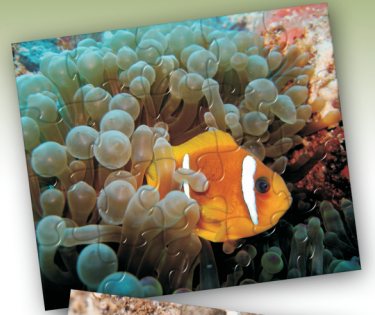


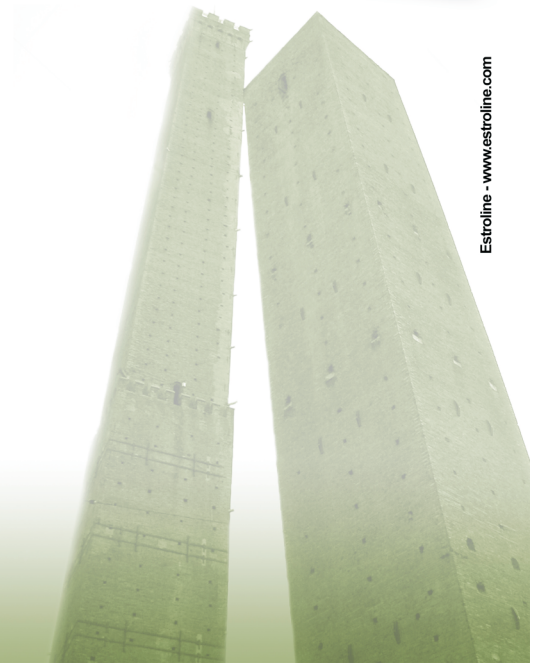
72° Congresso dell'Unione Zoologica Italiana

Bologna, 5-8 Settembre 2011

Riassunti dei contributi scientifici



ALMA MATER STUDIORUM
UNIVERSITA' DI BOLOGNA





ALMA MATER STUDIORUM
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA



Dipartimento di
Biologia Evoluzionistica Sperimentale

LXXII Congresso Nazionale dell'Unione Zoologica Italiana



Bologna, 5-8 Settembre 2011

COMITATO ORGANIZZATORE

Barbara Mantovani (Presidente, Univ. Bologna)
Ettore Olmo (Presidente U.Z.I., Univ. Ancona)
Valeria Franceschini (Univ. Bologna)
Marco Passamonti (Univ. Bologna)
Fausto Tinti (Univ. Bologna)

COMITATO SCIENTIFICO

Ettore Olmo (Presidente U.Z.I., Univ. Ancona)
N. Emilio Baldaccini (Univ. Pisa)
Ferdinando Boero (Univ. Lecce)
Gaetano Ciarcia (Univ. Napoli)
Elvira De Matthaeis (Univ. Roma)
Valeria Franceschini (Univ. Bologna)
Francesco Frati (Univ. Siena)
Barbara Mantovani (Univ. Bologna)
Angela Mauceri (Univ. Messina)
Nicolò Parrinello (Univ. Palermo)
Tomaso Patarnello (Univ. Padova)
Marco Passamonti (Univ. Bologna)
Mario Pestarino (Univ. Genova)
Fausto Tinti (Univ. Bologna)

SEGRETERIA ORGANIZZATIVA

MI&T – Viale Carducci 50, Bologna – info@mitcongressi.it

∞ Indice dei contributi scientifici ∞

Simposio I Riproduzione e adattamenti	pag.	7
Simposio II Filogenesi e sistematica: dall'approccio morfologico a quello molecolare	pag.	35
Simposio III Evoluzione delle strutture e dei meccanismi per la percezione degli stimoli	pag.	79
Simposio IV Diversità, connettività ed evoluzione in ambiente marino	pag.	91
Poster a tema libero	pag.	123
Indice degli Autori	pag.	175

Bologna, 5 settembre 2011

Cari Colleghi,

a nome dei Comitati Organizzatore e Scientifico vi ringrazio della partecipazione al 72° Congresso dell'Unione Zoologica Italiana nella città e nell'Università di Bologna che vide 111 anni fa lo svolgimento del 1° Congresso della nostra Unione appena fondata.

Nel segno dell'importante tradizione e storia universitaria bolognese e con la memoria al ruolo che la Zoologia e l'Anatomia Comparata hanno avuto nella crescita culturale e scientifica del nostro paese, l'organizzazione ed il programma scientifico del 72° Congresso U.Z.I. vogliono innanzitutto offrire uno sguardo significativo alla diversità ed alla qualità delle conoscenze scientifiche di cui è ricca oggi la nostra Società.

I 4 Simposi ('Riproduzione e adattamenti', 'Filogenesi e sistematica: dall'approccio morfologico a quello molecolare', 'Evoluzione delle strutture e dei meccanismi per la percezione degli stimoli' e 'Diversità, connettività ed evoluzione in ambiente marino') e la Tavola Rotonda ('Le collezioni zoologiche museali - dalla conoscenza all'uso della conoscenza'), con oltre 130 contributi, trattano temi fondanti del nostro sapere scientifico ed affrontano problematiche e sfide significative non solo a livello culturale, ma per tutta la società. Le letture introduttive, tenute per ciascun simposio da Colleghi e Soci di riconosciuta fama internazionale, vogliono animare il nostro interesse e raccogliere importanti indicazioni per il futuro delle discipline zoologiche ed anatomo-comparate.

Nello spirito e secondo gli obiettivi di rinnovamento dei più recenti Congressi, il 72° Congresso U.Z.I. a Bologna vuole anche dare ampio spazio ai giovani ricercatori nella speranza che questa attenzione rafforzi la loro passione per gli studi zoologici ed anatomo-comparativi e che il dibattito scientifico in seno alla Società offra loro una significativa opportunità di formazione. Oltre 90 giovani dottorandi ed assegnisti di ricerca in Zoologia ed Anatomia Comparata hanno inviato contributi originali ed importanti. L'attenzione verso i giovani ricercatori si concretizzerà in una sessione in cui saranno oggetto di presentazione orale 10 poster selezionati dal Comitato Scientifico tra quelli inviati da dottorandi, assegnisti e giovani ricercatori non confermati.

È quindi con grande entusiasmo che Vi auguriamo una proficua e gradevole partecipazione ai lavori di questo nostro 72° Congresso dell'Unione Zoologica Italiana.

Barbara Mantovani

✎ Simposio I ✎

Riproduzione e adattamenti

*Simposio dedicato
al prof. B. Baccetti e al prof. B. A. Afzelius*

Coordinatori
B. Mantovani, F. Frati

Relazione

LA STRUTTURA DELLO SPERMATOOZOO NELLA FILOGENESI DEGLI INSETTI

R. DALLAI

Dipartimento di Biologia Evolutiva, Università degli Studi di Siena

La struttura dello spermatozoo degli Insetti, più della morfologia esterna, maggiormente soggetta alle pressioni selettive ambientali, può indicare l'appartenenza di un taxon ad un determinato gruppo animale. Possono essere citati numerosi esempi a questo riguardo per confermare che l'ultrastruttura dello spermatozoo può spesso risolvere dubbi circa le relazioni filogenetiche di gruppi con posizione tassonomica incerta.

Un aspetto importante che è emerso dall'osservazione dell'ultrastruttura di numerosi spermatozoi di insetti è che la cellula spermatica non si è evoluta come un insieme, ma piuttosto ogni componente dello spermatozoo si è modificata indipendentemente dalle altre. Occorre, pertanto, analizzare separatamente queste strutture ed individuare quelle che offrono elementi utili per una valutazione della loro trasformazione in chiave evolutiva.

L'assonema flagellare dello spermatozoo ha acquisito particolare importanza nelle indagini filogenetiche recenti, da quando è stato dimostrato che i microtubuli accessori, esterni al 9+2, sono una sinapomorfia di tutti gli Ectognatha; inoltre, essi presentano una parete costituita da protofilamenti di tubulina, in numero costante all'interno dello stesso ordine. Sulla base della presenza di questi microtubuli è stato stabilito, per esempio, che i Diplura sono da considerare più affini agli Ectognatha che agli Entognatha.

L'ultrastruttura dello spermatozoo ha permesso anche di chiarire la parafilia dei Paleoptera, l'affinità del nuovo ordine Mantophasmatodea con alcuni Polineoptera, quella dei Neuropterida con i Coleoptera e, infine, l'evoluzione all'interno dei Diptera.

Una considerazione finale merita l'evoluzione dell'apparato riproduttore nel suo complesso. Questo apparato evolve coerentemente nei due sessi. Lo studio comparativo del sistema genitale effettuato di recente su alcune specie di Zoraptera, ha messo in luce due modelli riproduttivi congruenti con la struttura degli spermatozoi, la modalità di trasferimento delle cellule germinali alla femmina e la peculiare e differente organizzazione dell'apparato riproduttore maschile e femminile all'interno dell'ordine.

∞ COMUNICAZIONI ORALI ∞

**IMMAGAZZINAMENTO DEGLI SPERMATOZOI MEDIANTE
'SPERMATODOSES' NELLA SPERMATECA DELLA PSILLA DEL
LAURO *Trioza alacris* (FLOR, 1861) (HEMIPTERA,
PSYLLOIDEA, TRIOZIDAE):
ASPETTI STRUTTURALI ED ULTRASTRUTTURALI**

D. MARCHINI¹, G. DEL BENE², R. VISCUSO³, R. DALLAI¹

¹Dipartimento Biologia Evolutiva, Università degli Studi di Siena

²CRA, Centro Ricerca Agrobiologia e Pedologia, Firenze

³Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche ed Ambientali,
Università degli Studi di Catania

Negli insetti, generalmente, le femmine immagazzinano gli spermatozoi ricevuti dal maschio al momento dell'accoppiamento nelle spermateche, organi in cui essi possono essere mantenuti vitali per lungo tempo prima della fecondazione. La spermateca di *Trioza alacris* può contenere da una a circa cinquanta masse capsulate di spermatozoi, denominate 'spermatodoses'.

Lo studio morfologico ed ultrastrutturale della spermateca è stato condotto su adulti della popolazione svernante di *T. alacris*, prelevati da una siepe di alloro nell'area urbana nord-est di Siena, durante il periodo riproduttivo (marzo-maggio, 2006-2009). Le osservazioni sono state effettuate mediante stereomicroscopio, microscopio ottico ed elettronico a scansione e trasmissione.

La spermateca, sacciforme, ha un epitelio costituito da: grandi cellule secerenti, caratterizzate da un'ampia cavità, bordata di microvilli, in cui si accumula il secreto prima di essere riversato nel lume dell'organo; cellule laminari, responsabili della formazione dell'intima cuticolare e di una struttura specializzata per lo sbocco del secreto.

Dopo la copula, gli spermi trasferiti a livello dell'istmo della spermateca si spingono nel lume del sacco dell'organo e vengono incapsulati da un involucre che include secrezioni di origine maschile e femminile. È documentato per la prima volta negli insetti il contributo della secrezione spermatecale alla formazione delle 'spermatodoses'.

LA DOPPIA EREDITÀ UNIPARENTALE NEI MOLLUSCHI BIVALVI (DUI): UN UTILE MODELLO PER STUDIARE IL RUOLO DEI MITOCONDRI NELLA FORMAZIONE DELLA LINEA GERMINALE

L. MILANI, F. GHISELLI, M. G. MAURIZII, M. PASSAMONTI
*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale,
Università degli Studi di Bologna*

Durante le prime divisioni embrionali, le cellule che ereditano una precisa struttura citoplasmatica detta nuage daranno origine alla linea germinale. Il nuage è formato da proteine ed RNA prodotti da geni altamente conservati nei metazoi e la sua colocalizzazione coi mitocondri suggerisce un loro ruolo nella formazione della linea germinale.

Abbiamo determinato il posizionamento dei mitocondri dello spermatozoo durante l'embriogenesi di *Venerupis philippinarum*, tramite analisi al TEM e marcatura *in vivo*. Abbiamo anche studiato la localizzazione di Vasa, una proteina determinante della linea germinale, ed il pattern delle tubuline in relazione al posizionamento dei mitocondri dello spermatozoo nell'embrione in divisione.

Durante lo sviluppo degli embrioni maschi, i mitocondri derivati dallo spermatozoo si aggregano in corrispondenza del primo piano di divisione. L'analisi effettuata suggerisce un ruolo delle tubuline nel posizionamento di questi organelli. L'esame morfologico al TEM ha inoltre permesso il riconoscimento di strutture tipiche coinvolte nella formazione della linea germinale.

I microtubuli sono coinvolti nel posizionamento dei mitocondri dello spermatozoo nella linea germinale, e la colocalizzazione di Vasa suggerisce un ruolo di entrambi nella sua formazione. Strutture tipiche indicano un meccanismo condiviso per la determinazione delle cellule germinali primordiali, rendendo la DUI un utile modello per capire meccanismi biologici generali.

LEPTINA E SUO RECETTORE NEI RETTILI: UN POSSIBILE NESSO TRA RIPRODUZIONE E ADATTAMENTO

E. COCCIA, E. VARRICCHIO, R. PUTTI, M. PAOLUCCI

*Dipartimento di Scienze per la Biologia, la Geologia e l'Ambiente
(DISBAG), Università degli Studi del Sannio, Benevento*

Il ciclo stagionale delle riserve energetiche cui sono sottoposti gli animali ectotermi è finemente regolato e associato alla riproduzione. Simile regolazione presuppone l'esistenza di un sofisticato sistema lipostatico che potrebbe essere fornito dalla leptina, un peptide filogeneticamente conservato, il cui gene non è ancora stato identificato nei rettili.

La presenza della leptina e del suo recettore nelle gonadi della lucertola *Podarcis sicula* è stata messa in evidenza con metodi immunologici utilizzando anticorpi prodotti nei mammiferi. L'analisi di evoluzione molecolare da noi eseguita indica la similarità della struttura secondaria e terziaria tra leptina dei rettili e leptina dei mammiferi.

Leptina e recettore sono presenti nelle cellule germinali in diverse fasi della gametogenesi. L'analisi molecolare rivela che sebbene le proteine dedotte mostrassero una bassa similarità della sequenza amminoacidica, la struttura tridimensionale predetta era identica a quella dei mammiferi. È stato anche identificato un gene del recettore della leptina.

La leptina potrebbe svolgere un ruolo regolativo della gametogenesi in *Podarcis sicula*, così come ipotizzato nei mammiferi.

**MORFOLOGIA E SVILUPPO DELL'APPARATO
RIPRODUTTORE IN *Lightiella magdalenina*
(CRUSTACEA, CEPHALOCARIDA)**

A. ADDIS, F. FABIANO, V. DELOGU, F. BIAGI, M. CARCUPINO
*Dipartimento di Zoologia e Genetica Evoluzionistica,
Università degli Studi di Sassari*

Hutchinsoniella macracantha depone due uova fecondate per atto riproduttivo, mentre le specie del genere *Lightiella* sembrano deporne soltanto uno. Per verificare tale ipotesi, avanzata sul numero dei sacchi ovigeri osservati negli esemplari adulti, in questo lavoro è stata analizzata la morfologia e lo sviluppo dell'apparato riproduttore di *Lightiella magdalenina*.

Esemplari a diverso stadio di sviluppo di *L. magdalenina*, rinvenuti nel sedimento sabbio-fangoso ricco in materia organica, a 15-20 metri di profondità nel fondale antistante l'isola di S. Stefano (Arcipelago di La Maddalena, Sardegna, Italia), sono stati fissati in Bouin e quindi processati per le successive analisi di microscopia ottica.

Negli adulti, due ovari sacciformi si connettono ai deferenti per aprirsi in un poro genitale comune sulla sesta appendice. I testicoli appaiono in fase spermatogenetica mentre gli ovociti dei due ovari mostrano uno sviluppo asincrono. Ovociti meiotici e previtellogenetici sono riconoscibili solo nel germario e nel lume ovarico degli esemplari larvali.

L. magdalenina, come *H. macracantha*, è un ermafrodita simultaneo, ma differentemente da quest'ultima, depone di un unico uovo per atto riproduttivo. Lo sviluppo precoce degli ovari e soprattutto lo sviluppo asincrono degli ovociti dei due ovari, portano alla maturazione e conseguente deposizione di una singola cellula uovo.

**ANIDROBIOSI E DIGIUNO:
STRUTTURA E ULTRASTRUTTURA DI ROTIFERI
BDELLOIDEI DORMIENTI**

C. RICCI¹, R. MAROTTA², F. LEASI³, G. MELONE⁴

¹*Dipartimento di Protezione dei Sistemi agroalimentare e urbano e
Valorizzazione delle Biodiversità, Università degli Studi di Milano*

²*Istituto Italiano di Tecnologia (IIT), Genova*

³*Imperial College London (Silwood Park), Ascot, Berkshire*

⁴*Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Milano*

I rotiferi bdelloidei sono invertebrati acquatici capaci di sopportare disidratazione (anidrobiosi) e privazione di cibo (starvation) ricorrendo alla dormienza, ovvero sospendendo temporaneamente ogni attività. Sia anidrobiosi che starvation evocano risposte simili sia per sopravvivenza (funzione della durata dello stress) che per il ciclo vitale successivo al risveglio ('Bella Addormentata').

Vengono presentate morfologia e struttura di rotiferi dormienti per anidrobiosi e per digiuno al microscopio ottico, confocale e elettronico nell'ipotesi che alla base della loro sopravvivenza vi siano arrangiamenti cellulari e tissutali simili.

I rotiferi dormienti riducono il volume corporeo compattando gli organi e riducendo le cavità. Negli anidrobionti le strutture, compattate, rimangono identificabili e i cambiamenti sono a carico dell'epidermide, in particolare pori e mitocondri. Rotiferi digiuni riducono i lipidi della parete dello stomaco e i granuli di vitello del vitellario.

I risultati indicano che nell'anidrobiosi le strutture vengono preparate per essere funzionali al risveglio, mentre nella dormienza da digiuno si osserva un progressivo consumo di risorse per prolungare la sopravvivenza. Ciononostante la ripresa della riproduzione dopo entrambe le dormienze necessita dello stesso tempo.

**L'ASSEMBLAGGIO DE NOVO DEL TRASCRITTOMA DI
Venerupis philippinarum SUGGERISCE UN
COLLEGAMENTO FRA ESPRESSIONE GENICA
DIFFERENZIALE, EREDITÀ MITOCONDRIALE E
DETERMINAZIONE DEL SESSO**

F. GHISELLI¹, L. MILANI¹, P. L. CHANG², D. HEDGECOCK², J. P. DAVIS²,
S. V. NUZHDIN², M. PASSAMONTI¹

¹*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale,
Università degli Studi di Bologna*

²*Molecular & Computational Biology, University of Southern California*

Ruditapes philippinarum è una delle specie più importanti nel panorama dell'acquacoltura a livello mondiale ed è caratterizzata dall'eredità uniparentale doppia (DUI) dei mitocondri: due genomi mitocondriali sono presenti, uno trasmesso tramite le uova, l'altro tramite lo spermatozoo. Esiste anche un sex-bias della progenie, probabilmente controllato dal genotipo della madre.

Il protocollo di RNA-Seq su piattaforma Illumina/Solexa, è stato applicato a maschi e femmine provenienti da famiglie che presentavano un sex-bias opposto (prevalentemente maschile vs prevalentemente femminile). L'intero trascrittoma delle gonadi è stato ottenuto mediante assemblaggio de novo.

L'ottenimento di 22886 geni rappresenta un incremento notevole delle informazioni genetiche a disposizione per questa specie e per i bivalvi in generale. Confronti fra patterns di espressione fra sessi e famiglie hanno consentito di formulare un modello che sembra connettere strettamente determinazione del sesso ed eredità mitocondriale.

Questo lavoro pone le basi genetiche per l'analisi di importanti argomenti come espressione genica differenziale, selezione sessuale, accoppiamento assortativo, competizione fra gameti e conflitti genomici. Inoltre esso mette in relazione due temi centrali della biologia evoluzionistica: eredità mitocondriale e determinazione del sesso.

**AI MASCHI NON PIACE LA CLASSE OPERAIA:
RICONOSCIMENTO CASTALE E PREFERENZE MASCHILI
NELLA VESPA *Polistes dominulus***

F. CAPPÀ, C. BRUSCHINI, R. CERVO, I. LUZI, S. TURILLAZZI, L. BEANI
*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica 'Leo Pardi',
Università degli Studi di Firenze*

L'assegnazione ad una casta delle vespe del genere *Polistes* rappresenta un argomento dibattuto data la mancanza di differenziazione castale su base morfologica. Nel presente studio è stata valutata la capacità di scelta dei maschi di *Polistes dominulus* tra operaie e riproduttrici poiché solo queste ultime garantiscono il successo riproduttivo maschile.

Maschi sessualmente attivi prelevati in natura sono stati sottoposti a saggi comportamentali di laboratorio introducendo ciascun maschio in una arena e presentando in sequenza una riproduttrice ed una operaia distinte su base comportamentale e successivamente dissezionate. Ciascuna prova è stata videoregistrata per quantificare le interazioni sessuali osservate.

I maschi di *Polistes dominulus* mostrano una netta preferenza per le femmine riproduttrici a prescindere dal grado di sviluppo ovarico, dalle dimensioni corporee e dal disegno facciale presente sul clipeo, potenziali indici di qualità della femmina.

L'idea di una scelta maschile rappresenta un'apparente contraddizione al paradigma della selezione sessuale secondo cui sarebbero le femmine ad essere selettive. I nostri risultati mostrano, invece, che i maschi di *Polistes dominulus* sono capaci di discriminare tra casta riproduttiva e operaia e di effettuare una scelta a favore della prima.

**STRATEGIE RIPRODUTTIVE, VARIABILITÀ GENETICA E
RETROTRAPOSONI SINE NEL GENOMA DELLE TERMITI
SOTTERRANEE *Reticulitermes lucifugus* E *R. speratus*
(ISOPTERA, RHINOTERMITIDAE)**

A. LUCHETTI¹, K. MATSUURA², B. MANTOVANI¹

¹Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale, MoZoo Lab,
Università degli Studi di Bologna

²Laboratory of Insect Ecology, Graduate School of Environmental Science,
Okayama University

Le colonie della termite giapponese *R. speratus* si mantengono tramite regine secondarie prodotte per partenogenesi (sistema AQS); queste, reincrociandosi con il re, sembrano contribuire al mantenimento della variabilità genetica, altrimenti destinata a ridursi nelle colonie con inincrocio di reali secondari consanguinei come atteso, ad esempio, nell'italiana *R. lucifugus*.

In colonie delle due specie è stata analizzata la dinamica dei retrotrasposoni SINE *Talub* e *Taluc* tramite lo studio del numero di copie per genoma e delle frequenze di inserzione, nell'ipotesi che la presenza di inincrocio porti ad un numero di copie e a frequenze di inserzione più alti.

Le colonie di *R. speratus* mostrano poche inserzioni e con una bassa frequenza, rispecchiando il mantenimento di un genoma variabile. Le colonie di *R. lucifugus* mostrano una condizione riconducibile ad un quadro di inincrocio con l'eccezione di una colonia toscana, che mostra un profilo comparabile a quello dei campioni giapponesi.

I risultati suggeriscono, innanzitutto, che la colonia toscana di *R. lucifugus* segua una strategia AQS; ciò sembra confermato da recentissimi dati sulla sex ratio dei riproduttori secondari (100% femmine). In termini generali, si dimostra come la partenogenesi, contrariamente alle ipotesi più accreditate, possa partecipare al mantenimento della variabilità genetica.

**VANTAGGI SELETTIVI DEL GONOCORISMO E
DELL'ERMAFRODITISMO: CONFRONTO TRA SPECIE
APPARTENENTI AL GENERE *Ophryotrocha*
(POLYCHAETA)**

M. P. MARTINO¹, D. PREVEDELLI¹, G. MASSAMBA N'SIALA¹,
G. D. SCHLEICHEROVA², M. C. LORENZI², G. SELLA², R. SIMONINI¹

¹Dipartimento di Biologia,

Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia,

²Dipartimento di Biologia Animale e dell'Uomo,

Università degli Studi di Torino

I vantaggi selettivi di ermafroditismo e gonocorismo sono stati affrontati approfonditamente a livello teorico, mentre sono scarse le dimostrazioni sperimentali. Il genere *Ophryotrocha*, che comprende sia specie gonocoriche che ermafrodite, rappresenta un valido modello biologico per la verifica sperimentale dei vantaggi e degli svantaggi di questi due tipi di sessualità.

Coorti di individui appartenenti a specie gonocoriche (*O. labronica*, *O. robusta*) ed ermafrodite (*O. adherens*, *O. diadema*), allevate in laboratorio, sono state esposte a diverse densità ('alta' e 'bassa') per verificare le seguenti ipotesi: - il gonocorismo è vantaggioso ad alta densità; - l'ermafroditismo riduce lo svantaggio a bassa densità.

Ad alta densità le specie gonocoriche presentano fecondità normalizzata alla taglia maggiore di quelle ermafrodite. Viceversa, a bassa densità, le specie ermafrodite hanno una fecondità normalizzata alla taglia paragonabile o superiore alle specie gonocoriche. Nelle specie ermafrodite la fecondità è sempre maggiore a bassa piuttosto che ad alta densità.

I risultati supportano quanto previsto dalla teoria dell'allocazione sessuale. Il gonocorismo è la strategia che permette la maggiore fitness quando la densità di popolazione e le probabilità di accoppiamento sono alte; l'ermafroditismo può diventare vantaggioso in condizioni di bassa densità, quando la probabilità di incontrare il partner è bassa.

POSTER

**IDENTIFICAZIONE E ANALISI DELL'ESPRESSIONE
STAGIONALE DELLA SELENIOPROTEINA GLUTATIONE
PEROSSIDASI IDROSSIDO FOSFOLIPIDE (PHGPx) NELLA
SPERMATOGENESI DEL LACERTIDAE, *Podarcis sicula***

R. BATTIMO¹, S. TROCCHIA¹, G. GUERRIERO^{1,2}

¹ECLAB - Dipartimento delle Scienze Biologiche,
Università degli Studi di Napoli Federico II

²CIRAM - Università degli Studi di Napoli Federico II

La selenioproteina glutatione perossidasi idrossido fosfolipide (PHGPx) è un enzima chiave della spermatogenesi. Il nostro studio su PHGPx è stato condotto negli esemplari sessualmente maturi del lacertidae, *Podarcis sicula* la cui attività spermatogenetica è quiescente durante il periodo invernale (stasi riproduttiva), massima in primavera (riproduzione) e re-gerita in piena estate (refrattarietà).

Indagini molecolari mediante PCR Retro Trascrizionale (RT-PCR) ne hanno permesso una sua sequenza parziale e la successiva stima comparativa dei domini proteici e dei residui aminoacidici conservati. La valutazione del livello di espressione di PHGPx è stata condotta su mRNA in varie fasi di sviluppo del testicolo. L'anticorpo policlonale anti-PHGPx è stato utilizzato per analisi stagionale di Western blotting.

La regione parziale clonata di cDNA è di 340 bp; i domini proteici conservati ne segnalano la sua appartenenza alle selenioproteine e l'analisi dei residui aminoacidici la sua valenza come antiossidante. L'espressione testicolare di PHGPx aumenta nel periodo riproduttivo e diminuisce drasticamente nel periodo refrattario. Trattamenti con HCG ne aumentano l'immunoreattività mentre l'anti-estrogeno ICI 182-780 ne induce una sua riduzione.

In conclusione, il nostro studio sull'antiossidante PHGPx ne ha permesso l'identificazione, la parziale caratterizzazione nel Lacertidae *Podarcis sicula* e la sua conservazione evolutiva. L'analisi dell'espressione stagionale ne ha evidenziato, inoltre, un suo coinvolgimento nella maturazione degli spermatozoi e una sua dipendenza ormonale.

**GENESI DEGLI SPERMATODESMI DI *Tylopsis liliifolia*
(FABRICIUS) (ORTHOPTERA: TETTIGONIIDAE) E LORO
TRASFERIMENTO ALLE VIE GENITALI FEMMINILI**

M. V. BRUNDO, B. BONACCORSI, A. MARLETTA,
D. G. M. VITALE, R. VISCUSO

*Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali,
Università degli Studi di Catania*

Nei Tettigoniidae gli spermatodesmi, nel corso del loro transito all'interno dello spermidotto, vanno incontro a marcati rimaneggiamenti che riguardano prevalentemente l'organizzazione della cap. Tale situazione, invece, non si riscontra in *Tylopsis liliifolia*, dove gli spermatodesmi e gli spermatozoi presentano una peculiare organizzazione rispetto a quanto già noto in letteratura.

Le indagini hanno riguardato il testicolo, lo spermidotto, le vescicole seminali di maschi sessualmente maturi e la spermatofora prelevata ad intervalli di tempo dalla sua deposizione. Le strutture da analizzare sono state prelevate allo stereomicroscopio e trattate per l'osservazione al MO, al SEM ed al TEM.

Gli spermatodesmi si formano a livello delle cisti testicolari contemporaneamente all'organizzazione dell'acrosoma; quest'ultimo presenta due 'ali' spiralizzate attorno al nucleo che si organizzano in tempi successivi. La cap non si modifica all'interno dello spermidotto dove si evidenzia una marcata spermiofagia. All'interno della spermatofora gli spermatodesmi vanno incontro a riorganizzazione.

Dai risultati conseguiti, si può affermare che in *Tylopsis* l'organizzazione degli spermatodesmi ed il loro comportamento nelle vie genitali maschili, rappresenta una peculiarità rispetto agli altri Tettigoniidae; come in questi ultimi, invece, il trasferimento alle vie genitali femminili si realizza tramite una voluminosa spermatofora dove gli spermatodesmi vanno incontro a riorganizzazione.

**INCREMENTI DELLA ATTIVITÀ RIPRODUTTIVA E DELLA
DURATA DELLA VITA NELLA FASE ASESSUALE DI
Aeolosoma hemprichi (ANNELIDA APHANONEURA)
IN SEGUITO A RESTRIZIONE CALORICA**

R. FALCONI, M. CASCINI, F. ZACCANTI

*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale,
Università degli Studi di Bologna*

Gli effetti della restrizione calorica sono stati studiati, oltre che sui mammiferi e sugli uccelli, anche su specie gonocoriche di invertebrati. Gli aeolosomatidi sono stati considerati un modello utile per saggiare gli effetti della riduzione calorica sulla durata della vita e sul processo riproduttivo asessuale.

Colture singole di *Aeolosoma hemprichi* sono state allestite fornendo alimentazione quantitativamente variata dal 100% allo 0% del cibo e mantenute per tutta la durata dell'arco vitale. Sono stati raccolti dati sulla attività riproduttiva in termini di numero di figli (nF) prodotti per paratomia pigidiale (nF totale e nF al giorno).

Il numero totale di figli prodotti è più elevato negli animali alimentati al 70% rispetto a quelli al 100% o a percentuali più basse. La durata della vita è minore negli esemplari alimentati al 100% che tuttavia presentano l'attività riproduttiva giornaliera più elevata pur con una maggiore incidenza di patologie.

Dai risultati ottenuti emerge che mangiare *ad libitum* riduce la sopravvivenza ed aumenta l'incidenza di patologie in *Aeolosoma hemprichi*. Il potenziale riproduttivo in termini di nF/g è proporzionale alla quantità di alimento mentre nF totale risulta dall'interazione tra prolungamento della vita e riduzione di nF/g.

INDAGINE MORFOLOGICA ED ULTRAISTRUTTURALE SULLO SPERMATOOZOO DI ASTORE, *Accipiter gentilis*

A. M. FAUSTO¹, A. R. TADDEI², F. BATOCCO¹, E. ARCIONI³, D. ARCIONI⁴

¹*Dipartimento per l'Innovazione nei Sistemi Biologici, Agroalimentari e Forestali, Università degli Studi della Tuscia, Viterbo*

²*Centro Interdipartimentale di Microscopia Elettronica, Università degli Studi della Tuscia, Viterbo*

³*Associazione Centro Conservazione della Natura, Loc. Sant'Elia Caprinica (Viterbo)*

⁴*Centro di Riproduzione Assistita di Assisi, Loc. Protomartiri Francescani, Assisi (Perugia)*

Nell'ambito dei progetti per la salvaguardia della biodiversità, stanno acquisendo un ruolo rilevante le biotecnologie della riproduzione. Nel presente lavoro, al fine di mettere a punto metodologie idonee per la crioconservazione dello spermatozoo di astore, rapace in pericolo di estinzione, ne sono state descritte la citomorfologia normale e le anomalie morfologiche.

Gli spermatozoi sono stati raccolti durante la stagione riproduttiva 2010 da esemplari diversi per età utilizzando il metodo cooperativo. I campioni sono stati preparati ed osservati al microscopio elettronico a scansione (SEM) ed a trasmissione (TEM).

Lo spermatozoo ha un aspetto filiforme, con testa falciforme. Elementi caratteristici sono il perforatorium nella regione acrosomiale della testa, l'annulus, le 9 fibre dense nel pezzo intermedio della coda. Negli spermatozoi appena raccolti, l'81% ha presentato una citomorfologia normale; sono state evidenziate anomalie strutturali, principalmente a carico della testa.

Le osservazioni fatte hanno permesso di analizzare e descrivere per la prima volta la morfologia e l'ultrastruttura dello spermatozoo di astore. Questi primi risultati forniscono le conoscenze di base indispensabili nella stima della qualità del seme, prima e durante il processo di crioconservazione e dopo lo scongelamento.

RIPRODUZIONE DEL CORALLO SOLITARIO
***Caryophyllia inornata* (SCLERACTINIA, CARYOPHYLLIDAE)**
NEL MEDITERRANEO

S. GOFFREDO¹, C. MARCHINI¹, M. ROCCHI¹, V. AIRI¹, E. CAROSELLI¹,
G. FALINI², O. LEVY³, Z. DUBINSKY³, F. ZACCANTI¹

¹*Marine Science Group, Dipartimento di Biologia Evoluzionistica
Sperimentale, Università degli Studi di Bologna*

²*Dipartimento di Chimica 'Giacomo Ciamician',
Università degli Studi di Bologna*

³*The Mina and Everard Goodman Faculty of Life Sciences,
Bar-Ilan University, Ramat-Gan, Israel*

Le conoscenze sulla biologia riproduttiva dei coralli delle zone temperate sono molto limitate. E' necessario incrementare gli studi sulla riproduzione di questi organismi per quantificarne la resilienza al potenziale impatto dei cambiamenti climatici, che si prevede più importante nella fascia temperata rispetto a quella tropico-equatoriale.

Questa ricerca rientra nel progetto FP7-IDEAS-ERC 'CoralWarm' (<http://www.CoralWarm.eu/>) che si propone di studiare l'influenza dell'aumento della temperatura del mare sulla biologia delle scleractinie del Mediterraneo. Sono stati eseguiti rilevamenti citometrici su preparati istologici ottenuti da esemplari di *Caryophyllia inornata* raccolti all'isola d'Elba in 18 campionamenti mensili.

Gli individui sessualmente attivi sono risultati o spermatogenetici o ovogenetici. Le dimensioni degli individui spermatogenetici non erano differenti da quelle degli individui ovogenetici.

L'embrionogenesi avveniva sia negli individui ovogenetici che in quelli spermatogenetici e anche in individui non gametogenetici.

COLTURE CELLULARI PRIMARIE OTTENUTE DA GONADI DEL COMUNE RICCIO DI MARE *Paracentrotus lividus*

S. MERCURIO, C. DI BENEDETTO, M. SUGNI,
A. M. GHAZZAY, M. D. CANDIA CARNEVALI

Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Milano

Considerate le enormi potenzialità dell'approccio *in vitro* nello studio della biologia riproduttiva, sono state condotte ricerche preliminari per l'allestimento di colture cellulari primarie ottenute da gonadi del comune riccio di mare *Paracentrotus lividus*. Una volta caratterizzati i citotipi, è stata condotta un'accurata indagine del mezzo di coltura più idoneo.

I citotipi sono stati caratterizzati con tecniche di microscopia ottica ed elettronica a trasmissione. Successivamente, sono stati testati 3 diversi mezzi di coltura modificati: L-15, M199 e MEM. Il mezzo più idoneo è stato determinato mediante l'osservazione a contrasto di fase delle cellule in coltura e della loro vitalità utilizzando Tripan blue.

In vitro sono stati ritrovati gli stessi citotipi già descritti nel modello *in vivo*: fagociti nutritivi e cellule germinali a diversi stadi di maturazione. Sia l'osservazione a contrasto di fase che la vitalità di queste cellule risultano ottimali utilizzando il mezzo di coltura Leibovitz-15 modificato.

I dati finora ottenuti mostrano come sia possibile ottenere colture cellulari da gonadi di riccio di mare e mantenerle vitali fino a quattro settimane. Nonostante ulteriori studi siano sicuramente necessari per un'adeguata ottimizzazione dei metodi, l'approccio da noi proposto si dimostra un ottimo modello sperimentale.

DNA BARCODING E STRATEGIE RIPRODUTTIVE NEL GENERE *Ramazzottius* (TARDIGRADA, EUTARDIGRADA)

L. REBECCHI¹, M. BIGI², R. BERTOLANI¹, T. ALTIERO¹, M. CESARI¹

¹*Dipartimento di Biologia,*

Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia

²*DIPROVAL – Sez. Allevamenti Zootecnici,*

Università degli Studi di Bologna

Nell'ambito del progetto MoDNA (morfologia e DNA) è stato utilizzato l'approccio del DNA barcoding, associato a comparazioni morfologiche e carilogiche. È stata valutata la variabilità inter- ed intraspecifica nel genere *Ramazzottius*, caratterizzato dalla presenza di specie criptiche e da diverse modalità riproduttive e talvolta diverso grado di ploidia.

Mediante approccio morfologico (LM, SEM) e molecolare (mtDNA cox1) sono stati analizzati esemplari di *Ramazzottius* provenienti da 15 località europee. Per correlare morfologia e sequenze sono stati allestiti voucher specimens, compresi gusci di uova (molto importanti per la diagnosi specifica) dalle quali sono sgusciati neonati utilizzati per l'analisi molecolare.

Tre campioni contengono rispettivamente *Ramazzottius varieornatus*, *Ramazzottius tribulosus* ed una nuova specie di *Ramazzottius*, distinguibili sia su base morfologica che molecolare. Negli altri campioni gli esemplari (animali e uova) sono tutti morfologicamente attribuibili a *Ramazzottius oberhaeuseri*, ma si distinguono tra loro per sex ratio, ploidia e per notevoli differenze molecolari.

I dati evidenziano la validità dell'approccio integrato nello studio della diversità nei tardigradi e dell'utilizzo del DNA barcoding. Nel genere *Ramazzottius*, ed in particolare nell'ambito della morfospecie *R. oberhaeuseri*, è confermata la presenza di specie criptiche, alcune delle quali con ampia diffusione e con strategie riproduttive diverse.

RUOLO DEL PROGESTERONE NELL'OVAIO DEL LACERTIDE *Podarcis sicula*

P. SIMONIELLO, C. M. MOTTA
*Dipartimento delle Scienze Biologiche,
Università degli Studi di Napoli Federico II*

Estrogeni, androgeni e progestinici sono importanti regolatori dei processi riproduttivi: i loro siti di azione e il loro ruolo fisiologico sono ben conosciuti nei mammiferi ma ancora poco noti nei rettili. Il nostro lavoro ha lo scopo di chiarire il ruolo del progesterone nei meccanismi di reclutamento ovocitario nei rettili lacertiliani.

Femmine di *Podarcis sicula* sono state trattate con l'ormone in Aprile, periodo riproduttivo, e in Autunno durante la fase di recrudescenza ovarica. Gli effetti sono stati determinati contando il numero di oogoni, di ovociti prefollicolari e follicoli; ed in parallelo localizzando il recettore mediante analisi di immunocitochimica e western blot.

Il trattamento induce l'aumento del numero, di oogoni solo nel periodo riproduttivo, degli ovociti prefollicolari e dei follicoli in entrambi i periodi. In Aprile il recettore è presente con 2 isoforme, α e β , localizzate nel nucleo delle piriformi, in Novembre l'unica isoforma è localizzata nel citoplasma delle piriformi.

Il progesterone controlla la proliferazione ed il reclutamento delle cellule germinali. Questo processo è probabilmente indiretto, mediato dall'espressione differenziale nelle cellule follicolari delle 2 isoforme del recettore nei diversi periodi del ciclo ovarico. In *Podarcis* quindi, come nei mammiferi, il progesterone ha un ruolo chiave nel controllo dell'ovogenesi.

**ORGANIZZAZIONE STRUTTURALE DELL'APPARATO
GENITALE FEMMINILE DI *Euceraphis betulae* (KOCH)
(HOMOPTERA: APHIDOIDEA)**

D. G. M. VITALE, M. V. BRUNDO, A. MARLETTA, R. VISCUSO
*Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche ed Ambientali,
Università degli Studi di Catania*

Gli Aphidoidea meritano attenzione per le loro caratteristiche riproduttive. Indagini sull'organizzazione dell'apparato genitale maschile e femminile degli individui anfigonici possono apportare utili informazioni sulla biologia riproduttiva di questi insetti di cui poco è noto. Nel presente lavoro viene presa in considerazione la femmina anfigonica di *Euceraphis betulae* (Koch).

Le indagini sono state effettuate su preparati trattati per l'osservazione al microscopio ottico (MO) ed elettronico a scansione (SEM). Per quanto riguarda il MO, le osservazioni sono state condotte su sezioni semifini (600-700 nm) colorate con Blu di Toluidina e su sezioni standard; indagini istochimiche sono state effettuate sugli ovaroli.

L'apparato genitale risulta composto da due ovari meroistici acrotrofici. Gli ovidutti laterali confluiscono direttamente nella vagina nella quale si aprono, dorsalmente, due ghiandole accessorie e, tra queste, la spermatoteca. Quest'ultima dopo l'accoppiamento si dilata, poiché il lume si riempie di un secreto denso in cui sono immersi numerosi spermatozoi isolati. Da quanto noto per l'apparato genitale maschile (Vitale et al., 2011), si ipotizza che la semplicità strutturale riscontrata a carico dell'apparato genitale femminile sia collegata con la modalità riproduttiva degli Aphidoidea. Tali indagini rappresentano una premessa di base importante per ulteriori studi, considerato il ruolo degli Aphidoidea in ambito agronomico.

❧ Simposio II ❧

***Filogenesi e sistematica:
dall'approccio morfologico a
quello molecolare***

Coordinatori
M. Passamonti, E. De Matthaeis

Relazione

UNRAVELING THE 'PECULIARITIES OF ISLAND LIFE': VICARIANCE, DISPERSAL AND THE DIVERSIFICATION OF THE GIANT GALÁPAGOS TORTOISES.

A. CACCONE

Ecology and Evolutionary Biology, Yale University, CT, USA

...It is not too much to say that when we have mastered the difficulties presented by the peculiarities of island life we shall find it comparatively easy to deal with the more complex and less clearly defined problems of continental distribution (Wallace, 1902).

Since the time Alfred Russell Wallace penned these lines, remote oceanic islands have often been referred to as 'laboratories of evolution' as their simplified and rapidly maturing biota often clarifies evolutionary processes that are opaque in mature ecosystems. Hawaii and the Galápagos provide the classic textbook examples of adaptive evolutionary radiations, which have produced replicated patterns of endemism.

In isolated oceanic islands, colonization patterns are often interpreted as resulting from dispersal rather than vicariant events. Such inferences may not be appropriate when island associations change over time and do not follow a simple linear emergence model. Further complexity in the phylogeography of ocean islands arises when dealing with endangered taxa, as extinctions, uncertainty on the number of evolutionary 'units', and human activities can obscure the progression of colonization events.

In this communication I address these issues through a reconstruction of the evolutionary of giant Galápagos tortoises, integrating DNA data from extinct and extant species with information on recent human activities, 3D morphometric analyses, and new geological data. The use of these data to help in the management of this species will also be discussed in combination with novel methods to develop genome wide markers (SNP) for non-model organisms and integrating niche modeling analyses to predict species distributions.

Wallace AR (1902) *Island life* (Macmillan, London) 3rd Ed.

COMUNICAZIONI ORALI

MOLECULAR CLOCK ANALYSIS REVEALS A CAMBRIAN RADIATION AND EARLY TERRESTRIAL INVASION OF THE ECDYSOZOA

O. ROTA STABELLI¹, A. DALEY², D. PISANI³

¹*IASMA-FEM, Trento*

²*NHM, London*

³*NUIM, Ireland*

Ecdysozoans, moulting animals including insects and nematodes, pioneered invasion of lands and shaped ecosystems throughout geological time. Their broad phylogenetic divisions have been recently clarified, but their internal relationships, particularly of crustaceans, remain unclear. Tempo and mode of Ecdysozoan evolution as a whole is still widely unexplored.

Here we show their mode of evolution as a super-tree phylogeny compiled using multiple phylogenomic and mitogenomic datasets overall encompassing 80000 aligned positions from 300 genes and 158 taxa. We show their tempo of evolution as a molecular dating of multiple datasets, using relaxed clocks and a dense but flexible set of fossil calibrations.

Our phylogeny supports a new scenario for crustacean evolution and confirms a paraphyletic origin of Acari. Our time-trees reveal an Ediacaran origin of all major Ecdysozoan bodyplans, followed by a Cambrian fast radiation of most arthropod classes. Ecdysozoan evolution was affected by terrestrialization events in different groups, which occurred toward the end of the Cambrian and surprisingly earlier than their body fossils suggest.

These events, particularly radiation of nematodes, insects and onychophorans closely mirror the establishment of land plants and forests. A new pipeline of experiments to test for over-constraints and alternative priors indicates that these divergence dates are robust. Coupling the most complete phylogeny to date with a robust timeline provides an invaluable tool for examining the patterns of Ecdysozoan evolution.

FILOGENESI E DATAZIONE MOLECOLARE DELL'ORIGINE DELLE PRINCIPALI LINEE EVOLUTIVE DEI TARDIGRADA

T. MARCHIORO¹, O. ROTA STABELLI², R. GUIDETTI¹, D. PISANI³

¹*Dipartimento di Biologia,*

Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia

²*Research and Innovation Centre, Istituto Agrario San Michele all'Adige, FEM, Trento*

³*Department of Biology, the National University of Ireland, Maynooth, Kildare, Ireland*

La filogenesi dei tardigradi manca di dati decisivi che ne risolvano la topologia interna, così come manca una chiara datazione dell'origine dei principali taxa. Per colmare queste lacune, abbiamo analizzato in chiave evolutiva diversi marcatori nucleari in combinazione con nuove calibrazioni temporali utilizzando un approccio metodologico appositamente creato. Sequenze dei marcatori 18S e 28S rDNA appartenenti a numerose specie di tardigradi, unitamente a diversi punti di calibrazioni tra cui reperti paleontologici, sono state sottoposte ad approfondite analisi bayesiane. Esperimenti sono stati condotti sulle modalità di allineamento delle sequenze valutando approfonditamente i modelli filogenetici e di orologio molecolare impiegati.

Le analisi hanno prodotto un albero filogenetico del phylum la cui topologia è risolta e ben supportata. I cronogrammi collocano l'origine della linea evolutiva dei tardigradi nel medio cambriano, circa 500 milioni di anni fa, mentre le principali linee filogenetiche al suo interno emergono nei 200 milioni di anni successivi.

I risultati ottenuti hanno permesso di valutare ed integrare le attuali conoscenze sull'evoluzione dei Tardigrada e sulla loro filogenesi. Essi consentono inoltre di verificare diversi scenari evolutivi, tra cui gli eventi che hanno portato due distinte linee evolutive dei tardigradi alla colonizzazione delle terre emerse in modo indipendente.

UNA FILOGENESI MOLECOLARE DEI MOLLUSCHI BIVALVI: IL CONTRIBUTO DEI GENI MITOCONDRIALI NEL CHIARIRE LA STORIA EVOLUTIVA DELLA CLASSE

F. PLAZZI¹, A. CEREGATO², M. TAVIANI², M. PASSAMONTI¹

¹*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale,
Università degli Studi di Bologna*

²*Istituto di Scienze Marine (ISMAR), Consiglio Nazionale delle Ricerche*

La filogenesi dei molluschi bivalvi rimane un argomento piuttosto controverso, a causa della difficoltà di individuare e decifrare il corretto segnale filogenetico nei diversi marcatori molecolari utilizzati. Tuttavia, c'è un buon accordo tassonomico sui principali gruppi (famiglie e superfamiglie), ma i rapporti evolutivi tra questi sono risultati spesso poco chiari.

In questo lavoro presentiamo una filogenesi basata su quattro marcatori mitocondriali. Il nostro dataset comprende 122 specie di bivalvi e 436 sequenze in totale. La procedura utilizzata per ottenere il nostro albero prevede la codifica degli indel come presenza/assenza, un'analisi di partizione ed un'inferenza bayesiana per individuare l'albero filogenetico ottimale.

I geni codificanti proteine e rRNA hanno subito dinamiche evolutive diverse, per cui sono stati analizzati in partizioni separate. Nell'albero ottenuto, ogni sottoclasse risulta saldamente monofiletica, così come i principali ordini e tutte le famiglie e le superfamiglie. Infine, abbiamo potuto confermare la validità degli Opponobranchia e l'antichità dei Palaeoheterodonta.

La filogenesi su ampia scala dei molluschi bivalvi si può schematizzare con il seguente albero: (Opponobranchia + (Palaeoheterodonta + (Anomalodesmata + (Heterodonta + Pteriomorphia)))). Sulla base dei nostri risultati proponiamo una revisione della sistematica dei Bivalvia, suggerendo di istituire il nome Amarsipobranchia per il clade (Anomalodesmata + (Heterodonta + Pteriomorphia)).

FILOGENESI ED EVOLUZIONE DEL GENERE *Thaumetopoea*: UN APPROCCIO MULTIGENICO

P. SALVATO¹, M. SIMONATO¹, I. D. PIVOTTO², C. BURBAN²,
C. KERDELHUE², A. BATTISTI¹, E. NEGRISOLO³

¹Dipartimento di Agronomia Ambientale E Produzioni Vegetali,
Agripolis, Università degli Studi di Padova

²NRA, UMR CBGP, Campus International de Baillarguet CS30016,
34988 Montferrier sur Lez Cedex, France

³Dipartimento di Sanità Pubblica, Patologia Comparata e Igiene
Veterinaria, Università degli Studi di Padova

Il genere *Thaumetopoea* contiene farfalle che hanno un notevole interesse medico-veterinario (le larve possiedono peli urticanti) e forestale. Le diverse specie sono caratterizzate da un *habitus* uniforme. Lo scopo di questo lavoro è studiare le relazioni filogenetiche e l'evoluzione del genere *Thaumetopoea*, utilizzando un approccio multigenico.

Sono stati sequenziati 19 geni mitocondriali e 5 geni nucleari. Tali geni sono stati allineati ed analizzati singolarmente o concatenati (oltre 11.000 bp) secondo i metodi di Bayesian Inference, Maximum Likelihood, Neighbor Joining e Maximum Parsimony. Sono state valutate anche ipotesi filogenetiche alternative impiegando opportuni test statistici.

L'analisi dell'allineamento globale ha prodotto una robusta filogenesi in cui si evidenziano tre cladi principali. E' stata studiata l'evoluzione di vari caratteri mappando i cambiamenti sull'albero filogenetico. Un importante risultato è che lo spostamento da piante nutrici angiosperme a gimnosperme (carattere derivato) si è verificato una sola volta nel genere.

L'approccio multigenico ha risolto in modo robusto le relazioni filogenetiche tra le specie di *Thaumetopoea* e permesso lo studio dell'evoluzione di diversi caratteri. Il genoma mitocondriale mostra una notevole diversità per tipo e localizzazione degli spacers intergenici che costituiscono ottime molecular signatures per la caratterizzazione dei principali cladi di *Thaumetopoea*.

**CARATTERIZZAZIONE DI DUE DNA SATELLITE IN
LACERTIDI (*Iberolacerta monticola* COMPLEX:
I. cyrenii, *I. galani*, *I. martinezricai*, *I. monticola*) ENDEMICI
DELLA SPAGNA**

V. CAPUTO¹, V. ROJO-ORÀNS², M. GIOVANNOTTI¹, P. NISI CERIONI¹,
A. GONZÁLEZ-TIZÀN², A. MARTÍNEZ-LAGE², E. OLMO¹

¹Dipartimento di Biochimica, Biologia e Genetica
Università Politecnica delle Marche, Ancona

²Departamento de Biología Celular y Molecular
Universidade de Coruña

Il DNA satellite propriamente detto (satDNA) è composto da sequenze organizzate in tandem e solitamente localizzate nelle porzioni eterocromatiche dei cromosomi la cui funzione è incerta. Nonostante l'ampia letteratura sui satDNA degli eucarioti, le conoscenze su struttura ed evoluzione dei satDNA dei Rettili Squamati sono molto modeste.

Il DNA genomico di 4 taxa strettamente correlati del complesso di *Iberolacerta monticola* è stato digerito con diversi enzimi di restrizione per individuare la presenza di sequenze ripetute in tandem. I monomeri così isolati sono stati clonati, sequenziati e usati anche in esperimenti di FISH su cromosomi metafasici.

Due satDNA (TaqI e HindIII) sono stati isolati dalle 4 specie studiate. Questi satelliti sono caratterizzati da monomeri di 186-188 bp e 170-171 bp, e da un contenuto in AT del 60.5 e 58.1%, rispettivamente. Gli esperimenti di FISH hanno consentito di localizzare queste sequenze in posizione pericentromerica (TaqI) o centromerica (HindIII).

L'analisi delle relazioni filogenetiche tra le sequenze dei due satelliti nelle 4 specie ha evidenziato un certo grado di commistione tra esse, indicando che la loro separazione molto recente (da 2 a 7,5 milioni di anni) non ha permesso che l'evoluzione concertata consentisse un completo differenziamento delle sequenze.

**DIVERSITÀ ED ENDEMISMO NEL SOTTOGENERE
Occidodiaptomus, TRA CONSERVATORISMO
MORFOLOGICO ED EVOLUZIONE MOLECOLARE (COPEPODA:
CALANOIDA: DIAPTOMIDAE, GENERE *Hemidiaptomus*)**

F. MARRONE, S. LO BRUTTO, M. ARCULEO
*Dipartimento di Biologia Ambientale e Biodiversità,
Università degli Studi di Palermo*

L'utilizzo integrato di tecniche morfologiche e molecolari ha consentito di indagare la 'diversità criptica' di un sottogenere di copepodi diaptomidi legato agli stagni temporanei. La comprensione della filogenesi del gruppo e della reale diversità della famiglia a livello specifico era stata ad oggi ostacolata dalla spiccata braditelìa morfologica che lo caratterizza.

I campioni sono stati raccolti in tutto l'areale attualmente noto per il sottogenere. Sono state effettuate ricostruzioni filogenetiche su base morfologica e ricorrendo a marcatori molecolari mitocondriali (CytB, 16S, COI) e nucleari (18S, 28S) dal differente tasso evolutivo. Gli esiti ottenuti sono stati confrontati con la distribuzione geografica del gruppo.

A fronte delle tre specie oggi note, il sottogenere *Occidodiaptomus* è composto da almeno cinque entità, due delle quali non sono distinguibili su base morfologica. La sistematica attuale del gruppo non rispecchia dunque il suo pattern molecolare. La diversificazione del sottogenere sarebbe da collocare tra l'Oligocene ed il Miocene.

Le distanze molecolari esistenti tra le specie del gruppo sono in apparente discordanza con l'omogeneità morfologica dello stesso, testimoniando il forte conservatorismo morfologico di questo gruppo di crostacei. Le tecniche molecolari consentono di descrivere il reale pattern di diversità di questo gruppo diversificatosi nella Penisola Iberica ed oggi diffuso nei paesi del Mediterraneo occidentale.

**VARIABILITÀ MORFOLOGICA E DIVERGENZA MOLECOLARE:
UNO STUDIO SULLE SOTTOSPECIE DI *Podarcis muralis*
(LAURENTI, 1768) DELL'ARCIPELAGO TOSCANO**

A. BELLATI¹, D. PELLITTERI-ROSA¹, R. SACCHI¹, A. NISTRI²,
A. GALIMBERTI³, M. CASIRAGHI³, M. FASOLA¹, P. GALEOTTI¹

¹Dipartimento di Biologia Animale, Università degli Studi di Pavia

²Museo di Storia Naturale, Sezione di Zoologia 'La Specola',
Università degli Studi di Firenze

³Dipartimento di Biotecnologie e Bioscienze,
Università degli Studi di Milano Bicocca

Il notevole polimorfismo intraspecifico esibito da *Podarcis muralis* (Lacertidae) ha portato in passato alla definizione di numerose sottospecie morfologiche, sette delle quali a carattere insulare. L'integrazione del dato morfologico con un'analisi molecolare può fornire utili indicazioni per discriminare tra plasticità fenotipica, adattamento locale e reale divergenza evolutiva tra le popolazioni.

Le analisi molecolari sono state condotte su esemplari museali appartenenti alle sette sottospecie descritte per l'Arcipelago Toscano (Italia). Gli aplotipi mitocondriali sono stati confrontati con tutti quelli finora descritti per la Penisola Italiana, mentre la corrispondenza tra dato molecolare e morfologico è stata indagata mediante un approccio di morfometria geometrica.

L'analisi molecolare indica l'appartenenza di quattro sottospecie insulari, caratterizzate da aplotipi molto simili, allo stesso clade monofiletico, esclusivo dell'arcipelago. La ricostruzione filogenetica concorda solo parzialmente con la suddivisione osservata su base morfometrica, indicando come parte della variabilità fenotipica sia dovuta a fenomeni di adattamento locale, tipico dei contesti insulari.

Il profondo differenziamento del clade insulare testimonia una reale divergenza evolutiva per alcune delle popolazioni insulari indagate, che può essere fatto risalire ai primi stadi di formazione dell'arcipelago. L'integrazione del dato molecolare e morfometrico ha tuttavia evidenziato la necessità di riconsiderare lo status tassonomico di almeno alcune delle sottospecie analizzate.

**GENETICA DI POPOLAZIONE, FILOGENESI E SISTEMATICA
DEL GAMBERO DI FIUME AUTOCTONO
Austropotamobius pallipes (LEREBoullet, 1858)**

S. CHIESA¹, M. SCALICI², R. NEGRINI³, G. GIBERTINI²,
F. NONNIS MARZANO¹

¹Dipartimento di Biologia Evolutiva e Funzionale,
Università degli Studi di Parma

²Dipartimento di Biologia, Università degli Studi 'Roma Tre'

³Istituto di Scienze Zootechniche,
Università Cattolica del Sacro Cuore di Piacenza

L'alto grado di variabilità intraspecifica ha portato a numerose revisioni tassonomiche del complesso di specie *Austropotamobius pallipes* (Lereboullet, 1858). Per la prima volta è stata condotta una ricerca con lo scopo di caratterizzare le popolazioni italiane di gambero di fiume attraverso un approccio molecolare integrato.

Complessivamente, 199 campioni di *A. pallipes* appartenenti a 35 popolazioni distinte sono stati tipizzati attraverso DNA fingerprinting con marcatori AFLP, e sequenziamento del gene COI. Tre esemplari di *Austropotamobius torrentium* (Schränk, 1803), sono stati utilizzati come outgroup nelle indagini genetiche, sia per gli AFLP, che per l'analisi del DNA mitocondriale.

L'analisi AFLP ha permesso di individuare 535 bande o loci AFLP, 56 dei quali monomorfici, e 479 polimorfici. La percentuale totale di polimorfismi è quindi risultata prossima al 90%. Inoltre, l'analisi del COI mtDNA ha identificato quattro aplotipi mitocondriali differenti, distribuiti in base alle diverse aree geografiche.

L'analisi AFLP non ha rivelato differenze significative tra le popolazioni analizzate. Anche se ben strutturate a livello mitocondriale, le 35 popolazioni indagate condividono gran parte del loro pool genico, non mostrano evidenze di una separazione a livello specifico, supportando quindi l'ipotesi che il taxon sia composto dall'unica specie *Austropotamobius pallipes*.

FILOGENESI MOLECOLARE E BIOGEOGRAFIA DEI FRANCOLINI (GALLIFORMES, *Francolinus*) IN EUROPA ED ASIA

G. FORCINA¹, P. PANAYIDES², M. GUERRINI¹, E. MORI¹, O. FADIL³,
J. MANSOORI⁴, M. H. TRIVEDI⁵, I. KHALIQ⁶, A. A. KHAN⁶, P.
HADJIGEROU², F. BARBANERA¹

¹Dipartimento di Biologia, Università di Pisa

²Cypriot Game Fund Service, Ministry of Interior, Cyprus

³Nature-Iraq NGO, Sulaimani, Iraq

⁴Department of the Environment, Azad Islamic University
Tonekabon Branch, Iran

⁵Department of Earth and Environmental Science, K.S.K.V. Kutch
University, India

⁶Institute of Pure and Applied Biology, Bahauddin Zakariya University,
Pakistan

I francolini (f.) comprendono 41 specie riconosciute su base morfologica distribuite prevalentemente in Africa. Il f. nero (*Francolinus francolinus*), il f. dipinto (*F. pictus*), il f. cinese (*F. pintadeanus*), il f. di palude (*F. gularis*) ed il f. grigio (*F. pondicerianus*) sono i soli in Asia (f. nero è anche in Europa, a Cipro). Per variabilità fenotipica, sedentarietà e distribuzione latitudinale/longitudinale i f. asiatici, forse originati secondo linee diverse, sono un modello interessante per lo studio dell'evoluzione dei vertebrati nel Quaternario; *F. gularis* e *F. pondicerianus* sono ancora ritenuti incertae sedis.

Il campionamento ha riguardato f. asiatici (195, in itinere) di 16 paesi (da Cipro al Vietnam) e f. (11) importati illegalmente in Europa. Tutti sono stati genotipizzati al DNA mitocondriale mentre i f. neri di Cipro e Pakistan sono stati genotipizzati anche al DNA microsatellitare (in itinere per tutti).

Le analisi molecolari hanno evidenziato: monofilia del f. nero e cinese e loro divergenza rispetto al f. grigio e f. di palude, quest'ultimo risultato essere il più antico in Asia; origine in India e radiazione adattativa verso occidente del f. nero; nuova segnalazione nel Great Rann of Kutch (Provincia Biogeografica del Deserto del Tahr) di *F. f. asiae* quale relitto della fauna indiana; natura esotica dei f. neri importati in Europa.

I risultati conseguiti hanno permesso di aggiornare le conoscenze evolutive ed il quadro biogeografico di un gruppo di specie assai poco conosciuto, e rappresentano un prerequisito fondamentale per la conservazione dell'unica popolazione europea di francolino nero.

**RADON EFFECT ON NUCLEAR DNA POLYMORPHISMS IN
CAVE CRICKETS POPULATIONS OF GENUS *Dolichopoda*
(ORTHOPTERA, RHAPHIDOPHORIDAE)**

S. COCCHI, G. ALLEGRUCCI, G. GENTILE, V. SBORDONI

Dipartimento di Zoologia, Università degli Studi di Roma 'Tor Vergata'

This study focuses on possible correlation between the presence of radon in caves and the genetic variability of satellite DNA in *Dolichopoda* cave crickets populations. We considered six caves characterized by increasing levels of radon. We investigated whether ionizing radiations could be responsible of mutation pressure on satellite DNA.

An average of 15 individuals were sampled for each cave. A Sliding Windows Analysis has been carried out to identify both conserved and variable regions within the family of pDo500 satDNA. Variability was investigated also with RAPDs markers. A multivariate analysis was carried out on a presence/absence matrix.

Radon concentration in the analyzed caves ranged from 221 to 26000 Bq m⁻³. SatDNA sequences showed a greater variability and sequence heterogeneity in the populations from caves with the highest radon concentration. Highly variable regions ranged from 66 bp to 357bp. Analysis of variation by RAPD markers produced similar results.

Since only the highest radon caves showed great SatDNA variability we hypothesize the occurrence of a threshold effect based on the concentration of radon in caves. Molecular phylogenies of *Dolichopoda* populations, built up to compare neutral and selection markers, were used to test the role of radon as selective agent.

APPROCCIO FILOGENOMICO PER LO STUDIO DI MECCANISMI EVOLUTIVAMENTE CONSERVATI NEI CEFALOPODI

E. DE LISA¹, E. TOPO¹, A. B. KOHN², L. L. MOROZ², A. DI COSMO¹

¹*Dipartimento di Biologia Strutturale e Funzionale,
Università degli Studi di Napoli Federico II*

²*Dipartimento di Neuroscienze, McKnight Brain Institute,
Gainesville, Fla., e Whitney Laboratory for Marine Bioscience*

Il sequenziamento dei genomi costituisce il punto di partenza per la ricostruzione delle relazioni evolutive. Scarse sono le informazioni geniche relative al phylum dei molluschi. Avendo sviluppato il trascrittoma dal sistema nervoso centrale dell'*Octopus vulgaris* sono stati identificati meccanismi molecolari conservati coinvolti nel controllo di specifici comportamenti.

I metodi utilizzati sono: 1) analisi bioinformatica delle sequenze presenti nel trascrittoma; 2) analisi molecolare mediante tecniche di ibridazione in situ e di qPCR per la localizzazione e la quantizzazione dei trascritti; 3) tecniche di imaging in time lapse (Fluorescence Resonance Energy Transfer) per l'analisi funzionale dei trascritti.

L'analisi bioinformatica e molecolare del trascrittoma ha identificato specifici lobi del sistema nervoso di *Octopus* che esprimono neuropeptidi, recettori di neurotrasmettitori e di ormoni evolutivamente conservati. L'analisi funzionale ha rivelato il controllo esercitato dall'estradiolo e dall'NMDA sui trascritti Oct-GnRH e Oct-ER mediante meccanismi di tipo genomico e non genomico.

L'approccio filogenomico e proteomico in *Octopus* ha permesso di ricostruire le relazioni evolutive sulla base della funzionalità di molecole chiave che determinano e regolano il comportamento riproduttivo, il controllo motorio e l'apprendimento.

**APPLICAZIONE DEL DNA BARCODING
NELL'IDENTIFICAZIONE DEI TAXA DI CILIATI
APPARTENENTI AL GENERE *Euplotes***

P. RICCIOLINI, F. DINI, G. DI GIUSEPPE

*Dipartimento di Biologia, Unità di Zoologia-Protistologia,
Università di Pisa*

Il conservatorismo morfologico vs. un'ampia variabilità fisiologica, biochimica, genetica e comportamentale rende la tassonomia dei protisti un'ardua impresa. L'approccio basato sul DNA barcoding, con il gene mitocondriale *cox1* come marcatore, centrato su uno dei più variabili protisti, il ciliato *Euplotes*, è oggetto della presente indagine.

Il gene selezionato è stato amplificato, utilizzando una coppia di primers disegnata ex-novo, clonato e sequenziato in 47 ceppi appartenenti a 13 diverse morfospecie di *Euplotes* colonizzanti diversi habitat.

L'analisi delle sequenze ottenute ha rivelato una percentuale di divergenza nucleotidica interspecifica del 62,43%, valore che è circa 6 volte superiore rispetto ai dati riportati in letteratura. Anche i valori di divergenza intraspecifica sono risultati notevolmente elevati per alcune specie analizzate (30% circa), suggerendo la presenza di specie criptiche.

Tramite il DNA barcoding, tutti i ceppi analizzati sono stati assegnati con elevato grado di affidabilità alle 13 morfospecie analizzate, dimostrando l'assoluta efficacia di tale metodologia nel discriminare ed identificare le specie di *Euplotes*.

**CARATTERIZZAZIONE CITOGENETICA DI SEI SPECIE DI
MURENE DELL'OCEANO INDIANO E ANALISI COMPARATIVA
NELLA FAMIGLIA MURAENIDAE
(ACTINOPTERYGII, ANGUILLIFORMES)**

E. COLUCCIA, S. SALVADORI, A. CAU, F. DEIDDA, A. M. DEIANA
*Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente,
Università degli Studi di Cagliari*

La famiglia Muraenidae comprende circa 200 specie comuni nei mari tropicali e temperati ma poco studiate e la cui tassonomia è ancora controversa; citogeneticamente (13 specie studiate), è caratterizzata da un numero diploide, $2n = 42$, molto conservato e da una struttura del cariotipo altamente differenziata (NF: da 42 a 84).

In questo lavoro è stato analizzato il cariotipo di 6 specie provenienti dall'oceano Indiano, *Gymnothorax javanicus*, *G. fimbriatus*, *G. flavimarginatus*, *G. undulatus*, *Gymnomuraena zebra* ed *Echidna nebulosa*, mediante bandeggio C, impregnazione argentea, colorazione con il fluorocromo CMA3, e FISH di sonde ribosomiali.

Il numero diploide delle specie studiate è risultato compreso tra 36 a 42 con un numero di bracci (NF) compreso tra 52 e 62. Sono state evidenziate bande eterocromatiche paracentromeriche e subtelomeriche specie-specifiche oltre che centromeriche ed è stata individuata, in tutte le specie, un'unica regione organizzatrice del nucleolo (NOR).

I risultati ottenuti evidenziano per la prima volta variabilità nel numero diploide, confermano la variabilità della struttura del cariotipo, la presenza di blocchi eterocromatici nella maggior parte delle specie e differenti localizzazioni dei geni ribosomiali. Cambiamenti nella quantità di eterocromatina e inversioni pericentriche potrebbero essere stati determinanti nell'evoluzione del cariotipo delle murene.

**GRELINA E LEPTINA NELLA TROTA
Oncorhynchus mikiss,
SOTTOPOSTA A DIVERSI REGIMI DIETETICI**

G. MARIANO, E. VARRICCHIO, F. RUSSO, E. COCCIA, M. PAOLUCCI
*Dipartimento di Scienze per la Biologia, la Geologia e l'Ambiente
(DISBAG), Università degli Studi del Sannio, Benevento*

I meccanismi deputati al controllo energetico sono stati selezionati nel corso dell'evoluzione sulla base della disponibilità dei nutrienti. L'iniziale scoperta di grelina e leptina nei mammiferi ha aumentato molto la nostra conoscenza in questo campo, anche se nei bassi vertebrati essa è ancora limitata.

La presenza di grelina e leptina nella trota *Oncorhynchus mikiss* è stata valutata con metodi immunologici sia nel sangue che nell'apparato gastrointestinale di animali sottoposti, per 12 settimane, a differenti regimi dietetici che variavano nella composizione e percentuale di acidi grassi (olio di pesce-FO vs. olii vegetali-VO).

La concentrazione di grelina e leptina nel sangue non variava negli animali sottoposti alle diverse diete. Cellule grelina-immunoreattive erano presenti nello stomaco di animali alimentati con FO e nell'intestino e ciechi pilorici di animali alimentati con VO. Cellule leptina-immunoreattive erano presenti nello stomaco di FO e VO.

Nei pesci come nei mammiferi grelina e leptina giocano un ruolo nel signaling periferico legato alla digestione. La presenza di n-3 e n-6 LC-PUFA, presenti in elevata quantità in FO, ma non in VO, sembra essere coinvolta nella regolazione della presenza e della concentrazione di cellule grelina- e leptina-immunoreattive.

POSTER

**FILOGENESI MOLECOLARE DEL GRUPPO DI SPECIE
Eupholidoptera chabrieri (ORTHOPTERA,
TETTIGONIIDAE): UNO SCENARIO SUGGERITO DAL DNA
MITOCONDRIALE**

G. ALLEG RUCCI¹, A. TRASATTI¹, B. MASSA², V. SBORDONI¹

¹ Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Roma 'Tor Vergata'

² Dipartimento Senfimizio (Entomologia, Acarologia, Zoologia),
Università degli Studi di Palermo

Il genere *Eupholidoptera* comprende 46 specie distribuite in tutto il Mediterraneo, ma presenti soprattutto in Grecia e in Turchia. La sistematica, affrontata su base morfologica, non chiarisce la posizione delle popolazioni più occidentali. In Italia sono morfologicamente riconoscibili popolazioni circoscritte in diverse aree geografiche, che potrebbero avere raggiunto l'isolamento specifico.

Per stabilire il valore tassonomico delle *Eupholidoptera* italiane è stata eseguita un'analisi molecolare attraverso il sequenziamento di tre geni mitocondriali: COI, 12SrRNA e 16SrRNA. Su questa dataset è stata ricostruita la filogenesi. La sola regione barcode della COI è stata, invece, considerata per quantificare il differenziamento genetico fra le specie.

Risultati preliminari indicano che *E. chabrieri*, ampiamente diffusa in tutta la penisola italiana, non forma un gruppo monofiletico, ma risulta costituita da gruppi di popolazioni appartenenti a specie morfologicamente differenti che si ordinano sull'albero secondo un gradiente est-ovest. Questo risultato viene confermato dall'analisi delle distanze genetiche.

L'analisi filogenetica suggerisce che il popolamento dell'occidente sia iniziato dal Mediterraneo orientale, seguendo le complicate vicende geologiche di questa regione e pone nelle glaciazioni plio-pleistoceniche i principali eventi di speciazione. L'analisi delle distanze genetiche, a livello del barcode, suggerisce che lo stato tassonomico di *E. chabrieri* debba essere rivisto.

PRIMA CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE DEL COMPLESSO *Natrix natrix*

A. BELLATI¹, M. STICCO², A. GALIMBERTI², A. SANDIONIGI², S. SCALI³,
M. CASIRAGHI²

¹*Dipartimento di Biologia Animale, Università degli Studi di Pavia*

²*Dipartimento di Biotecnologie e Bioscienze,
Università degli Studi di Milano Bicocca*

³*Museo Civico di Storia Naturale, Comune di Milano*

Natrix natrix è un colubride con distribuzione eurasiatica. La sistematica sottospecifica, basata unicamente su caratteri morfologici e anatomici, è stata storicamente oggetto di numerose revisioni ed è tuttora in via di definizione. L'integrazione di un approccio molecolare può offrire utili indicazioni per la caratterizzazione del complesso *Natrix natrix*.

Le analisi molecolari sono state effettuate su campioni biologici di varia natura (tessuto muscolare, squame ventrali e tamponi buccali) di individui provenienti da tutto l'areale italiano ed eseguite mediante amplificazione di geni mitocondriali. I dati molecolari sono stati analizzati secondo un classico approccio DNA barcoding.

Dall'analisi molecolare non è emersa una differenza tale da indicare la presenza di specie criptiche all'interno del complesso, ma la distinzione di MOTU (Molecular Operational Taxonomic Units) ben supportate può essere ricondotta ad altrettante sottospecie morfologiche. In particolare si osserva la distinzione di *N. natrix natrix* rispetto alle altre sottospecie.

La variabilità morfologica indotta da pressioni ecologiche locali non si traduce necessariamente in una divergenza molecolare e, sebbene i risultati molecolari non combacino esattamente con la classificazione morfologica, si osserva una certa strutturazione a livello intraspecifico. Ulteriori analisi sono auspicabili per chiarire le relazioni tra le popolazioni di *N. natrix*.

**FILOGENESI E INTEGRATIVE TAXONOMY NEI
Macrobiotus DEL 'GRUPPO *hufelandi*'
(TARDIGRADA, EUTARDIGRADA)**

M. CESARI¹, L. REBECCHI¹, I. GIOVANNINI¹, G. PILATO², O. LISI²,
F. VICENTE³, Y. KIOSYA⁴, R. BERTOLANI¹

¹Dipartimento di Biologia,

Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia

²Dipartimento di Biologia Animale 'M. La Greca',

Università degli Studi di Catania

³Centre for Environmental Biology and Department of Animal Biology,
University of Lisbon, Portugal

⁴Department of Biological Sciences, V.N. Kharkiv National Univ.,
Kharkiv, Ukraine

Il progetto MoDNA (morfologia e DNA) propone un approccio di DNA barcoding e di filogenesi molecolare sui tardigradi abbinato ad uno studio morfologico fine. Lo scopo è proporre una integrative taxonomy, convinti che l'abbinamento di studi morfologici e molecolari possa fornire un valido contributo alla descrizione della complessa realtà esistente.

Sono stati esaminati morfologicamente (LM e SEM) e a livello molecolare (rDNA 18S e mtDNA cox1) individui di numerose specie di *Macrobiotus*. I dati molecolari sono stati confrontati con sequenze presenti in GenBank e sono stati calcolati dendrogrammi con i metodi di neighbor joining, massima parsimonia e analisi Bayesiana.

Gli alberi filogenetici ottenuti con sequenze di 18S evidenziano nei Macrobiotidea 4 linee filogenetiche distinte. Una di queste comprende le specie di *Macrobiotus* attribuite su base morfologica al 'gruppo *hufelandi*'. In questo gruppo, l'analisi di DNA barcoding (cox1) distingue non solo specie riconoscibili su base morfologica, ma anche specie criptiche.

Nei tardigradi l'analisi del gene 18S si è rivelata utile anche a livello di genere. *Macrobiotus* non risulta monofiletico, mentre lo è il 'gruppo *hufelandi*' che dovrebbe rappresentare da solo il genere *Macrobiotus*. Al suo interno si riconoscono linee evolutive supportate anche dalla morfologia e parzialmente dai dati di cox1.

PRIMI DATI DI MORFOMETRIA GEOMETRICA DI *Phaleria bimaculata* (COLEOPTERA, TENEBRIONIDAE) NELLA ZONA DEL MEDITERRANEO CENTRALE

T. CURATOLO, F. MARRONE, M. ARCULEO, I. SPARACIO, A. DEIDUN,
S. LO BRUTTO

*Dipartimento di Biologia Animale 'Giuseppe Reverberi',
Università degli Studi di Palermo*

Phaleria bimaculata è una specie politipica poiché risulta morfologicamente variabile e con numerose popolazioni descritte come nuovi taxa. Per valutare il grado di polimorfismo di questa specie, è stato condotto uno studio di morfometria geometrica in Sicilia, nelle isole circum-siciliane e nell'arcipelago Maltese.

L'analisi è stata condotta sulla parte destra del corpo, separatamente su pronoto ed elitra. Le immagini di ciascuna struttura anatomica sono state acquisite da 45 individui. Le coordinate dei landmarks e semi-landmarks sono state utilizzate per svolgere l'analisi Relative Warps e la CVA.

Le griglie di deformazione mostrano differenze più accentuate nella variazione della forma dell'elitra: più allungata e ellittica negli individui di Vulcano rispetto a quelli maltesi e siciliani. La CVA, basata sul raggruppamento geografico, mostra una varianza cumulativa per i primi due assi del 100% sia per l'elitra che per il pronoto.

La forma dell'elitra potrebbe supportare la presenza della sottospecie *P. bimaculata marcuzii* a Vulcano, tuttavia non si può escludere un raggruppamento 'sito-specifico' che ipotizza una variazione di forma legata alle differenti condizioni ambientali. Lo studio conferma l'alto grado di variabilità inter-popolazionale nell'area geografica osservata.

ELEMENTI TRASPONIBILI IN *Latimeria menadoensis*

S. DE IORIO¹, M. BARUCCA², A. CANAPA², E. COCCA¹, M. FORCONI²,
D. MAKAPEDUA², T. CAPRIGLIONE³

¹*Istituto di Biochimica delle Proteine, CNR, Napoli*

²*Dipartimento di Biochimica, Biologia e Genetica,
Università Politecnica delle Marche, Ancona*

³*Dipartimento di Biologia Strutturale e Funzionale,
Università degli Studi di Napoli*

I genomi dei pesci sono caratterizzati dalla presenza di centinaia di famiglie di elementi trasponibili (TEs), alcuni ancora attivi. Il celacanto indonesiano *Latimeria menadoensis* è caratterizzato da una stabilità fenotipica e da una lenta evoluzione genomica. Recenti lavori dimostrano come alcuni retroposoni isolati da *Latimeria* (LF-SINE, LmeSINE1) siano rintracciabili anche nel DNA dei tetrapodi, dove possono svolgere funzioni regolative della trascrizione genica. Per approfondire la conoscenza sui meccanismi alla base della biodiversità dei pesci, abbiamo analizzato in-silico la distribuzione dei TEs in *L. menadoensis*. L'analisi è stata condotta su una collezione di cloni BAC ($\approx 4,5$ Mb).

I risultati preliminari mostrano un numero inatteso di trasposoni non-LTR. La densità (numero TE/Mb genoma) di questi elementi, ed in particolare dei SINE, è decisamente più elevata in *L. menadoensis* rispetto a quella riscontrata nei genomi di altri pesci, e raggiunge valori simili a quelli dei vertebrati superiori (es. mammiferi).

Poiché non vi è dubbio che successivi eventi di espansione e domesticazione dei retroposoni abbiano contribuito in modo significativo alla biodiversità dei pesci, i nostri dati ci fanno ipotizzare che in *Latimeria*, un rallentamento dell'evoluzione molecolare potrebbe aver limitato la loro azione.

ANALISI FILOGENOMICA DI *Latimeria menadoensis*

M. FORCONI¹, M. BARUCCA¹, T. CAPRIGLIONE², E. COCCA³,
S. DE IORIO², A. CANAPA¹

¹*Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente,
Università Politecnica delle Marche, Ancona*

²*Dipartimento di Biologia Strutturale e Funzionale, Università degli Studi
di Napoli Federico II, Complesso Universitario di Monte S. Angelo*

³*Istituto di Biochimica delle Proteine, CNR, Napoli*

Gli elementi trasponibili sono una caratteristica di tutti i genomi eucariotici. La loro abbondanza e composizione estremamente variabile ha spesso giocato un ruolo fondamentale nell'evoluzione. Al fine di ottenere nuove informazioni evolutive sul genoma del celacanto indonesiano *Latimeria menadoensis*, abbiamo compiuto uno studio in silico, attraverso il programma Repeat Masker.

Gli elementi trasponibili presenti in circa 4.5 Mb di sequenze genomiche disponibili su Genbank per *L. menadoensis* sono stati comparati con il panorama degli elementi ripetuti di 10 diversi genomi completi e 6 genomi incompleti di cordati modello.

I risultati evidenziano che il celacanto presenta una bassa percentuale di elementi ripetuti indicando un genoma antico e statico. L'analisi comparativa mostra come il pattern degli elementi di *L. menadoensis* sia simile a quello del condroitto *Callorhynchus milii* e a quelli di alcuni vertebrati terrestri, differenziandosi dal pattern dei teleostei.

Queste analogie sostengono da un lato l'estrema conservazione del genoma, che rende *Latimeria menadoensis* un fossile vivente anche dal punto di vista molecolare, e dall'altro la sua prossimità ai tetrapodi.

**INTERCHROMOSOMAL DUPLICATIONS ON THE
Bactrocera oleae Y CHROMOSOME IMPLY A DISTINCT
EVOLUTIONARY ORIGIN OF THE SEX CHROMOSOMES
COMPARED TO *Drosophila***

P. GABRIELI¹, L. M. GOMULSKI¹, A. BONOMI¹, P. SICILIANO¹,
F. SCOLARI¹, G. FRANZ², A. JESSUP², A. R. MALACRIDA¹, G. GASPERI¹

¹Department of Animal Biology, University of Pavia

²Entomology Unit, FAO/IAEA Agriculture and Biotechnology
Laboratory, Joint FAO/IAEA Programme, International Atomic Energy
Agency, Vienna, Austria

Diptera have an extraordinary variety of sex determination mechanisms, and *D. melanogaster* is the paradigm for this group. However, the *Drosophila* sex determination pathway is only partially conserved and the family Tephritidae affords an interesting example. The tephritid Y chromosome is postulated to be necessary to determine male development. Characterization of Y sequences, apart from elucidating the nature of the male determining factor, is also important to understand the evolutionary history of sex chromosomes within the Tephritidae. We studied the Y sequences from the olive fly, *Bactrocera oleae*. Its Y chromosome is minute and highly heterochromatic, and displays high heteromorphism with the X chromosome.

A combined Representational Difference Analysis (RDA) and fluorescence in-situ hybridization (FISH) revealed that the Y chromosome is strewn with repetitive DNA sequences, the majority of which are also interdispersed in the pericentromeric regions of the autosomes. The Y chromosome appears to have accumulated small and large repetitive interchromosomal duplications. The large interchromosomal duplications harbour an importin-4-like gene fragment. Apart from these importin-4-like sequences, the other Y repetitive sequences are not shared with the X chromosome, suggesting molecular differentiation of these two chromosomes. Moreover, as the identified Y sequences were not detected on the Y chromosomes of closely related tephritids, we can infer divergence in the repetitive nature of their sequence contents. We hypothesize how these repetitive sequences accumulated and were maintained on the Y chromosome during its evolutionary history. Our data reinforce the idea that the sex chromosomes of the Tephritidae may have distinct evolutionary origins with respect to those of the Drosophilidae and other Dipteran families.

**L'UTILIZZAZIONE DELLE CARATTERISTICHE ACUSTICHE
DETERMINATE DALLA MORFOLOGIA DELL'APPARATO
FONATORIO NELLA RICOSTRUZIONE DEI RAPPORTI
FILOGENETICI DEI LEMURI**

M. GAMBA, C. GIACOMA

*Dipartimento di Biologia Animale e dell'Uomo,
Università degli Studi di Torino*

Lo studio della comunicazione vocale e della morfologia dell'apparato fonatorio nei lemuri del Madagascar può contribuire alla comprensione dell'evoluzione delle Strepsirrhine e fornire strumenti utili a definire le relazioni filogenetiche che intercorrono fra i diversi *taxa*.

Abbiamo registrato un ampio data set di vocalizzazioni emesse da esemplari appartenenti alla famiglia Lemuridae e compiuto analisi acustiche in modo da estrarre i parametri della vibrazione laringea e della risonanza determinata dal condotto vocale. Queste informazioni sono state combinate con analisi morfologiche dell'apparato fonatorio e sono stati costruiti dei modelli informatici.

Gli indici di distanza e le analisi filogenetiche compiute su caratteri morfologici e bioacustici sono stati utilizzati per indagare l'evoluzione della comunicazione acustica in questo clade. Le analisi confermano *Eulemur* come un genere monofiletico sister-group del clade *L. catta/Hapalemur*. La topologia interna al genere *Eulemur* identifica *E. mongoz* come specie basale.

I risultati ottenuti in questo lavoro sono in accordo con quelli proposti da Macedonia & Stanger (1994). Le analisi cladistiche ed euclidee hanno prodotto cladogrammi che hanno rivelato una notevole congruenza sia all'interno dei set di caratteri utilizzati in questo studio sia con le analisi derivanti da dati molecolari.

***Reticulitermes flavipes* (INSECTA, ISOPTERA)
IN ITALIA: UNA PRESENZA INATTESA**

S. GHESINI, M. MARINI

*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale
Università degli Studi di Bologna*

Fino al 2001, l'unica specie del genere *Reticulitermes* nota per l'Italia era *R. lucifugus*. Successive analisi, chimiche e genetiche, hanno rivelato la presenza nel versante adriatico di un'altra specie, descritta nel 2003 come *R. urbis*. Vengono qui riportati gli inaspettati risultati delle analisi di due popolazioni di *Reticulitermes* recentemente individuate in Lombardia. Poichè, per le specie di questo genere, l'identificazione su base morfologica non garantisce attualmente risultati affidabili, abbiamo utilizzato l'analisi del DNA mitocondriale per la determinazione.

I campioni analizzati sono risultati appartenere a *R. flavipes*, specie assai dannosa originaria del Nord America, già rinvenuta in alcune località europee (Francia, Germania, Austria), ma mai in Italia. L'aplotipo osservato induce a ritenere che queste popolazioni possano essere state introdotte dalla Francia.

Vista la presenza di tre specie di *Reticulitermes* in Italia, e poichè pubblicazioni anche recenti le indicano indiscriminatamente come *R. lucifugus*, è auspicabile l'estensione dell'analisi su base genetica alla totalità dei campioni raccolti, anche per chiarire la distribuzione delle tre specie. Una volta determinati, i campioni possono fornire anche dati utili alla definizione morfologica delle specie di appartenenza.

**APPROCCIO MOLECOLARE ALLA RISOLUZIONE DI
SISTEMATIZZAZIONI CONTROVERSE: IL CASO DI
Acanthodasys caribbeanensis HOCHBERG &
ATHERTON (GASTROTRICHA: THAUMASTODERMATIDAE)**

C. S. GHIVIRIGA, M. DAL ZOTTO, V. NICOLINI, M. A. TODARO
Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia

Lo status tassonomico di alcuni gastrotrichi caraibici recentemente descritti come *Acanthodasys caribbeanensis* è incerto poiché alcune importanti caratteristiche morfologiche li avvicinerebbero piuttosto al genere *Diplodasys*. La scoperta in Sardegna di gastrotrichi simili ha offerto l'opportunità di intraprendere uno studio filogenetico su base molecolare al fine di chiarirne la collocazione sistematica.

I gastrotrichi sardi sono stati rinvenuti nell'isola di Budelli nel settembre 2010 a 30 metri di profondità. Le ricostruzioni filogenetiche derivano da analisi MP, ML e inferenza Bayesiana condotte su sequenze del gene 18S rDNA provenienti dagli esemplari sardi e 40 altre specie inclusa *A. caribbeanensis* raccolta nelle US-Virgin Islands.

Gli alberi filogenetici ottenuti mostrano topologie ampiamente sovrapponibili e in generale ben supportate statisticamente. Ipotesi, classiche e recenti, circa i rapporti filogenetici all'interno della famiglia Thaumastodermatidae risultano confermate. Nell'ambito dei Diplodasyinae, *Acanthodasys caribbeanensis* e gli individui sardi appaiono riuniti in un sottoclade mai strettamente alleato con *Acanthodasys*.

Nell'indicare una maggiore affinità degli gli animali investigati con specie del genere *Diplodasys* i risultati rendono manifesta l'opportunità di provvedere ad una loro ri-collocazione sistematica. Prima di intraprendere i passi formali riteniamo tuttavia necessario aggiungere robustezza alle analisi migliorando il campionamento tassonomico con il coinvolgimento di altre specie di Diplodasyinae.

**EVIDENZE STAGIONALI E GEOGRAFICHE DI DIVERSITÀ
CRIPTICA IN *Baetis rhodani* COMPLEX
(EPHEMEROPTERA, BAETIDAE) RIVELATE TRAMITE DNA
BARCODING**

L. GIGLIARELLI, L. LUCENTINI, M. REBORA, M. E. PULETTI,
E. GAINO, F. PANARA

*Dipartimento di Biologia Cellulare e Ambientale,
Università degli Studi di Perugia*

L'esistenza di specie criptiche per l'efemerottero *Baetis rhodani* Pictet è stata suggerita da studi filogenetici condotti in Europa, ma non in Italia. Riportiamo il DNA-barcoding di esemplari italiani ed inglesi volto a comparare gli aplotipi italiani con quelli già identificati e, per la prima volta, comprenderne i pattern di sostituzione stagionale.

Larve di *B. rhodani* complex sono state raccolte in 4 siti italiani e nel Brecon Canal (UK). Per valutare la variabilità stagionale, sono stati prelevati mensilmente per un anno campioni dal torrente Chiugena. Il DNA barcoding è stato condotto secondo procedure standardizzate ed impiegando primer altamente conservati (C1-N-2191, HC02198).

Dall'analisi di un frammento di 651bp (COI) sono stati identificati 25 aplotipi italiani e 5 inglesi, segreganti in otto aplogruppi, aventi una distribuzione geografica caratteristica. Nell'analisi delle successioni stagionali sono stati individuati differenti aplogruppi, che suggeriscono la presenza di un pattern di specie criptiche a sostituzione stagionale.

I numerosi aplogruppi hanno confermato il possibile isolamento di alcune popolazioni italiane. I dati sulla stagionalità potrebbero spiegare la capacità di adattamento della specie a differenti temperature e disponibilità trofiche, giustificando alcune differenze osservate nella relazione tra temperatura dell'acqua e tassi di accrescimento documentati in studi di campo.

ELEVATA DIVERSITÀ GENETICA IN POPOLAZIONI DI *Chalcides mertensi* (*Chalcides chalcides* COMPLEX) DELLA TUNISIA (REPTILIA: SCINCIDAE)

M. GIOVANNOTTI¹, P. NISI CERIONI¹, M. KALBOUSSI², V. CAPUTO¹

¹*Dipartimento di Biochimica, Biologia e Genetica,
Università Politecnica delle Marche, Ancona*

²*Institut Sylvo-Pastoral, Tabarka, Tunisie*

Durante gli ultimi 6 milioni di anni, il Nord Africa ed il bacino del Mediterraneo sono stati soggetti a eventi climatici e tettonici che, promuovendo la divergenza genetica intraspecifica, possono aver condotto a fenomeni di speciazione.

In questo studio abbiamo analizzato la variabilità genetica e le relazioni filogenetiche di 4 popolazioni tunisine di *Chalcides mertensi* (Reptilia, Scincidae) utilizzando dati derivanti dall'analisi RFLP di 5 subunità della NADH deidrogenasi e dal sequenziamento di una porzione di circa 400 paia di basi del citocromo b.

Queste analisi hanno evidenziato 4 aplotipi RFLP e 3 aplotipi di sequenza. L'analisi filogenetica condotta combinando le due tipologie di dati ha evidenziato come i 4 aplotipi combinati formino due gruppi distinti e come la divergenza genetica tra essi sia paragonabile a quella esistente tra altre specie di questo genere.

I risultati di questo lavoro sottolineano ancora una volta come il Nord Africa sia un 'hot spot' per la biodiversità del genere *Chalcides* e come gli eventi paleogeografici e paleoclimatici siano importanti fattori nel promuovere l'isolamento allopatrico e la conseguente divergenza genetica tra e popolazioni.

STRUTTURE CUTICOLARI E MUSCOLATURA DELL'APPARATO BUCCO-FARINGEO DEI TARDIGRADI

R. GUIDETTI, T. MARCHIORO, T. ALTIERO, R. BERTOLANI, L. REBECCHI
*Dipartimento di Biologia,
Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia*

L'apparato bucco-faringeo dei tardigradi è composto da parti cuticolari sclerificate (compresi due stiletti perforanti ritenuti una delle apomorfie del phylum) e muscolatura. Con questo studio si è voluto sia comprendere al meglio il meccanismo di funzionamento di questo apparato che individuare nuovi caratteri per gli studi di tassonomia e filogenesi.

L'apparato bucco-faringeo di *Echniscus trisetosus*, *Milnesium tardigradum* e *Paramacrobiotus richtersi* (appartenenti a due classi e tre ordini del phylum) è stato studiato morfologicamente (microscopia ottica, microscopia elettronica a scansione) e chimicamente (spettroscopia a raggi X). E' stata inoltre analizzata l'anatomia della muscolatura associata all'apparato mediante microscopia confocale a scansione laser.

Nelle tre specie le differenze nell'anatomia dell'apparato bucco-faringeo risultano notevoli, così come quelle relative all'organizzazione dei fasci muscolari ad esso associati. L'analisi chimica ha rivelato che gli stiletti sono costituiti da CaCO_3 e che le due classi di tardigradi si differenziano per la presenza/assenza di CaCO_3 sul tubo boccale.

L'analisi dettagliata delle strutture cuticolari dell'apparato bucco-faringeo e della sua muscolatura ha consentito una nuova interpretazione dell'organizzazione e del funzionamento del sistema di protrazione e retrazione degli stiletti. Sebbene nelle strutture sclerificate dei tre ordini siano riconoscibili diverse omologie, queste sono più difficilmente riscontrabili nella muscolatura.

**PRIMA DESCRIZIONE DELL'APPARATO RIPRODUTTORE E
DELLO SPERMATOOZOO DI *Dinodasys mirabilis*
(GASTROTRICHA, MACRODASYIDA)**

L. GUIDI¹, M. BALSAMO¹, M. FERRAGUTI², M. A. TODARO³

¹DISTEVA, Università degli Studi di Urbino

²Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Milano

³Dipartimento di Biologia,
Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia

Il genere *Dinodasys*, istituito da Remane (1927) per esemplari di *D. mirabilis* (Helgoland, Germania) affini alle specie di *Turbanella* e *Paraturbanella*, è stato successivamente da lui stesso incluso nei Turbanellidae. Il recente rinvenimento (Skagerrak, Svezia) di esemplari maturi della stessa specie ha consentito la prima descrizione dell'apparato riproduttore e spermatozoo nel genere.

Alcuni esemplari sono stati osservati in toto a contrasto interferenziale. Altri sono stati prefissati (glutaraldeide 2%), post-fissati (OsO₄ 1%), disidratati (etanolo), quindi essiccati al CPD (CO₂), montati su stub e metallizzati con oro per l'osservazione SEM, oppure inclusi in Araldite, e le sezioni fini contrastate con piombo citrato/uranile acetato per il TEM.

L'apparato ermafrodita presenta due testicoli con spermidotti uniti in un poro ventrale, due ovari posterolaterali. Gli oociti maturano in direzione cefalica e dorsale. L'organo sessuale accessorio (frontale) è dorso laterale, tra testicolo destro e uovo maturo. Un grande organo ghiandolare, caudale all'ano, potrebbe avere funzioni sessuali accessorie. È stato descritto lo spermatozoo.

La struttura dell'apparato riproduttore e dello spermatozoo di *Dinodasys* è quella tipica dei Turbanellidae, e queste sono le uniche sinapomorfie certe della famiglia. Le nuove informazioni potrebbero, permettendo una codifica puntuale di caratteri con forte segnale filogenetico, contribuire a migliorare il supporto statistico delle ipotesi filogenetiche su base morfologica.

**ANALISI DELLE RETI ECOLOGICHE: UN APPROCCIO
MOLECOLARE PER LA VALUTAZIONE DELLA CONNETTIVITÀ.
IL CASO DI *Sciurus vulgaris***

M. PANZERI^{1,2}, A. GALIMBERTI¹, S. G. BACCEI¹, L. WAUTERS²,
D. PREATONI², A. MARTINOLI², G. TOSI², M. CASIRAGHI¹

¹*Dipartimento di Biologia e Bioscienze,*

Università degli Studi di Milano Bicocca

²*Dipartimento di Ambiente-Salute-Sicurezza,*

Università degli Studi dell'Insubria, Varese

Una delle attuali minacce alla diversità biologica è rappresentata dalla frammentazione degli ambienti naturali. Lo scoiattolo comune (*Sciurus vulgaris*) è una specie forestale a ristretta valenza ecologica, in ambienti isolati le popolazioni mostrano spesso una ridotta diversità genetica, con sottopopolazioni a rischio di estinzione.

Mediante l'impiego di Live-traps, sono stati raccolti 30 campioni provenienti dal Parco Nazionale dello Stelvio (SO) e 14 del Parco Pineta di Appiano Gentile e Tradate (CO). Successivamente si è proceduto con l'estrazione del DNA totale seguita dall'amplificazione e dal sequenziamento delle regioni target: 9 loci microsatelliti e mtD-loop.

Le sottopopolazioni dello Stelvio mostrano una più alta variabilità genetica, rispetto ai campioni provenienti dal Parco Pineta. È emerso un passato effetto collo di bottiglia per i campioni dello Stelvio, a causa delle deforestazioni agli inizi dell'XIX secolo seguito dalla ripresa di un buon flusso genico tra le sottopopolazioni indagate.

Le analisi si sono dimostrate efficaci per caratterizzare i livelli di variabilità intra e interpopolazione e per derivare inferenze sul flusso genico tra le popolazioni. Un ulteriore sviluppo dovrà includere differenti taxa collimando i dati molecolari con quelli cartografici ed ecologici ottenendo un'interpretazione a più livelli dello stato di connettività.

**CARATTERIZZAZIONE MORFOLOGICA, MOLECOLARE E
FILOGEOGRAFICA DEL GENERE *Barbus* (*Barbus* CUVIER,
1817, CYPRINIDAE, OSTEICHTHYES) IN ITALIA ED IN
SLOVENIA**

G. ROSSI, G. ZUFFI, V. MINGAZZINI, A. MARCHI, S. CAPOSTAGNO,
R. FALCONI, F. ZACCANTI
*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale,
Università degli Studi di Bologna*

Nella regione italica sono presenti 4 taxa autoctoni ascrivibili al genere *Barbus*, protetti da normative comunitarie di protezione della biodiversità, ed 1 di provenienza alloctona. I diversi taxa mostrano caratteri morfologici parzialmente sovrapposti e probabili fenomeni di ibridazione che riducono l'efficienza degli interventi di conservazione.

195 esemplari campionati sono stati caratterizzati morfologicamente e molecolarmente mediante sequenziamento del gene mitocondriale citocromo b. Le sequenze sono state usate per calcolare un albero filogenetico e sono stati determinati gli aplotipi taxa-specifici. Infine è stato eseguito un confronto tra i risultati dei due metodi di determinazione delle specie.

I caratteri morfologici considerati sono concordi con i dati bibliografici con percentuali estremamente variabili a seconda della specie considerata. I 24 aplotipi identificati appartengono a 5 aplogruppi taxa-specifici. Per le popolazioni considerate pure, i due metodi di determinazione sono generalmente discordanti con percentuali variabili.

I dati morfologici bibliografici si sono rivelati generalmente inattendibili per la determinazione dei diversi taxa. Il gene analizzato, al contrario, mostra buona risoluzione dei taxa, compatibile con la loro distribuzione territoriale. La possibile ibridazione necessita di ulteriore verifica con marcatori nucleari.

**APPROCCIO INTEGRATO ALLA RISOLUZIONE
TASSONOMICA DEL GENERE *Pseudomonocelis* MEIXNER,
1943 (PLATYHELMINTHES: PROSERIATA):
IL CONTRIBUTO DEI DATI MOLECOLARI**

F. SCARPA, P. COSSU, T. LAI, D. SANNA, G. L. DEDOLA,
M. CURINI-GALLETTI, M. CASU
*Dipartimento di Zoologia e Genetica Evoluzionistica,
Università degli Studi di Sassari*

Il genere *Pseudomonocelis* comprende specie di Monocelidinae aventi l'organo copulatorio di tipo simplex, ovari post-faringei, con o senza un organo prostatoide accessorio munito o meno di stiletto. L'eterogeneità del genere ha suggerito l'utilizzo di un approccio integrato comprendente morfologia e genetica per l'inquadramento di una nuova specie rinvenuta nel Mediterraneo.

Sono state analizzate mediante Maximum Likelihood e Bayesian Inference sequenze di 1672 (ssrDNA) e 1566 (lsrDNA) bp delle seguenti specie: *Pseudomonocelis ophiocephala*, *P. agilis*, *P. cf cavernicola*, *P. cetinae*, *P. occidentalis*, *P. orientalis*, *Monocelis lineata* e *Minona ileanae*. Come outgroup sono state utilizzate sequenze depositate in GenBank di *Archimonocelis staresoi*.

I dendrogrammi ottenuti mostrano che i campioni della nuova specie formano un unico cluster che si colloca tra le altre *Pseudomonocelis*, evidenziando una relazione di sister-taxa con *P. cf cavernicola*, con cui condivide l'organo prostatoide accessorio privo di stiletto. Tuttavia, non è stato confermato il monofiletismo del genere.

I risultati evidenziano come i caratteri morfologici sopracitati, su cui è stata tradizionalmente basata la sistematica dei Monocelidinae, possano in realtà essere legati a fenomeni di omoplasia. È dunque auspicabile che l'ampliamento del campionamento tassonomico e molecolare possa contribuire a chiarire i problemi attualmente esistenti nella sistematica del taxon.

APPROCCIO INTEGRATO PER LA CARATTERIZZAZIONE DI POPOLAZIONI ALPINE DI *Daphnia*

R. TIBERTI¹, A. BELLATI¹, W. COCCA¹, A. GALIMBERTI²

¹Dipartimento di Biologia Animale, Università degli Studi di Pavia

²Zooplantlab, Dipartimento di Biotecnologie e Bioscienze,
Università degli Studi di Milano Bicocca

Recentemente, nel Parco Nazionale del Gran Paradiso (Alpi Italiane occidentali), sono state scoperte popolazioni di *Daphnia* pigmentata di grandi dimensioni (lunghezza massima: 3,4 mm). Morfologicamente ed ecologicamente, esse risultano appartenere a *Daphnia middendorffiana* (Fischer, 1851), ampiamente distribuita nella regione artica, ma con alcune popolazioni meridionali circoscritte alle zone montagnose.

In questo studio sono stati utilizzati marcatori molecolari mitocondriali per quantificare il grado di differenziamento molecolare di queste popolazioni ecologicamente e spazialmente isolate. Studi precedenti, infatti, hanno spesso dimostrato come numerose specie congeneriche differiscano geneticamente dalla morfospecie alla quale erano state precedentemente assegnate.

Le analisi confermano l'appartenenza delle popolazioni alpine al gruppo *Daphnia pulex*, evidenziando anche un buon differenziamento tra individui, che popolano differenti laghi in un'area geografica circoscritta (in un raggio di 6.1 km). Tale complessità può essere legata a differenti scenari microevolutivi o alla variazione delle pressioni selettive a livello locale.

In questo lavoro sono descritte popolazioni di *Daphnia*, recentemente scoperte, mediante l'uso di marcatori molecolari. I risultati ottenuti suggeriscono come i metodi di classificazione tradizionali (i.e. morfologia, ecologia e biogeografia) dovrebbero essere integrati con tecniche di analisi molecolari al fine di chiarire lo status tassonomico e l'evoluzione delle specie.

GASTROTRICHA: UN SISTER MARINO PER UN ENIGMATICO TAXON DULCIACQUICOLO

M. A. TODARO, M. DAL ZOTTO

*Dipartimento di Biologia,
Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia*

Marinellina flagellata e *Redudasys fornerise* suscitano particolare interesse poiché sono gli unici Gastrotricha Macrodasyida a vivere in acqua dolce. A dispetto della rilevanza evoluzionistica questi animali sono purtroppo poco conosciuti. Rinvenuti una sola volta, rispettivamente in Austria (1955) e in Brasile (1987), non hanno trovato finora una precisa collocazione sistematica.

Noi abbiamo riscoperto e studiato *Redudasys fornerise*. Le indagini morfologiche sono state condotte con microscopia DIC e SEM. Le ricostruzioni filogenetiche derivano da analisi MP, ML e inferenza Bayesiana condotte su sequenze del gene 18S rDNA provenienti dagli esemplari brasiliani e da altre 42 specie/taxa rappresentanti l'ampio spettro tassonomico dei Macrodasyida.

Le novità morfologiche riguardano importanti caratteristiche tassonomiche quali tubuli adesivi, protonefridi e setole sensoriali nonché aspetti inerenti l'apparato riproduttore. Dall'analisi filogenetica emerge l'alleanza di *Redudasys fornerise* con una specie marina la cui attuale affiliazione generica dimostriamo essere errata.

Lo studio indica che la sistematizzazione di *Redudasys* richiede la creazione di una nuova famiglia. La posizione derivata di *R. fornerise* lungo la linea filetica dei Macrodasyida dimostra che la colonizzazione delle acque interne da parte dei Gastrotrichi è avvenuta almeno in due occasioni, smentendo quindi la recente ipotesi dell'evento singolo.

IDENTIFICAZIONE DI NUOVE MOLECOLE COINVOLTE NEI FENOMENI DI APPRENDIMENTO DI *Lymnaea stagnalis*

E. TOPO¹, E. DE LISA¹, A. DE MAIO¹, M. R. FARAONE MENNELLA¹,
W. WINLOW², N. I. SYED³, A. DI COSMO¹.

¹*Dipartimento di Biologia Strutturale e Funzionale
Università degli Studi di Napoli Federico II*

²*School of Pharmacy and Biomedical Sciences
University of Central Lancashire, Preston*

³*School of Veterinary Preclinical Sciences, University of Liverpool, UK*

La plasticità sinaptica a lungo termine attività-dipendente richiede l'espressione di nuovi geni. La Poli(ADP-ribosio)polimerasi (PARP) appartiene ad una famiglia di enzimi nucleari responsabili della riparazione del danno al DNA. Recentemente nei neuroni di *Aplysia* è stato dimostrato che PARP1 è coinvolta nei meccanismi di memoria a lungo termine. Sono state utilizzate tecniche di immunofluorescenza per la localizzazione della PARP in *Lymnaea stagnalis* eseguite sul sistema nervoso centrale (SNC) in whole-mount e su culture di neuroni e tecniche di elettroforesi in gel di poliacrilammide in SDS seguite da immunoblotting utilizzando anticorpi primari diretti contro il sito catalitico di PARP1 per una caratterizzazione biochimica preliminare della PARP.

L'analisi whole-mount del SNC di *Lymnaea* ha mostrato una distribuzione citoplasmatica di PARP. Nei neuroni in coltura la PARP risulta localizzata nel corpo cellulare e nell'assone. Le analisi di immunoblotting sugli omogenati del SNC hanno evidenziato la presenza di due bande corrispondenti a proteine aventi peso molecolare tra 60-70 kDa.

I risultati ottenuti dimostrano, per la prima volta, una localizzazione citoplasmatica della PARP e suggeriscono la presenza dell'isoforma PARP2 (62kDa) nel SNC di *Lymnaea stagnalis*. L'approccio comparativo e la completa caratterizzazione di questa nuova isoforma citoplasmatica ci permetterà di verificare il suo coinvolgimento nei meccanismi di apprendimento di *Lymnaea stagnalis*.

**IL DNA BARCODING IN FASMIDI AUSTRALIANI
(PHASMATODEA, VEROPHASMATODEA, ANAREOLATAE):
PRIMI DATI**

A. VELONÀ¹, P. BROCK², A. BORISENKO³, B. MANTOVANI¹

¹*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale, MoZoo Lab,
Università degli Studi di Bologna*

²*Department of Entomology, The Natural History Museum, London*

³*Canadian Centre for DNA Barcoding,
Biodiversity Institute of Ontario, Canada*

L'applicabilità del DNA barcoding nella determinazione di alcune specie australiane di insetti fasmidi appartenenti all'infraordine Anareolatae è stata verificata tramite il sequenziamento di 658 bp del gene mitocondriale citocromo ossidasi I (COI).

95 sequenze riconducibili a 20 specie determinate morfologicamente sono state utilizzate per la costruzione di un albero filogenetico Neighbor-Joining, su modello evolutivo K2P con 500 repliche di bootstrap mediante MEGA4. Attraverso la matrice di distanze genetiche, è stata inoltre analizzata la distribuzione delle divergenze intra- ed inter-specifiche.

L'albero ottenuto mostra i nodi più recenti ottimamente supportati, ma i rapporti filogenetici tra le varie unità tassonomiche risultano non definiti. Anche l'analisi delle distanze genetiche conferma lo status specifico per tutti i taxa, eccetto che per *Anchiale briareus*, che risulta geneticamente diversificato al suo interno.

L'utilizzo del DNA barcoding ha confermato la determinazione morfologica per la maggior parte delle specie analizzate, mentre ha evidenziato come la morfospecie *A. briareus* comprenda ulteriori entità. I risultati ottenuti confermano l'importanza tassonomica di tale approccio nello studio della biodiversità.

✧ Simposio III ✧

***Evoluzione delle strutture e dei
meccanismi per la percezione
degli stimoli***

Coordinatori
V. Franceschini, A. Mauceri

Relazione

LA COMUNICAZIONE CHIMICA NEGLI INSETTI, DALL'IDENTIFICAZIONE DELLE SOSTANZE SEMIOCHIMICHE ALLA PROTEOMICA DELLA PERCEZIONE OLFATTIVA

F. R. DANI

*CISM, Centro di Servizi di Spettrometria di Massa,
Università degli Studi di Firenze*

Nella maggior parte degli insetti l'olfatto ha un ruolo rilevante nelle interazioni interspecifiche e intraspecifiche, così come nello sfruttamento di alcune risorse abiotiche (Wyatt, 2003). Infatti in numerose specie la ricerca del cibo è guidata da caïromoni, ed è noto che miscele specie-specifiche di volatili funzionano da feromoni sessuali in molte specie. La comunicazione chimica rappresenta poi il canale comunicativo maggiormente usato negli insetti sociali, dove informazioni fondamentali per l'organizzazione coloniale sono veicolate da feromoni sintetizzati in numerose ghiandole esocrine.

Uno studio integrato dei meccanismi alla base della comunicazione chimica richiede necessariamente un approccio multidisciplinare, che spazi dall'identificazione dei feromoni e delle ghiandole che li producono, all'analisi dei processi biosintetici, allo studio della loro percezione, fino all'analisi dell'elaborazione degli stimoli a livello del sistema nervoso centrale.

La relazione riguarderà aspetti diversi della comunicazione chimica negli insetti, soffermandosi in particolare su recenti acquisizioni riguardo a proteine espresse nella linfa sensillare e coinvolte nei processi perirecettivi, le Chemosensory Proteins (CSPs) e le Odorant Binding Proteins (OBPs). I genomi degli insetti contengono un elevato numero di geni per le OBP (*Anopheles gambiae* 57, *Bombyx mori* 44, *Apis mellifera* 21), mentre il numero è minore per le CSP. Recentemente abbiamo adottato diversi approcci proteomici per analizzare l'espressione di queste proteine nelle antenne e nelle ghiandole esocrine di specie diverse (Dani, 2008, 2009, 2010). L'espressione di queste proteine è stata studiata anche tramite MALDI Mass Spectrometry Imaging, una tecnica spettrometrica che consente lo studio della distribuzione di analiti in sezioni sottili di tessuti biologici.

∞ COMUNICAZIONI ORALI ∞

LE LIBELLULE E L'EVOLUZIONE DELL'OLFATTO NEGLI INSETTI

M. REBORA, S. PIERSANTI, A. DELL'OTTO, E. GAINO
*Dipartimento di Biologia Cellulare e Ambientale,
Università degli Studi di Perugia*

Odonati ed Efemerotteri, in relazione alle capacità visive e alle ridotte dimensioni delle antenne, unitamente all'assenza di lobi antennali glomerulari, sono stati da sempre considerati anosmici. Tuttavia, indagini ultra-strutturali sugli adulti di alcuni Odonati ed Efemerotteri, condotti dal presente gruppo di ricerca, hanno descritto sull'antenna sensilli riconducibili a recettori olfattivi.

Utilizzando *Libellula depressa* come specie modello, sono state condotte indagini elettrofisiologiche (EAG, SCR) per chiarire la reale funzionalità di tali sensilli. In parallelo, sono state condotte indagini neuro-anatomiche al microscopio confocale per verificare il percorso del nervo antennale a livello cerebrale ed indagare la struttura del lobo antennale.

Le indagini elettrofisiologiche hanno confermato la presenza di neuroni recettori di tipo olfattivo. Le immagini al confocale hanno messo in evidenza che gli assoni dei neuroni sensoriali provenienti dal flagello antennale arrivano in un lobo antennale bipartito aglomerulare, nella regione del deutocerebro.

Una delle due porzioni del lobo antennale potrebbe rappresentare il sito primario di elaborazione dell'informazione olfattiva. L'assenza di glomeruli nel lobo antennale che, come evidenziato dall'elettrofisiologia, non compromette la capacità di percepire odori, potrebbe essere ricondotta alla riduzione dell'importanza dell'olfatto, concomitante con la conquista secondaria dell'ambiente acquatico.

**OLFACTION IN INSECTS: MOLECULAR CHARACTERIZATION
AND EXPRESSION PROFILES OF PUTATIVE
PHEROMONE-BINDING PROTEIN GENES FROM THE MODEL
PEST SPECIES *Ceratitis capitata*
(DIPTERA: TEPHRITIDAE)**

P. SICILIANO¹, F. SCOLARI¹, P. GABRIELI¹, L. M. GOMULSKI¹,
C. R. GUGLIELMINO², M. FALCHETTO¹, A. BONOMI¹, A. R. MALACRIDA¹,
G. GASPERI¹

¹*Dipartimento di Biologia Animale, Università degli Studi di Pavia*

²*Dipartimento di Genetica e Microbiologia, Università degli Studi di Pavia*

Insect pheromones play an important role in intra- and inter-sex communication, inducing specific behavioural responses in terms of sexual attraction, mating aggregation, host-marking of oviposition sites. Odour perception is regulated by a fine molecular pathway that involves multi-gene families including odorant-binding proteins (OBPs) and chemosensory proteins (CSPs). Within the OBP family, pheromone-binding proteins (PBPs) are regarded as transporters of sex pheromone components but the molecular basis underlying this process in pests such as the Mediterranean fruitfly, *Ceratitis capitata*, is still unknown and target of our study. Two different cDNA libraries were investigated by BlastX and tBlastX analyses to identify medfly PBP homologues. The five sequences with higher similarity to PBP genes of other insects were characterized by cloning and 5'-3'RACE-PCR, and then analyzed to trace expression profiles in relation to sex, tissue, maturation and mating status (RT-PCR, Northern Blot, Real Time qPCR).

We cloned, characterized and traced the expression profiles of five putative genes carrying all the molecular features of the PBP family (signal peptide, hydrophobic domain, six conserved cysteines). One of these gene is antenna-specific, two of them displayed expression also in the maxillary palps, while the last two showed a considerable transcription level even in the tarsi. Sexual maturation enhances the expression for four of these putative PBP genes, while mating doesn't seem to affect them. In accordance with the sexual behaviour of this insect, no differences were identified between the two sexes.

The identification of multiple putative medfly PBPs suggests their potential role in differentiating pheromone components by differential binding capacities. Ongoing biochemical and functional assays will enable the identification of PBP ligands, allowing, in the long term, to use pheromone components as targets for the development of synthetic attractants/repellents in pest control programs.

STRUTTURE SENSORIALI ORALI NEI THALIACEA (TUNICATA) ED EVOLUZIONE DELLE CELLULE CAPELLUTE NEI CHORDATA

F. CAICCI¹, T. STACH², P. BURIGHEL¹, F. RIGON¹, F. GASPARINI¹,
G. ZANIOLO¹, L. MANNI¹

¹*Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Padova*

²*Zoologie - Systematik und Evolutionsforschung
Freie Universitaet Berlin*

Nei Tunicati, animali marini filtratori, la bocca è ricca di recettori adibiti al monitoraggio del flusso d'acqua e delle particelle introdotte. Nelle ascidie, tunicati sessili, abbiamo recentemente descritto l'organo coronale, un meccanocettore formato da cellule capellute secondarie, attualmente le migliori candidate utilizzate per spiegare l'evoluzione delle cellule capellute dei vertebrati.

Abbiamo esteso lo studio delle strutture sensoriali orali ai tre ordini di Taliacei, tunicati planctonici, analizzati mediante microscopia elettronica a scansione e trasmissione. In particolare, abbiamo considerato: *Pyrosoma atlanticum* (Pyrosomatida), *Doliolum nationalis* (Doliolida) e *Thalia democratica* (Salpida), pescati presso Villefranche-sur-Mer (FR) e Trieste.

Sia *P. atlanticum* che *D. nationalis* possiedono l'organo coronale. Le cellule sensoriali, unicigliate e con corti microvilli, sono secondarie, poiché formano sinapsi con neuriti del ganglio cerebrale. Inoltre le due specie posseggono piccoli organi meccanocettori con cellule sensoriali primarie. Tutte queste strutture sensoriali mancano invece in *T. democratica*.

I risultati, supportati dalla nota presenza di cellule secondarie nelle Appendicolarie, evidenziano che questi meccanocettori sono una plesiomorfia dei Tunicati. Poiché cellule secondarie sono anche presenti nei Cefalocordati, ipotizziamo che l'antenato dei Cordati possedesse meccanocettori secondari da cui sarebbero derivati le attuali cellule capellute riconoscibili nei tre subphyla dei cordati.

ORGANIZZAZIONE DEI SISTEMI OLFATTIVO E VOMERONASALE NEGLI ITTIOPSIDI: CONSIDERAZIONI EVOLUTIVE

S. FERRANDO¹, L. GALLUS¹, C. GAMBARDELLA¹, S. CANDIANI¹,
A. AMAROLI¹, M. VACCHI², J. STEVENS³, V. FRANCESCHINI⁴,
G. TAGLIAFIERRO¹, M. VALLARINO¹

¹*DIPTERIS, Università degli Studi di Genova*

²*ISPRA, Roma*

³*CSIRO Marine and Atmospheric Research, Hobart, Australia*

⁴*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale,
Università degli Studi di Bologna*

Nei vertebrati coesistono due diversi sistemi, olfattivo e vomeronasale, con funzioni simili e parzialmente sovrapposte, ma ben distinti dal punto di vista molecolare. Lo studio della loro organizzazione negli ittiopsidi aiuta ad individuare i percorsi evolutivi di questi sistemi, fornendo un supporto per una migliore comprensione del loro significato funzionale.

L'espressione delle proteine G tipiche dei sistemi olfattivo e vomeronasale è stata indagata con metodi immunoistochimici e biomolecolari su campioni provenienti da specie di condroitti e brachiopterigi. L'organizzazione morfologica e di alcuni sistemi di neurotrasmissione sono state prese in considerazione nel sistema olfattivo degli elasmobranchi con tecniche di immunolocalizzazione.

Nei Brachiopterigi la distribuzione di proteine G è simile a quella dei teleostei. Nei condroitti la proteina G di tipo olfattivo non sembra essere espressa, il sistema GABAergico ha una distribuzione coerente con quella di altri vertebrati mentre quella del sistema nitrergico è limitata rispetto a quella descritta in letteratura.

I risultati ottenuti, confrontati con i dati dalla letteratura, sembrano indicare che l'integrazione dei sistemi olfattivo e vomeronasale negli stessi organi sia una prerogativa, non degli ittiopsidi, ma dei soli Actinopterigi. Inoltre le particolarità del sistema olfattivo dei pesci cartilaginei viene messa in evidenza, scostandosi da quella degli altri vertebrati.

**DISTRIBUZIONE DELLE CELLULE OLFATTIVE A CRIPTA
DURANTE LO SVILUPPO POSTNATALE DI
*Poecilia reticulata***

S. BETTINI, M. LAZZARI, V. FRANCESCHINI
*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale,
Università degli Studi di Bologna*

Il sistema olfattivo dei Pesci, oltre a neuroni cigliati e microvillari, comuni ad ogni Vertebrato, comprende anche le cellule a cripta, seppur in numero minore. Esse sono localizzate nella porzione apicale del neuroepitelio ed hanno forma ovoidale. Rispondono elettrofisiologicamente agli aminoacidi e si ipotizza un loro ruolo nella captazione feromonale.

Avannotti di *Poecilia reticulata* sono stati sacrificati a tempi progressivi di 7, 14, 21 e 45 giorni dopo la nascita (6 esemplari per stadio), fissati in Bouin ed inclusi in paraffina. Le cellule a cripta sono state evidenziate tramite immunomarcatura con HRP-anti-S100 e contate in base a sesso ed età.

Il numero di cellule a cripta, nelle prime settimane di vita postnatale, varia differentemente nei due sessi: nei maschi si osserva un incremento fino a 21 giorni, con una flessione a 45 giorni; nelle femmine la densità diminuisce costantemente, mentre il numero totale rimane stabile tra 7 e 45 giorni.

La presenza delle cellule a cripta nelle prime settimane di vita suggerisce un loro ruolo olfattivo precoce. Tuttavia le differenze tra maschi e femmine nell'accrescimento di questa popolazione cellulare, confermate dalla diversa densità allo stadio adulto, sembrano rafforzare l'ipotesi di un coinvolgimento diretto in attività sesso-specifiche, come il comportamento riproduttivo.

A SKY POLARIZATION COMPASS IN LIZARDS: WHICH WAVELENGTHS OF LIGHT ARE INVOLVED?

G. BELTRAMI¹, P. BUTTINI¹, C. BERTOLUCCI¹, A. PARRETTA^{2,3},
F. PETRUCCI^{2,4}, A. FOÀ¹

¹*Dipartimento di Biologia ed Evoluzione, Università degli Studi di Ferrara*

²*Dipartimento di Fisica, Università degli Studi di Ferrara*

³*ENEA, Centro Ricerche 'E. Clementel', Bologna*

⁴*INFN, Sezione di Ferrara*

Previous experiments in our laboratory showed that ruin lizards *Podarcis sicula* can use the e-vector direction of polarized light in the form of a sky polarization compass, and that the parietal eye of these lizards plays a central role in mediating functioning of the putative sky polarization compass. The present study further examined whether ruin lizards are able to orientate using a preferential region of the light spectrum to perceive the e-vector direction of polarized light.

Lizards were trained and tested indoors, inside an hexagonal Morris water maze, positioned under an LCD screen producing by itself plane polarized light with a single e-vector, which provided an axial cue. Lizards (N= 86) were subjected to axial training. Lizards meeting learning criteria (N= 43), were subjected to 90° rotation of the e-vector directions.

Lizards directional choices rotated correspondingly, producing a bimodal distribution which was perpendicular to the training axis. Lizards were then tested under 3 different lights (blue: 435nm; red: 611nm; turquoise). Under both blue light and turquoise light lizards were able to orientate in both e-vector's conditions, whereas under red light lizards resulted completely disorientated.

Present data showed that both the blue wavelength and the turquoise wavelength are crucial for perceiving e-vector, whereas the red wavelength doesn't mediate the perception of the e-vector. The role of green wavelength (544 nm) is at the moment under examination. The present experiment also confirmed that the UV is not necessary to perceive polarized light. At present, we are carrying out further investigation to establish whether the sky polarization compass is really a time-compensated compass.

↻ *Simposio IV* ↻

***Diversità, connettività ed evoluzione
in ambiente marino***

*Simposio dedicato
alla prof.ssa L. Liaci e al prof. B. Battaglia*

Coordinatori
F. Tinti, T. Patarnello

Relazione

LA ZOOLOGIA E LO STUDIO DELLA BIODIVERSITÀ, DAI FENOTIPI AI GENOTIPI E RITORNO: IL CASO DELLE MEDUSE E DELLE SPECIE IN REGRESSIONE

F. BOERO

CNR ISMAR, Università del Salento, Lecce

Il mondo sta cambiando: la biodiversità a cui siamo abituati non risponde alle nostre aspettative e, anno dopo anno, vediamo che dobbiamo adattarci a nuove espressioni della diversità della vita. La tassonomia ha un ruolo chiave nel comprendere questi fenomeni. L'esplorazione della biodiversità è lontano dall'essere completo e, comunque, questo lavoro non finirà mai perché, quando crediamo di aver capito come stanno le cose... le cose cambiano. Uno dei maggiori cambiamenti nella biodiversità, a livello globale, è il passaggio da un oceano di pesci a un oceano di meduse. Come valutare questo fenomeno? La scienza dei cittadini ci avvicina alla popolazione e fa capire l'importanza del nostro ruolo. Il coinvolgimento dei cittadini, nel 2009 e nel 2010, ci ha permesso di avere i primi dati su larga scala nella distribuzione delle meduse lungo gli 8.500 km di coste italiane. Sapere 'cosa c'è là fuori' è il nostro primo obiettivo. Con il supporto dei cittadini abbiamo trovato specie nuove per la fauna del Mediterraneo o per la fauna Italiana. Dopo questa fase pionieristica (che continuerà) inizieranno i lavori ad altri livelli, e il contributo della biologia molecolare sarà determinante. Ma è la zoologia che individua i problemi, e la zoologia deve usare tutte le tecniche per risolverli. Sulla base degli schemi di distribuzione delle meduse, per esempio, si possono ipotizzare fenomeni di panmissia o, in alternativa, nette separazioni tra le popolazioni. E solo la genetica ci permetterà di testare le varie ipotesi alternative.

∞ COMUNICAZIONI ORALI ∞

LIVING-STONE. L'ENDOFAUNA DEL CORALLIGENO, DIVERSITÀ, SIMBIOSI E STABILITÀ TEMPORALE

G. BAVESTRELLO¹, M. BERTOLINO¹, R. CATTANEO-VIETTI²,
C. CERRANO², E. GAINO³, M. PANSINI², D. PICA¹, F. SCOCCIA³,
B. CALCINAI¹

¹*Dipartimento di Scienze del Mare,*

Università Politecnica delle Marche, Ancona

²*Dipartimento per lo Studio del Territorio e delle sue Risorse,*
Università degli Studi di Genova

³*Dipartimento di Biologia Cellulare e Ambientale,*
Università degli Studi di Perugia

Il coralligeno è l'ambiente più diversificato del Mediterraneo. Le spugne sono estremamente numerose anche nelle cavità più profonde dove devono affrontare una ridotta circolazione di acqua e basse concentrazioni di ossigeno. Ad oggi non esistono descrizioni degli adattamenti morfologici dei poriferi a questo ambiente così estremo per organismi filtratori.

Tramite una serie di campagne è stata valutata la diversità dei poriferi endobionti del coralligeno. Dopo dissoluzione del conglomerato è stata studiata la morfologia e l'ultrastruttura delle diverse specie. L'estrazione delle spicole intrappolate nella matrice ha permesso di ricostruire la comunità a spugne durante il periodo di deposizione del conglomerato.

Le demosponge sono il gruppo più diversificato del coralligeno. All'interno del conglomerato le spugne insinuanti e perforanti riescono a vivere riducendo o eliminando il sistema acquifero e allevando ricche popolazioni batteriche nei propri tessuti. Lo studio delle paleospicole ha mostrato una relativa stabilità della comunità negli ultimi 3000 anni.

Il bacterial-gardening rappresenta probabilmente la strategia principale per la vita dei poriferi in questo ambiente estremo. La grande diffusione di spugne endobionti associate a batteri ha probabilmente una profonda influenza sull'ecologia dell'intera comunità. Lo studio delle paleospicole è un mezzo potente per ricostruzioni di comunità a spugne degli ultimi millenni.

EFFETTI DELL'ACIDIFICAZIONE DEL MARE SU CORALLI DEL MEDITERRANEO IN UN SITO VULCANICO CON EMISSIONI SOTTOMARINE DI ANIDRIDE CARBONICA

S. GOFFREDO¹, F. PRADA¹, E. CAROSELLI¹, O. LEVY², G. FALINI³,
Z. DUBINSKY⁴

¹*Marine Science Group, Dipartimento di Biologia Evoluzionistica
Sperimentale, Università degli Studi di Bologna*

²*The Mina and Everard Goodman Faculty of Life Sciences,
Bar-Ilan University, Israel*

³*Dipartimento di Chimica 'Giacomo Ciamician',
Università degli Studi di Bologna*

L'acidificazione e il riscaldamento degli oceani, dovuti alle crescenti emissioni antropiche di anidride carbonica, potrebbero avere ripercussioni sugli ecosistemi marini. Questo studio ha lo scopo di investigare, in ambiente naturale, gli effetti dell'acidificazione del mare sulle principali caratteristiche demografiche di tre scleractinie del Mediterraneo: *Balanophyllia europaea* (solitaria, zooxantellata), *Leptopsammia pruvoti* (solitaria, non-zooxantellata) e *Astroides calycularis* (coloniale, non-zooxantellata).

L'esperimento è in corso a Panarea, in un cratere vulcanico sottomarino caratterizzato da emissioni di anidride carbonica a temperatura ambiente, in grado di acidificare l'area circostante. I coralli sono stati trapiantati lungo un gradiente di pH, dal centro del cratere alla periferia del campo sperimentale. Tassi di accrescimento, mortalità, rigenerazione e attività riproduttiva a differenti condizioni di acidità sono rilevati in situ, ad intervalli di due o tre mesi, mediante immersioni con autorespiratore ad aria, seguite in laboratorio da analisi di immagine, morfologiche e biometriche. Nel periodo Luglio 2010 - Marzo 2011, nel punto più acido, al centro del cratere, è stato registrato un pH medio di 7.6 (6.8-8.2) e nel controllo, alla periferia del campo sperimentale, un pH medio di 8.2 (8.1-8.3). I dati preliminari sembrano indicare la specie coloniale come la più sensibile tra quelle investigate, mostrando un significativo calo del tasso di accrescimento e un aumento della mortalità a pH più bassi.

I primi risultati indicano potenziali risposte differenti all'acidificazione da parte delle specie studiate, possibilmente in relazione alle diverse modalità di accrescimento e/o di approvvigionamento energetico. L'esperimento sembra avere un efficace potere predittivo degli effetti della riduzione del pH marino, prevista per i prossimi 50-100 anni, sui coralli del Mediterraneo.

DIVERSITÀ MORFOLOGICA ED EVOLUZIONE NEGLI STYLASTERIDAE (CNIDARIA, HYDROZOA)

S. PUCE¹, D. PICA¹, S. SCHIAPARELLI², G. BAVESTRELLO¹

¹Dipartimento di Scienze del Mare,

Università Politecnica delle Marche, Ancona

²Dipartimento per lo Studio del Territorio e delle sue Risorse

Università degli Studi di Genova

Gli Stylasteridae sono idroidi coloniali con uno scheletro calcareo. Le colonie presentano gastrozoidi e dattilozoidi retrattili in pori dello scheletro chiamati gastropori e dattilopori. La distribuzione relativa dei due tipi di pori varia, secondo il genere, da non coordinata a in file o ciclosistemi (un gastroporo circondato da numerosi dattilopori).

Primi stadi di crescita rinvenuti alla base di una colonia adulta di *Errina* sp., *Distichopora* sp. e *Stylaster* sp. sono stati osservati mediante microscopio elettronico a scansione. *Errina* sp. è stata raccolta in Antartide, *Distichopora* sp. proviene presumibilmente dalla Nuova Caledonia e *Stylaster* sp. dall'Indonesia.

Sebbene i generi studiati siano esempi dei tre tipi di distribuzione dei pori - non coordinata in *Errina*, file in *Distichopora* e ciclosistemi in *Stylaster* - i loro primi stadi di crescita sono organizzati in un ciclosistema primario che poi si modifica portando alla distribuzione dei pori tipica delle colonie adulte.

Queste osservazioni suggeriscono che il ciclosistema rappresenti l'organizzazione dei pori dell'antenato dell'intera famiglia. Da esso, probabilmente sotto l'influsso di differenti condizioni idrodinamiche o in seguito ad interazioni coevolutive, si sarebbe evoluta la distribuzione dei pori tipica di ciascun genere.

FLUSSO GENICO UNIDIREZIONALE DAL POLO SUD AL POLO NORD NEL CILIATO MARINO *Euplotes nobilii*

G. DI GIUSEPPE¹, A. VALLESI², C. ALIMENTI², P. LUPORINI², F. DINI¹

¹*Dipartimento di Biologia, Università di Pisa*

²*Dipartimento di Scienze Ambientali e Naturali,
Università degli Studi di Camerino*

Mediante incroci di laboratorio abbiamo recentemente dimostrato che popolazioni artiche e antartiche del ciliato *Euplotes nobilii* appartengono alla stessa specie, in quanto possono tra loro formare coppie di coniuganti che completano uno scambio genico e generano progenie vitale. Ci siamo chiesti se questo scambio genico avviene veramente anche in natura.

La sperimentazione ha comportato l'applicazione di procedure di amplificazione genica mediante PCR e sequenziamento diretto di geni ribosomali, sia nucleari che mitocondriali, ad una collezione di ceppi wild-type di *E. nobilii* raccolti da diverse località costiere artiche e antartiche. Le sequenze nucleotidiche ottenute sono poi state sottoposte ad analisi filogenetica. L'analisi comparativa delle sequenze ottenute ha permesso di identificare la presenza di alcuni motivi strutturali specifici dei ceppi antartici nel genoma di tre ceppi originari delle coste della Groenlandia nord-occidentale. Non abbiamo invece trovato alcun caso di presenza di motivi specifici dei ceppi artici nei geni ribosomali di ceppi antartici.

Oltre a evidenziare un fenomeno di ibridazione interpolare, questi risultati implicano una direzionalità di flusso genico dal Polo Sud verso il Polo Nord, che verosimilmente riflette un trasporto passivo di individui attraverso correnti oceaniche di profondità caratterizzate da basse temperature come le acque polari a cui è adattato *E. nobilii*.

**DIVERSITÀ DEI MOLLUSCHI BENTONICI DELL'AREA
MARINA PROTETTA DELLE 'SECCHIE DI TOR PATERNO'
(ROMA)**

P. G. ALBANO, B. SABELLI

*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale,
Università degli Studi di Bologna*

La biodiversità delle secche del largo è stata oggetto di pochi studi specifici. Eppure, la distanza dalla costa e quindi dalle principali fonti di impatto, l'isolamento rispetto a substrati analoghi e le caratteristiche oceanografiche ne suggeriscono un alto interesse per lo studio della biodiversità bentonica e la sua conservazione.

Le biocenosi bentoniche del coralligeno, della *Posidonia* oceanica e delle pozze detritiche delle Secche di Tor Paterno sono state campionate in immersione subacquea nella primavera 2007. Il materiale è stato setacciato con maglia minima di 1 mm è stata quindi studiata la diversità e la struttura di popolazione delle malacocenosi.

Sono stati reperiti 2495 esemplari appartenenti a 159 specie di molluschi. La biocenosi più ricca è risultata il coralligeno, seguita dai rizomi di *Posidonia oceanica*. Le foglie di posidonia e le pozze detritiche hanno una ricchezza minore, ma spesso specie esclusive. Le malacocenosi sono risultate significativamente diverse tra loro.

Le Secche di Tor Paterno hanno una elevata ricchezza di specie, di cui alcune di affinità profonda. Le diverse biocenosi ospitano specie spesso localmente esclusive. I molluschi hanno dimostrato un buon comportamento come descrittori della struttura di comunità. È opportuno valutare una più ampia protezione delle secche del largo.

ZOOGEOGRAFIA, EVOLUZIONE E TRACCIABILITÀ DI *Solea solea* E *Solea aegyptiaca* NEL MEDITERRANEO

A. CARIANI¹, S. MONTANARI¹, S. MICHELI¹, I. MILANO¹, I. GUARNIERO²,
G. MAES³, E. DIOPERE³, J. VAN HOUT³, F. VOLCKAERT³, G. KREY⁴,
F. TINTI¹ E FISHPOP TRACE CONSORTIUM⁵

¹*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale,
Università degli Studi di Bologna*

²*Dipartimento di Scienze Mediche Veterinarie,
Università degli Studi di Bologna*

³*Laboratory of Animal Diversity and Systematics
Katholieke Universiteit Leuven, Belgium*

⁴*National Agricultural Research Foundation-Fisheries Research
Institute, Nea Peramos, Kavala, Greece*

⁵<http://fishpoptrace.jrc.ec.europa.eu/about/consortium>

Nel Mediterraneo la sogliola è un'importante risorsa ittica. Sotto tale nome vengono però sfruttate differenti specie morfologicamente ed ecologicamente affini. Analizzando la variazione molecolare intra ed interspecifica, abbiamo risolto le relazioni ecologiche ed evolutive tra due specie criptiche di *Solea*, fornendo strumenti per identificare e tracciare specie e popolazioni.

Con un approccio genetico-molecolare e più marcatori (loci mitocondriali, microsatelliti, SNP) abbiamo analizzato 39 campioni di sogliola dei mari europei, collezionati con i progetti FishTrace e FishPopTrace. I diversi dataset sono stati analizzati per identificare specie e popolazioni, valutare le interazioni riproduttive tra taxa e definire strumenti di tracciabilità molecolare.

Solea aegyptiaca mostra un'areale più ampio di quello conosciuto ed è simpatica con la specie criptica *S. solea* in molte aree mediterranee. Le due specie non interagiscono riproduttivamente ed entrambe mostrano una marcata struttura di popolazione. I differenti marcatori permettono di tracciare le principali unità di popolazione dei mari europei.

Entrambe le specie di *Solea* si sono diversificate in linee evolutive geografiche e unità di popolazione parzialmente o totalmente indipendenti. Sep-pure filogeneticamente affini, le specie non mostrano ibridazione, forse a causa di differenze ecologiche e/o elevata divergenza genomica. La dimostrata tracciabilità degli stock con marcatori molecolari ha grande potenziale applicativo.

SPATIAL CONNECTIVITY AND DISPERSAL PATTERNS IN COASTAL FISHES: AN EXAMPLE FROM A MEDITERRANEAN MARINE PROTECTED AREA

A. DI FRANCO¹, G. COPPINI², G. DE BENEDETTO³, G. DE LEO⁴,
M. DI LORENZO¹, M. GATTO⁵, B. GILLANDERS⁶, V. LYUBARTSEV²,
P. MELIÀ⁵, R. SAHYOUN¹, L. ZANE⁷, P. GUIDETTI¹

¹*Laboratorio 'Conservazione e gestione delle risorse marine e costiere',
Disteba, Università del Salento*

²*Istituto Nazionale di Geofisica e Vulcanologia (INGV)*

³*DBAS, Università del Salento, Lecce*

⁴*Dipartimento di Scienze Ambientali, Università degli Studi di Parma*

⁵*Dipartimento di Elettronica e Informazione, Politecnico di Milano*

⁶*Southern Seas Ecology Laboratories, School of Earth and Environmental
Sciences, Univ. of Adelaide, Australia*

⁷*Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Padova*

Marine protected areas (MPAs) can allow the recovery, within their borders, of species heavily exploited elsewhere. Information on spatial connectivity and dispersal across MPA boundaries is crucial to understand the degree to which MPAs may sustain fish stocks in fished areas or replenish other MPAs within a network.

Using different techniques (visual census, otolith microstructure and microchemistry analysis, lagrangian models) we investigated the potential of Torre Guaceto MPA (TGMPA, Apulia, Italy) as an effective 'source' of larvae/juveniles of a sea bream (*Diplodus sargus*) by assessing dispersal patterns and the related connectivity at both larval and post-settlement stages.

TGMPA hosts high densities of spawners of the studied fish, potentially able to replenish the MPA and down-current sites. Dispersal of larvae and post-settlers occurred over up to 100-200 and 30 km, respectively, providing evidence for spatial connectivity between TGMPA and outer sites (and vice versa).

This multidisciplinary investigation is one of the few providing evidence for spatial connectivity and dispersal of coastal fish in the Mediterranean environment, focusing on the potential role of an MPA as a source. Analogous data from a number of species would be crucial to effectively design MPA networks.

DIVERSITÀ CARIOLOGICA NEL TELEOSTEO ARTICO
***Boreogadus saida* (LEPECHIN, 1774)**

L. GHIGLIOTTI, J. S. CHRISTIANSEN, S. E. FEVOLDEN, C. H. C. CHENG,
S. PERUZZI, E. PISANO
DIP.TE.RIS., Università degli Studi di Genova

Boreogadus saida (famiglia Gadidae) è una specie ampiamente distribuita nella regione artica. Come componente della comunità criopelagica, e per la sua abbondanza, questo pesce svolge un ruolo chiave nelle reti trofiche locali. Le informazioni biologiche attualmente disponibili per la specie sono frammentarie, e non includono dati carilogici.

Gli esemplari sono stati campionati lungo la costa nord-orientale della Groenlandia durante le spedizioni TUNU (I-IV) a bordo della R/V Jan Mayen (Università di Tromsø). I campioni sono stati analizzati mediante tecniche di citogenetica tradizionale e molecolare. Il contenuto totale di DNA nucleare è stato misurato mediante citofluorimetria.

Le analisi hanno messo in evidenza una variabilità cariotipica sia a livello intra-specifico che, in alcuni casi, intra-individuale. Nell'ambito della specie sono stati rilevati tre numeri diploidi ($2n=36$; 37; 38) e sei varianti cariotipiche. A tale diversità cromosomica non corrisponde significativa variazione del contenuto in DNA.

I dati carilogici aggiungono un tassello al quadro citotassonomico della famiglia Gadidae. Inoltre, la variabilità cromosomica rilevata sembra indicare una strutturazione delle popolazioni che merita di essere testata mediante appropriate tecniche genetiche. Le informazioni rappresentano un contributo alla conoscenza della biodiversità in un'area, quella artica, soggetta a rapidi cambiamenti ambientali.

**EVOLUZIONE DELLE RISPOSTE IMMUNITARIE INNATE:
IDENTIFICAZIONE DI UN PEPTIDE ANTIMICROBICO DAL
TELEOSTEO ANTARTICO *Chionodraco hamatus*
(PERCIFORMES: CHANNICHTHYIDAE)**

F. BUONOCORE, E. RANDELLI, D. CASANI, A. M. FAUSTO,
D. DE PASCALE, C. DE SANTI, G. SCAPIGLIATI
*Dipartimento di Scienze Ambientali,
Università degli Studi della Tuscia, Viterbo*

I peptidi antimicrobici (AMP) sono molecole largamente diffuse in natura e sono prodotte da batteri, piante e animali. Essi rappresentano la prima linea di difesa contro svariati tipi di patogeni (batteri, virus e funghi) e sono fondamentali per la risposta immunitaria innata. L'obiettivo di questo lavoro è stato l'identificazione di geni codificanti AMP dal Teleosteo antartico *Chionodraco hamatus*.

Utilizzando primers degenerati è stata identificata la sequenza parziale di un putativo AMP da *Chionodraco hamatus*. Tramite RACE-PCR, si è proceduto al clonaggio completo della molecola. Successivamente, sono stati effettuati studi di espressione del trascritto per l'AMP sia a livello basale che dopo specifica stimolazione. E' stata inoltre studiata l'attività antibatterica dell'AMP, prodotto sinteticamente, su diversi batteri Gram-positivi e Gram-negativi.

Il peptide antibatterico identificato (acc. number FR718953) è risultato appartenere alla famiglia delle pleurocidine dal punto di vista strutturale. La sequenza mostra una identità abbastanza elevata con un AMP omologo presente nel Teleosteo *Morone saxatilis*. L'espressione basale del trascritto per l'AMP è elevata nelle branchie ed è up-regolata dalla stimolazione mediante lipopolisaccaride da *E. coli*. L'attività antibatterica è elevata verso i batteri antartici testati.

È stata identificata la sequenza di un peptide antimicrobico dal Teleosteo antartico *Chionodraco hamatus*, un modello animale scelto per le particolari condizioni ambientali in cui vive e quindi dotato di adattamenti evolutivi specifici. Il peptide sintetico prodotto ha evidenziato una interessante attività antibatterica ed è di potenziale interesse per aumentare lo spettro di farmaci antibiotici di origine naturale disponibili.

**STRUTTURA DI POPOLAZIONE E TRACCIABILITÀ DI
POPOLAZIONI ATLANTICHE E MEDITERRANEE DI NASELLO
(*Merluccius merluccius*) OTTENUTA MEDIANTE
MARCATORI MOLECOLARI SNPs**

I. MILANO^{1,2}, M. BABBUCCI², L. BARGELLONI², F. TINTI¹, A. CARIANI¹,
T. PATARNELLO²

¹ *Dipartimento di Biologia Evoluzionistica e Sperimentale,
Università degli Studi di Bologna*

² *Dipartimento di Sanità Pubblica, Anatomia Comparata e Igiene
Veterinaria, Università degli Studi di Padova*

Il nasello rappresenta una delle risorse ittiche demersali più importanti per la pesca dell'Atlantico Nord-Orientale e del bacino Mediterraneo. La limitata disponibilità di strumenti molecolari adeguati ha impedito di risolvere il differenziamento genetico tra popolazioni a differenti scale spaziali, lasciando irrisolte alcune questioni di interesse gestionale.

Nell'ambito del progetto europeo FishPopTrace circa 400 SNPs (polimorfismi a singolo nucleotide) sono stati sviluppati su sequenze nucleari espresse ottenute da individui di nasello rappresentativi dell'intero areale di distribuzione. Un totale di 19 campioni geografici da Atlantico e Mediterraneo sono stati analizzati con il pannello di marcatori sviluppato. Un subset di 10 loci SNP potenzialmente sotto selezione sono risultati discriminanti per risolvere la tracciabilità tra le popolazioni atlantiche e mediterranee. La debole struttura di popolazione mostrata dal nasello entro bacino è riconducibile ad elevati livelli di connettività. Sono tuttavia evidenti segnali di differenziamento dovuti probabilmente ad adattamento locale.

La disponibilità di numerosi marcatori legati a sequenze espresse rende possibile risolvere con maggiore affidabilità i pattern di struttura genetica delle popolazioni di nasello sia in termini di stima di connettività e flusso genico, sia di potenziale adattativo a condizioni ambientali, ottenendo informazioni fondamentali per una gestione sostenibile della risorsa.

**FISCHIO FIRMA E APPRENDIMENTO VOCALE IN UN
ESEMPLARE ADRIATICO DI GRAMPO (*Grampus griseus*)
OSPITATO IN UNA COMUNITÀ DI TURSIOPÌ
(*Tursiops truncatus*)**

L. FAVARO^{1,2}, D. ZANZI³, D. PESSANI¹, V. M. JANIK²

¹*Dipartimento di Biologia Animale e dell'Uomo,
Università degli Studi di Torino*

²*Sea Mammal Research Unit, University of St. Andrews, U.K.*

³*Parco Oltremare, Riccione*

I cetacei sono in grado di imitare e riprodurre nuovi segnali acustici, ma poco si conosce su flessibilità e utilizzo del loro sistema di apprendimento vocale. Per esplorare tale flessibilità abbiamo studiato il comportamento acustico di un grampo cresciuto in una comunità di tursiopi presso il parco Oltremare (RN).

Attraverso un sistema di 4 idrofoni sono state acquisite 50 ore di registrazione e selezionati solo i segmenti in cui un individuo sceglieva di nuotare isolato in una delle tre vasche utilizzate per lo studio. Per la localizzazione delle vocalizzazioni è stata utilizzata un'analisi del tempo di arrivo dei segnali.

Abbiamo raccolto tra 8 e 40 fischi firma per ognuno dei sei tursiopi presenti e 192 per il grampo. Nove parametri acustici sono stati misurati su ciascun fischio. L'analisi della funzione discriminante ha classificato correttamente l'84% dei segnali. Il grampo forma un cluster all'interno del range dei fischi dei tursiopi.

I valori medi di cinque parametri acustici dei fischi del grampo risultano più vicini a quelli dei tursiopi nella vasca rispetto ai conspecifici in natura. Questo studio prova la presenza del fischio firma in un grampo e la sua capacità di modificare i segnali di comunicazione in funzione dell'ambiente circostante.

COMPORTAMENTO INDIVIDUALE ED INTERAZIONI SOCIALI TRA SQUALI BIANCHI IN CONDIZIONI DI SCAVENGING A DYER ISLAND (SUDAFRICA)

E. SPERONE¹, P. MICARELLI², E. BRUNELLI¹, P. BRANDMAYR¹, S. TRIPEPI¹

¹*Dipartimento di Ecologia, Università della Calabria, Cosenza*

²*Aquarium Mondomarino, Associazione no-profit Posidonia, Museo di Storia Naturale e Orto Botanico della Calabria, Cosenza*

La conoscenza del comportamento dei grandi predatori epipelagici marini è spesso uno strumento chiave nella successiva progettazione di misure conservazionistiche. Lo scopo del presente lavoro è stato quello di descrivere il comportamento di superficie individuale e sociale dello squalo bianco in condizioni di scavenging.

Le osservazioni sono state condotte nella riserva marina sudafricana di Dyer Island nell'ambito di 5 spedizioni di studio dal 2005 al 2010. Le condizioni per lo scavenging sono state ricreate mediante l'impiego di una pastura e l'utilizzo di un trancio di pesce ed una sagoma di foca.

I dati raccolti hanno permesso di costruire gli etogrammi del comportamento individuale e sociale relativi a circa 1000 interazioni esibite da 121 differenti esemplari. I moduli comportamentali sono stati messi in relazione alle dimensioni ed al sesso degli animali evidenziando interessanti associazioni statisticamente significative.

La popolazione di squali bianchi di Dyer Island esibisce complesse ed interessanti interazioni comportamentali, probabilmente legate all'alta densità di individui che frequentano l'isola. Molti dei moduli esibiti, inoltre, sono simili, probabilmente per convergenza evolutiva, a quelli di altri squali o altri predatori epipelagici, quali alligatori e cetacei.

❧ P O S T E R ❧

TASSONOMIA INTEGRATA MORFOLOGICA E MOLECOLARE DI LEPTOCEFALI DEL MARE ADRIATICO

A. ANIBALDI, C. BENASSI FRANCIOSI, G. RICCIONI, F. TINTI
*Laboratorio di Biologia Marina e Pesca, Dipartimento di Biologia
Evoluzionistica Sperimentale, Università degli Studi di Bologna*

L'identificazione specifica delle larve leptocefaliche su base morfologica è difficile per la scarsa letteratura. Le conoscenze della biodiversità dei leptocefali dell'Adriatico e di altre aree del Mediterraneo sono per lo più sconosciute. Questo studio vuole migliorare la tassonomia specifica dei leptocefali per aumentare le conoscenze ecologiche delle specie di Anguilliformi.

515 leptocefali pescati in profondità nel Basso Adriatico sono stati assegnati a 7 specie sulla base dei caratteri tassonomici specifici meristici e morfometrici. 95 individui delle specie putative, sono stati sottoposti a DNA barcoding per confermare l'identificazione specifica morfologica. Il barcoding di *Chlopsis bicolor* e *Saurenchelis cancrivora* è fallito.

Il DNA barcoding ha confermato l'identificazione morfologica di *Conger conger*, *Ariosoma balearicum* e *Nettastoma melanurum*. Gli individui riconosciuti morfologicamente come *Gnathophis mystax* sono risultati assegnati dal barcoding a *G. bathytopos*, specie poco differenziata (< 1%) dell'Atlantico Occidentale. I leptocefali dell'Anguilliforme *Dalophis imberbis* hanno fornito risultati incerti a livelli tassonomici superiori.

L'identificazione tassonomica di *C. conger*, *A. balearicum* e *N. melanurum* è risultata del tutto affidabile. L'incertezza tassonomica relativa a *Gnathophis* può essere dovuta o ad una ridotta divergenza molecolare tra due specie congeneriche allopatriche oppure a differenziamento tra popolazioni della stessa specie. Analisi più approfondite sono necessarie per *D. imberbis*.

**VARIAZIONI MORFOLOGICHE NEL CORSO
DELL'ONTOGENESI IN INDIVIDUI DI
Bathyporeia guilliamsoniana (CRUSTACEA: AMPHIPODA)**

C. CALVARUSO¹, B. GALIL², S. LO BRUTTO¹

¹*Dipartimento di Biologia Ambientale e Biodiversità,
Università degli Studi di Palermo*

²*National Institute of Oceanography,
Israel Oceanographic & Limnological Research, Haifa, Israel*

Nell'ambito di un lavoro di determinazione tassonomica di Crostacei Anfi-podi provenienti dal porto di Ashdod, in Israele, gli individui del genere *Bathyporeia* sono risultati essere di particolare interesse per il polimorfismo fortemente accentuato nella forma e nella presenza di alcuni caratteri diagnostici. Non a caso, recentemente il genere è stato oggetto di una revisione che ha messo in luce la presenza di morfotipi, fino a quel momento considerati ascrivibili al rango di specie.

Su oltre cento individui, la presenza e/o assenza di setole e spine sul primo segmento urosomiale, la profondità dell'incavo nell'angolo postero distale del terzo epimero, e la distanza tra gli occhi da una prospettiva dorsale, sono stati messi in relazione con il sesso e la lunghezza degli individui.

Tutti questi caratteri hanno presentato forti differenze non solo tra maschi e femmine, ma anche nei differenti stadi di maturità, mostrando la loro debolezza diagnostica e supportando le forme *sunniavae* e *megalops* come morfotipi di *B. guilliamsoniana*.

Una revisione della distribuzione dei morfotipi in Mediterraneo è auspicabile.

**ACCRESCIMENTO E DEMOGRAFIA DELLA SCLERATTINIA
TEMPERATA/SUBTROPICALE *Leptopsammia pruvoti*
SONO INDIPENDENTI DALLA TEMPERATURA NEL
MAR MEDITERRANEO**

E. CAROSELLI¹, O. LEVY², F. ZACCANTI¹, G. FALINI³, Z. DUBINSKY²,
S. GOFFREDO¹

¹*Marine Science Group, Dipartimento di Biologia Evoluzionistica
Sperimentale, Università degli Studi di Bologna*

²*The Mina and Everard Goodman Faculty of Life Sciences,
Bar-Ilan University, Israel*

³*Dipartimento di Chimica 'Giacomo Ciamician',
Università degli Studi di Bologna*

La più recente relazione dell'Intergovernmental Panel on Climate Change (IPCC) prevede un aumento di 1.1-6.4 °C delle temperature medie globali durante questo secolo, ed un aumento anche maggiore nelle regioni temperate. L'aumento di temperatura del mare è considerato uno dei principali pericoli per coralli e barriere coralline durante questo secolo.

L'accrescimento (misurato tramite tomografia computerizzata e modellato con la funzione di von Bertalanffy) e le caratteristiche demografiche della sclerattinia temperata/subtropicale azooxantellata *Leptopsammia pruvoti* sono stati determinati in sei popolazioni disposte lungo un ampio gradiente latitudinale sulle coste italiane, e comparati con la temperatura media annuale del mare in superficie (SST).

Le funzioni di accrescimento risultavano omogenee tra siti, ed è stata quindi ottenuta una relazione lunghezza/età generale. Utilizzando questa curva di accrescimento generale, sono state ottenute le strutture per età osservate e teoriche delle sei popolazioni e diversi parametri demografici osservati e teorici. Nessun parametro demografico correlava con l'SST.

L'assenza di correlazioni con l'SST osservata in questo studio suggerisce che *L. pruvoti* sia piuttosto resistente al riscaldamento globale. L'aumento di temperatura provoca invece un calo dell'accrescimento e diminuisce stabilità ed abbondanza delle popolazioni della sclerattinia solitaria zooxantellata *Balanophyllia europaea*, studiata negli stessi siti, che risulterebbe, quindi, più sensibile.

**ANALISI ISSR DELLA VARIABILITÀ GENETICA DI
Patella ulyssiponensis GMELIN, 1791 (MOLLUSCA:
GASTROPODA) NEL COMPLESSO SARDO CORSO**

G. L. DEDOLA, F. SCARPA, P. COSSU, T. LAI, D. SANNA,
M. CURINI-GALLETTI, M. CASU
*Dipartimento di Zoologia e Genetica Evoluzionistica,
Università degli Studi di Sassari*

Patella ulyssiponensis è una specie il cui status di conservazione potrebbe essere mal stimato a causa della notevole variabilità morfologica, che rende difficile la sua distinzione dalle congeneri. Lo scopo del lavoro è stato quello di acquisire dati sulla struttura genetica a diversa scala spaziale della specie nel Mediterraneo Occidentale.

L'analisi genetica è stata effettuata su 16 popolazioni del complesso sardo-corso e di due outlayer, Le formiche (Arcipelago Toscano) e Lampedusa, attraverso l'uso di cinque primer ISSR. La possibile presenza di strutturazione genetica è stata investigata attraverso i software BAPS e STRUCTURE (individual-based Bayesian cluster analysis).

STRUCTURE ha evidenziato la presenza di tre gruppi genetici distinti: due comprendenti le popolazioni del complesso sardo-corso e de Le Formiche, uno quella di Lampedusa. BAPS ha individuato la popolazione de Le Formiche come un ulteriore gruppo genetico.

I risultati ottenuti suggeriscono la presenza di un buon flusso genico con scarsa strutturazione nel complesso sardo-corso e in misura minore, nell'Arcipelago Toscano. L'assegnazione degli individui di Lampedusa ad un gruppo genetico nettamente distinto può essere legata alla presenza di barriere fisico/geologico/ecologico, tra i bacini Occidentale ed Orientale del Mediterraneo.

IDENTIFICAZIONE DEI LINFOCITI T CD3 POSITIVI NEL SANGUE CIRCOLANTE DELLA TARTARUGA MARINA

Caretta caretta

A. DI SANTI¹, D. BARONE¹, L. FERRETTI², F. BENTIVEGNA², A. PICA¹

¹*Dipartimento delle Scienze Biologiche,
Università degli Studi di Napoli Federico II*

²*Stazione Zoologica 'Anton Dohrn', Napoli*

Allo scopo di valutare l'efficienza della risposta immunitaria nella tartaruga marina *Caretta caretta*, specie a rischio di estinzione, frequentemente soggetta ad infezioni di varia natura, si è proceduto alla iniziale identificazione citofluorimetrica delle sottopopolazioni linfocitarie e alla rivelazione immunocitochimica del marcatore molecolare per i linfociti T.

Strisci di sangue periferico da 5 esemplari, sono stati colorati con MGG. Il buffy coat, ottenuto mediante Ficoll, è stato utilizzato per l'analisi citofluorimetrica, per l'identificazione immunocitochimica e per Western blotting con Ab anti-CD3 dei linfociti T e per l'osservazione ultrastrutturale delle popolazioni linfocitarie al TEM.

L'analisi citofluorimetrica del sangue in toto ha evidenziato 6 popolazioni cellulari, tra cui linfociti piccoli e grandi, rotondi ad elevato N/C (4-8 µm), oppure con maggiore estensione citoplasmatica (9-12 µm). Circa il 75% dei linfociti CD3⁺. Al TEM, sono osservabili gli organuli tipici dei linfociti dei mammiferi.

I linfociti di *Caretta caretta*, al MO ed al TEM, presentano morfologia simile a quella dei linfociti dei mammiferi e degli altri vertebrati studiati. La presenza di linfociti CD3⁺ e CD3⁻ dimostra che anche in *Caretta caretta* sono presenti le 2 sottopopolazioni linfocitarie B e T.

**DETECTION OF INDIVIDUAL SENSITIVITY TO THE MAJOR
FISH ALLERGEN BETA-PARVALBUMIN OF
Merluccius capensis AND *Merluccius merluccius*
BY THE ISAC MICROARRAY SYSTEM**

R. FERRARA¹, L. TUPPO^{1,2}, M. TAMBURRINI², P. PALAZZO¹,
G. GUERRIERO³, G. CIARCIA³, M. A. CIARDIELLO², A. MARI¹

¹Center for Molecular Allergology, IDI-IRCCS, Roma

²Institute of Protein Biochemistry, CNR, Napoli

³ECLab, Department of Biological Science, University of Naples Federico II

Recent EU directives and regulations for quality control and authentication of food products have prompted the development of new methods for large-scale tests to ensure the protection of consumers' health. The test systems using component-based allergen microarrays are among the novel methodologies increasingly used in the allergy diagnosis field.

Two fish species, the stockfish, *Merluccius capensis* and the European hake, *Merluccius merluccius*, were used in this study. The species were previously identified by PCR sequencing. Beta-parvalbumin (PRV) was purified from the fish muscle by classical biochemical methodologies and spotted on an experimental version of the ISAC microarray (PMD, Austria).

In the muscle tissue of *Merluccius capensis*, the total protein content and the concentration of the major fish allergen PRV were higher than those found in *Merluccius merluccius*. IgE antibodies specifically recognizing the PRV of the two fish species were detected in the sera of subjects allergic to fish.

Several allergic subjects have a different sensitivity to the PRV of these two species. ISAC microarray allows a multiplex biochip-based immunoassay useful for the detection of individual sensitivity towards specific foods.

BIODIVERSITÀ DEGLI HYDROZOA (CNIDARIA) ITALIANI: UN CONTRIBUTO ALLA FAUNA D'ITALIA

C. GRAVILI, F. BOERO

*Laboratorio di Zoologia e Biologia Marina, Dipartimento di Scienze e
Tecnologie Biologiche ed Ambientali (DI.S.TE.B.A.),
Università del Salento, Lecce*

La penisola italiana ha una posizione centrale nel Mediterraneo ed è stata il centro di numerosi studi zoologici. Gli Hydrozoa sono un taxon 'incospicuo' la cui conoscenza è notevolmente progredita nelle ultime decadi grazie al contributo della ricerca di specialisti nell'area mediterranea.

Ai fini della realizzazione di una monografia sulla Fauna d'Italia degli Hydrozoa (Siphonophora esclusi) è stata effettuata una revisione delle specie segnalate in acque italiane a partire dal XVIII secolo. I dati sono organizzati in un database in schede con informazioni su descrizione, biologia, segnalazioni italiane e mondiali delle specie.

Il numero di specie di Hydrozoa (Siphonophora esclusi) della fauna italiana è 291 (69 endemiche e 20 non-indigene) rappresentando l'8% delle specie mondiali note ed il 64% della fauna mediterranea appartenente al taxon Hydrozoa. Tra le specie alloctone 3 sono invasive (*Garveia franciscana*, *Clytia hummelincki* e *Clytia linearis*).

La distribuzione delle segnalazioni è notevolmente influenzata dalla distribuzione degli specialisti: alcune aree dei mari italiani appaiono particolarmente ricche in specie, mentre altre sembrano particolarmente povere. La copertura delle lacune nella distribuzione è una priorità negli studi futuri della biogeografia del taxon Hydrozoa.

**PCR-RFLP ANALYSIS OF MITOCHONDRIAL 16S rRNA
SEQUENCES OF GADIDAE AND MERLUCCIDAE
(GADIFORMES, GADOIDEI) SPECIES**

G. GUERRIERO^{1,2}, A. DI FINIZIO¹, S. TROCCHIA¹, A. FERRARO¹,
G. CIARCIA^{1,2}

¹*ECLab, Department of Biological Sciences
University of Naples Federico II*

²*CIRAM, University of Naples Federico II*

Work reported here represents the outcome of our previously published integrated taxonomy study on Gadiformes species. Although they are probably one of the most studied order of all teleost fishes worldwide their phylogeny and classification is still far from being firmly established. In present study, a sequence analysis of a 630bp fragment of the mitochondrial 16s rRNA was carried on morphological identified Merluccidae species (hakes) of different biogeographical distribution: *Merluccius merluccius* (Linnaeus, 1758), *Merluccius hubbsi* (Marini, 1933), *Merluccius capensis* (Castelnau, 1861), *Merluccius paradoxus* (Franca, 1960).

On the basis of obtained sequences of both Gadidae and Merluccidae species, the phylogenetic reconstruction of families relationship were obtained; theoretical Merluccidae restriction enzymes SmuI, TaqI, AfaI selected and the rapid reliability in the recognition on frozen, breeding and frozen, salted, salted and dehydrated fish tissues evaluated.

The data obtained by PCR-RFLP (Polymerase Chain Reaction Restriction Fragment Length Polymorphism) analysis are discussed not only focus the Gadoidei species database enrichment but especially pointing the relevance in detecting restriction enzymes to apply for PCR-RFLP method able to reveal intra and inter Gadidae and Merluccidae specie familiarity. These results could be useful in various fields including systematic and evolution, ecosystem research, trade, management and conservation.

**ISOLAMENTO PER DISTANZA IN POPOLAZIONI
MEDITERRANEE DI *Parapenaeus longirostris*
(CRUSTACEA: DECAPODA)**

T. MAGGIO, S. LO BRUTTO, M. ARCULEO
*Dipartimento di Biologia Ambientale e Biodiversità,
Università degli Studi di Palermo*

Si riportano dati sulla variazione genetica tra popolazioni mediterranee di *Parapenaeus longirostris* (Crustacea, Penaeidae) una delle più importanti risorse di pesca per le marinerie mediterranee. Precedenti analisi condotte con il DNA mitocondriale (D-loop) avevano evidenziato la presenza di sub popolazioni distinte in Mediterraneo.

Il differenziamento genetico di *P. longirostris* è stato studiato tramite gli AFLP su 240 individui provenienti dal Tirreno, dallo Stretto di Sicilia, dall'Adriatico e dall'Egeo. Il marcatore nucleare utilizzato mostrando un numero elevato di loci dispersi in tutto il genoma è risultato utile ai fini dello studio della variazione genetica intraspecifica.

L'AMOVA, gli FST a coppie e l'albero UPGMA costruito con la distanza di Reynolds supportano il differenziamento genetico delle popolazioni Egee rispetto alle altre analizzate. Il test di Mantel per l'isolamento per distanza è risultato significativo

L'interazione tra le differenti condizioni oceanografiche dell'area analizzata (profondità, disponibilità trofica, correnti, etc) e la capacità di dispersione di uova e larve, giovanili e degli adulti nonché le caratteristiche biologiche della specie possono avere determinato la diminuzione del flusso genico all'aumentare della distanza geografica.

**ETÀ, ACCRESCIMENTO, MATURITÀ SESSUALE ED ECOLOGIA
TROFICA DI TRE SPECIE ITTICHE 'BERSAGLIO'
(SCORPAENIFORMES: TRIGLIDAE) DEL MARE ADRIATICO**

S. MONTANINI^{1,2}, M. STAGIONI^{1,2}, C. PICCINETTI^{1,2}, S. TOMMASINI¹,
M. VALLISNERI¹

¹*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale,
Università degli Studi di Bologna*

²*Laboratorio Biologia e Pesca, Fano, Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale, Università degli Studi di Bologna*

Lo studio dei triglidi assume particolare importanza nella gestione delle risorse demersali perché poco noti, come evidenziato dal protocollo d'intesa tra Commissione europea e ICES. Scopo del lavoro è la valutazione della bio-ecologia delle popolazioni adriatiche, al fine di analizzarne i rapporti intra ed interspecifici in relazione alla rete trofica.

530 esemplari di *Aspitrigla cuculus*, 1444 di *Chelidonichthys lucerna*, 679 di *Eutrigla gurnardus* sono stati campionati stagionalmente mediante campagne oceanografiche tra il 2005-2009 registrandone i parametri biometrici standardizzati e lo stadio di maturità sessuale. Sono stati utilizzati subcampioni di stomaci per comparazioni trofiche e di otoliti per determinare l'età.

Il passaggio giovanile-adulto avviene intorno al primo anno di età, la maturità sessuale al secondo con differenze di taglia correlate a sesso e specie. Prede preferite sono i crostacei con differenze relative a taglia e specie. Gli adulti pur evidenziando uno spettro trofico maggiore rispetto ai giovanili mostrano specializzazioni individuali.

I triglidi analizzati raggiungono una 'taglia critica' alla fine del primo anno in concomitanza con: passaggio stadio giovanile - stadio adulto, inizio dicotomia tra sessi, allontanamento dalla costa, colonizzazione di nicchie trofiche differenti. Si segnala l'importanza della relazione taglia-profondità e l'ampiezza di nicchia dei triglidi nella distribuzione delle risorse trofiche.

INFLUENZE AMBIENTALI SULLA STRUTTURA GENETICA DEL TONNO ROSSO NEL MEDITERRANEO

G. RICCIONI, M. STAGIONI, G. FERRARA, F. TINTI

Laboratorio Biologia e Pesca, Fano, Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale, Università degli Studi di Bologna

Il tonno rosso mostra una complessa demografia nel Mediterraneo a livello locale, nonostante possa compiere migrazioni transatlantiche. Dal punto di vista genetico il debole segnale di struttura individuato tramite statistiche riassuntive (FST), sebbene significativo, non è stato confermato con metodi più sofisticati.

Campioni di tonno rosso del Mediterraneo sono stati analizzati con una versione aggiornata del programma di clustering Bayesiano STRUCTURE che consente di utilizzare nell'analisi l'informazione sul sito di campionamento. Per confermare i risultati del clustering, sono stati utilizzati metodi di ordinamento multivariato, test classico e parziale di Mantel, analisi multivariate.

Queste analisi mostrano la presenza di un gradiente di differenziamento nord-sud nel Mediterraneo, rafforzato anche dall'analisi multivariata. Inoltre analisi di regressione e correlazione suggeriscono che due fattori ambientali (temperatura e salinità) possono essere coinvolti nella generazione del gradiente di diversità genetica identificato.

Questo studio conferma il segnale di struttura del tonno rosso nel Mediterraneo e suggerisce un adattamento a variabili ambientali come fattore responsabile del differenziamento genetico. Riuscire a chiarire i meccanismi ecologici ed evolutivi di flusso genico e di adattamento ambientale è fondamentale per un'efficace gestione degli stock marini.

**ANDAMENTO TEMPORALE DELLA VARIABILITÀ GENETICA
DELLA SARDINA EUROPEA (*Sardina pilchardus*,
WALBAUM 1792) IN ADRIATICO**

P. RUGGERI¹, A. SPLENDIANI¹, E. ARNERI², N. CINGOLANI²,
A. SANTOJANNI², S. COLELLA², F. DONATO², A. BELARDINELLI²,
M. GIOVANNOTTI¹, V. CAPUTO¹

¹*Dipartimento di Biochimica, Biologia e Genetica,
Università Politecnica delle Marche, Ancona*

²*Istituto di Scienze Marine, Consiglio Nazionale della Ricerca, Ancona*

La sardina europea (*Sardina pilchardus*) è la specie ittica più abbondante in Adriatico. Nel corso degli ultimi tre decenni (1978-2009) lo stock di sardina di questo bacino ha subito un forte calo demografico. In questo lavoro abbiamo voluto verificare, se questo declino abbia anche causato una diminuzione della diversità genetica.

Il DNA è stato estratto da otoliti e scaglie appartenenti a individui catturati in due aree di pesca dell'Adriatico (Chioggia e Vieste) tra il 1978 e il 2009. La diversità genetica (H_E , H_O e N_a) è stata stimata attraverso l'analisi di sei loci di DNA microsatellite.

Una complessiva diminuzione significativa della diversità genetica è stata registrata solo nella serie temporale di Chioggia. Tuttavia, l'analisi condotta con BOTTLENECK ha evidenziato la presenza di un collo di bottiglia genetico in due popolazioni di Chioggia (1991 e 1995) e in una di Vieste (1995).

In conclusione, i risultati ottenuti suggeriscono che l'attività di pesca in Adriatico può aver determinato conseguenze differenti sulla variabilità genetica di questo clupeiforme, che sono risultate più severe nel settore settentrionale del bacino rispetto alla sua porzione meridionale.

∞ Poster a tema libero ∞

**ANALISI PRELIMINARE DELLA COMUNITÀ ZOOBENTONICA
RINVENUTA IN ASSOCIAZIONE CON
Lightiella magdalenina (CRUSTACEA, CEPHALOCARIDA)**

A. ADDIS, F. FABIANO, F. BIAGI, M. CARCUPINO
*Dipartimento di Zoologia e Genetica Evoluzionistica,
Università degli Studi di Sassari*

Lo scopo di questo lavoro è quello di fornire una prima analisi sulla comunità zoobentonica rinvenuta in associazione con *Lightiella magdalenina* (Crustacea, Cephalocarida). La type locality di questa specie risulta attualmente limitata ad una ristretta area situata presso l'isola di S. Stefano nell'Arcipelago di La Maddalena (Sardegna, Italia).

Il prelievo del sedimento è stato effettuato da Maggio a Settembre 2011 nell'Arcipelago di La Maddalena (Sardegna, Italia). I campionamenti sono stati fatti con carotatori manuali di 10 cm di lunghezza e 6,2 di diametro. L'identificazione tassonomica degli organismi presenti si è svolta con l'ausilio di uno stereomicroscopio ZEISS-STEMI 2000.

La comunità zoobentonica in associazione con *L. magdalenina* risulta composta da 16 differenti taxa. Inoltre dai primi dati non esiste correlazione tra la presenza di *L. magdalenina* e i canali dei policheti (Spearman's Rs: -0,2582) come per *L. incisa*, ma risulta evidente una correlazione (Spearman's Rs: 0,8165) con il copepode *Isocleptosyllus sardus*.

I nostri dati confermano ancora una volta quanto sia sconosciuta e sotto-stimata la biodiversità marina mediterranea. In una ristretta area dell'Arcipelago di La Maddalena infatti risultano presenti e correlati tra loro due specie di recente scoperta: *L. magdalenina* (Carcupino et al., 2006) e *I. sardus* (Addis et al., in stampa).

DATABASE UFFICIALI E MORTALITÀ REALE DEL LUPO: IL CASO DELLA PROVINCIA DI RIETI

S. ADRIANI, A. AMICI, F. SERRANI, V. RUSCITTI, M. BONANNI
Università degli Studi della Tuscia, Viterbo

Lo studio riguarda la provincia di Rieti. La mortalità di origine antropica del Lupo è tra i fattori limitanti l'incremento della specie. I database relativi a questa problematica riportano esclusivamente i casi ufficializzati dalle denunce agli organi competenti, ma non includono quelli che non vengono segnalati per evitare possibili coinvolgimenti.

Gli eventi di mortalità esaminati sono stati suddivisi in ufficiali e ufficiosi. I primi sono quelli formalmente sottoposti alle verifiche degli enti preposti (essenzialmente IZSLT). Degli altri si è venuti a conoscenza tramite una rete di informatori confidenziali, residenti e/o frequentanti il territorio provinciale (allevatori, agricoltori, cacciatori, escursionisti, boscaioli, ecc.).

Dalla fine del 1998 si hanno notizie, provate, della morte per cause non naturali di 58 lupi (24♂, 31♀, 3 di sesso ignoto), numero minimo certo. I casi ufficiali sono così ripartiti: 14♂, 18♀, 2 di sesso ignoto. I casi ufficiosi sono così ripartiti: 10♂, 13♀, 1 di sesso ignoto.

L'attuale contesto socio-culturale ostacola il regolare processo di denuncia dei casi di mortalità di origine antropica del Lupo (colposa/dolosa). Una soluzione può scaturire dai piani d'azione locali che coinvolgano figure tecnico-scientifiche originarie/residenti negli specifici territori. Ciò, oltre ad assicurare particolare conoscenza territoriale, facilita la realizzazione di efficaci reti di informatori.

CANI DA GUARDIANIA E AGGRESSIONI DI LUPI ALLE GREGGI NEL COMUNE DI FIAMIGNANO (RIETI)

S. ADRIANI, E. MORELLI, A. CARDONE, S. RUGHETTI, V. ROSATI,
M. BONANNI

Università degli Studi della Tuscia, Viterbo

L'uso dei cani da guardiania come mezzo di prevenzione/dissuasione dalle aggressioni dei lupi al bestiame è un metodo promosso a livello nazionale. Alcune indicazioni di merito, con giudizio negativo, risalgono per il comune di Fiamignano già al 1999. Questo studio riguarda il medesimo territorio e si riferisce al quinquennio 2005-2009.

I dati riportati si riferiscono alle 29 aziende zootecniche dotate di cani da guardiania (rispetto alle 49 complessivamente presenti nel territorio). Nota la scarsa adesione degli allevatori all'anagrafe canina, i dati dei cani presenti sono stati rilevati nelle aziende, quelli dei danni da Lupo, invece, presso i competenti uffici comunali.

Delle 29 aziende dotate di cani da guardiania (nella stragrande maggioranza di razza Pastore Abruzzese, con recente introduzione dell'esotico Cane da Orso della Carelia) 18 hanno subito almeno una aggressione da Lupo nel quinquennio (oltre il 62%), 4 aziende hanno subito aggressioni ogni anno (3 casi, accertati, non risultano denunciati).

L'area di studio è in provincia di Rieti ma fino al 1927 era parte dell'Abruzzo, regione alla quale risale l'antica tradizione della selezione e dell'uso dei cani antilupo. L'indagine necessita di ulteriori approfondimenti, ma se i dati rilevati venissero confermati si accrescerebbe il dubbio sulla reale efficacia del metodo proposto.

CON...TATTO A PELLE E ORECCHIE TESE. PROGETTO DIDATTICO DI BIOLOGIA PER LA SCUOLA PRIMARIA

T. ALTIERO¹, F. TELLERI²

¹*Dipartimento di Biologia,*

Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia

²*Istituto Figlie della Provvidenza per le Sordomute, Scuola Paritaria,
Carpi (MO)*

La strategia di apprendimento per scoperta consente al bambino di imparare facendo (ricerca-azione). Partendo dal percorso 'Con...tatto a pelle' del Museo di Zoologia e Anatomia Comparata (Università di Modena e Reggio Emilia), è stato progettato un percorso didattico per stimolare i bambini all'utilizzo degli organi di senso per scoprire gli animali.

Scatole tattili, contenenti materiali di origine animale (pellicce, penne, zoccoli, lana grezza, pennelli, cinture, ecc.) e postazioni sonore hanno guidato i bambini di tre classi terze di una scuola primaria di Modena in un percorso sensoriale di scoperta di alcune caratteristiche dell'apparato tegumentario e delle strategie di comunicazione degli animali.

È stato evidenziato un buon livello di partecipazione e di coinvolgimento emotivo degli alunni alle attività del progetto. Questo clima positivo ha favorito l'acquisizione di conoscenze sull'argomento oggetto di studio e la possibilità concreta di giungere a concetti generali (Mammiferi e Uccelli), a partire da quelli particolari (annessi cutanei).

Il progetto didattico 'Con...tatto a pelle e orecchie tese' rappresenta un buon esempio di applicazione del sistema formativo integrato, in cui la scuola e l'extra-scuola (Museo) possono essere un connubio costruttivo per un apprendimento significativo della biologia fin dalla scuola primaria.

**CONSERVAZIONE E DNA FORENSE:
IL CASO DEL MUFLONE ENDEMICO DI CIPRO
(*Ovis orientalis gmelini*, BOVIDAE)**

C. BECCANI¹, G. FORCINA¹, M. GUERRINI¹, P. PANAYIDES²,
P. HADJIGEROU², F. BARBANERA¹

¹Dipartimento di Biologia, Università di Pisa

²Cypriot Game Fund Service, Ministry of Interior, Cyprus

Gli abbattimenti illegali mettono a rischio la sopravvivenza del muflone cipriota (*Ovis orientalis gmelini*), taxon endemico di Cipro listato come 'vulnerabile' dall'IUCN. Sono state condotte analisi genetiche a supporto dell'attività investigativa relativa ad un caso di presunto bracconaggio occorso nel Settembre 2010.

Il DNA estratto da tracce ematiche (11) rinvenute su indumenti, oggetti e nella vettura del sospettato è stato confrontato con quello ottenuto da mufloni (3, fegato) rinvenuti uccisi nelle vicinanze del luogo di arresto del sospettato. Per determinare la specie di origine delle tracce è stato sequenziato l'intero gene mitocondriale del Citocromo-b (1140 pb). Le 11 tracce e le tre carcasse sono state genotipizzate a 10 loci del DNA microsatellitare per accertare possibili corrispondenze. Il potere risolutivo dei loci è stato stimato mediante il calcolo della Probability of Identity (PID). L'assegnazione delle tracce è stata condotta tramite il calcolo della Likelihood Ratio (LR).

Il sequenziamento del Citocromo-b ha assegnato la totalità delle tracce al taxon *O. o. gmelini*. L'analisi dei profili genotipici ottenuti tramite il DNA microsatellitare è stato validato realizzando un apposito database di frequenze alleliche prodotto genotipizzando 47 mufloni campionati nella popolazione selvatica di Cipro. Il valore di informatività (PID < 10⁻⁴) dei loci microsatellitari investigati ha consentito l'attribuzione certa (LR > 3000) della maggior parte delle tracce a due delle tre carcasse rinvenute.

Questo studio rappresenta il primo caso di applicazione di tecniche molecolari del DNA forense per la protezione della fauna a Cipro, uno strumento assai efficace nella lotta contro la pratica del bracconaggio.

**EFFETTI DELL'ESPOSIZIONE A BREVE TERMINE A
NONILFENOLO ETOSSILATO SULL'EPIDERMIDE DEL
TRITONE ITALIANO (*Lissotriton italicus*)**

P. BIASONE, I. BERNABÈ, S. TRIPEPI, E. BRUNELLI
Dipartimento Ecologia, Università della Calabria, Cosenza

I nonilfenoli etossilati (NPEs) sono tensioattivi non ionici ampiamente utilizzati nel settore industriale e nella formulazione di pesticidi. Degradabili solo parzialmente, essi danno origine a composti a catena etossilica ridotta persistenti e tossici, che pervengono facilmente a raccolte d'acqua superficiali localizzate in contesti agro-colturali, che spesso ospitano il Tritone italiano.

Poiché negli Anfibi la pelle rappresenta la prima barriera all'ingresso dei contaminanti, abbiamo valutato gli effetti indotti da un'esposizione a breve termine (24, 48 e 96 h) a due concentrazioni nominali di NP10ETO (50 e 100 µg/l) sull'epidermide di esemplari adulti di *Lissotriton italicus*, mediante un approccio morfologico ed ultrastrutturale.

Dopo 24 h si osserva un incremento delle secrezioni mucose e un'intensificazione dei processi di muta che determina la comparsa di cellule subcornee immature. Dopo 48 e 96 h la perdita cellulare causa un appiattimento dell'epidermide e i singoli strati perdono identità strutturale. Nelle regioni profonde compaiono inoltre granuli elettron-chiari.

I nostri risultati fanno dunque ipotizzare che il primo meccanismo di risposta dell'epitelio alla presenza dell'NP10ETO sia un incremento della secrezione di muco ed un aumento del turn-over cellulare (che si manifesta anche con una maggiore frequenza di muta), accompagnato dalla conseguente sostituzione degli elementi cellulari danneggiati.

PRIME INDAGINI SUL POPOLAMENTO DI LUPO NEL MASSICCIO DEL TERMINILLO (RIETI): RISULTATI PRELIMINARI

M. BONANNI¹, A. AMICI², A. MAZZILLI³, V. RUSCITTI⁴, M.
MANGIACOTTI¹, S. ADRIANI²

¹*Libero Professionista*

²*DAFNE, Università degli Studi della Tuscia, Viterbo*

³*Corpo Forestale dello Stato*

⁴*Guardiaparco Ris. Nat. Reg. Montagne della Duchessa*

Il Lupo (*Canis lupus*), specie di alto valore biogeografico, è citato da molti Autori come presente nel massiccio del monte Terminillo. Anche se, precedentemente al presente studio, non risulta l'esecuzione di indagini condotte con tecniche scientificamente riconosciute; sia tendenti a verificare l'uso del territorio che stimare la consistenza del popolamento.

L'indagine, avviata nel gennaio 2010 su un'area di circa 3.400ha, viene condotta con l'applicazione combinata delle seguenti tecniche: Wolf-Howling (13 siti); Transetti (9; totale 27,8km); Snow-Tracking (6; totale 18,5km). Le ultime due equamente distribuite nelle 3 fasce altimetriche di 300 m comprese tra i 1000 ed i 1900 m s.l.m.

L'esecuzione dei Transetti (15 sessioni) del Wolf-Howling (4 sessioni) e dello Snow-Tracking (6 sessioni) ha consentito di verificare che il territorio indagato è costantemente frequentato da un branco di 4-6 soggetti e da 2-3 individui solitari. All'inizio dell'estate 2010 è stato accertato un evento riproduttivo nel citato branco (3 cuccioli).

Questi risultati, preliminari, necessitano di opportuni approfondimenti. Essi costituiscono, comunque, una prima conoscenza certa sulla presenza della specie nell'area di riferimento. Non si comprende come in pregresse relazioni tecniche e pubblicazioni tecnico-divulgative, di varia natura e origine, si siano potuti avanzare dati di consistenza del popolamento e ipotesi di frequentazione.

EFFETTI DEL D-ASPARTATO SULLA STEROIDOGENESI NEL TESTICOLO DI *Pelophylax esculentus*

L. BURRONE, F. RAUCCI, M. M. DI FIORE
*Dipartimento di Scienze della Vita,
Seconda Università degli Studi di Napoli*

Il ruolo endocrino del D-Aspartato è stato ampiamente studiato nei vertebrati ma poco è noto circa i meccanismi molecolari attraverso cui agisce, soprattutto nei non-mammiferi. Nel presente lavoro, abbiamo analizzato nel testicolo di *Pelophylax esculentus*, durante il ciclo riproduttivo, gli effetti del D-Aspartato sull'espressione genica di StAR, aromatasi e 5 α -riduttasi2, importanti enzimi della steroidogenesi.

Il lavoro è stato condotto sul testicolo di *Pelophylax esculentus* durante due periodi (riproduttivo e post-riproduttivo) del ciclo annuale, con e senza D-Aspartato. Sono stati analizzati i livelli di testosterone, 17 β -estradiolo mediante Elisa e D-Aspartato con HPLC, gli mRNA di StAR, aromatasi e 5 α -riduttasi2 mediante RT-PCR e l'immunolocalizzazione di StAR mediante immunisto chimica.

I livelli basali di D-Aspartato, testosterone e dell'mRNA di StAR e di 5 α -riduttasi2 sono più elevati nel periodo riproduttivo, quelli del 17 β -estradiolo e dell'mRNA dell'aromatasi nel post-riproduttivo. Il trattamento con il D-Aspartato, accumulato nel testicolo, determina un incremento di StAR, aromatasi e 17 β -estradiolo nel periodo riproduttivo, e di StAR, 5 α -riduttasi2 e testosterone nel post-riproduttivo.

I risultati del presente lavoro suggeriscono che, nel testicolo di *Pelophylax esculentus*, l'azione endocrina del D-Aspartato implica l'attivazione di StAR in entrambe le fasi del ciclo annuale, il decremento di testosterone e la sintesi di 17 β -estradiolo attraverso l'aromatasi nel periodo riproduttivo, e l'incremento dell'mRNA di 5 α -riduttasi2, enzima chiave per il mantenimento della spermatogenesi, nella fase post-riproduttiva.

**PRIMI DATI SULLA DIETA DI *Salmo trutta* NEL LAGO
FIORENZA (CRISSOLO, CN, 2153 m S.L.M.),
UN AMBIENTE NATURALMENTE PRIVO DI FAUNA ITTICA**

M. CAMMARATA, T. BO, S. FENOGLIO, G. MALACARNE
*Dipartimento di Scienze dell'Ambiente e della Vita,
Università degli Studi del Piemonte Orientale, Alessandria*

I laghi alpini sono sistemi naturali estremamente interessanti ma al contempo molto fragili. Il gruppo del Monviso è caratterizzato dalla presenza di numerosi laghi di origine glaciale ed originariamente privi di ittiofauna. I pesci attualmente presenti nel lago Fiorenza derivano da introduzioni antropiche effettuate per la pesca negli ultimi decenni.

La specie ittica più abbondante nel Fiorenza è la trota fario (*Salmo [trutta] trutta* L., 1758). Nell'estate del 2010 sono state realizzate campagne di prelievo e misurazione di questa popolazione, con l'analisi in laboratorio dei contenuti stomacali di numerosi individui.

Tra i risultati di maggior interesse, sicuramente è da citare il fatto che gran parte dell'alimentazione nei mesi estivi è legata alla cattura di insetti alati (quali adulti di Diptera, Coleoptera Staphilinidae, numerose famiglie di Heteroptera ed Homoptera). Gli invertebrati acquatici risultano essere poco rappresentati nei contenuti stomacali.

I laghi alpini sono sistemi estremamente oligotrofi, con catene alimentari semplificate e comunità di organismi specializzati e caratterizzati da basse densità popolazionali. Le comunità autoctone non riescono quindi a sostenere troficamente l'introduzione di grandi predatori vertebrati, quali i pesci, che si nutrono essenzialmente di organismi in gran parte di origine terrestre.

**EVOLUZIONE DEI MECCANISMI DI TRASPORTO
INTRACELLULARE DI PROTEINE: CILIATI E MAMMIFERI
USANO UNO STESSO SEGNALE DI TRASLOCAZIONE
NUCLEARE**

A. CANDELORI¹, M. MONTANI², F. GABRIELLI², A. AMICI², A. VALLESI¹

¹*Dipartimento di Scienze Ambientali e Naturali,
Università degli Studi di Camerino*

²*Dipartimento di Bioscienze e Biotecnologie,
Università degli Studi di Camerino*

Dopo aver dimostrato che in *Euplotes* il loop autocrino innescato dai feromoni per promuovere la proliferazione cellulare comporta la fosforilazione di una proteina chinasi (Er-MAPK1) strutturalmente simile (omologa?) alle 'intestinal-cell kinase' e 'male germ-cell associated kinase' nucleari identificate nei mammiferi, abbiamo indagato se la sequenza-segnale di localizzazione nucleare di Er-MAPK1 è riconosciuta anche da cellule di mammifero.

Fibroblasti di topo sono stati trasfettati con plasmidi contenenti la 'Green-Fluorescent-Protein' (GFP) associata a diversi frammenti di Er-MAPK1, e 48 ore dopo la trasfezione abbiamo analizzato al microscopio a fluorescenza l'espressione e la localizzazione subcellulare delle proteine di fusione tra GFP e Er-MAPK1.

Le diverse proteine di fusione tra GFP e Er-MAPK1 hanno mostrato una differente localizzazione in correlazione specifica all'inclusione di una sequenza fortemente basica che è stata identificata come 'Nuclear Localization Signal' (NLS). Quelle contenenti NLS hanno mostrato una localizzazione nucleare; quelle prive di NLS, una localizzazione citoplasmatica.

I risultati ottenuti suggeriscono che sequenze specifiche per il trasporto e la localizzazione di proteine chinasi a livello nucleare sono ugualmente lette dai ciliati e dai mammiferi e, forse, da ogni cellula eucariotica.

**ABBONDANZE STAGIONALI DI COMUNITÀ DI
INVERTEBRATI ACQUATICI IN RISAIE TRADIZIONALI E
BIOLOGICHE DELLA PIANURA PADANA:
DATI PRELIMINARI**

E. CARDARELLI, V. DI LUCIA, G. BOGLIANI

Dipartimento di Biologia Animale, Università degli Studi di Pavia

Il mantenimento della biodiversità in risaia è considerato di interesse conservazionistico e obiettivo di un'agricoltura sostenibile. Scopo della ricerca è stato quello di confrontare le abbondanze stagionali delle comunità di invertebrati acquatici in risaie tradizionali e biologiche, per verificare l'effetto di differenti tecniche di coltivazione su queste cenosi.

La ricerca è stata condotta in un'area risicola della Lomellina (PV) durante il periodo di sommersione del riso. Le comunità acquatiche sono state campionate mediante retino da macrobenthos in 7 risaie tradizionali e 7 risaie biologiche; le abbondanze nelle due tipologie gestionali sono state confrontate mediante modelli lineari misti.

Le analisi hanno messo in evidenza l'esistenza di differenze nelle abbondanze delle cenosi acquatiche delle due tipologie di risaia: in generale si è osservato un numero di individui e una tendenza di crescita stagionale maggiore nelle risaie biologiche rispetto a quelle tradizionali.

I risultati preliminari avvalorano l'ipotesi che l'adozione di protocolli di coltivazione caratteristici di alcuni, ma non di tutti, i metodi 'biologici' possa portare a un miglioramento delle condizioni generali delle comunità di invertebrati acquatici in risaia. Approfondimenti sugli effetti di differenti tecniche di gestione del ciclo colturale si rendono comunque necessari.

BIVALVI NON INDIGENI NEL LAGO DI GARDA

F. CIUTTI, C. CAPPELLETTI

Centro Trasferimento Tecnologico,
Fondazione Edmund Mach-Iasma, San Michele all'Adige (TN)

I laghi sono oggetto di processi di colonizzazione da parte di specie non indigene. Nel Lago di Garda sono ad oggi presenti 37 specie aliene di invertebrati, pesci e macrofite. Fra i Bivalvi, oltre a *Dreissena polymorpha* presente dal 1970, sono state recentemente segnalati *Corbicula fluminea*, *Corbicula fluminalis* e *Sinanodonta woodiana*.

Un aggiornamento sulla diffusione nel Lago di Garda delle tre specie è stato effettuato tra febbraio e maggio 2011, attraverso l'osservazione del deposito di valve lungo le rive in 30 stazioni, localizzate principalmente nella parte meridionale del lago.

I risultati evidenziano una diffusione elevata di *C. fluminea* e *C. fluminalis* lungo le rive, con depositi massivi di valve in corrispondenza dei fondali bassi. L'indagine non ha invece consentito di rilevare esemplari di *S. woodiana*.

La mappa di distribuzione conferma il carattere di invasività delle due specie di *Corbicula*, che hanno colonizzato completamente il bacino sud-orientale e la parte meridionale del bacino nord-occidentale. Ulteriori indagini potranno fornire indicazioni su *S. woodiana*, che allo stato attuale sembra avere una distribuzione limitata e stabile.

SUCCESSO RIPRODUTTIVO DELLA TESTUGGINE ESOTICA *Trachemys scripta elegans* IN UN'AREA NATURALE IN CALABRIA

A. CRESCENTE¹, E. SPERONE¹, G. PAOLILLO², S. TRIPEPI¹

¹Dipartimento di Ecologia, Università della Calabria, Cosenza

²World Wildlife Foundation, Calabria

Le invasioni biologiche comprendono tre fasi: introduzione, colonizzazione, naturalizzazione. Le specie introdotte interagiscono negativamente con le biocenosi locali in termini di competizione, predazione e trasmissione di patogeni. Il presente studio mostra i risultati di tre anni di campionamenti sulla biologia riproduttiva di una popolazione di *Trachemys scripta elegans* in Calabria.

La ricerca è stata condotta nel 'lago dell'Angitola', unica zona Ramsar della Calabria. La raccolta dati è avvenuta dal 2008 al 2010, da aprile a novembre, ed ha previsto tre monitoraggi per mese, eseguiti tra le ore 9 e le 17. Per ogni nido sono stati registrati diversi parametri ambientali.

Sono stati censiti 250 nidi ed individuate due aree di nidificazione. La distanza maggiore dei nidi dalla riva è stata di 100 metri. Il 67% dei nidi è stato rinvenuto in ambienti a vegetazione mista (prato+macchia). Oltre l'85% delle covate è stato recuperato in habitat con suoli eterogenei (terra-sabbia; terra-argilla).

L'analisi dei dati ha evidenziato la presenza nel lago Angitola, di una cospicua popolazione di testuggini palustri alloctone, che può essere considerata come una delle più vitali e numericamente consistenti in Europa. Il successo riproduttivo osservato sembra essere non trascurabile in termini di consistenza numerica e frequenza delle deposizioni.

**TEST DI SPERMIOTOSSICITÀ ED EMBRIOTOSSICITÀ IN
Paracentrotus lividus SU SEDIMENTI MARINI DEL GOLFO DI
NAPOLI: CONSIDERAZIONI SULLA SENSIBILITÀ DEI DUE
METODI**

S. DE BONIS¹, M. GUIDA^{2*}, R. A. NASTRO², L. BOUCHÉ², L. LAUDATO¹,
A. DI NAPOLI¹, V. MAZZEI³, G. MELLUSO¹

¹Dipartimento di Biologia Strutturale e Funzionale,
Università degli Studi di Napoli Federico II

²Dipartimento delle Scienze Biologiche,
Università degli Studi di Napoli Federico II

³Dipartimento di Biologia Animale 'M. La Greca',
Università degli Studi di Catania

L'applicazione dell'ecotossicologia all'analisi dei sedimenti ha acquisito negli ultimi anni una sempre maggiore importanza. A differenza delle analisi chimico-fisiche, l'approccio ecotossicologico attraverso l'utilizzo di organismi test, tra cui *Paracentrotus lividus*, permette di ottenere una valutazione globale della potenziale tossicità dei sedimenti stessi per gli organismi acquatici e per l'uomo.

Trenta campioni di sedimento prelevati in fondali marini contaminati sono stati sottoposti a saggi di embriotossicità e di spermiotossicità su *Paracentrotus lividus*. I saggi hanno comportato la determinazione del successo della fecondazione e della qualità della progenie mediante osservazione del numero di larve normali e/o anormali su 100 larve contate.

Per quel che riguarda l'effetto embriotossicologico, il 65% dei campioni analizzati ha provocato l'alterazione dello sviluppo a vari livelli di sviluppo larvale e morfologico-anatomici (sistema scheletrico, pigmentazione, apparato intestinale) delle larve stesse. Tutti i campioni hanno evidenziato effetti spermiotossici. I risultati sono stati elaborati mediante Test della somma dei Ranghi.

I test di spermiotossicità hanno evidenziato un maggior effetto da parte di tutti i sedimenti sulle prime fasi dello sviluppo embrionale (blastula o gastrula) mentre effetti meno importanti sono stati osservati a livello dello sviluppo larvale. Questo indica una diversa sensibilità dei due test e la necessità di un'ulteriore sperimentazione.

AREE PROTETTE, CAMBIAMENTO CLIMATICO E MODELLI DI IDONEITÀ AMBIENTALE NELLE FARFALLE

D. DOMENEGHETTI, S. MARTA, M. MATTOCCIA, V. SBORDONI
Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Roma 'Tor Vergata'

I cambiamenti climatici sono ritenuti tra le principali cause di modificazione nella distribuzione degli organismi. Nel presente lavoro si è valutata la capacità (attuale e futura) delle aree protette dell'Italia Centrale nella tutela dei Ropaloceri in Direttiva Habitat (*Euphydryas provincialis*, *Maculinea arion*, *Melanargia arge*, *Parnassius apollo*, *P. mnemosyne*, *Zerynthia cassandra*).

La distribuzione potenziale delle specie di interesse è stata modellizzata e proiettata sugli scenari futuri utilizzando il programma MaxEnt 3.3.3e. Sono state impiegate segnalazioni sia di CKmap che dell'Osservatorio per la Biodiversità del Lazio, esclusivamente post-1970 e con elevata precisione spaziale. Le variabili bioclimatiche sono state ottenute dalla banca dati WorldClim.

La validazione è risultata ottimale per tutte le specie indagate (AUC>0,8). L'areale di *M. arion* e *M. arge*, tuttavia, risulta difficilmente prevedibile utilizzando le sole variabili bioclimatiche (causa probabilmente la loro peculiare ecologia). Le proiezioni future suggeriscono un'evidente e generale diminuzione dell'areale in Italia Centrale (fino al 96,6% in *M. arion*).

Assumendo costante l'uso del suolo (i cui cambiamenti sono difficilmente prevedibili), nonostante la marcata diminuzione dell'areale potenziale delle singole specie, un sistema di aree protette come quello attualmente presente in Italia Centrale appare garantire per il futuro un adeguato livello di protezione (fino al 98,4% dell'areale residuo in *P. apollo*).

RISPOSTA CELLULARE ALLO STRESS NEGLI EMBRIONI DEL LACERTIDE *Podarcis sicula*

M. G. ESPOSITO, F. TRINCHELLA, P. SIMONIELLO, S. FILOSA,
R. SCUDIERO

*Dipartimento delle Scienze Biologiche,
Università degli Studi di Napoli Federico II*

Negli ultimi anni, per analizzare i meccanismi molecolari che sono alla base di specifici processi cellulari embrionali, si è diffuso l'utilizzo di agenti 'stressori' esogeni in grado di perturbare il fisiologico funzionamento della cellula.

Embrioni del lacertide *Podarcis sicula* sono stati sottoposti a stress chimico (incubazione con cadmio, 50mg/Kg di terreno) e fisico (shock termico a 4°C). Mediante microscopia ottica sono state determinate le alterazioni cellulari e tissutali nello sviluppo; con analisi di Differential Display RT-PCR sono stati identificati i trascritti sensibili all'azione degli stimoli stressori.

Entrambi i tipi di stress determinano alterazioni morfologiche analoghe a carico dell'encefalo e dell'occhio. A livello molecolare, lo stress agisce in maniera diretta modificando l'equilibrio elettrochimico della membrana e l'espressione di specifici fattori trascrizionali, ed anche indirettamente, innescando meccanismi a catena che regolano alcune attività cellulari fondamentali nell'embriogenesi.

I dati raccolti dimostrano che le risposte innescate nella cellula dopo esposizione a stimoli stressori sono di diverso tipo e sono in grado di modificare l'espressione di trascritti coinvolti in pathway molecolari anche molto complessi. Futuri studi potranno chiarire i meccanismi di integrazione/condizionamento tra i geni 'difensivi' e i geni responsabili dello sviluppo embrionale.

PRESENZA E DISTRIBUZIONE DI ZANZARE (DIPTERA: CULICIDAE) NELLA ZONA COSTIERA DELL'ALTO LAZIO

A. M. FAUSTO¹, V. LAGHEZZA MASCI¹, M. DI LUCA², L. TOMA²,
F. SEVERINI², D. BOCCOLINI², M. BELARDINELLI¹, M. CATENACCI³,
F. DE MARTINO⁴, R. ROMI²

¹*Dipartimento per l'Innovazione nei Sistemi Biologici,
Agroalimentari e Forestali, Università degli Studi della Tuscia, Viterbo*

²*Dipartimento di Malattie Infettive, Parassitarie ed Immunomediate,
Istituto Superiore di Sanità, Roma*

³*S.E. Port, Civitavecchia*

⁴*C.F.F.T., Civitavecchia*

Le mutate condizioni climatiche e il fenomeno della globalizzazione possono favorire l'introduzione e diffusione di specie vettrici alloctone e il rischio di espansione di malattie trasmesse da artropodi vettori in aree indenni. Ne sono esempi emblematici la presenza della zanzara tigre, *Aedes albopictus* in Italia e l'epidemia di Chikungunya virus del 2007 nella provincia di Ravenna.

Nel 2010 è stato avviato uno studio volto a caratterizzare la presenza e la distribuzione di zanzare potenziali vettori, nell'area portuale di Civitavecchia. L'indagine entomologica è stata condotta in 3 siti, durante il periodo aprile-ottobre, sia attraverso ricerca attiva delle forme larvali, sia impiegando trappole per la cattura di uova e adulti (BG Sentinel).

Nel corso della stagione sono stati catturati in totale 1.404 Culicidi appartenenti a 4 specie: *Ae. albopictus* (51,6%) e *Culex pipiens* (44,7%), provati vettori di arbovirus anche in Italia; *Culiseta longiareolata*, specie solo molesta (3,6%) e un esemplare di *Anopheles maculipennis* s.l.

L'abbondanza delle due specie vettrici conferma la potenziale recettività dell'area di studio. L'area portuale di Civitavecchia, come altri porti italiani, rappresentano una via d'ingresso sia per nuove specie, come *Ae. aegypti* e *Ae. japonicus*, sia per serbatoi di patogeni, come i virus della Rift Valley, Chikungunya e Dengue, in grado di infettare le zanzare indigene. Questa ricerca è stata finanziata dalla Fondazione Cariciv.

DISTRIBUZIONE DI IMMUNOREATTIVITÀ NOS-SIMILE IN PLANULE DI *Clava multicornis*

S. FERRANDO¹, L. GALLUS¹, M. RAINERI¹, P. RAMOINO¹, R. PENNATI²,
S. PIRAINO³, G. TAGLIAFIERRO¹

¹*Dipartimento per lo Studio del Territorio e delle sue Risorse,
Università degli Studi di Genova,*

²*Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Milano*

³*Dipartimento di Scienze Tecnologie Biologiche Ambientali,
Università del Salento, Lecce*

In *Hydra* (Cnidaria) l'ossido nitrico (NO) sembra regolare sia la motilità dei tentacoli (Colasanti et al., 1997) che la proliferazione e il differenziamento cellulare nei processi rigenerativi (Colasanti et al., 2009). Non si hanno dati sulla presenza di NO, o del suo enzima biosintetico NOS, nelle larve, planule, degli idrozoi.

L'enzima biosintetico NOS è stato messo in evidenza con metodi immunostochimici utilizzando planule in toto dell'idrozoo *Clava multicornis*, e l'anticorpo anti-nNOS. Doppie immunolocalizzazioni con anticorpi anti-nNOS e anti-tubulina acetilata (tubacet) sono state inoltre effettuate per identificare gli elementi nervosi. Le osservazioni sono state condotte al microscopio confocale (CLSM Leica).

Sono risultati nNOS immunopositivi (IP) nell'ectoderma alcune cellule neurosensoriali, cellule gangliari e neuriti del plesso nervoso basioctodermico. Nell'endoderma sono presenti cellule nNOS IP, non tubacet IP, triangolari o multipolari con un grosso nucleo tondeggiante. Sono più numerose in vicinanza della mesoglea e nella regione centrale della planula, posteriormente alla testa.

Concludendo, immunoreattività NOS simile è presente nelle planule di *C. multicornis*; la molecola segnale NO potrebbe funzionare come neurotrasmettitore/neuromodulatore negli elementi nervosi ectodermici e come regolatore di proliferazione e differenziamento in cellule interstiziali endodermiche, presumibilmente differenziate in senso neuronale essendo morfologicamente simili a cellule IP all'anti-Acetil-Cholin-Esterasi.

EFFETTI DELL' α -TOCOFEROLO SUL RIMODELLAMENTO STRUTTURALE NEL GIRO DENTATO DELL'IPPOCAMPO

P. FERRI, F. BUCCELLA, P. AMBROGINI, T. CECCHINI, P. DEL GRANDE,
S. CIARONI

*Dipartimento di Scienze della Terra, della Vita e dell'Ambiente,
Università degli Studi di Urbino 'Carlo Bo'*

Precedenti risultati hanno dimostrato che nel giro dentato di ratto adulto la somministrazione di α -tocoferolo inibisce la proliferazione dei precursori neuronali, ma induce un aumento della sopravvivenza delle cellule neoformate. Inoltre è stato evidenziato che l' α -tocoferolo determina un aumento della densità delle cellule PSA-NCAM-positive e dell'estensione del loro albero dendritico.

Per investigare alcuni aspetti del rimodellamento strutturale in seguito a trattamento con α -tocoferolo, in questo studio è stata compiuta un'analisi morfometrica del giro dentato e sono stati studiati gli effetti dell' α -tocoferolo sull'espressione di specifiche proteine sia dell'elemento presinaptico che dell'elemento postsinaptico, mediante tecniche di immunocitochimica seguita da analisi densitometrica.

L'analisi morfometrica non evidenzia variazioni significative fra ratti di controllo e trattati. Anche l'analisi quantitativa della fosfoGAP43 e quella della MAP2 non evidenziano differenze significative fra i due gruppi sperimentali. Tuttavia nello strato molecolare del giro dentato è stato riscontrato un aumento significativo dell'espressione sia della sinaptofisina, sia della spinofilina.

Questi risultati dimostrano che l' α -tocoferolo è in grado di modulare l'espressione di alcune molecole coinvolte nei processi di rimodellamento strutturale ed evidenziano un ruolo dell' α -tocoferolo nella riorganizzazione e/o formazione delle connessioni sinaptiche, non necessariamente dipendente dalla neurogenesi adulta.

PATHWAYS DI INGRESSO DI NANOPARTICELLE IN CELLULE DI ADENOCARCINOMA UMANO

M. FORTE, A. SELLITTI, M. DE FALCO, V. LAFORGIA, S. VALIANTE

*Dipartimento delle Scienze Biologiche,
Università degli Studi di Napoli Federico II*

Nonostante il crescente interesse nell'uso di nanoparticelle come sistema di rilascio del farmaco, restano ancora poco caratterizzati i meccanismi di internalizzazione. Si riporta uno studio *in vitro* sulla regolazione dell'endocitosi di nanoparticelle di polistirene da parte di cellule di adenocarcinoma gastrico umano (AGS).

Nanoparticelle di polistirene di dimensioni differenti (44 nm, 100 nm) marcate con fluorocromi sono state cimentate per quattro tempi differenti con cellule AGS sia in presenza sia in assenza di inibitori dell'endocitosi. Dopo aver fissato le cellule su vetrini sono state acquisite immagini in fluorescenza.

Le AGS riescono ad internalizzare entrambi i tipi di nanoparticelle, ma a tempi differenti (100 nm in 15 minuti; 44 nm in 6 ore). La localizzazione è prevalentemente perinucleare. In presenza del dynasore, inibitore dell'endocitosi clatrina-dipendente non si osservano nanoparticelle internalizzate.

Questo studio suggerisce che il pathway di endocitosi privilegiato dalle nanoparticelle di polistirene nelle AGS è quello mediato da clatrina e indica che la dimensione delle nanoparticelle e il tempo di incubazione sono parametri importanti per valutare l'ingresso cellulare delle nanoparticelle.

**PRESENZA E DISTRIBUZIONE DI SUBUNITÀ α DI PROTEINE
G IN CIPRIS DI *Balanus amphitrite*
(=*Amphibalanus amphitrite*) (CIRRIPIEDIA, CRUSTACEA)**

L. GALLUS¹, A. AMAROLI¹, C. GAMBARDELLA¹, G. TAGLIAFIERRO¹,
M. VALLARINO¹, V. PIAZZA², S. FERRANDO¹

¹Dipartimento per lo Studio del Territorio e delle sue Risorse,
Università degli Studi di Genova

²Istituto di Scienze Marine, ICMM, CNR, Genova

Balanus amphitrite è un crostaceo marino sessile da adulto, tra i principali costituenti del biofouling, il cui stadio larvale finale, la cipris è specializzata per l'insediamento. In questo lavoro si è studiata immunoistochimicamente la distribuzione delle sub unità α di alcune proteine G su sezioni di cipris di *B. amphitrite*.

Le cipris provengono da colture di laboratorio di *B. amphitrite*, secondo il metodo di Rittschof. Sezioni istologiche sono state trattate con EE per la morfologia, anticorpi anti G α 3i, G α O, G α S/olf e G α q (1:400) (con i relativi controlli), e anticorpi fluorescenti, contrastate con DAPI, e osservate in luce o epifluorescenza.

Positività: G α S/olf in mucosa intestinale, gnatopodi, epitelio sottocuticolare di mantello e torace; G α 3i in cellule oleose ed epiteliali e simmetricamente nella muscolatura di arti e torace e prossima ai nuclei di cellule sottocuticolari del mantello; G α O nelle fibre del neuropilo di sistema nervoso centrale e periferico; G α q non rilevata.

I risultati supportano i dati di letteratura sulla probabile presenza di recettori legati a proteine G nella muscolatura (proposta per GABA e Glutammato), nell'apparato digerente (per molecole FMRFamide simili) e tegumentario, con funzioni legate alla proliferazione cellulare, al metabolismo lipidico (cellule oleose), o di natura sensoriale.

CARATTERIZZAZIONE DELLA LEPTINA NELLA SPIGOLA ***Dicentrarchus labrax***

C. GAMBARDELLA^{1,2,3}, S. KOLLIAS^{2,4}, E. SARROPOULOU⁴,
S. FERRANDO¹, F. SALVATORE³, J. M. O. FERNANDES²

¹*DIP.TE.RIS., Università degli Studi di Genova*

²*Fac. Biosciences and Aquaculture, University of Nordland, Norway*

³*Dipartimento di Biologia Animale ed Ecologia Marina,
Università degli Studi di Messina,*

⁴*Inst. Marine Biology and Genetics,
Hellenic Center of Marine Research, Heraklion, Crete*

La leptina è un ormone che agisce a livello ipotalamico come segnale di sazietà. E' stata identificata in numerosi vertebrati, incluso i pesci, ma ad oggi poco è noto sulla sua presenza e funzione nelle specie d'acquacoltura. Lo scopo della ricerca è caratterizzare questa molecola nella spigola *Dicentrarchus labrax*.

Sequenze EST di spigola sono state identificate con metodi bioinformatici e assemblate in un contig codificante per la leptina. L'RNA totale del fegato di spigole è stato retro-trascritto e il cDNA è stato amplificato, usando primer disegnati sulla base del contig, clonato e sequenziato. Sono state infine effettuate analisi filogenetiche.

Il gene per la leptina nella spigola è costituito da 690 paia di basi e codifica per una proteina di 160 amminoacidi. La struttura terziaria conserva i residui di cisteina e le quattro eliche. La leptina della spigola è collocata tra gli altri perciformi ed è filogeneticamente vicina ai tetraodontiformi.

La leptina è presente nella spigola, pur mostrando un'alta variabilità non solo tra i vertebrati, ma anche tra i teleostei (19-51%). Tuttavia, la struttura tridimensionale, necessaria per l'affinità di legame col recettore, è conservata. Ricerche in corso in spigole d'acquacoltura suggeriscono variazioni di espressione della leptina durante digiuno e rialimentazione.

**PATOLOGIA DELL'INTESTINO DI *Tinca tinca* (PISCES)
INFESTATO DA *Monobothrium wagneri* (CESTODA:
CARYOPHYLLIDEA): DANNI ISTOLOGICI E REAZIONE
DELL'OSPITE**

L. GIARI, A. LUI, S. SQUERZANTI, S. SAKALLI, M. LORENZONI,
B. S. DEZFULI

*Dipartimento di Biologia ed Evoluzione,
Università degli Studi di Ferrara*

Monobothrium wagneri Nybelin, 1922 è un parassita di *Tinca tinca* (L.). Per la prima volta sono descritte le modificazioni patologiche indotte da questo cestode nell'intestino di una popolazione di tinche in Italia. Questa indagine fornisce ulteriori prove del rapporto tra mast cells (MCs) e rodlet cells (RCs) e del ruolo svolto da questi due tipi cellulari nella risposta infiammatoria dell'ospite.

Nel 2010 e 2011 sono stati catturati 28 esemplari di *Tinca tinca* nel lago Piediluco (Terni, Umbria). Porzioni di intestino di pesci sani e di pesci parassitati sono stati fissati e processati con le metodiche di routine per l'osservazione dei campioni tramite microscopia ottica ed elettronica.

Il 57 % delle tinche era parassitato da *M. wagneri* con un'intensità di infestazione compresa fra 1 e 130 cestodi per pesce. Gruppi di vermi attaccati all'intestino provocavano la formazione di noduli visibili ad occhio nudo, emorragia, edema e degenerazione del tessuto circostante. In prossimità del sito di ancoraggio dei parassiti è stata osservata una massiccia infiltrazione di RCs e MCs.

Dall'analisi istopatologica emerge che questa specie di cestode induce nella tinca una severa alterazione della parete intestinale ed un'intensa risposta da parte delle cellule del sistema immunitario aspecifico.

STRUTTURA GENETICA DI POPOLAZIONI DI RONDINE (*Hirundo rustica*, PASSERIFORMES) NIDIFICANTI IN EUROPA

M. GUERRINI¹, C. GENNAI¹, P. PANAYIDES², A. CRABTREE³,
I. ZUBEROGOITIA⁴, A. COPLAND⁵, O. BABUSHKINA⁶, P. M. POLITI^{7,8},
D. GIUNCHI¹, F. BARBANERA¹

¹Dipartimento di Biologia, Università di Pisa

²Cypriot Game Fund Service, Ministry of Interior, Cyprus

³Birdlife Cyprus, Cyprus

⁴Aranzadi-San Sebastian Ringing Office, Basque Country, Spain

⁵Birdwatch Ireland, Ireland

⁶Department of Biology, Lab. of Avian Ecology and Bird Protection
Saint Petersburg State University, Russia

⁷Riserva Naturale Oasi WWF Padule Orti-Bottagone, Italia

⁸ARCEHir, Association des Recherches, de Conservation et d'Encladement
des Hirondelles de cheminée, République Democratique du Congo

La rondine (*Hirundo rustica*) è una specie migratrice, le cui popolazioni Europee, appartenenti alla sottospecie *H. r. rustica*, svernano in Africa sub-sahariana. La specie è in declino principalmente a causa della riduzione della disponibilità dei siti di nidificazione e di foraggiamento nell'emisfero boreale e della caccia nei luoghi di svernamento.

Campioni di sangue (n = 182, campionamento in itinere) sono stati raccolti su soggetti nidificanti in Spagna, Irlanda, Italia, Germania, Cipro e Russia e su di essi sono state condotte le seguenti analisi genetiche: determinazione del sesso tramite PCR (geni CHD); ricostruzioni filogenetiche tramite DNA mitocondriale (subunità II gene NADH, 1041 pb); struttura di popolazione tramite marcatori del DNA microsatellite (10 loci).

Il DNA mitocondriale ha evidenziato una scarsa differenziazione tra tutte le popolazioni europee ma significativa divergenza rispetto a soggetti americani (*H. r. erythrogaster*). Il DNA microsatellite ha evidenziato una sostanziale assenza di struttura genetica all'interno di tutte le popolazioni, un flusso genico elevato tra le popolazioni di Italia, Germania, Cipro, Russia (Europa centro-orientale) così come tra quelle di Spagna ed Irlanda (Europa occidentale) con una divergenza genetica significativa tra i due gruppi.

Tali risultati trovano potenziale riscontro nella differenza tra le rotte primaverili che originano in Africa centrale sub-sahariana (gruppo centro-orientale) e quelle lungo le coste dell'Africa occidentale (gruppo occidentale). Alcune delle differenze riscontrate sono discusse in funzione del diverso grado di fedeltà al nido di soggetti maschili e femminili. La ricerca è finanziata dalla Fondazione A.G. Tasso Leventis (Liechtenstein, sede di Cipro) (2008-2010, 2010-2012).

L'ETEROGENEITÀ AMBIENTALE PUÒ ESSERE LA CHIAVE PER LA CONSERVAZIONE? RISPOSTE DI TAXOCENOSI A CHILOPODI IN AREE ECOTONALI NELL'APPENNINO CENTRALE

F. LACASELLA¹, M. ZAPPAROLI², C. GRATTON³, V. SBORDONI¹

¹*Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Roma 'Tor Vergata'*

²*Dipartimento per la Innovazione nei Sistemi Biologici, Agroalimentari e Forestali, Università degli Studi della Tuscia, Viterbo*

³*Department of Entomology, University of Wisconsin-Madison, USA*

Ai fini della conservazione, l'eterogeneità ambientale, che caratterizza molte aree d'Italia e d'Europa, può al contempo rappresentare una risorsa (mantenimento di un'elevata biodiversità) o una minaccia (frammentazione dell'habitat). L'analisi delle aree d'interazione tra habitat è, quindi, fondamentale per comprendere gli effetti dell'eterogeneità sulle taxocenosi e sulla biodiversità nel suo complesso.

Tra giugno e ottobre 2009, in 9 stazioni sui Monti Simbruini (Lazio), sono state utilizzate pitfall traps per descrivere l'andamento delle taxocenosi a Chilopodi (componente epigea) lungo gli ecotoni faggeta-pascolo e faggeta-rimboschimento a conifere. Le trappole sono state disposte su transetti (150 m) a 0, 12.5, 25, 50, 75 m dal margine.

Sono state rilevate 23 specie (2425 individui). Diciotto specie sono state campionate prevalentemente in ambienti forestali (faggeta / rimboschimento); di queste 5 sono risultate assenti nelle trappole più interne della faggeta, 6 sono state ritrovate anche nel pascolo, a 12.5 m dal margine. Tre specie, infine, sono state rinvenute esclusivamente nel pascolo.

L'analisi delle catture evidenzia che in un paesaggio omogeneo, con copertura forestale continua (i.e. faggeta), circa 1/3 delle specie campionate potrebbe risultare assente. Questi risultati sembrano enfatizzare, dunque, il ruolo dell'eterogeneità ambientale e delle aree ecotonali nel favorire il mantenimento di una più elevata biodiversità.

EFFETTI COMPORTAMENTALI DELL'ENDOSULFAN SU GIRINI DI *Rana dalmatina*

M. LAVORATO¹, I. BERNABÈ¹, S. TRIPEPI¹, M. DENOËL²,
E. BRUNELLI¹

¹Dipartimento di Ecologia, Università della Calabria, Cosenza

²Behavioural Biology Unit, University of Liège, Belgium

L'endosulfan è un insetticida ed acaricida organoclorurato utilizzato per decenni a livello mondiale, di cui sono noti gli effetti neurotossici su diversi gruppi di Vertebrati. Nel presente studio è stato utilizzato un sistema di analisi comportamentale (Ethovision 7 XT, Noldus) che offre la possibilità di analizzare automaticamente e con precisione differenti variabili comportamentali.

In questo lavoro è stato studiato l'effetto di tre concentrazioni subletali di endosulfan (0,005 mg/L, 0,01 mg/L, 0,05 mg/L) sull'attività di nuoto di girini di *Rana dalmatina*. L'analisi del videotracking è stata effettuata su un sottocampione di 8 individui per ciascuna concentrazione, dopo 7, 14, 21 e 28 giorni di esposizione.

L'analisi dei dati ha evidenziato effetti significativi del pesticida nelle due concentrazioni più elevate. Alterazioni del pattern comportamentale sono state osservate per tutti i tempi di esposizione e per diverse variabili, quali la distanza percorsa, la velocità e l'abilità di utilizzare lo spazio, che nell'insieme definiscono la capacità di nuoto.

Simili alterazioni nell'attività di nuoto possono avere conseguenze importanti sull'abilità dei girini di alimentarsi, sfuggire ai predatori e pertanto sul recruitment giovanile. Questo lavoro conferma le osservazioni dei nostri precedenti studi sulla tossicità dell'endosulfan in larve di Anfibi e mette in evidenza l'importanza del videotracking quale metodo di indagine tossicologica.

CARATTERISTICHE IMMUNOCITOCHIMICHE DELLE CELLULE AVVOLGENTI NEL SISTEMA OLFATTIVO DEI PESCI

M. LAZZARI, S. BETTINI, V. FRANCESCHINI
*Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale,
Università degli Studi di Bologna*

Il sistema olfattivo è caratterizzato da una neurogenesi protratta per tutta la vita. Le capacità rigenerative sono associate a peculiari cellule gliali: le cellule avvolgenti. Sono state studiate le caratteristiche immunocitochimiche delle cellule avvolgenti delle vie olfattorie primarie di pesci, assunti come modello rappresentativo di vertebrati non mammiferi.

Teste di *Carassius auratus* (macrosmatico) e di *Poecilia reticulata* (microsmatico) di entrambi i sessi sono state fissate in Bouin, decalcificate in EDTA ed incluse in paraffina. Sezioni frontali di 5 µm sono state trattate per il rilevamento immunocitochimico di marcatori delle cellule avvolgenti noti nei mammiferi, usando la tecnica dell'immunoperossidasi.

S100 e NCAM sono ben rappresentate in entrambi i pesci, sebbene in *Carassius* il tratto intracranico delle vie olfattorie primarie risulti decisamente più marcato. P75NTR è più evidente in *Poecilia*, mentre GFAP è più rappresentata in *Carassius*. Vimentina e PSA-NCAM sono state rilevate solo in *Carassius*. Entrambi non esprimono Galectin-1.

Lo studio mostra che alcuni marcatori delle cellule avvolgenti tipici dei mammiferi sono applicabili anche ai pesci. La risposta non appare però uguale nelle specie esaminate né uniforme lungo le vie olfattorie primarie della stessa specie. Si può supporre che questo carattere non sia completamente conservato nel corso della filogenesi.

**BIOACCUMULO DI COCAINA NELL'ANGUILLA EUROPEA
(*Anguilla anguilla*) IN SEGUITO A UNA PROLUNGATA
ESPOSIZIONE A CONCENTRAZIONI AMBIENTALI
DI COCAINA**

M. MADDALONI¹, F. GAY¹, A. CAPALDO¹, S. VALIANTE¹, M. DE FALCO¹,
M. LENZI², V. LAFORGIA¹

¹*Dipartimento delle Scienze Biologiche,
Università degli Studi di Napoli Federico II*

²*Laboratorio di Ecologia e Acquacoltura Lagunare OPL, Orbetello (GR)*

Lavori recenti hanno dimostrato che gli stupefacenti sono contaminanti comuni dell'ambiente acquatico (Zuccato et al., 2008; Daughton, 2011). Abbiamo pertanto voluto verificare se l'esposizione prolungata a concentrazioni ambientali di cocaina determinasse nell'anguilla europea, noto biomonitor di contaminazione ambientale (Belpaire and Goemans, 2007), il bioaccumulo di questa droga nei tessuti periferici.

Anguille silver sono state suddivise in: trattate (20 ng/l di cocaina free-base in etanolo, per un mese); controllo (acqua di fonte); carrier (etanolo); recupero (privati di cocaina per tre giorni). Muscolo, fegato, pelle e rene sono stati pesati, congelati e sottoposti a HPLC per la determinazione del contenuto di cocaina.

La cocaina è stata rinvenuta in tutti i tessuti degli esemplari trattati, in maggiore quantità nel muscolo, in minore quantità nella pelle. I tessuti degli esemplari recupero contenevano ancora cocaina, ma in quantità molto ridotte. Negli esemplari controllo nei carrier presentavano tracce di cocaina.

I nostri risultati dimostrano che l'anguilla bioaccumula cocaina. Considerando gli effetti tossici di questa droga (Rehm et al., 2006), la sua presenza nei tessuti periferici e nel muscolo, che rappresenta la parte edibile dell'animale, lascia intravedere nuovi rischi sia per la fauna acquatica che per la salute umana.

I NEURONI SENSORIALI EPIDERMICI DELLE LARVE DI ASCIDIA: RUOLO DEL GRADIENTE OPPOSTO RA E FGF/WNT NEL LORO SVILUPPO

R. MANENTI¹, R. PENNATI¹, A. PASINI², F. DE BERNARDI¹

¹Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Milano

²Université de Marseille, France

Negli embrioni dei vertebrati gradienti opposti e antagonisti di acido retinoico e FGF/WNT coordinano lo sviluppo e la differenziazione del neuroepitelio durante l'allungamento in senso antero-posteriore dell'asse corporeo. Scopo di questo lavoro è verificare nelle ascidie l'esistenza di gradienti antagonisti l'effetto sul patterning del sistema nervoso periferico delle larve.

Gli embrioni di *C. intestinalis* a diversi stadi di sviluppo sono stati trattati con RA 10⁻⁶ M, FGF 0-6 M e diversi loro agonisti ed antagonisti. I neuroni sensoriali epidermici caudali sono stati marcati tramite ibridazione in situ, contati ed è stata verificata la loro posizione.

RA, FGF/MAPK e la via di segnale WNT controllano il numero e la distribuzione dei neuroni sensoriali epidermici caudali. I trattamenti con RA determinano un incremento nel numero di neuroni, ma anche la perdita di quelli posteriori. I trattamenti con FGF diminuiscono il numero di neuroni, ma non influiscono su quelli posteriori. I nostri dati inoltre supportano l'esistenza di popolazioni neuronali differenti.

Grazie alle evidenze di questo studio possiamo affermare che l'antagonismo tra RA e le vie di segnale FGF/WNT controlla il patterning antero-posteriore dell'epidermide e del sistema nervoso periferico nella coda delle larve di *Ciona intestinalis*.

RIVALUTAZIONE SISTEMATICA DELLA SEZIONE ZOOLOGICA DELLA STORICA COLLEZIONE FRANCHINI

R. MARAMALDO¹, C. TEPEDINO¹, L. MOLA²

¹*Musei Anatomici, Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia*

²*Dipartimento di Biologia,
Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia*

Giuseppe Franchini, parassitologo ed eminente tropicalista, personaggio rilevante nella storia dell'ateneo modenese, nel 1930 riunì in una Collezione reperti provenienti prevalentemente dai territori coloniali italiani. La sezione zoologica comprende soprattutto esemplari pericolosi per l'uomo come rettili, scorpioni, zecche, insetti (mosca tse-tse, zanzara anofele), ecc.

È stata svolta una accurata ricerca bibliografica per l'acquisizione delle nuove chiavi sistematiche da utilizzare. Una volta estratti i reperti dai loro contenitori, le caratteristiche degli esemplari sono state osservate attentamente allo stereomicroscopio, quindi si è proceduto al lavoro di revisione sistematica ed al cambio del liquido di conservazione.

Le indicazioni tassonomiche, in alcuni casi ormai illeggibili o incomplete, a volte errate per lo scambio dei piedistalli, nella maggior parte dei casi sono comunque risultate obsolete. Dopo la classificazione o l'adeguamento sistematico i nomi attualmente utilizzati sono stati apposti sui reperti con nuovi cartellini.

Abbiamo ridato nuovo valore scientifico alla sezione zoologica di questa Collezione con l'aggiornamento sistematico dei reperti. Tale fase di revisione e riordino, ancora in atto, si concluderà con la stesura di un Catalogo aggiornato dal punto di vista sistematico che rispecchi la consistenza e lo stato di conservazione dei reperti.

BIOACCUMULO DI CADMIO E PIOMBO ED ALTERAZIONI ULTRAISTRUTTURALI DELL'EPATOPANCREAS IN TRE SPECIE DI ISOPODI TERRESTRI

V. MAZZEI¹, M. TROVATO¹, G. LONGO¹, G. ARENA², G. OLIVERI CONTI²,
M. FERRANTE²

¹*Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche ed Ambientali,
Università degli Studi di Catania*

²*Dipartimento di Anatomia, Patologia diagnostica, Medicina legale,
Igiene e Sanità pubblica 'G.F. Ingrassia', Università degli Studi di Catania*

Obiettivo della ricerca è stato quello di valutare la risposta alla contaminazione da cadmio e piombo in tre specie di Isopodi terrestri - *Armadillidium granulatum*, *Armadillidium vulgare*, *Porcellio laevis* - e le conseguenti alterazioni ultrastrutturali a carico dell'epatopancreas, principale organo coinvolto nel bioaccumulo di metalli pesanti.

Gli animali sono stati alimentati per 21 giorni con foglie di castagno contaminate con tre diverse dosi di cloruro di cadmio e piombo. Al termine del trattamento alcuni individui sono stati utilizzati per valutare il contenuto in metalli mediante ICP-MS, altri sono stati sacrificati per le indagini istologiche ed ultrastrutturali.

Tutte le specie saggiate hanno manifestato una spiccata capacità di bioaccumulo dose-dipendente ma variabile in relazione al metallo ed alla specie considerata. L'esposizione ai metalli pesanti ha determinato alterazioni ultrastrutturali a carico dell'epitelio dell'epatopancreas correlate con il livello di contaminazione ed utilizzabili come biomarkers di effetto in programmi di monitoraggio ambientale.

Gli Isopodi terrestri vengono da tempo indicati come eccellenti bioindicatori della contaminazione ambientale da metalli pesanti; la nostra ricerca ha confermato quanto precedentemente affermato da Hopkin (1990) circa la loro capacità di bioaccumulo specie-dipendente e pertanto il loro impiego nei programmi di biomonitoraggio ambientale deve essere sottoposto ad una valutazione preliminare.

**APPROCCIO MULTIDISCIPLINARE PER LA RACCOLTA DI
INFORMAZIONI BIOLOGICHE E STORICHE SU REPERTI
MUSEALI: UN CASO PRESSO IL MUSEO UNIVERSITARIO DI
ZOOLOGIA DI MODENA**

M. MINGUCCI, M. MAZZANTI, A. GAMBARELLI, G. BOSI,
A. PEDERZOLI, R. GUIDETTI
*Dipartimento di Biologia,
Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia*

Al Museo di Zoologia ed Anatomia Comparata di Modena sono stati effettuati lavori di restauro degli animali tassidermizzati. Tra i primati, è stato trattato un trittico di *Colobus guereza* privo di cartellino storico. Nel loro manto sono stati rinvenuti due elementi vegetali (mericarpi) utili per identificare la provenienza dei primati.

I mericarpi sono stati comparati con quelli conservati presso l'Erbario Centrale Italiano e l'Erbario Tropicale di Firenze, osservati al SEM e all'ESEM al fine dell'identificazione sistematica necessaria per risalire al luogo di origine dei reperti. Queste analisi sono state affiancate da ricerche negli archivi storici del Museo.

I mericarpi appartengono a *Cynoglossum amplifolium* var. *amplifolium* che vive in Zaire, Etiopia, Malawi, Mozambico e Zimbabwe. L'areale di *C. guereza* coincide con parte dell'areale di *C.a.* var. *amplifolium*. Gli esemplari di Guereza sono probabilmente stati cacciati in Abissinia (Etiopia) nel periodo coloniale.

Incrociando i dati ottenuti dei reperti vegetali e quelli relativi alle ricerche archivistiche è stato possibile di attribuire l'esatto taxon dei primati (*C.g. guereza*), il loro luogo di origine (aree di foresta altopiani Etiopi), la data di acquisizione (1886-1888) ed il nome del donatore (V. Ragazzi).

PRESENCE OF A FUNCTIONAL (TTAGG)_n TELOMERE-TELOMERASE SYSTEM IN APHIDS

V. MONTI, M. GIUSTI, D. BIZZARO, G. C. MANICARDI, M. MANDRIOLI
*Dipartimento di Biologia,
Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia*

Telomeres are specialized DNA-protein structures constituting the end of chromosomes. The (TTAGG)_n repeat is largely diffused in insect telomeres, but telomerase coding genes have been identified in three insects only. To fill this gap, we performed experiments to verify the presence of both the (TTAGG)_n sequence and telomerase in aphids.

The structure of the telomeres of four aphid species (*Acyrtosiphon pisum*, *Megoura viciae*, *Myzus persicae* and *Rhopalosiphum padi*) has been evaluated by Southern blotting and fluorescent in situ hybridization. The telomerase (TERT) cDNA has been amplified by RACE and TERT expression evaluated by RT-PCR.

Experiments revealed that each chromosomal end consists of the (TTAGG)_n repeat. Aphid telomerase-coding gene presented a sequence identity ranging from 12 to 18% with the invertebrate and vertebrate homologues and possesses the two main domains involved in telomerase activity. Telomerase expression has been observed in different somatic tissues.

Aphids possess a functional telomere-telomerase system with TTAGG telomeres and a functional telomerase. Moreover, the study of telomeres in aphids evidenced that aphid telomerase can initiate the de novo synthesis of telomere sequences at internal breakpoints resulting in the stabilization of the chromosomal fragments.

**TREND MONITORING AND TIME EVOLUTION OF AN ALIEN
POPULATION: THE GRAY-HEADED SWAMPHEN
(*Porphyrio porphyrio poliocephalus*) IN LATIUM**

E. MORI¹, A. MONACO², P. SPOSIMO³, F. CORBI⁴

¹*Dipartimento di Biologia Animale e dell'Uomo,
Università degli Studi di Roma 'La Sapienza'*

²*ARP, Regione Lazio, Settore Biodiversità e Reti Ecologiche, Roma*

³*NEMO srl, Firenze*

⁴*Gruppo Pontine Ricerche Ornitologiche, Latina*

Gray-headed swamphen (*Porphyrio porphyrio poliocephalus*) has been introduced from Eastern Asia in different areas in Italy during last century. However, it established just in Selva di Paliano (Lazio), where some specimens are still present. Data on this population trend has been collected to delineate an action plan to manage it.

Published data has been collected and integrated with unpublished reports by regional databanks, ornithological groups, bird-watchers, hunters and photographers. Moreover, on-the-spot investigations has been done to assess whether the species reproduces in the study area or not and to detect if this population is expanding toward neighboring wetlands.

The species seems to be very localized around the introduction areas and, since 1976, just three observations are recorded outside Selva di Paliano. Though no data are available for the 1990s, the population has undergone a considerable decline since 2000, maybe because of habitat degradation and poaching.

Though the consistent reduction, today it's not possible to exclude a future expansion for this population, nor the establishment in neighboring wetlands. So, even by considering the current low number of individuals, the better management choice seems to be the eradication to prevent risks and the preservation in captivity conditions.

**BIOINDICAZIONE DELLA COMUNITÀ A
MACROINVERTEBRATI DEL BACINO DEL FIUME NESTORE
(UMBRIA)**

M. PALLOTTINI¹, F. SANTORO¹, F. LUCHETTI¹, V. D'ALLESTRO¹,
A. DI VEROLI¹, A. FABRIZI¹, R. SELVAGGI², R. PELLEGRINO²,
D. CAPPELLETTI³, E. GORETTI¹

¹*Dipartimento di Biologia Cellulare e Ambientale,
Università degli Studi di Perugia*

²*Dipartimento di Chimica, Università degli Studi di Perugia*

³*Dipartimento di Ingegneria Civile ed Ambientale,
Università degli Studi di Perugia*

Il bacino del Fiume Nestore (1150 kmq) è da anni interessato da molte fonti inquinanti, soprattutto zootecniche, tanto da essere stato oggetto di vari progetti di risanamento. Lo scopo del lavoro è di valutare l'attuale 'stato di salute' della rete idrografica del Nestore basandosi sull'analisi della comunità a macroinvertebrati.

Nel 2010 sono state individuate dieci stazioni: sei lungo i 42 km del Nestore e quattro nei principali affluenti. Sono stati effettuati prelievi stagionali di macrobenthos e caratterizzate chimicamente acque e sedimenti. E' stato applicato il metodo 'Biological and Ecological traits' che permette di generare un profilo bio-ecologico della comunità.

La comunità a macroinvertebrati rinvenuta ammonta a 36.745 esemplari, ripartita in 99 taxa. L'Analisi di Co-Inerzia evidenzia un cluster di stazioni della parte alta del Fiume Nestore e dei suoi affluenti di destra (Fersinone, Calvana), indicativo di una condizione ambientale meno alterata. La PCA sulle variabili ambientali mostra un'analoga condizione.

Le analisi condotte sulla rete idrografica del Fiume Nestore mostrano una condizione di degrado, in particolare nel tratto medio-basso del Nestore e nei suoi tributari di sinistra (Caina, Genna), che necessita, nonostante anni di interventi, ancora nel 2010 di urgenti politiche di risanamento per limitare l'apporto inquinante delle attività antropiche.

**ISOLAMENTO, CARATTERIZZAZIONE E DISTRIBUZIONE
CELLULARE DI UNA NEUROTOSSINA AD ATTIVITÀ LITICA
DI *Actinia equina* (ANTHOZOA, CNIDARIA)**

M. G. PARISI¹, M. R. TRAPANI¹, G. BENENATI¹, S. PIRAINO²,
M. CAMMARATA¹, N. PARRINELLO¹

¹*Dipartimento di Biologia Ambientale e Biodiversità,
Università degli Studi di Palermo*

²*Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche ed Ambientali,
Università del Salento, Lecce*

Gli Antozoi producono tramite cnidocisti e cellule dell'epitelio mucoso molecole neurotossiche o citolitiche impiegate nella difesa e nella predazione. Questo studio è volto alla caratterizzazione biologica di molecole ad attività litica ed alla caratterizzazione morfo-funzionale delle cellule che le producono di *Actinia equina*, antozoo del Mediterraneo.

Le componenti citotossiche sono state purificate da estratti di muco, tentacoli e liquido interno all'animale tramite cromatografia ad esclusione molecolare ad alta pressione (HPLC). L'attività litica è stata saggiata verso eritrociti di coniglio e cellule tumorali. Dai filamenti mesenterici sono stati isolati e separati su Percoll vari tipi cellulari.

Gli estratti tissutali hanno mostrato attività citotossica verso eritrociti e cellule K562 della leucemia mieloide. Dal percolato è stato isolato un nuovo peptide citotossico sequenziato come una neurotossina specifica per i canali del sodio. Il saggio di placche di lisi ha evidenziato l'attività litica di alcune componenti cellulari.

I risultati delle purificazioni relative al peptide sequenziato consentono di programmare un'ulteriore caratterizzazione degli effettori responsabili delle attività citotossiche osservate che potrebbero avere un'applicazione di interesse farmacologico. L'analisi dei tessuti e delle cellule ha aperto nuovi scenari per lo studio e la distribuzione di questa attività biologica.

**ESPRESSIONE DI ANIDRASI CARBONICA,
CFTR E V-H⁺-ATPASE NELLA PELLE DELL'ANFIOSSO
(*Branchiostoma lanceolatum*, PALLAS 1774)**

A. PEDERZOLI, L. GAVIOLI, L. MOLA, M. MANDRIOLI

Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia

I cefalocordati sono il sister group dei cranioti e sono interessanti per studi comparativi riguardo la regolazione acido-base dei vertebrati in quanto isosmotici e con branchie senza funzione respiratoria. Pertanto abbiamo indagato sulla presenza nell'anfiosso di proteine di trasporto ionico implicate in questi fenomeni nei vertebrati.

Le indagini immunoistochimiche sono state condotte su adulti di anfiosso (circa 7-8 cm), forniti dal Prof. Pestarino (Univ. Genova) fissati in para-formaldeide 4%, utilizzando gli anticorpi anti-V-H⁺-ATPasi, anti-CFTR e anti-anidrase carbonica II. La loro specificità è stata valutata amplificando porzioni dei geni corrispondenti disponibili nel database di *B. floridae* (<http://genome.jgi-psf.org/Brafl1/Brafl1.home.html>).

L'amplificazione e sequenziamento di porzioni dei geni V-H⁺-ATPasi, CFTR e anidrase carbonica II conferma che *B. lanceolatum* ha un ortologo per i tre geni e che gli anticorpi riconoscono regioni conservate. Tutte le cellule dell'epidermide sono risultate intensamente positive all'anti-anidrase carbonica; molte cellule sono inoltre positive ad anti-CFTR e anti-V-H⁺-ATPasi.

L'espressione di queste tre proteine di trasporto ionico nella pelle di adulti ne suggerisce il coinvolgimento nella regolazione acido-base. Indagini precedenti su giovani avevano evidenziato immunoreattività a queste proteine prevalentemente nell'apparato digerente. Pelle e digerente, in momenti diversi, potrebbero svolgere la funzione che nelle missine, osmoconformi marine, compiono le branchie.

**TRADE-OFF DI SVILUPPO TRA CORNA E ALTRI TRATTI
MORFOLOGICI IN DUE SPECIE POLIFENICHE DEL GENERE
Onthophagus (COLEOPTERA, SCARABAEIDAE)**

A. PIZZO, S. DUSINI, A. ROLANDO, C. PALESTRINI
*Dipartimento di Biologia Animale e dell'Uomo,
Università degli Studi di Torino*

Plasticità fenotipica e polifenismo svolgono un ruolo importante nella speciazione e nell'evoluzione delle novità morfologiche. Gli insetti olometaboli sono modelli ideali per studiarne le dinamiche. Studi recenti hanno ipotizzato l'esistenza di un trade-off di sviluppo tra tratti durante l'ontogenesi in specie di coleotteri caratterizzate da polifenismo maschile (*Onthophagus*).

Poiché a un maggiore investimento nel corno corrisponde una riduzione nell'investimento di un'altra struttura (occhio, antenna, zampa, testa, epifaringe e genitali), i trade-off sono stati analizzati in due diverse specie del genere *Onthophagus* attraverso la ricerca di correlazioni negative tra le dimensioni relative dei tratti in sviluppo.

Alcune strutture fisicamente vicine alla zona di sviluppo del corno (antenne, occhi e capo) sono risultate soggette a trade-off. Anche una struttura fisicamente più lontana ma che si sviluppa nella stessa finestra temporale (apparato genitale), subisce un trade-off. Non viene evidenziata alcuna variazione nell'investimento di una struttura fisicamente lontana come la zampa.

Le conseguenze del trade-off su particolari strutture anatomiche e in particolar modo sui genitali fa supporre che il polifenismo possa determinare differenziamento e speciazione come sottoprodotti. Tra le due specie sono state riscontrate differenze nelle strutture che subiscono trade-off. Tali differenze sembrano essere coerenti con le rispettive esigenze ecologiche e con la tipologia di corno coinvolto.

VALUTAZIONE DELLO STRESS DA EMERSIONE E DA RISCALDAMENTO IN DUE SPECIE DI PATELLE MEDITERRANEE

I. PRUSINA¹, G. SARA², F. T. GIARAMITA³, M. DE PIRRO⁴,
B. GLAMUZINA¹, G. A. WILLIAMS⁵, V. ARIZZA³

¹Department of Aquaculture, University of Dubrovnik, Croatia

²Dipartimento di Scienze della Terra e del Mare,
Università degli Studi di Palermo

³Dipartimento di Biologia Ambientale e Biodiversità,
Università degli Studi di Palermo

⁴Dipartimento di Biologia Animale e Genetica,
Università degli Studi di Firenze

⁵SWIMS – University of Honk Kong, China

Patella rustica e *Patella caerulea* sono due specie congeneriche di patelle che vivono lungo le coste rocciose del Mediterraneo. La prima è dominante nella zona intertidale superiore, mentre la seconda è più abbondante nella parte inferiore della stessa zona. Entrambe le specie si trovano periodicamente esposte a condizioni fisiche fortemente stressanti come l'emersione e il riscaldamento. Gli effetti da stress fisico sono stati valutati analizzando la risposta fisiologica degli organismi utilizzando come marker biochimico le heat shock proteins (Hsp70).

Gli animali delle due specie sono stati esposti in laboratorio per 3 ore ad emersione e/o al riscaldamento (incremento di 4.1 - 5.9°C/ora). Dopo il trattamento sono stati valutati i livelli di heat shock protein (Hsp70) in Western blotting utilizzando un anticorpo specifico per le Hsp70 (polyclonal hrHsp70) e l'osmolarità dell'emolinfa con un microsmometro (Roebling).

I risultati ottenuti indicano che il trattamento di emersione e di riscaldamento degli animali di entrambe le specie provoca un aumento significativo dell'osmolarità, infatti questa da un valore di circa 1140 mOsm kg⁻¹ sale a circa 1666 mOsm kg⁻¹. I valori densitometrici dell'Hsp70 non hanno invece avuto cambiamenti significativi durante il trattamento.

I trattamenti in laboratorio hanno simulato le condizioni naturali alle quali questi animali possono periodicamente trovarsi. L'emersione e il conseguente riscaldamento costituiscono un fattore molto stressante come indicano i valori di osmolarità. Un dato interessante si evince invece dall'analisi dell'Hsp70 (isoforma costitutiva Hsp73), i valori di queste proteine in entrambe le specie non variano significativamente rispetto ai controlli dimostrando che questi animali posseggono già sufficienti quantità di Hsp come strategia di difesa primaria agli stress acuti. Questo potrebbe spiegare la loro termo-tolleranza che permette la sopravvivenza in ambienti tidali.

L'ANALISI COMPARATIVA MEDIANTE DNA-BARCODING DI CAMPIONI ATTUALI E MUSEALI SUGGERISCE L'ASSENZA DI DIFFERENZE FRA *Squalius albus* E *Squalius squalus*

M. E. PULETTI¹, D. GIANNETTO¹, L. GIGLIARELLI¹, E. FRANCHI¹, S. GENTILI², A. BARILI², F. PANARA¹, M. LORENZONI¹, L. LUCENTINI¹

¹Dipartimento di Biologia Cellulare e Ambientale,
Università degli Studi di Perugia

²Galleria di Storia Naturale di Casalina Cams,
Università degli Studi di Perugia

Per l'Italia è noto l'endemismo *Squalius albus* Bonaparte 1838 (cavedano del Trasimeno) per cui la caratterizzazione morfologica non consente una distinzione assoluta da *S. squalus*. Ad oggi non era nota una sua caratterizzazione su base molecolare. Solo il confronto fra campioni attuali e museali può dirimere sull'esistenza di questo endemismo.

Il DNA-barcoding di campioni del Trasimeno attuali e risalenti alla fine dell'800 (Galleria di Storia Naturale di Casalina) e di campioni attuali provenienti da altri siti di campionamento è stato condotto secondo metodiche molecolari e di analisi statistica e test filogenetici altamente standardizzati ed impiegando *S. lucumonis* come outgroup.

I campioni analizzati segregano in due aplogruppi, di cui uno con *S. albus* e *S. squalus* e un altro con *S. lucumonis*. Il DNA-barcoding suggerisce che gli esemplari storici ed attuali del Trasimeno possono essere assimilati a quelli di *S. squalus*, indipendentemente dal sito di campionamento.

Il DNA-barcoding consente delle conclusioni esaustive sulla posizione tassonomica del cavedano del Trasimeno. In particolare, emerge che la sua distinzione dal cavedano comune non è supportata a livello molecolare, né per i campioni attuali, né per quelli museali, suggerendo che non possa essere considerata un endemismo tipico di questo biotopo.

***Parablennius sanguinolentus*:
TELEOSTEO BIOINDICATORE DELLA QUALITÀ DEGLI
AMBIENTI COSTIERI**

V. PULVIRENTI¹, C. COPAT², V. FERRITO¹, G. ARENA²,
S. SCIACCA², C. TIGANO¹

¹Dipartimento di Biologia 'M. La Greca', Università degli Studi di Catania

²Dipartimento di Anatomia, Patologia diagnostica, Medicina legale,
Igiene e Sanità pubblica 'G. F. Ingrassia', Università degli Studi di Catania

Parablennius sanguinolentus è una specie costiera ampiamente distribuita nel Mediterraneo. Le femmine producono uova demerse che vengono attaccate al substrato e sorvegliate dal maschio. La dispersione è limitata alla fase larvale planctonica di 34 giorni. In questo studio, la specie viene utilizzata come bioindicatore della qualità dell'ambiente costiero.

In 8 siti costieri sono stati presi in esame: A) analisi delle acque e dei sedimenti; B) analisi delle sequenze della regione di controllo del DNA mitocondriale nelle popolazioni della specie studiata; C) presenza di micronuclei, D) bioaccumulo dei metalli nel muscolo elaborato con l'indice di bioaccumulo medio individuale (IMBI).

I risultati indicano: elevata strutturazione genetica della specie ($F_{st} = 0,86$); valori di diversità aplo-tipica (h) e nucleotidica (π) più bassi nelle popolazioni dei siti inquinati; soprattutto negli esemplari di Augusta (sito altamente inquinato) dove l'indice IMBI e la presenza di micronuclei sono significativamente più elevati rispetto agli esemplari delle altre popolazioni.

I nostri dati confermano preliminarmente che esiste una correlazione tra l'esposizione ai contaminanti ed i livelli di diversità genetica riscontrati in *P. sanguinolentus*. Sono in corso ulteriori studi con biomarker cellulari e fisiologici, ad integrazione di quelli molecolari, al fine di compararne la sensibilità come indicatori di esposizione ai metalli.

STRUTTURA ED ESPRESSIONE DEI GENI CODIFICANTI I FEROMONI NEL CILIATO *Euplotes*

F. RICCI¹, A. VALLESI¹, C. ALIMENTI¹, G. DI GIUSEPPE²,
F. DINI², P. LUPORINI¹

¹*Dipartimento di Scienze Ambientali e Naturali,
Università degli Studi di Camerino*

²*Dipartimento di Biologia, Università di Pisa*

In alcune specie di *Euplotes* si conosce bene la struttura delle molecole segnale cellula-specifiche (feromoni) che regolano la proliferazione cellulare e il processo sessuale della coniugazione. Assai meno invece sappiamo dell'organizzazione e espressione dei geni che codificano questi feromoni a livello del genoma macronucleare trascrizionalmente attivo.

Sulla base di sequenze aminoacidiche ottenute dal sequenziamento diretto di feromoni purificati da colture di diversi ceppi di *E. raikovi*, *E. nobilii* e *E. crassus*, abbiamo sintetizzato degli oligonucleotidi per clonare e studiare struttura e meccanismo di espressione dei geni macronucleari codificanti i feromoni di queste specie.

I geni finora caratterizzati formano famiglie specie-specifiche, in cui ognuno è strutturalmente correlato a tutti gli altri da livelli di identità di sequenza che variano tra le regioni codificanti e non-codificanti in 5' e 3'. I massimi livelli di identità interessano entrambe le regioni non-codificanti, suggerendone un ruolo determinante nel meccanismo di espressione.

Lo studio ancora in corso del meccanismo di espressione ha evidenziato che ogni gene sintetizza più RNA messaggeri a partire da diversi siti di inizio della trascrizione e, inoltre, che questa sintesi comporta la rimozione di introni a livello della regione sub-telomerica in 5'.

**VALUTAZIONE *IN VIVO* ED *IN VITRO* DELLA RIPARAZIONE
DEL DANNO AL DNA INDOTTA DAL FLAVONOIDE
ANTOCIANINA SUI TELEOSTEI**

L. ROCCO¹, I. V. VALENTINO¹, G. SCAPIGLIATI², V. STINGO¹

¹Dipartimento di Scienze della Vita,
Seconda Università degli Studi di Napoli

²Dipartimento di Scienze Ambientali,
Università degli Studi della Tuscia, Viterbo

L'antocianina è una sostanza naturale presente nell'*Aronia melanocarpa*, nota come potente antiossidante e antinfiammatorio. Appartiene alla famiglia dei flavonoidi che, in virtù della loro lipofilità, sono in grado di attraversare la membrana cellulare e probabilmente esplicano il loro effetto benefico interagendo con i componenti cellulari nel prevenire eventuali danni genotossici.

L'effetto protettivo dell'antocianina sul danno al DNA indotto dallo Xylene è stato valutato mediante studi *in vivo* sul pesce zebra (*Danio rerio*) e studi *in vitro* sulle DLEC (*Dicentrarchus labrax* embryonic cells) utilizzando test di genotossicità (Comet test, Diffusion Assay, RAPD-PCR).

La co-somministrazione di antocianina (1 mg/L) e xylene (1 ng/L) ha determinato, in entrambi i modelli sperimentali e con tutti i test utilizzati, una diminuzione della percentuale di danno rispetto al gruppo di esemplari trattati solo con lo Xylene.

Dal trattamento simultaneo dello Xylene e dell' antocianina non sono mai emersi alterazioni a livello del DNA statisticamente significative sia nel pesce zebra che nella linea cellulare DLEC. Questo probabilmente perché il flavonoide riesce a contrastare l'effetto genotossico indotto dal muschio, a dimostrazione del suo effetto benefico come antiossidante.

PARASSITOSI DA *Amphibiocystidium* sp.: UNA NUOVA MINACCIA PER LE POPOLAZIONI DI *Rana italica*?

R. ROSSI, R. PARACUCCHI, A. FAGOTTI, F. SIMONCELLI,
I. DI ROSA

*Dipartimento di Biologia Cellulare e Ambientale,
Università degli Studi di Perugia*

Nel 2007 una nuova parassitosi da *Amphibiocystidium* è stata scoperta in popolazioni di *Rana italica* dell'Italia Centrale. Le scarse conoscenze sui protisti del genere *Amphibiocystidium* e l'importanza conservazionistica di *Rana italica* hanno motivato l'interesse per indagare il ciclo di vita del suddetto parassita e il suo rapporto con l'ospite.

Esemplari metamorfosati di *Rana italica*, campionati secondo un metodo standardizzato nel triennio 2008-2010 da una popolazione colpita da *Amphibiocystidium* sp., sono stati stabulati, sessati, misurati, sottoposti a biopsia cutanea, marcati. Le biopsie cutanee sono state analizzate mediante microscopia ottica ed elettronica. L'elaborazione dati si è avvalsa di test non parametrici.

Sono state identificate tre tipologie di sporangio di *Amphibiocystidium* sp. Nella popolazione di *Rana italica* indagata sono state evidenziate una diffusione della parassitosi, un'inversione della sex-ratio, una relazione tra la taglia dell'ospite e la presenza della parassitosi. È stata infine rilevata un'apprezzabile disorganizzazione dello stato dei tessuti coinvolti dalla parassitosi.

La ricerca ha contribuito a definire alcuni stadi del ciclo di vita di *Amphibiocystidium* sp., contribuendo a far luce sui protisti appartenenti all'enigmatico clade dei Mesomicetozoi. Ha inoltre suggerito che la parassitosi possa avere effetti sub-letali o letali e possa costituire una minaccia per la popolazione di *Rana italica* indagata.

STUDIO PRELIMINARE SULLA CARATTERIZZAZIONE DEGLI EMOCITI DI *Cancer borealis*

M. A. SANFRATELLO, D. PARRINELLO, M. A. DAMIANO, M. VAZZANA
*Dipartimento di Biologia Ambientale e Biodiversità,
Università degli Studi di Palermo*

Come tutti gli invertebrati, i crostacei hanno un sistema immunitario innato mediato dagli emociti, la cui classificazione su base morfo-funzionale varia nei taxa ed è spesso controversa. Questo lavoro esamina la morfologia e l'attività fagocitaria degli emociti e l'attività agglutinante del siero emolinfatico del decapode marino dell'Atlantico *Cancer borealis*.

La morfologia dei tipi cellulari è stata esaminata al microscopio luce dopo colorazione con May Grunwald - Giemsa ed Ematossilina Eosina. Sono state effettuate osservazioni al microscopio interferenziale e microscopio elettronico a scansione. L'attività agglutinante del siero è stata saggiata con eritrociti di diverse specie e verso cellule di lievito.

Sono stati caratterizzati tre tipi cellulari: emociti semigranulari, granulari ed ialini. Gli emociti semigranulari hanno piccoli granuli nel citoplasma rispetto ai granulari, gli ialini sono piccole cellule agranulari con attività fagocitaria. Il siero emolinfatico agglutina cellule di lievito (*S. cerevisiae*) (titolo 1/64) ed eritrociti di vari mammiferi (titolo 1/8 - 1/64).

I tipi cellulari e l'attività del siero trovano riscontro nel decapode mediterraneo *Carcinus aestuarii*. Questi risultati preliminari pongono le basi per lo studio dell'immunità innata del crostaceo *C. borealis*.

**EFFETTI DELLA SOMMINISTRAZIONE DEL D-ASPARTATO
SULL'ESPRESSIONE DELL'AROMATASI NEL CERVELLO DI
*Pelophylax esculentus***

A. SANTILLO, L. BURRONE, C. PINELLI, G. CHIEFFI BACCARI,
M. M. DI FIORE

*Dipartimento di Scienze della Vita,
Seconda Università degli Studi di Napoli*

Il D-Aspartato (D-Asp) è un amminoacido endogeno che riveste un ruolo importante nella neurotrasmissione e nella biosintesi e/o secrezione di ormoni. In questo lavoro abbiamo studiato nel cervello di *P. esculentus*, specie a riproduzione stagionale, il ruolo del D-Asp nella regolazione dell'espressione dell'aromatasi e quindi la sua influenza sui livelli degli ormoni sessuali e dei rispettivi recettori.

Lo studio è stato condotto in maschi di rana nel periodo riproduttivo (marzo-aprile). Alle rane è stato somministrato i.p. D-Asp (2 μ mol/b.w.) per 15 gg. Abbiamo valutato nel cervello: i livelli del D-Asp (HPLC); l'espressione genica e proteica dell'aromatasi (RT-PCR e Wb); i livelli di testosterone ed estradiolo (ELISA) e i rispettivi recettori (RT-PCR); l'espressione di CREB e P-CREB (Wb).

La somministrazione di D-Asp induce nel cervello di rana un aumento dell'espressione dell'aromatasi, una diminuzione dei livelli di testosterone e del suo recettore, un aumento di estradiolo e del corrispondente recettore. Si osserva inoltre un aumento dell'espressione di P-CREB, indicativo di un'aumentata attività proteica.

I risultati del presente studio suggeriscono che nel cervello di rana in fase riproduttiva il D-Asp regola i livelli di testosterone ed estradiolo e dei corrispondenti recettori influenzando l'espressione dell'aromatasi, attraverso attivazione della via di CREB.

I CANI DA SALVATAGGIO NAUTICO PREDILIGONO SEGNALI COMUNICATIVI NON VERBALI

A. SCANDURRA¹, P. VALSECCHI², B. D'ANIELLO¹

¹*Dipartimento di Biologia Strutturale e Funzionale,
Università degli Studi di Napoli Federico II*

²*Dipartimento di Biologia Evolutiva e Funzionale,
Università degli Studi di Parma*

I cani hanno notevoli capacità nell'interpretare i segnali del corpo. Essi incrementano l'efficacia dei comandi verbali del conduttore in animali addestrati per compiti specifici. Al fine di verificare l'efficacia dei segnali del corpo in cani addestrati per il salvataggio nautico sono stati condotti esperimenti sottoponendo gli animali a comandi contrastanti.

Il protocollo sperimentale ha previsto 3 fasi. Nella fase 1 il conduttore è invitato a dare comandi coerenti con gesti consueti. Nella fase 2 l'esperimento è ripetuto solo con i gesti, mentre nella fase 3 sono forniti comandi incoerenti tra la postura del conduttore e il segnale verbale.

I risultati della fase 3 indicano che tutti i soggetti esaminati rispondono al comando vocale 'TERRA', associato al gesto 'SEDUTO' sedendosi e viceversa; mentre al comando 'VIENI', associato al gesto 'RESTA' restano sul posto. La maggioranza dei soggetti esaminati reagisce al comando 'RESTA' associato al gesto 'VIENI' in maniera incerta.

I nostri dati dimostrano che i cani da salvataggio nautico sono fortemente catalizzati sulla postura del corpo del conduttore, piuttosto che sui comandi verbali quando il conduttore è più vicino al cane; mentre nel richiamo a distanza il comando verbale sembrerebbe prendere maggiore importanza, pur non prevalendo sul segnale posturale.

**CARATTERISTICHE DI DUE FORME DI *Corbicula* sp.
PRESENTI IN CANALI DELLA PROVINCIA DI MODENA**

R. SIMONINI, M. P. MARTINO, G. MASSAMBA N'SIALA, D. PREVEDELLI
*Dipartimento di Biologia,
Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia*

Nell'ultimo secolo, il bivalve alloctono invasivo *Corbicula* sp. si è diffuso in habitat lentici e lotici di tutto il mondo, tra cui quelli dell'Italia settentrionale. In questo lavoro sono illustrate le caratteristiche morfologiche e la colorazione di conchiglie di *Corbicula* raccolte da canali dell'alta e della bassa pianura modenese.

Campionamenti sono stati effettuati in più siti lungo canali distanti 50 km (S. Pietro e Torbido [alta pianura]; Quarantoli [bassa pianura]), tramite retino. Dopo vagliatura, gli esemplari di *Corbicula* sono stati dissezionati; le conchiglie sono state misurate tramite calibro micrometrico e fotografate ottenendo informazioni su lunghezza, larghezza, altezza e colorazione.

Le conchiglie degli esemplari di *Corbicula* raccolti lungo i canali di alta pianura raggiungono al massimo 3 cm, hanno forma ellittica, con esterno giallo-marrone ed interno bianco-giallo. Gli individui prelevati dal canale di bassa pianura sono più grandi (fino a 5 cm) hanno conchiglia rotonda/triangolare, verde-marrone esternamente e bianca-violetta internamente.

Negli ambienti dolciaquicoli europei sono stati identificati tre morfotipi di *Corbicula*: R (round), Rlc (R light-coloured) e S (saddle). Gli esemplari rinvenuti nell'area studiata sono riconducibili alla forma R (bassa pianura) e Rlc (alta pianura). E' probabile che i due morfotipi corrispondano a due distinti eventi di introduzione.

METALLI PESANTI IN FECI E FANERE DI OCCHIONE (*Burhinus oedicnemus*)

M. T. SPENA¹, D. MARTINO², G. TRINGALI², N. E. BALDACCINI³,
D. GIUNCHI³, E. POLLONARA³, C. CACCAMO³, R. GRASSO¹

¹*Dipartimento Di Scienze Biologiche, Geologiche E Ambientali,
Università degli Studi di Catania*

²*Istituto Ricerca Medica e Ambientale I.R.M.A. Biosistema, Acireale (CT)*

³*Dipartimento Biologia, Università di Pisa*

L'esposizione e l'effetto dei metalli pesanti sulla fauna sono da tempo riconosciuti dalla letteratura scientifica. In anni recenti l'occhione si è trovato a nidificare in aree antropizzate od in vicinanza di reflui urbani ed industriali, esponendosi potenzialmente a significative concentrazioni di tali sostanze.

Attraverso la spettrometria di massa al plasma induttivamente accoppiato (Q-ICP-MS, Elan DRC-e, Perkin Elmer), sono state valutate le concentrazioni di alcuni metalli pesanti in matrici biologiche non convenzionali (feci, penne e piumino), caratterizzate da una limitata invasività di prelievo. I campioni provenivano da popolazioni sicule e padane.

Nelle matrici considerate le concentrazioni di cromo, arsenico, nichel, piombo, mercurio e cadmio hanno evidenziato valori intrapopolazionistici comparabili ma con differenze notevoli tra popolazioni diverse. I livelli di Ni ed Hg sono risultati maggiori nel piumino rispetto a penne e feci.

Data la limitata invasività, questa tipologia di valutazione può rivelarsi utile da un punto di vista conservazionistico. Le concentrazioni di Pb, Hg e As registrate in alcune aree fanno ipotizzare un potenziale livello di intossicazione, sebbene non esistano studi che definiscano soglie tossiche per la specie studiata, che mostra nelle stazioni considerate livelli di successo riproduttivo in linea con quanto per essa noto.

PRIMI DATI SULLA DIETA DELL'OCCHIONE DELLA PENISOLA MAGNISI (SR)

M. T. SPENA¹, G. NICOLOSI¹, N. E. BALDACCINI², I. SPARACIO³,
R. GRASSO¹

¹*Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali,
Università degli Studi di Catania*

²*Dipartimento di Biologia, Università di Pisa*

³*Esperto Coleotterologo Libero Professionista, Palermo*

Individuare le scelte trofiche di una specie rappresenta un contributo di elevato valore nella comprensione della sua biologia, permettendone la congrua collocazione nell'ambito dei flussi energetici dell'ecosistema di cui fa parte. Da ciò discendono positivi input in senso applicativo-gestionale, specialmente per entità ad habitat specializzato o con problemi di conservazione come l'occhione (*Burhinus oediconemus*).

La dieta è stata studiata mediante raccolta delle feci, effettuata in modo sistematico dal 2007 al 2009, in aree della penisola corrispondenti alle zone di maggiore concentrazione di roost invernali, di nidificazioni e di assembramenti post-riproduttivi, opportunamente localizzati. I differenti tipi di resti ritrovabili nelle feci sono stati separati, procedendo al loro riconoscimento tassonomico esteso in molti casi a livello specifico, anche attraverso collezioni di confronto.

I taxa che vengono preferibilmente predati dall'occhione a Magnisi risultano essere Insetti, Aracnidi, Molluschi Gasteropodi e Crostacei Isopodi, inoltre nelle feci è sempre presente una frazione di residui vegetali indeterminabili. Tra gli Insetti, i Coleotteri risultano presenti in ogni campione e tra essi la famiglia Carabidi è la più rappresentata, mentre di interesse sono anche le specie coprofaghe. Non sono state rinvenute chete di Anellidi.

Gli occhioni utilizzano in modo opportunistico le fonti trofiche disponibili, in parte determinate dalla presenza di bovini ed ovini al pascolo che sicuramente influenzano la composizione delle comunità artropodologiche. Si può di conseguenza ipotizzare che il carico di bestiame brado sia un fattore facilitante la presenza della specie e la elevata concentrazione di copie riproduttrici a Magnisi.

∞ *Indice degli Autori* ∞

A

ADDIS A.	16, 125
ADRIANI S.	126, 127, 131
AIRI V.	29
ALBANO P.G.	101
ALIMENTI C.	100, 166
ALLEGRUCCI G.	50, 57
ALTIERO T.	31, 69, 128
AMAROLI A.	88, 145
AMBROGINI P.	143
AMICI A.	126, 131, 134
ANIBALDI A.	111
ARCIONI D.	28
ARCIONI E.	28
ARCULEO M.	46, 60, 119
ARENA G.	155, 165
ARIZZA V.	163
ARNERI E.	122

B

BABBUCCI M.	106
BABUSHKINA O.	148
BACCEI S.G.	71
BALDACCINI N.E.	173, 174
BALSAMO M.	70
BARBANERA F.	49, 129, 148
BARGELLONI L.	106
BARILI A.	164
BARONE D.	115
BARUCCA M.	61, 62
BATOCCO F.	28
BATTIMO R.	25
BATTISTI A.	44
BAVESTRELLO G.	97, 99
BEANI L.	19
BECCANI C.	129
BELARDINELLI A.	122
BELARDINELLI M.	141
BELLATI A.	47, 58, 74
BELTRAMI G.	90
BENASSI FRANCIOSI C.	111
BENENATI G.	160
BENTIVEGNA F.	115
BERNABÈ I.	130, 150
BERTOLANI R.	31, 59, 69
BERTOLINO M.	97
BERTOLUCCI C.	90
BETTINI S.	89, 151
BIAGI F.	16, 125
BIASONE P.	130
BIGI M.	31

BIZZARO D.	157
BO T.	133
BOCCOLINI D.	141
BOERO F.	93, 117
BOGLIANI G.	135
BONACCORSI B.	26
BONANNI M.	126, 127, 131
BONOMI A.	63, 86
BORISENKO A.	77
BOSI G.	156
BOUCHÉ L.	138
BRANDMAYR P.	108
BROCK P.	77
BRUNDO M.V.	26, 33
BRUNELLI E.	108, 130, 150
BRUSCHINI C.	19
BUCCELLA F.	143
BUONOCORE F.	105
BURBAN C.	44
BURIGHEL P.	87
BURRONE L.	132, 170
BUTTINI P.	90

C

CACCAMO C.	173
CACCONE A.	37
CAICCI F.	87
CALCINAI B.	97
CALVARUSO C.	112
CAMMARATA M.	133, 160
CANAPA A.	61, 62
CANDELORI A.	134
CANDIA CARNEVALI M.D.	30
CANDIANI S.	88
CAPALDO A.	152
CAPOSTAGNO S.	72
CAPPA F.	19
CAPPELLETTI C.	136
CAPPELLETTI D.	159
CAPRIGLIONE T.	61, 62
CAPUTO V.	45, 68, 122
CARCUPINO M.	16, 125
CARDARELLI E.	135
CARDONE A.	127
CARIANI A.	102, 106
CAROSELLI E.	29, 98, 113
CASANI D.	105
CASCINI M.	27
CASIRAGHI M.	47, 58, 71
CASU M.	73, 114
CATENACCI M.	141

CATTANEO-VIETTI R.	97	DE SANTI C.	105
CAU A.	53	DEDOLA G.L.	73, 114
CECCHINI T.	143	DEIANA A.M.	53
CEREGATO A.	43	DEIDDA F.	53
CERRANO C.	97	DEIDUN A.	60
CERVO R.	19	DEIORIO S.	61, 62
CESARI M.	31, 59	DEL BENE G.	13
CHANG P.L.	18	DEL GRANDE P.	143
CHENG C.H.C.	104	DELL'OTTO A.	85
CHIEFFI BACCARI G.	170	DELOGU V.	16
CHIESA S.	48	DENOËL M.	150
CHRISTIANSEN J.S.	104	DEZFULI B.	147
CIARCIA G.	116, 118	DI BENEDETTO C.	30
CIARDIELLO M.A.	116	DI COSMO A.	51, 76
CIARONI S.	143	DI FINIZIO A.	118
CINGOLANI N.	122	DI FIORE M.M.	132, 170
CIUTTI F.	136	DI FRANCO A.	103
COCCA E.	61, 62	DI GIUSEPPE G.	52, 100, 166
COCCA W.	74	DI LORENZO M.	103
COCCHI S.	50	DI LUCA M.	141
COCCIA E.	15, 54	DI LUCIA V.	135
COLELLA S.	122	DI NAPOLI A.	138
COLUCCIA E.	53	DI ROSA I.	168
COPAT C.	165	DI SANTI A.	115
COPLAND A.	148	DI VEROLI A.	159
COPPINI G.	103	DINI F.	52, 100, 166
CORBI F.	158	DIOPERE E.	102
COSSU P.	73, 114	DOMENEGHETTI D.	139
CRABTREE A.	148	DONATO F.	122
CRESCENTE A.	137	DUBINSKY Z.	29, 98, 113
CURATOLO T.	60	DUSINI S.	162
CURINI-GALLETTI M.	73, 114		
D		E	
DAL ZOTTO M.	66, 75	ESPOSITO M.G	140
DALEY A.	41		
DALLAI R.	9, 13	F	
D'ALLESTRO V.	159	FABIANO F.	16, 125
DAMIANO M.A.	169	FABRIZI A.	159
DANI F.R.	81	FADIL O.	49
D'ANIELLO B.	171	FAGOTTI A.	168
DAVIS J.P.	18	FALCHETTO M.	86
DE BENEDETTO G.	103	FALCONI R.	27, 72
DE BERNARDI F.	153	FALINI G.	29, 98, 113
DE BONIS S.	138	FARAONE MENNELLA M.R.	76
DE FALCO M.	144, 152	FASOLA M.	47
DE LEO G.	103	FAUSTO A.M.	28, 105, 141
DE LISA E.	51, 76	FAVARO L.	107
DE MAIO A.	76	FENOGLIO S.	133
DE MARTINO F.	141	FERNANDES J.M.O	146
DE PASCALE D.	105	FERRAGUTI M.	70
DE PIRRO M.	163	FERRANDO S.	88, 142, 145, 146
		FERRANTE M.	155

FERRARA G.	121	GOFFREDO S.	29, 98, 113
FERRARA R.	116	GOMULSKI L.M.	63, 86
FERRARO A.	118	GONZÁLEZ-TIZÁN A.	45
FERRETTI L.	115	GORETTI E.	159
FERRI P.	143	GRASSO R.	173, 174
FERRITO V.	165	GRATTON C.	149
FEVOLDEN S.E.	104	GRAVILI C.	117
FILOSA S.	140	GUARNIERO I.	102
FOÀ A.	90	GUERRIERO G.	25, 116, 118
FORCINA G.	49, 129	GUERRINI M.	49, 129, 148
FORCONI M.	61, 62	GUGLIELMINO G.	86
FORTE M.	144	GUIDA M.	138
FRANCESCHINI V.	88, 89, 151	GUIDETTI P.	103
FRANCHI E.	164	GUIDETTI R.	42, 69, 156
FRANZ G.	63	GUIDI L.	70
G		H	
GABRIELI P.	63, 86	HADJIGEROU P.	49, 129
GABRIELLI F.	134	HEDGE COOK D.	18
GAINO E.	67, 85, 97	J	
GALEOTTI P.	47	JANIK V.M.	107
GALIL B.	112	JESSUP A.	63
GALIMBERTI A.	47, 58, 71, 74	K	
GALLUS L.	88, 142, 145	KALBOUSSI M.	68
GAMBA M.	64	KERDELHUE C.	44
GAMBARDELLA C.	88, 145, 146	KHALIQ I.	49
GAMBARELLI A.	156	KHAN A.A.	49
GASPARINI F.	87	KIOSYA Y.	59
GASPERI G.	63, 86	KOHN A.B.	51
GATTO M.	103	KOLLIAS S.	146
GAVIOLI L.	161	KREY G.	102
GAY F.	152	L	
GHAZZAY A.M.	30	LACASELLA F.	149
GENNAI C.	148	LAFORGIA V.	144, 152
GENTILE G.	50	LAGHEZZA MASCI V.	141
GENTILI S.	164	LAI T.	73, 114
GHESINI S.	65	LAUDATO L.	138
GHIGLIOTTI L.	104	LAVORATO M.	150
GHISELLI F.	14, 18	LAZZARI M.	89, 151
GHIVIRIGA C.S.	66	LEASI F.	17
GIACOMA C.	64	LENZI M.	152
GIANNETTO D.	164	LEVY O.	29, 98, 113
GIARAMITA F.T.	163	LISI O.	59
GIARI L.	147	LO BRUTTO S.	46, 60, 112, 119
GIBERTINI G.	48	LONGO G.	155
GIGLIARELLI L.	67, 164	LORENZI M.C.	21
GILLANDERS B.	103	LORENZONI M.	147, 164
GIOVANNINI I.	59	LUCENTINI L.	67, 164
GIOVANNOTTI M.	45, 68, 122	LUCHETTI A.	20
GIUNCHI D.	148, 173		
GIUSTI M.	157		
GLAMUZINA B.	163		

LUCHETTI F.	159	MINGAZZINI V.	72
LUI A.	147	MINGUCCI M.	156
LUPORINI P.	100, 166	MOLA L.	154, 161
LUZI I.	19	MONACO A.	158
LYUBARTSEV V.	103	MONTANARI S.	102
		MONTANI M.	134
M		MONTANINI S.	120
MADDALONI M.	152	MONTI V.	157
MAES G.	102	MORELLI E.	127
MAGGIO T.	119	MORI E.	49, 158
MAKAPEDUA D.	61	MOROZ L.L.	51
MALACARNE G.	133	MOTTA C.M.	32
MALACRIDA A.R.	63, 86		
MANDRIOLI M.	157, 161	N	
MANENTI R.	153	NASTRO R.A.	138
MANGIACOTTI M.	131	NEGRINI R.	48
MANICARDI G.C.	157	NEGRISOLO E.	44
MANNI L.	87	NICOLINI V.	66
MANSOORI J.	49	NICOLOSI G.	174
MANTOVANI B.	20, 77	NISI CERIONI P.	45, 68
MARAMALDO R.	154	NISTRI A.	47
MARCHI A.	72	NONNIS MARZANO F.	48
MARCHINI C.	29	NUZHDIN S.V.	18
MARCHINI D.	13		
MARCHIORO T.	42, 69	O	
MARI A.	116	OLIVERI CONTI G.	155
MARIANO G.	54	OLMO E.	45
MARINI M.	65		
MARLETTA A.	26, 33	P	
MAROTTA R.	17	PALAZZO P.	116
MARRONE F.	46, 60	PALESTRINI C.	162
MARTA S.	139	PALLOTTINI M.	159
MARTÍNEZ-LAGE A.	45	PANARA F.	67, 164
MARTINO D.	173	PANAYIDES P.	49, 129, 148
MARTINO M.P.	21, 172	PANSINI M.	97
MARTINOLI A.	71	PANZERI M.	71
MASSA B.	57	PAOLILLO G.	137
MASSAMBA N'SIALA G.	21, 172	PAOLUCCI M.	15, 54
MATSUURA K.	20	PARACUCCHI R.	168
MATTOCCIA M.	139	PARISI M.G.	160
MAURIZII M.G.	14	PARRETTA A.	90
MAZZANTI M.	156	PARRINELLO D.	169
MAZZEI V.	138, 155	PARRINELLO N.	160
MAZZILLI A.	131	PASINI A.	153
MELIÀ P.	103	PASSAMONTI M.	14, 18, 43
MELLUSO G.	138	PATARNELLO T.	106
MELONE G.	17	PEDERZOLI A.	156, 161
MERCURIO S.	30	PELLEGRINO R.	159
MICARELLI P.	108	PELLITTERI-ROSA D.	47
MICHELI S.	102	PENNATI R.	142, 153
MILANI L.	14, 18	PERUZZI S.	104
MILANO I.	102, 106	PESSANI D.	107

PETRUCCI F.	90	S	
PIAZZA V.	145	SABELLI B.	101
PICA A.	115	SACCHI R.	47
PICA D.	97, 99	SAHYOUN R.	103
PICCINETTI C.	120	SAKALLI S.	147
PIERSANTI S.	85	SALVADORI S.	53
PILATO G.	59	SALVATO P.	44
PINELLI C.	170	SALVATORE F.	146
PIRAINO S.	142, 160	SANDIONIGI A.	58
PISANI D.	41, 42	SANFRATELLO M.A.	169
PISANO E.	104	SANNA D.	73, 114
PIVOTTO I.D.	44	SANTILLO A.	170
PIZZO A.	162	SANTOJANNI A.	122
PLAZZI F.	43	SANTORO F.	159
POLITI P.M.	148	SARA' G.	163
POLLONARA E.	173	SARROPOULOU E.	146
PRADA F.	98	SBORDONI V.	50, 57, 139, 149
PREATONI D.	71	SCALI S.	58
PREVEDELLI D.	21, 172	SCALICI M.	48
PRUSINA I.	163	SCANDURRA A.	171
PUCE S.	99	SCAPIGLIATI G.	105, 167
PULETTI M.E.	67, 164	SCARPA F.	73, 114
PULVIRENTI V.	165	SCHIAPARELLI S.	99
PUTTI R.	15	SCHLEICHEROVA G.D.	21
R		SCIACCA S.	165
RAINERI M.	142	SCOCCIA F.	97
RAMOINO P.	142	SCOLARI F.	63, 86
RANDELLI E.	105	SCUDIERO R.	140
RAUCCI F.	132	SELLA G.	21
REBECCHI L.	31, 59, 69	SELLITTI A.	144
REBORA M.	67, 85	SELVAGGI R.	159
RICCI C.	17	SERRANI F.	126
RICCI F.	166	SEVERINI F.	141
RICCIOLINI P.	52	SICILIANO P.	63, 86
RICCIONI G.	111, 121	SIMONATO M.	44
RIGON F.	87	SIMONCELLI F.	168
ROCCHI M.	29	SIMONIELLO P.	32, 140
ROCCO L.	167	SIMONINI R.	21, 172
ROJO-ORÀNS V.	45	SPARACIO I.	60, 174
ROLANDO A.	162	SPENA M.T.	173, 174
ROMI R.	141	SPERONE E.	108, 137
ROSATI V.	127	SPLENDIANI A.	122
ROSSI G.	72	SPOSIMO P.	158
ROSSI R.	168	SQUERZANTI S.	147
ROTA STABELLI O.	41, 42	STACH T.	87
RUGGERI P.	122	STAGIONI M.	120, 121
RUGHETTI S.	127	STEVENS J.	88
RUSCITTI V.	126, 131	STICCO M.	58
RUSSO F.	54	STINGO V.	167
		SUGNI M.	30
		SYED N.I.	76

T

TADDEI A.R.	28	ZANZI D.	107
TAGLIAFIERRO G.	88, 142, 145	ZAPPAROLI M.	149
TAMBURRINI M.	116	ZUBEROGOITIA I.	148
TAVIANI M.	43	ZUFFI G.	72
TELLERI F.	128		
TEPEDINO C.	154		
TIBERTI R.	74		
TIGANO C.	165		
TINTI F.	102, 106, 111, 121		
TODARO M.A.	66, 70, 75		
TOMA L.	141		
TOMMASINI S.	120		
TOPO E.	51, 76		
TOSI G.	71		
TRAPANI M.R.	160		
TRASATTI A.	57		
TRINCHELLA F.	140		
TRINGALI G.	173		
TRIEPEI S.	108, 130, 137, 150		
TRIVEDI M.H.	49		
TROCCHIA S.	25, 118		
TROVATO M.	155		
TUPPO L.	116		
TURILLAZZI S.V.	19		

V

VACCHI M.	88
VALENTINO I.V.	167
VALIANTE S.	144, 152
VALLARINO M.	88, 145
VALLESI A.	100, 134, 166
VALLISNERI M.	120
VALSECCHI P.	171
VAN HOUDT J.	102
VARRICCHIO E.	15, 54
VAZZANA M.	169
VELONÀ A.	77
VICENTE F.	59
VISCUSO R.	13, 26, 33
VITALE D.G.M.	26, 33
VOLCKAERT F.	102

W

WAUTERS L.	71
WILLIAMS G.A.	163
WINLOW W.	76

Z

ZACCANTI F.	27, 29, 72, 113
ZANE L.	103
ZANIOLO G.	87

Si ringraziano:



Taylor & Francis Group
an informa business



**IDELSON
GNOCCHI**



Photo credits:

*Mirco Bergonzoni, Paul Brock, Alessandro Ceregato,
Mattia Fontana, Marco Passamonti*

*La stampa degli atti è stata realizzata
grazie al contributo della*



**FONDAZIONE
DEL
MONTE**

1473