruppi, disposti disordinatamente, tenuti assieme da secreto vischioso. I gameti trasferiti alla femmina, sono raccolti e conservati nella spermateca che appare costituita da un ricettacolo seminale e da un tubulo spermatecale che si apre in vagina. La parete della spermateca è formata da un epitelio pseudostratificato sormontato da cuticola, che poggia su una lamina muscolo-connettivale. L'epitelio del ricettacolo seminale presenta un'organizzazione ultrastrutturale peculiare in base al tratto considerato, probabilmente in relazione allo specifico ruolo svolto. Gli spermatodesmi prelevati all'interno del ricettacolo sono formati da un numero limitato di spermatozoi, incastrati tramite acrosoma, i cui nuclei sono disposti parallelamente tra di loro. Le caratteristiche qui evidenziate in *T. liliifolia* differiscono sensibilmente da quanto sin'ora osservato in altri Tettigoniidae anche afferenti ai Phaneropterinae a cui appartiene la specie in questione. Quale sia il significato di tale peculiare organizzazione rimane il quesito più stimolante.

ADDENDUM

ANATOMIA COMPARATA ED EVOLUZIONE DEL GENOMA FORNISCONO INDIZI UTILI ALLA GESTIONE DEL PARASSITA INVASIVO *Drosophila suzukii*

OMAR ROTA-STABELLI, SUKANYA RAMAMSAMY, LINO OMETTO, VALERIO ROSSI-STACCONI, KAUR RUPINDER, VALERIO MAZZONI, ALBERTO GRASSI, GIANFRANCO ANFORA.

Centro di Ricerca e Innovazione, Fondazione Edmund Mach, San Michele all'Adige (TN), Italia

Drosophila suzukii è uno dei pochi moscerini a deporre le uova in frutta fresca, una caratteristica che lo rende un pericoloso parassita di piccoli frutti. La sua recente invasione dei paesi occidentali e la sua peculiare ecologia ne fanno un modello emergente in biologia e nello studio delle specie invasive. In questo lavoro presentiamo una panoramica di recenti studi in *D. suzukii* che mostrano come lo studio del genoma, accoppiato ad analisi morfologiche ed ecologiche comparative, fornisca un approccio rapido ed efficace per ottenere informazioni di carattere applicativo. In primo luogo mettiamo in evidenza come la genetica comparativa e la paleobiologia siano strumenti utili per descrivere la storia evolutiva della specie. In particolare i risultati di questo approccio suggeriscono che l'insolito comportamento di *D. suzukii* è correlato con un pre-adattamento ai climi temperati ed alla capacità di svernare in uno stato di diapausa invernale. Infatti, osservazioni comparate della morfologia della spermateca indicano che la sua intensa pigmentazione ed il fatto di potersi dilatare notevolmente è un adattamento legato alla conservazione dello sperma durante la diapausa invernale. Infine la genomica comparata si rivela strumento in grado di fornire rapidamente: 1) una panoramica sulla presenza di endosimbionti come *Wolbachia* di potenziale utilizzo sul campo; 2) un elenco di geni sotto selezione positiva tra i quali quelli coinvolti nella resistenza ad insetticidi e a parassitoidi; 3) la perdita o la formazione di geni chiave come i recettori olfattivi utili per il miglioramento delle trappole. I nostri risultati mostrano come l'approccio evolutivo, applicato a studi morfologici e genomici, sia particolarmente efficace per investigare la biologia di parassiti e per indirizzare la loro gestione.



WORKSHOP

10 ANNI DI *DNA BARCODING* - IERI, OGGI E DOMANI **Applicazione del *DNA barcoding* nell'identificazione e tracciabilità degli** **organismi**

***Chairperson:* Roberto Guidetti**

Con l'ampliamento dei mercati internazionali è sempre più stringente la necessità di trovare tecnologie che aumentino la sicurezza alimentare e consentano di monitorare in maniera efficace le frodi alimentari e il commercio illegale, e potenzialmente rischioso, di organismi appartenenti a specie rare o minacciate. Risulta quindi molto importante l'utilizzo di nuove ed affidabili tecniche di identificazione e tracciabilità che garantiscano il controllo della filiera, dei prodotti e dei loro derivati. La tecnica del *DNA barcoding* permette l'identificazione di organismi in modo veloce ed economico, attraverso l'utilizzo di marcatori molecolari universali noti come *DNA barcodes*. Grazie a questo approccio è possibile associare a singoli organismi una sequenza nucleotidica specifica che rappresenta il loro "codice a barre molecolare". Tale codice permette il riconoscimento dell'organismo sia nelle materie prime che in prodotti lavorati e miscelati con altre materie prime. Il *DNA barcoding* consente di identificare la specie a cui appartiene un organismo a partire da una piccola porzione di questo senza necessariamente ricorrere a descrittori morfologici non più riconoscibili nei materiali processati.



Comunicazioni

Parte 1 - DA DOVE ARRIVIAMO

DIECI ANNI DI *DNA barcoding*. E ORA?

MICHELE CESARI

Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia

Cosa vuol dire utilizzare un sistema generalista, standardizzato per l'identificazione degli organismi viventi.

IDENTIFICAZIONE E FILOGENESI, UN RAPPORTO DIFFICILE

SALVATORE COZZOLINO

Università degli Studi di Napoli "Federico II"

Un'entità biologica è caratterizzata dal suo processo evolutivo, quindi ha una sua storia, una filogenesi. Tuttavia, identificare una entità molecolare non significa automaticamente ricostruire la sua storia evolutiva.

Parte 2 - DOVE SIAMO

IL *DNA BARCODING* E LE COLLEZIONI MUSEALI

STEFANO MAZZOTTI

Museo di Storia Naturale di Ferrara

Uno dei problemi più grandi nel mondo del *DNA barcoding* è la creazione di una affidabile banca dati di riferimento. La stessa raccolta dei campioni diviene un importante "collo di bottiglia". Le collezioni storiche sono un'incredibile risorsa potenziale. Facciamo un punto sulla situazione museale italiana.

ANALIZZARE LE MATRICI COMPLESSE

MAURIZIO CASIRAGHI

Università degli Studi di Milano-Bicocca

La rivoluzione delle tecniche di *Next Generation Sequencing* ha interessato anche il mondo del *DNA barcoding*. Grazie a costi ridotti, grandi moli di dati generati ed estrema flessibilità, oggi questa tecnica è ormai di routine.

Parte 3 - DOVE VOGLIAMO ANDARE

LUCI E OMBRE SUL FUTURO DEL *DNA BARCODING*

MASSIMO LABRA

Università degli Studi di Milano-Bicocca



Come tutti i metodi di identificazione il *DNA barcoding* vanta successi e insuccessi. Che tipo di futuro è prevedibile per la metodica? L'integrazione con sistemi di tracciabilità, con etichettature intelligenti, per valorizzare le eccellenze.

INTEGRAZIONE DI RISORSE PER MODERNI SISTEMI DI IDENTIFICAZIONE

PIER LUIGI NIMIS

Università degli Studi di Trieste

I metodi del futuro sono sicuramente integrati e con una forte base informatica. Le esperienze di KeyToNature e Dryades.

IL CONSORZIO ITALIANO PER IL *DNA BARCODING*

ROBERTO GUIDETTI

Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia

Vengono presentate le linee guida e le attività del Consorzio. Finalità, attività e modalità per aderire al Consorzio.

FOOD AUTHENTICITY: L'ESPERIENZA E L'IMPEGNO DI COOP ITALIA

SONIA SCARAMAGLI¹, MARTINO BARBANERA²

¹Responsabile Area Biologia Molecolare, Laboratorio COOP ITALIA;

²Responsabile Laboratorio COOP ITALIA

La grande distribuzione organizzata ha problematiche importanti di identificazione e tracciabilità. COOP è tra le realtà dotate di un importante laboratorio di analisi che si interfaccia con il mondo della ricerca.

IL *DNA BARCODING*: UN NUOVO STRUMENTO PER IL CONTROLLO DELL'IMPORT-EXPORT NEL SETTORE ALIMENTARE

CHIARA NATALE

Agenzia Dogane, Laboratori e Servizi Chimici, Direzione Regionale per la Liguria, Laboratorio di Genova, Reparto di Biologia Molecolare

Il controllo a livello delle dogane è di importanza strategica per una nazione, soprattutto alla luce di mercati sempre più connessi.

Parte 4 - TAVOLA ROTONDA, modera VALERIO SBORDONI

Università degli Studi di Roma "Tor Vergata"

Attorno a un tavolo tutti gli attori coinvolti, dai ricercatori ai comunicatori, dagli enti di ricerca a quelli di controllo, dai produttori ai distributori.



INDICE DEGLI AUTORI

A

ABDEL-GAWAD F.K.	146, 173	ANDERMARCHER F.	161
ACCORSI A.	53	ANESI A.	29
AFRAITANE K.	76	ANGELINO D.	149
AGLIERI G.	121	ANGIOLILLO M.	142
AGNELLI P.	168, 171	ANGIULLI E.	111
AGODI A.	95	ANIBALDI A.	162
ALBANO M.	143	ANTONACCI D.	76
ALBINO S.	82, 102	AQUILONI L.	94
ALESCI A.	30	ARCIONI D.	85
ALIMENTI C.	16, 29, 40	ARCIONI E.	85
ALLEGRA FILOSICO M.	168, 171	ARCULEO M.	116, 157
ALLEGRUCCI G.	113	ARDIZZONE G.	111, 130
ALÒ R.	20	ARENA G.	99
ALONGI V.	64	ARGESE E.	124
ALTIERO T.	19	ARIZZA V.	47, 60
ALWANY M.	173	ARMERI G.M.	125
AMAROLI A.	26, 67	ARONICA S.	125
AMBROGINI P.	149	AUDISIO P.	109
ANDALORO F.	125	AVOLIO E.	20

B

BABBUCCI M.	65	BASSO A.	65
BAINI F.	139	BATOCCO F.	85
BAKIU R.	31, 56	BATTIATO S.	21
BALDACCINI N.E.	114	BAVA S.	142
BALLARIN L.	43, 46	BAVESTRELLO G.	141, 142
BALLETTO E.	76	BECCARO G.	76
BALSAMO M.	49, 96, 100, 150, 169	BECHER J.	45
BARANI P.	130	BELLINGERI M.	106
BARBAGALLO E.	21	BELMONTE G.	23
BARBAGLIO A.	64	BENASSI FRANCIOSI C.	162
BARBANERA F.	112	BENEDETTI S.	149
BARBIERI G.	145	BERARDI L.	65
BARCHITTA M.	95	BERTAPELLE C.	140, 165
BARDIANI M.	72	BERTI E.	129
BARISELLI M.	69	BERTOLANI R.	15, 19
BARUCCA M.	32, 41	BERTOLINO M.	141
BASILONE G.	125	BERTOLOTTI E.	54, 57
		BERTOLUCCI C.	18



BERTUCCIO C.	30	BONFANTI C.	64
BETTI M.	49	BONFIGLIO T.	26
BETTINI S.	152	BONURA A.	42
BIGGI F.	26	BOSCARO V.	145, 167
BIGI D.	114	BOSELLI M.	69
BIONDI E.	96	BOUNOUS G.	76
BIONDO G.	131	BOVERO S.	101
BISCONTIN A.	18	BRANDMAYR P.	58
BISCOTTI M.A.	32, 41	BRIGUGLIO G.	143
BO M.	142	BROGNA F.	168, 171
BOERO F.	71, 121	BRUNDO M.V.	143, 144, 159, 168
BOLOGNA M.A.	107, 134, 135	BUCCI L.	53
BOLOGNESI L.	147	BUGLIONE M.	74
BONADONNA G.	108	BUONOCORE F.	41
BONANDIN L.	122	BUSCAINO G.	125
BONANNO A.	125, 131	BUTTURINI A.	123
BONATO M.	76		
C			
CALABRÒ C.	30, 155	CASTILLO A.	85
CALO M.	30	CASU M.	133
CAMMARATA M.	44	CATELLANI A.	69
CAMPANARO A.	72	CATTALINI F.	31, 56
CANAPA A.	32, 41	CATTANEO-VIETTI R.	142
CANDIA CARNEVALI M.D.	64	CECCONI F.	45
CANESE S.	142	CELI M.	47, 60
CANONACO M.	20, 36	CESARI M.	15, 19
CAPALDO A.	151	CESARINI E.	49
CAPPELLETTI D.	97	CESARONI D.	113
CAPPELLO T.	24, 33	CHESSA M.G.	26
CAPRIGLIONE T.	32, 166	CHIAPPETTI R.	146
CAPUTO BARUCCHI V.	117, 163	CHIAPPINI E.	63
CARAPELLI A.	14	CHIARI S.	72, 109
CARDUCCI D.	145, 167	CHIESA S.	124
CARNOVALE I.	75	CHIMENTI C.	127
CAROTENUTO R.	174	CHUNG S.J.	93
CARPANETO G.M.	109	CIARCIA G.	146
CARUSO D.	95	CIVOLANI S.	87, 123
CARUSO S.	69	COCCA E.	32
CASALI G.	123	COLLEVECCHIO V.	161
CASAVECCHIA S.	96	COLLOCA F.	111
CASSANELLI S.	87, 123	COLOMBO P.	42
CASTELLI S.	134	CONSORZIO DNA BARCOD	81



CONTI C.	147	COSTA G.	21
CONTI E.	21	COSTA R.	18
CONVEY P.	13, 14	COSTI E.	69
COPAT C.	99	CUCCINIELLO A.C.	146
COPPELLOTTI O.	56	CUOGHI I.	55
CORRIERO G.	141	CURINI-GALLETTI M.	133
COSSU P.	133	CUTTITTA A.	125, 131

D

DAL ZOTTO M.	148	DELLA ROCCA A.	57
D'ANIELLO B.	92, 170	DELLA ROCCA F.	135
DANISE P.	82	D'ERRICO M.	83
DAVOLI F.	107	DEVARAJ R.R.	17
DAVOLOS D.	115, 127	DI BENEDETTO C.	64
DE BONIS S.	92	DI COSMO A.	140, 165
DE CRISTOFARO A.	68, 87	DI GIUSEPPE G.	40
DE DOMENICO F.	30	DI SANTO P.	87
DE MATTHAEIS E.	115, 127	DI VEROLI A.	97
DE MORO G.	41, 50	DINI F.	40
DE PINTO V.	125	DIPASQUALE C.	171
DE PITTÀ C.	18	DOMENEGHETTI S.	50
DEDOLA G.L.	133	DORIGO G.	26
DEL GRANDE P.	149	DRADI D.	69

E

EDOMI P.	94	EL TURKI A.	125
----------	----	-------------	-----

F

FACCIOLO R.M.	36	FLORIAN F.	94
FANCIULLI P.P.	14	FOKIN S.I.	145, 167
FASULO S.	41,	FONTANETO D.	66
FAUSTO A.M.	41, 85	FORCINA G.	112
FAVARO L.	75	FORCONI M.	32, 41
FELLINE S.	92	FORMICOLA M.	91
FERRAGUTI M.	150	FORMIGGINI F.	174
FERRANTE M.	99, 144	FRANCESCHINI V.	152
FERRARI R.	69	FRANCHI N.	43, 46
FERRI P.	149	FRANCHINI A.	54, 57
FERRITO V.	99, 125,	FRATANTONIO D.	155
	131, 132	FRATI F.	14
FERRO D.	31, 56	FRATINI S.	22
FIGUEIRA E.	124	FREITAS R.	124
FIORAVANTI T.	117	FRITZ U.	116



FULGIONE D.	74, 90	FUSCO S.	174
G			
GALDENZI D.	96	GIOVANNOTTI M.	117, 163
GALLUS L.	26	GIULIANINI P.G.	58, 93, 94
GAMBA M.	76, 108	GIUNCHI D.	114
GAMBARELLI A.	59	GNONE G.	106
GANASSI S.	87	GORETTI E.	97
GARCIA L.	123	GRASSO R.	168, 171
GARNER T.W.J.	101	GRATTON P.	113
GENNARI L.	149	GRAVILI C.	71
GERDOL M.	41, 50, 94	GUELLA G.	29
GIACOMA C.	76, 98, 101, 108	GUERRIERO G.	91, 173
GIANNETTO A.	24, 33	GUERRINI M.	112
GIGLIO A.	58	GUIDETTI R.	15, 19, 34
GIOVANNINI I.	19, 34	GUIDI L.	49, 150
H			
HAMZA M.	125	HARDERSEN S.	72
I			
IACHETTA G.	151	IANNILLI V.	127
IACIOFANO D.	88		
K			
KOVAČIĆ M.	132		
L			
LAFORGIA V.	151	LO BRUTTO S.	88
LAI T.	133	LO CASCIO P.	30, 155
LANCELLOTTI I.	83	LO PARO G.	24
LAZZARI M.	152	LOMBARDO B.M.	95
LAZZERI A.M.	22	LONGO C.	141
LEASI F.	172	LONGO G.	143, 159
LEBEDEVA N.A.	145	LONGO V.	42
LEGA C.	74, 90	LORENZI M.C.	110, 160
LERDA A.	160	LUCENTINI L.	124
LIONETTO L.	149	LUCHETTI A.	122, 128
LISI O.	153	LUPORINI P.	16, 40
LO BIANCO S.	154		



M

MACALE D.	107	MAZZOLDI C.	65
MADDALONI M.	151	MAZZOTTA G.M.	18
MADONNA A.	91	McINNES S.	15
MAGGIO T.	125, 131	MECONCELLI S.	160
MAGLIOZZI L.	92	MELE M.	20
MAISANO M.	24, 33	MENGONI C.	129
MAISTRELLO L.	69	MERCATELLI L.	147
MALAGOLI D.	53	MESSINA G.	64, 95
MANACHINI B.	60	MIASA E.	76
MANFREDI C.	156	MICELI C.	17
MANFREDI P.	106	MIFSUD R.	125
MANFRIN C.	50, 93	MILANA V.	130
MANGANO V.	44	MINELLI D.	161
MANTOVANI B.	122, 128	MINELLO F.	124
MARESCA M.	102	MOCCIA A.	166
MARINI N.	134	MODEO L.	167
MARINO F.	143	MOLA L.	55, 59
MARLETTA A.	21	MOLLO E.	92
MARRONE F.	116, 157	MONTANINI S.	156, 162
MARSON L.	94	MONTEPAONE G.	69
MARTA S.	113	MONTERMINI A.	69
MARTINELLO T.	64	MONTESANTO G.	95
MARZONI M.	85	MONTORFANO G.	19
MASELLI V.	74, 90	MORELLI F.	96
MASINI M.A.	26	MORI L.	15
MASON F.	72	MOSCIARO L.	20
MASSAMBA-N'SIALA G.	158	MUCCI N.	114, 129
MAUCERI A.	24	MURA G.	35
MAURI M.	83	MUSCO M.	125
MAZZEI V.	143, 144, 159		
MAZZOLA S.	125, 131		

N

NATALOTTO A.	33	NINFALI P.	149
NEBIOLO C.	160	NISI CERIONI P.	117, 163
NEGRISOLO E.	65	NONNIS MARZANO F.	124
NETTI P.A.	174	NUTI S.	106
NICOSIA A.	125		

O

OLIVA S.	33	OTTAVIANI E.	43
OLMO E.	32, 41	OULEDI A.	76



OZELLA L.

75

P

PAGNI M.R.	123	PETRONI G.	145, 167
PAIRE M.C.	76	PEZZINO E.	95
PALLAVICINI A.	41, 50, 93, 94	PIAZZA A.	175
PALLOTTINI M.	97	PIAZZA F.	94
PALOMBIERI D.	30, 155	PICA A.	82, 102
PANSINI M.	141	PICA D.	164
PAPALE E.	98	PICCINNI E.	56
PAPETTI C.	121	PIETRANGELI B.	127
PAPPALARDO A.M.	125, 131, 132	PIRAINO S.	121
PARRINELLO D.	42, 44	POLESE G.	92, 140, 165
PARRINELLO N.	44, 47	POLIZZI R.	168
PARRINO V.	33	POLLIO M.L.	82, 102
PATARNELLO T.	65	PRADOLESI G.	123
PATRUNO M.	64	PRATO-PREVIDE E.	170
PATTI B.	125, 131	PREVEDELLI D.	158
PECORARO R.	143, 144	PRIORI P.	73, 100
PEDERZOLI A.	55, 59	PUCCIARELLI S.	17
PERUZZA L.	93	PUCE S.	164
PESARESI S.	96	PULVIRENTI V.	99
PESSANI D.	75	PUMA A.	171

Q

QUINCI E.M. 125

R

RABBITO D.	91	ROJO V.	163
RABEMANANJARA Z.H.	108	RONCA R.	166
RAIA P.	90	RONCI L.	127
RANDI E.	107, 114, 129, 134	ROOK L.	90
RANDRIANARISON R.M.	76, 108	ROSANI U.	50
RATSIMBAZAFY J.	76, 108	ROSSI A.	106
REBECCHI L.	15, 19, 34	ROSSI A.	145, 167
REGINELLA E..	65	ROSSI A.R.	111, 130
RICCARDUCCI G.	113	ROVELLI V.	107
RIPPA D.	74, 90	RUGGERI P.	117, 163
RIZZO A.M.	19	RUGGIERO M.G.	82, 102
ROCH P.	50	RUSSO D.	47, 60
		RUSSO R.	23



S

SABATINI M.A.	83, 87	SCHIAVON F.	46
SABELLI B.	161	SCIACCA S.	99
SACCO F.	116	SELLA G.	110, 160
SAIJA A.	155	SELVAGGI R.	97
SALAMONE M.	125	SEMPRUCCI F.	169
SALVAGGIO A.	143, 144, 168	SENRA M.	145
SAMPERI F.	21	SERRA V.	167
ŠANDA R.	132	SETINI A.	127
SANFRATELLO M.A.	42, 44	SHARMA N.	50
SANNA D.	133	SIMMACO M.	145
SANTANGELO G.	106	SIMONE S.	143
SANTOLINI R.	96	SIMONINI R.	158
SANTORO F.	97	SINEO L.	154
SANTOVITO G.	31, 56	SOLA L.	111, 130
SARDELLA A.	131	SØRENSEN M.V.	148
SBORDONI V.	105, 113	SORRENTINO V.	108
SBRANA M.	65	SOTGIU G.	101
SBROCCA C.	169	SPADA L.	72
SCANDURRA A.	170	SPECIALE A.	155
SCAPIGLIATI G.	41	SPENA M.T.	168, 171
SCARAVELLI D.	73, 100	SPERANZA F.	174
SCARDAZZA F.	97	SPLENDIANI A.	117, 163
SCARFÌ S.	26	STAGIONI M.	156, 162
SCARPA F.	133	SUGNI M.	64
SCAVARIELLO C.	122	SUPERTI V.	135

T

TADDEI A.R.	85	TORTI V.	76, 108
TATÀNO F.	83	TOSATTO S.C.E.	46
TAURINO R.	83	TRAPANESE M.	74
TERLIZZI A.	92	TRAPANI M.	44
TESSA G.	101	TRASATTI A.	113
TIGANO C.	99	TROCCHIA S.	91, 146, 173
TISO R.	69	TRONCONE L.	140, 165
TITTARELLI V.	144	TRUCCHI E.	113
TODARO M.A.	150, 172	TURANO M.	166
TOMMASINI S.	156	TUSSELLINO M.	174
TONGIORGI P.	172		

U

UGOLINI A.	147	UNGARO A.	82, 102
------------	-----	-----------	---------



V

VACCARI G.	69	VELLI E.	134
VAI N.	69	VENIER P.	50
VALIANTE S.	151	VERNI F.	145, 167
VALLESI A.	16, 29, 40	VIGNOLI L.	107, 135
VALLISNERI M.	156, 162	VISCUSO R.	175
VALSECCH P.	170	VITALE D.	143, 144
VANNINI M.	22	VITALE D.G.M.	175
VAROTTO L.	50	VIZZINI A.	42, 44
VASTA G.R.	39	VUKIĆ J.	132
VAZZANA M.	47, 60		

Z

ZANE L.	121	ZENA R.	30, 155
ZAPPAROLI M.	139	ZGOZI S.	125
ZARATTINI P.	35	ZIZZA M.	36
ZAULI A.	72, 109		



Elenco Soci anno 2013

1981. ACCORSI Prof.ssa Carla Alberta, via Marco Emilio Lepido 62, 40132 Bologna
1963. ALBASINI Prof. Albano, lungadige Matteotti 15, 37126 Verona
2003. ALDROVANDI Dott.ssa Elena, via Mameli 16, 41037 Mirandola (MO)
1994. ANDREOLI Sig. Giovanni, via Fonda 111, 41053 Maranello (MO)
2005. ANGELONE Sig. Giovanni, Dip. di Fisica, Università di Modena e Reggio Emilia
2009. ANGIOLLI Sig. Giancarlo, via Lagrange 9, 41126 Modena
1988. ANSALONI Dott. Ivano, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
1994. BACCHILEGA Sig.ra Diana, via Segantini 60, 41124 Modena
1982. BAGNI Dott. Giuseppe, via Caravaggio 19/2, 41124 Modena
1983. BALBONI Dott. Sergio, corso Libertà 8, 41029 Sestola (MO)
2005. BALESTRAZZI Dott.ssa Brunella, via Monfalcone 7, 41125 Modena
2009. BALOCCHI Dott. Paolo, via Stringa 55, 41124 Modena
1968. BARALDI Dott. Fulvio, via Bandiera 33, 46100 Mantova
1970. BARALDI Prof. Pietro, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2007. BARBARINI Prof.ssa Elisetta, via Emilia Est 133, 41121 Modena.
1997. BARBIERI Dott.ssa Giovanna, Dip. di Scienze della Vita – Orto Botanico, Università di Modena e Reggio Emilia
1994. BARBIERI Dott.ssa Maria Adelaide, piazza Matteotti 30, 41121 Modena
1993. BARLOCCO Prof.ssa Daniela, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Milano
1989. BARONI Prof.ssa Roberta, via Leopardi 13, 41043 Casinalbo (MO)
1974. BAROZZI Dott. Giancarlo, via dell'Olivio 29, 41012 Fossoli (MO)
2009. BARTOLOTTI Sig.ra Gabriella, via Donati 95, 41122 Modena
1990. BASCHIERI Sig. Leonardo, via Boccaletti 15, 41012 Carpi (MO)
2000. BATTISTUZZI Dott. Gianantonio, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1979. BEDINI Sig. Giorgio, via Ascani 94, 41126 Modena
2006. BELLEI Sig.ra Kinda, via Puccini 21, 41049 Sassuolo (MO)
1976. BELLEI Dott.ssa Silvia, via Marzabotto 116, 41125 Modena
1974. BELLESIA Prof. Franco, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2008. BELLINI Dott.ssa Alessia, via del Perugino 65, 41125 Modena
1979. BENASSI M.llo Mario, via M. Curie 9, 41126 Modena
1974. BENASSI Prof. Rois, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2011. BENASSI Sig.na Silvia, via Rossini 210, 41121 Modena
1999. BENATTI Prof.ssa Rosarita, v.le Gramsci 372, 41122 Modena
1986. BENEDUSI Dott. Alessandro, via Roma 14, 41037 Mirandola (MO)



1986. BENVENUTI Dott.ssa Stefania, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1982. BERNARDI Prof. Roberto, via Sigonio 92, 41124 Modena
1983. BERTACCHINI Dott.ssa Milena, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2001. BERTELLI Dott. Davide, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1996. BERTOLANI Prof. Roberto, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
1993. BETTELLI Prof. Giuseppe, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1976. BIANCHI Prof. Alberto, via Zarotto 1, 43123 Parma
2009. BIANCHI Dott. Mario, via Baraldi 51, 41124 Modena
2000. BIBLIOTECA SCIENTIFICA INTERDIPARTIMENTALE (BSI), Università di Modena e Reggio Emilia, via Campi 213/c, 41125 Modena
1997. BINI Dott.ssa Anna Maria, via per Vignola 136, 41053 Maranello (MO)
2009. BISANTI Dott. Matteo, via Monte Grappa 50, 41121 Modena
1974. BOGGIA Dott. Giorgio, via Montesole 16, 41053 Maranello (MO)
1994. BONACCORSI Dott. Primo, via Risorgimento 23, 41040 Spezzano (MO)
1992. BONACINI Dott. Pierpaolo, via Toti 77, 41125 Modena
1990. BONATTI Prof.ssa Piera, v.le Verdi 106, 41121 Modena
1965. BONAZZI Prof. Ugo, v.le Crispi 10, 41121 Modena
2007. BORGONGINO Sig. Michele, via Tortona 35, 80045 Pompei (NA)
2000. BORSARI Dott. Marco, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1992. BORTOLANI Dott.ssa Caterina, rua Pioppa 94, 41121 Modena
2009. BORTOLI Sig.ra Chiara, via Canaletto 710/5, 41122 Modena
1998. BOSI Dott.ssa Giovanna, Dip. di Scienze della Vita – Orto Botanico, Università di Modena e Reggio Emilia
2010. BOTTICELLI Sig.ra Laura, strada Morane 76/4, 41125 Modena
2008. BRAGA Dott.ssa Maura, via Brunatti 22, 41037 Mirandola (MO)
2009. BRANDOLI Dott.ssa Maria Teresa, via degli Schiocchi 71, 41125 Modena
1998. BRUNACCI Col. Luigi, via Baden Powell 1, 41126 Modena
2009. BRUNI Sig. Ermanno, via Bologna 6, 41015 Nonantola (MO)
2001. BULDRINI Dott. Fabrizio, via Piero della Francesca 71/1, 41124 Modena
1992. BULGARELLI Dott.ssa Elisabetta, v.le Indipendenza 58, 41122 Modena
1997. BURANI Dott. Aldo, via Nardi 8, 41121 Modena
1997. BURSI Arch. Lucia, via Crociale 33, 41053 Maranello (MO)
1998. C.A.I. – Sez. di Modena, via IV Novembre 40/c, 41123 Modena
2009. CAIUMI Dott.ssa Loredana, via Cividale 181, 41125 Modena
1996. CALANDRA Prof. Sebastiano, Dip. di Scienze Biomediche – Sez. Patologia Generale, Università di Modena e Reggio Emilia



1975. CAMPI Dott.ssa Luisa, c.so Adriano 9,
41121 Modena
2001. CAMPISI Dott. Alessio, via Quarti 8/1,
42023 Cadelbosco di Sotto (RE)
1990. CAPITANI Dott. Marco, via Milano
286, 41058 Vignola (MO)
1973. CARDACI Dott. Giuseppe, via San
Lazzaro 1/A, 46100 Mantova
2003. CARDARELLI Prof. Andrea, Dip. di Scien-
ze dell'Antichità, Sapienza Università di Roma
1992. CARNEVALI Ing. Gianfranco, via Pre-
torio 59, 41049 Sassuolo (MO)
2005. CASELLI Prof.ssa Monica, Dip. di
Scienze Chimiche e Geologiche, Università
di Modena e Reggio Emilia
1996. CASSAI Dott.ssa Carlotta, via Guarini
4, 41124 Modena
1980. CASTALDINI Prof. Dorianò, Dip. di
Scienze Chimiche e Geologiche, Università
di Modena e Reggio Emilia
1989. CATTELANI Prof.ssa Franca, Dip. di
Matematica Pura e Applicata, Università di
Modena e Reggio Emilia
2003. CAVALLINI Dott. Fabrizio, via della
Partecipanza 77, 41015 Nonantola (MO)
2002. CAVAZZUTI Sig.ra Margherita, via
Puccini 94, 41121 Modena
2000. CAVEDONI Sig.ra Franca, via Alle-
gretti 43, 41125 Modena
1996. CAVICCHIOLI Prof. Alberto, Dip. di
Matematica Pura ed Applicata, Università di
Modena e Reggio Emilia
1967. CECCHI Prof. Rodolfo, Dip. di Inge-
gneria "Enzo Ferrari", Università di Modena
e Reggio Emilia
1994. CENNAMO Dott.ssa Chiara, via
Lepanto 97, 80125 Napoli
1990. CERCHIARI Dott. Claudio, via Prato-
mavore 8/1, 41058 Vignola (MO)
1973. CERVI Arch. Giuliano, via Frank 11/a,
42122 Reggio Emilia
2009. CHAMSI BACHA Sig.na Nura, via
Giardini 207, 41124 Modena
1967. CHIESSI Dott. Eugenio, via Togliatti
52, 42122 Reggio Emilia
1993. CHINCA Prof.ssa Gabriella, via Polo
19, 41050 Montale Rangone (MO)
1959. CIGARINI BERTOCCHI Dott.ssa
Tiziana, via Gaddi 40, 41124 Modena
1973. COLTELLACCI Sig. Marco Maria,
Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche,
Università di Modena e Reggio Emilia
2011. CONZO Dott. Francesco, strada Panni
184/5, 41125 Modena
1973. COPPI Prof. Gilberto, Dip. di Scienze
Farmaceutiche, Università di Modena e Reg-
gio Emilia
2002. COPPI Sig.ra Giovanna, v.le Newton
35, 41126 Modena
2002. COPPI Sig.ra Lucia, via Gadaldino 3,
41124 Modena
1987. CORATZA Dott. Carlo, via Campania
6, 42123 Reggio Emilia
2000. CORATZA Dott.ssa Paola, Dip. di
Scienze Chimiche e Geologiche, Università
di Modena e Reggio Emilia
2009. CORRADINI Dott.ssa Elena, Dip. di
Ingegneria "Enzo Ferrari", Università di
Modena e Reggio Emilia
1993. CORRADINI Ing. Brenno, via Keplero
9/2, 41126 Modena
1967. CORRADINI Prof. Domenico, piazza
Martiri 36, 41049 Sassuolo (MO)
1993. CORRADINI Sig. Livio, v.le Rivi 17,
41049 San Michele dei Mucchiotti – Sassuo-
lo (MO)
1990. CORSINOTTI Dott. Paolo, via Franklin
52, 41124 Modena



1993. COSCI Dott. Ferruccio, Ca' del Pella 8, 41047 Piandelagotti (MO)
1987. COSTANTINO Prof. Luca, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1990. COSTI Dott.ssa Maria Paola, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2007. C.R.A. – Unità di Ricerca per la Suincoltura, via Beccastecca 345, 41018 San Cesario sul Panaro (MO)
2003. CRAMAROSSA Prof.ssa Maria Rita, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1997. CUOGHI Dott.ssa Barbara, via Tagliazucchi 46, 41121 Modena
2006. CUOGHI Sig. Gianluca, via Romano 15/F, 41043 Formigine (MO)
2009. CURTI Sig.ra Maria, via Goldoni 49, 41049 Sassuolo (MO)
1994. DALLA FIORA Dott.ssa Gianfranca, via Emilia Ovest 124, 43016 Parma
2003. DALLAGLIO Sig.ra Mariella, via Avanzini 17, 41126 Modena
1990. DALLAI Dott. Daniele, Dip. di Scienze della Vita – Orto Botanico, Università di Modena e Reggio Emilia
1997. DALLARI Prof.ssa Giovanna, str. Campogalliano Lesignana 166, 41123 Modena
2009. DALL'ARNO Sig.na Chiara, via Giuliano da Maiano 22, 48018 Faenza (RA)
1997. DALLOLIO Sig.ra Mascia, via Panaria Bassa 84/c, 41030 Solara (MO)
2001. DAL ZOTTO Dott. Matteo, via Bellini 58, 41121 Modena
2000. DAVOLI Prof. Paolo, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2009. DAVOLIO Prof. Giovanni, via Portofino 58, 41125 Modena
2001. DELFINI Sig. Luciano, via Scapinelli 5, 41125 Modena
1981. DEL PENNINO Prof. Umberto, Dip. di Fisica, Università di Modena e Reggio Emilia
1993. DEL PRETE Prof. Carlo, via degli Allori 17, 56128 Tirrenia (PI)
1957. DIECI Prof. Giovanni, v.le Moreali 214, 41124 Modena
1997. DINI Prof.ssa Paola, via Venturi 13, 41124 Modena
1905. DIPARTIMENTO DI SCIENZE CHIMICHE E GEOLOGICHE, Università di Modena e Reggio Emilia, l.go Sant'Eufemia 19, 41121 Modena
1997. DOMENICHINI Sig. Alberto, via Carmelitane Scalze 7, 41121 Modena
1995. DOMENICHINI Sig. Massimo, via D'Annunzio 20, 42123 Reggio Emilia
2007. DUCHICH Sig.ra Rosana, ARESTUD Modena, via Vignolese 671/1C, 41125 Modena.
2006. FACCHETTI Sig.ra Chiara, via Tonini 115, 41126 Modena
2009. FAGHERAZZI COLÒ Sig. Filippo, via Puccini 71, 41126 Modena
1991. FANTIN Prof.ssa Anna Maria, via Pagani 50, 41124 Modena
2001. FAZZINI Dott.ssa Alessandra, via Vignolese 565, 41125 Modena
2002. FERRARI Ing. Gianni, via Valdrighi 135, 41124 Modena
1974. FERRARI Dott. Massimo, v.le Gramsci 285, 41122 Modena
1994. FERRARI Sig.ra Monica, via Borsara 11, 41030 Bastiglia (MO)



2008. FERRARI Dott.ssa Patrizia, l.go Nobel 145, 41126 Modena
2009. FERRARI Sig. Renzo, via Tre Olmi 109, 41123 Modena
1996. FERRI Dott. Mauro, via San Remo 140, 41125 Modena
1990. FIANDRI Dott. Filiberto, via Giardini 10, 41124 Modena
2007. FIOCCHI Prof.ssa Cristina, rua Muro 80, 41121 Modena
1997. FIORI Prof.ssa Carla, Dip. di Matematica Pura ed Applicata, Università di Modena e Reggio Emilia
1986. FIORONI Dott.ssa Chiara, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2009. FLORENZANO Dott.ssa Assunta, viale Monastero 141, 85040 Rivello (PZ)
1970. FONDELLI Prof. Mario, via Nardi 50, 50132 Firenze
1976. FONTANA Prof. Armeno, via M. Curie 8, 41126 Modena
1976. FONTANA Prof.ssa Daniela, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2011. FONTANA Sig. Luciano, via Pelloni 49, 41125 Modena
1999. FONTANESI Prof. Claudio, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2009. FORESTI Sig.ra Alessandra, via Cavazza 50/2, 41124 Modena
2009. FORTI Dott. Luca, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1976. FRANCHINI Prof. Giancarlo, via Bergianti 9, 42019 Arceto (RE)
2009. FRANCHINI Dott.ssa Silvia, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1976. FRANCHINI Prof. Walter, via Costa 51, 41027 Pievepelago (MO)
1974. FRATELLO Prof. Bernardo, v.le Vittorio Veneto 59, 41100 Modena
1993. FREGNI Dott.ssa Elena, v.le Barozzi 264/1, 41124 Modena
1974. FREGNI Prof.ssa Paola, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2004. FRIGIERI ADANI Sig.ra Marta, via Venturi 70, 41124 Modena
2001. GALLI Dott.ssa Elisabetta, Dip. di Scienze Ginecologiche Ostetriche, Pediatriche – Sez. di Pediatria, Università di Modena e Reggio Emilia
2011. GALLI Prof. Ermanno, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1983. GALLI Prof. Maurizio, v.le Vittorio Veneto 290, 41058 Vignola (MO)
2009. GAMBARELLI Dott. Andrea, Museo di Zoologia, Università di Modena e Reggio Emilia
1998. GANASSI Dott.ssa Sonia, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
2009. GARUTI Sig. Giancarlo, via Ruffini 92/1, 41124 Modena
1998. GASPARINI Dott.ssa Elisabetta, via Bulgarelli 33, 41012 Carpi (MO)
1999. GASPARINI Dott. Giorgio, via San Martino 4, 41030 Bastiglia (MO)
1994. GASPARINI Prof.ssa Mirca, via Morgagni 15/2, 41124 Modena
1965. GASPERI Prof. Gianfranco, via San Zeno 10/1, 41050 Montale Rangone (MO)
2009. GATTI Dott. Enrico, via 2 Giugno 3,



- 41011 Campogalliano (MO)
2001. GATTI Prof.ssa Maria Angela, via Pretorio 17, 41049 Sassuolo (MO)
2009. GHELFI Dott. Luca, via Pisacane 29, 41012 Carpi (MO)
2010. GHINOI Dott. Alessandro, via Cortina d'Ampezzo 17, 41125 Modena
2011. GIACOBBE Dott.ssa Carlotta, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1999. GIGANTE Dott. Massimo, via Cascino 8, 42122 Reggio Emilia
1976. GIUSTI Dott. Arrigo, via Cesari 18, 42019 Scandiano (RE)
1974. GNOLI Prof. Maurizio, via Togliatti 16, 41043 Casinalbo (MO)
2004. GOVI Sig. Renato, via Lagrange 10, 41126 Modena
2007. GOZZI Dott.ssa Franca, via Bastiglia 14, 41052 Campogalliano (MO)
2008. GRANDI Sig. Mauro, v.le Monte Kosica 11, 41121 Modena
2000. GRANI Dott.ssa Paola, via Refice 9, 41049 Sassuolo (MO)
1992. GRAZIOSI Prof. Gianni, via Foscolo 136, 41058 Vignola (MO)
2004. GRIMAUDDO Dott.ssa Maddalena, via Sibelius 7, 41122 Modena
1997. GRUPPO CULTURALE "AL PALESI", Piazza Carducci 9, 41058 Vignola (MO)
2006. GRUPPO MODENESE SCIENZE NATURALI, via Barchetta 240, 41123 Modena
1996. GRUPPO NATURALISTICO MODENESE c/o Polisportiva San Faustino, via Wiligelmo 72, 41124 Modena
2002. GRUPPO R616 c/o Sig. Pietro Rompianesi, via Camaiole 107, 41125 Modena
2002. GUAITOLI Sig. Gianluca, via Sauro 28, 41121 Modena
2010. GUALTIERI Prof. Alessandro, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1995. GUANDALINI Arch. Emilio, v.le Menotti 80, 41121 Modena
2008. GUARDASONI Sig.ra Giovanna, v.le Menotti 114, 41121 Modena
2003. GUBERTINI Dott.ssa Arianna, via Giardini 502, 41028 Serramazzone (MO)
1997. GUERRIERI Sig.ra Elisa, via San Giacomo 24, 41121 Modena
2009. GUERZONI Dott.ssa Margherita, via San Zeno 43, 41051 Castelnuovo Rangone (MO)
2009. GUERZONI Prof. Pietro, via Soliani 19, 41121 Modena
2004. GUIDETTI Dott. Roberto, Dip. Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
1990. IANNUCELLI Dott.ssa Valentina, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1993. IMPERIALE Dott. Aldo, via Della Cella 89, 41124 Modena
2008. INVERNIZZI Prof. Sergio, Dip. di Scienze della Vita, Università di Trieste
2009. IORI Dott.ssa Enrica, via Ferrovia 33, 42013 Veggia di Casalgrande (RE)
1995. IOTTI Sig. Mirco, via Belloni 10, 42025 Cavriago (RE)
2002. KRUTA Dott.ssa Isabella, via Giordano 11, 41050 Montale Rangone (MO)
1977. LAGHI Prof. Gianfranco, via Zucchi 224, 41123 Modena



1998. LANCELLOTTI Dott.ssa Emanuela, via Nardi 8, 41121 Modena
1990. LENZI Dott. Giuseppe, via Roma 14, 53100 Siena
1997. LEO Prof.ssa Eliana Grazia, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1997. LEONARDI Prof.ssa Brunella, v.le Taormina 17/c, 41049 Sassuolo (MO)
1976. LEURATTI Dott. Enrico, via Ronchetti 1358, 41038 San Felice sul Panaro (MO)
2000. LIBERTINI Prof.ssa Emanuela, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2012. LIM Dott.ssa Gloria Meizhen, via Mar Ligure 11, 41122 Modena
1996. LODESANI Sig. Umberto, via Tasso 57, 41049 Sassuolo (MO)
1998. LOMBROSO Dott. Luca, Dip. di Ingegneria "Enzo Ferrari" – Osservatorio Geofisico, Università di Modena e Reggio Emilia
2010. LORICI Dott. Gianni, via Bocchetti 1, 41015 Castelnuovo Rangone (MO)
2009. LOSI Sig. Franco, via Etna 17, 41012 Carpi (MO)
2001. LUGLI Prof. Mario Umberto, rua Muro 88, 41121 Modena
2011. LUGLI Prof. Stefano, Dip di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2006. LUPPOLINI Dott. Alex, via Mandrio 2, 42015 Correggio (RE)
2001. LUZZARA Dott. Mirko, via Confalonieri 45, 41125 Modena
1990. MACCAFERRI Dott. Alessandro, v.le Montegrappa 78, 41121 Modena
2004. MAFFETTONE Dott. Luigi, Dip. di Scienze della Vita – Orto Botanico, Università di Modena e Reggio Emilia
1997. MALAGUTI Dott.ssa Lorella, via Guercino 13, 41034 Finale Emilia (MO)
2007. MALMUSI Sig. Mauro, via Albareto 222/8, 41122 Albareto (MO)
1998. MANDRIOLI Dott. Mauro, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
2004. MANFREDI Dott.ssa Giovanna, via Guagnellina 1/A, 41037 Mirandola (MO)
1996. MANICARDI Dott. Giancarlo, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
2002. MANTOVANI Sig.ra Gabriella, via Biondo 2, 41051 Castelnuovo Rangone (MO)
1996. MANZINI Sig.ra Eleonora, via Bellaria 55/1, 41124 Modena
1973. MANZINI Dott.ssa Maria Luisa, p.le Risorgimento 57, 41124 Modena
1993. MARAMALDO Dott.ssa Rita, Musei Anatomici, Università di Modena e Reggio Emilia
1998. MARANI Sig. Federico, via Lenin 40, 41012 Carpi (MO)
2004. MARCHETTI Prof. Andrea, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2011. MARGHERITA Dott. Lucio, 195 bv. Malesherbes, 75017 Parigi (F)
1970. MARI Prof.ssa Marisa, via Sauro 35, 41121 Modena
1996. MARINI Prof.ssa Milena, via Baden Powell 1, 41126 Modena
1998. MARTELLI BRUNACCI Dott.ssa Rita, via Baden Powell 1, 41126 Modena
1994. MARZULLO Dott. Fausto, v.le Gramsci 32, 41049 Sassuolo (MO)
2007. MASSAMBA N'SIALA Dott.ssa Glo-



- ria, via Jacopone da Todi 46, 41123 Modena
2004. MASSAMBA N'SIALA Dott.ssa Isabella, via Jacopone da Todi 46, 41123 Modena
1995. MAURI Prof.ssa Marina, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia.
1993. MAZZANTI Prof.ssa Marta, Dip. di Scienze della Vita – Orto Botanico, Università di Modena e Reggio Emilia
1998. MAZZARELLA Dott.ssa Bianca Serena, via Pelusia 32, 41121 Modena
2010. MAZZI Sig.ra Liliana, via Ugo da Carpi 26, 41124 Modena
1964. MELEGARI Prof. Michele, via M. Curie 8, 41126 Modena
1997. MELETTI Dott. Eros, Dip. di Scienze Biomediche – Sez. Patologia Generale, Università di Modena e Reggio Emilia
1979. MELOTTI Prof.ssa Paola, via Catellani 22, 41121 Modena
2009. MENZIANI Dott.ssa Giovanna, via Rangoni 99, 41124 Modena
1990. MERCURI Dott.ssa Anna Maria, Dip. di Scienze della Vita – Orto Botanico, Università di Modena e Reggio Emilia
1990. MEZZACQUI Rag. Costantino, via Giardini 10/1, 41124 Modena
2009. MINARELLI Dott. Stefano, via Costa 45, 41012 Carpi (MO)
1993. MOLA Prof.ssa Lucrezia, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
2005. MONDINI Dott. Ettore, via San Martino 37, 46010 Curtatone (MN)
1993. MONTAGUTI Sig. Bruno, via Casella Gatta 4, 41058 Vignola (MO)
1994. MONTANARI Sig. Mauro, via Santa Lucia 17, 41045 Sassuolo (MO)
2009. MONTANARI Sig. Silvano, via Grandi 68, 41122 Modena
2012. MONTECCHI Dott.ssa Maria Chiara, viale Corassori 52, 41124 Modena
1998. MONTORSI Sig.ra Elisabetta, via Chiesa 19/13, 41050 Montale Rangone (MO)
1986. MORDINI Dott. Luca, via Roma 145, 41027 Pievepelago (MO)
1970. MORSELLI Prof. Ivano, via San Giovanni 46, 41057 Spilamberto (MO)
2008. MUNICIPIO DI VIGNOLA, via Bellucci 1, 41058 Vignola (MO)
1990. MURANO Dott. Gennaro, via Barchetta 416 (loc. Tre Olmi), 41123 Modena
2005. MUSCATELLO Prof. Umberto, Dip. di Scienze Biomediche, Università di Modena e Reggio Emilia
1928. MUSEI CIVICI DI REGGIO EMILIA, via Spallanzani 1, 42121 Reggio Emilia
2007. MUSEO CIVICO ARCHEOLOGICO ETNOLOGICO, v.le Vittorio Veneto 5, 41124 Modena.
1996. MUSEO CIVICO DI STORIA NATURALE DI FINALE EMILIA, via Trento Trieste 4, 41034 Finale Emilia (MO)
1996. MUSEO CIVICO DI VIGNOLA, piazza Selmi, 41058 Vignola (MO)
2011. NERI Sig. Mirco, via Pellegrini 2/20, 41058 Vignola (MO)
1974. NORA Dott. Eriuccio, via Anzio 70, 41125 Modena
2009. NOVARA Dott.ssa Patrizia, via Giardini 150, 41124 Modena
2007. OLMI Dott.ssa Linda, Dip. di Scienze della Vita – Orto Botanico, Università di Modena e Reggio Emilia



2005. ONESTI Ing. Nicola, via Serafini 2, 41125 Modena
2009. ONGARI Sig. Mauro Vittorio, via Baluardo Partigiani 2, 28100 Novara
1986. ORI Geom. Danilo, via Bixio 6, 42013 Casalgrande (RE)
1995. ORI Dott. Roberto, Provincia di Modena, Settore Difesa del Suolo e Tutela dell'Ambiente, v.le Barozzi 340, 41124 Modena
1905. ORTO BOTANICO, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
2000. OTTAVIANI Prof. Giampiero, Dip. di Fisica, Università di Modena e Reggio Emilia
2007. PACCHIAROTTI Prof.ssa Nicoletta, Dip. di Matematica Pura ed Applicata, Università di Modena e Reggio Emilia
2007. PADOVANI Sig. Luciano, str. Battaglia 123, 41122 Modena
2012. PADOVANI Dott.ssa Veronica, via Nervi 52, 41125 Modena
1967. PAGLIAI Prof.ssa Anna Maria, via Genova 5, 41126 Modena
2011. PAGLIAI Dott. Davide, loc. Ghiare 10, 19015 Levanto (SP)
1977. PALMIERI Dott. Daniele, via Canaletto 35, 41030 San Prospero (MO)
2000. PALYI Prof. Gyula, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1982. PANINI Prof. Filippo, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1967. PANIZZA Prof. Mario, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1974. PANTIGLIONI Dott. Ettore, via Valsesia 17, 46100 Mantova
2008. PANZANI Dott.ssa Nicoletta, v.le della Pace 111, 41124 Modena
2000. PAPAZZONI Dott. Cesare Andrea, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2007. PARADISI Sig.ra Carmen, via Bonaccini 24, 41052 Campogalliano (MO)
1964. PAREA Prof. Gianclemente, via Lungolago 32, 23826 Mandello del Lario (LC)
1976. PARENTI Prof. Carlo, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1994. PASUTO Dott. Alessandro, IRPI – CNR, c.so Stati Uniti 4, 35127 Padova
1964. PECORARI Prof. Piergiorgio, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia.
2008. PEDERZANI Sig. Fernando, via J. Landoni 35, 48121 Ravenna
1995. PEDERZOLI Prof.ssa Aurora, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
2011. PELLACANI Sig. Alderigi, via Giorgi 42, 41124 Modena
2008. PELLACANI Dott. Andrea, via degli Inventori 48, 41122 Modena
1963. PELLACANI Prof. Giancarlo, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2004. PELLATI Dott.ssa Federica, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2004. PETRUCCI Dott.ssa Raffaella, via Emilia Est 305, 41121 Modena
1982. PEZZUOLI Prof.ssa Filiberta, via Sigionio 410/6, 41124 Modena
2003. PIACENTINI Dott.ssa Daniela, via



- Montegrappa 46, 41026 Pavullo (MO)
1997. PIAGGI Prof.ssa Vilma, via Bonacini 304/1, 41121 Modena
1997. PINETTI Prof. Adriano, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2004. PIVA Dott.ssa Carlotta, via Giacobazzi 17, 41049 Sassuolo (MO)
1976. PLESSI Dott.ssa Maria, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1997. PO BIANCANI Prof.ssa Maria Letizia, via Giardini 250, 41124 Modena
1993. PO Dott.ssa Marilena, v.le Muratori 137, 41121 Modena
2011. POLI Dott. Emanuele, via Pasubio 13, 37057 San Giovanni Lupatoto (VR)
1986. PONZANA Dott. Luigi, via Zurlini 127, 41125 Modena
2009. POPPI Sig. Ivano, via Marenzio 52, 41121 Modena
1992. POZZI Arch. Fabio Massimo, corso Canal Chiaro 26, 41121 Modena
2000. PRATI Dott. Fabio, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1993. PREITE Dott. Francesco, via Moscati 10, 41049 Sassuolo (MO)
1974. PRETI Prof. Carlo, via Emilia Est 15/9, 42048 Rubiera (RE)
1996. PRETI Dott. G. Gaetano, via Galeno 78, 41126 Modena
1996. PREVEDELLI Prof.ssa Daniela, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
1997. PRO NATURA VAL D'ENZA, via Carso 8, 42021 Bibbiano (RE)
2006. PULINI Dott.ssa Ilaria, Museo Civico Archeologico Etnologico di Modena, v.le Vittorio Veneto 5, 41124 Modena
1989. QUATTROCCHI Prof. Pasquale, via Firenze 31, 41126 Modena
2001. QUATTROCCHI Dott. Salvatore, via Pelloni 91, 41125 Modena
1993. RAIMONDI Dott. Claudio, via Indipendenza 95, 41049 Sassuolo (MO)
2009. RAIMONDI Sig. Mauro, via Bacone 33, 41126 Modena
2009. RATTIGHIERI Dott.ssa Eleonora, via Motta 140, 41012 Carpi (MO)
2011. REBECCHI Sig. Christian, via Spagna 11, 41014 Castelvetro (MO)
1996. REBECCHI Prof.ssa Lorena, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
2007. REBUCCI Sig. Franco, via Leopardi 67/1, 41123 Modena
2004. REGGIANI Dott. Alberto, via Maestra Rubbiara 1, 41015 Nonantola (MO)
2007. REMAGGI Prof.ssa Francesca, via Mascagni 28/2, 41121 Modena
1997. RINALDI Dott.ssa Gloria, via Bardi 16, 42121 Reggio Emilia
1967. RINALDI Prof.ssa Marcella, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2012. RINALDI Dott.ssa Rossella, via San Faustino 155/4, 41125 Modena
1958. ROMPIANESI Sig. Pietro, via Camaio-re 107, 41125 Modena
2005. RONCHI Dott. Stefano, via Mosca 142, 41043 Formigine (MO)
1983. ROSSI Dott. Giuliano, v.le di Mezzo 17, 46100 Mantova
2010. ROSSI Dott. Giuseppe, v.le Fabrizi 45, 41121 Modena



1996. ROTTEGLIA Prof. Antonio, via Mantegna 133, 41125 Modena
1992. ROVERSI Dott.ssa Maria Teresa, via Ascari 66, 41038 San Felice sul Panaro (MO)
1964. RUSSO Prof. Antonio, v.le Muratori 225, 41124 Modena
1993. SABATINI Prof.ssa Maria Agnese, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
1998. SALA Dott.ssa Giovanna, via Nievo 6, 41124 Modena
1996. SALA Dott. Luigi, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
2004. SALA Dott.ssa Nicoletta, via Monchio 2, 41012 Carpi (MO)
2007. SALTINI Geom. Lucio, via Livatino 6, 41123 Cittanova (MO)
2008. SALVIOLI Dott. Paolo, v.le Menotti 114, 41121 Modena
1993. SANTI Prof. Luigi, via Matteotti 3, 41058 Vignola (MO)
1997. SANTINI Dott. Claudio, via Sant'Orsola 7, 41121 Modena
2009. SARACENO Dott. Michele, via Meloni di Quartirolo 41, 41012 Carpi (MO)
1990. SARGENTI Dott. Daniele, via Santa Croce 485, 41021 Fanano (MO)
1996. SARTO Dott.ssa Manuela, v.le Santa Chiara 5, 41049 Sassuolo (MO)
1991. SASSO Dott. Franco, via Stadio 2, 41029 Sestola (MO)
2011. SAVIOZZI Sig. Enrico, via Galletta 50, 40068 San Lazzaro (BO)
1963. SCAGLIONI Dott. Antonio, via Pietrasanta 15, 41125 Modena
2004. SCAGLIONI Dott.ssa Giulia, via Giardini Nord 9189, 41020 Serramazzone (MO)
2007. SCARAVELLI Sig.ra Maria Grazia, via Labriola 11, 41012 Carpi (MO).
1998. SCAVAZZA Dott. Antonio, via Wagner 138, 41122 Modena
2010. SELMI Sig. Enrico, via Cesane 7, 41125 Modena
1975. SERAFINI Rag. Pier Luigi, via Monte Rondinara 37, 41029 Roncoscaglia (MO)
1981. SERGI Sig. Santo, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1959. SERPAGLI Prof. Enrico, v.le Monteverdi 67/B, 41049 Sassuolo (MO)
2002. SERVENTI Dott. Paolo, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2007. SETTI Dott.ssa Sara, via Villa Inferiore, 46029 Suzzara (MN)
1993. SGARBI Prof.ssa Elisabetta, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
1963. SIGHINOLFI Prof. Giampaolo, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2007. SILINGARDI Sig. Giancarlo, via Luosi 156, 41124 Modena
2006. SIMONCELLI Dott.ssa Antiniska, v.le Asiago 10, 46100 Mantova
1996. SIMONINI Sig. Fausto, via Tavoni 13/1, 41058 Vignola (MO)
1997. SIMONINI Sig. Roberto, via Vivaldi 6/1, 41057 Spilamberto (MO)
2005. SITTA Dott. Nicola Giovanni, loc. Farnè 39, 40042 Lizzano in Belvedere (BO)
1997. SOCIETÀ REGGIANA DI SCIENZE NATURALI "C. IACCHETTI", c/o Maurizio Scacchetti, Via F. P. Tosti 1, 42124 Reggio Emilia



1987. SOLDATI Prof. Mauro, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2009. SOLIERI Dott.ssa Marinella, via Lagrange 29, 41125 Modena
1996. SONETTI Prof. Dario, Dip. di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia
1970. SORAGNI Dott. Ercole, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2002. SPAGGIARI Dott. Alberto, via Gazzadi 17, 41122 Modena
1997. SPAGGIARI Prof. Marga, via Caduti sul Lavoro 16, 41049 Sassuolo (MO)
1998. STORCHI Geom. Luciano, via Bonacini 70, 41121 Modena
1970. TADDEI Prof. Ferdinando, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1997. TAGLIATI Rag. Tosca, via del Casone 8, 41010 Magreta (MO)
2003. TAIT Prof.ssa Annalisa, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1996. TARUGI Dott.ssa Patrizia, Dip. di Scienze Biomediche – Sez. Patologia Generale, Università di Modena e Reggio Emilia
2000. TASSI Prof. Lorenzo, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2002. TAVERNI Dott.ssa Ivana, via Scanaroli 34/1, 41124 Modena
1983. TAZIOLI Prof. Giulio Sergio, via Ginelli 9, 60131 Ancona
2009. TEPEDINO Dott. Ciro, Musei Anatomici, Università di Modena e Reggio Emilia
1992. TERMANINI Ing. Dezio, via Monteverdi 12, 41049 Sassuolo (MO)
2005. TIOZZO Prof.ssa Roberta, Dip. di Scienze Biomediche, Università di Modena e Reggio Emilia
1997. TORRI Dott.ssa Paola, Dip. di Scienze della Vita – Orto Botanico, Università di Modena e Reggio Emilia
1981. TOSATTI Prof. Giovanni, Dip. di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Modena e Reggio Emilia
1990. TREVISAN Dott.ssa Giuliana, via Giardini 378, 41124 Modena
2008. VACCARI Sig. Luciano, via Giusti 23, 41043 Formigine (MO)
1972. VAMPA Prof.ssa Gabriella, via Curie 8, 41126 Modena
1991. VANDELLI Prof.ssa Maria Angela, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2000. VECCHI Dott. Fabrizio, via Isonzo 270, 41028 Serramazzoni (MO)
1963. VECCHI Dott.ssa Tiziana, via Emilia Est 18/1, 41124 Modena
2009. VENTURELLI Dott. Alberto, Dip. di Scienze Farmaceutiche, Università di Modena e Reggio Emilia
2001. VERONESI Rag. Pietro, v.le Muratori 185, 41121 Modena
2009. VIANI Sig.ra Fiorella, viale Medaglie d'Oro 45, 41124 Modena
2007. VIOTTI Dott.ssa Giulia, via Boito 48, 41121 Modena
1975. VISCO Sig. Luigi, Dip. di Ingegneria "Enzo Ferrari", Università di Modena e Reggio Emilia
2002. VOLPI Sig.ra Giorgia, via Sobrero 10/1, 41126 Modena



1996. ZAMPIGHI GIROTTI Dott.ssa Giulia-
na, via Ganaceto 115/C, 41121 Modena
2008. ZANINI Sig. Mauro, via del Carretto
3, 25127 Brescia
1996. ZANNINI Prof. Paolo, Dip. di Scienze
Chimiche e Geologiche, Università di
Modena e Reggio Emilia

1968. ZAVATTI Dott. Adriano, c.so Canal
Grande 90, 41121 Modena
2009. ZINI Sig.ra Silvana, via San Giovanni
Bosco 78, 41121 Modena
2002. ZUCCHI Dott.ssa Claudia, Dip. di
Scienze Chimiche e Geologiche, Università
di Modena e Reggio Emilia

ATTI DELLA SOCIETÀ DEI NATURALISTI
E MATEMATICI DI MODENA
Finito di stampare nel mese di settembre 2013
presso MC Offset - Modena - Italia

