



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
FIRENZE



Università
degli Studi
di Ferrara



UNIVERSITÀ
DI PARMA

PhD Day

Dottorato di ricerca in

BIOLOGIA EVOLUZIONISTICA ED ECOLOGIA

UNIVERSITA' DI FIRENZE - UNIVERSITA' DI FERRARA - UNIVERSITA' DI PARMA

14 – 15 Gennaio 2025

presso

Università degli Studi di Parma – Campus delle Scienze

Centro Congressi Santa Elisabetta

Parco Area delle Scienze 95 – 43124 Parma

L'incontro si svolgerà in lingua italiana o inglese (a discrezione del relatore) sulla base di un programma articolato nelle seguenti sessioni scientifiche

GENETICA ED EVOLUZIONE

ECOLOGIA ED ETOLOGIA

BIOLOGIA E BIOTECNOLOGIE VEGETALI

DOTTORANDI COINVOLTI

38° e 39° Ciclo

Presentazione orale (in presenza) della durata di 20 minuti sullo stato di avanzamento delle proprie ricerche

*

40° Ciclo

Breve presentazione orale, della durata di 2 minuti (2 diapositive), di introduzione personale del dottorando e del progetto di tesi

*

Collegamento online, su piattaforma Teams, disponibile solo per le presentazioni dei dottorandi impegnati in attività all'estero

SCADENZE

Venerdì 03 Gennaio 2025 – Termine ultimo per invio abstract (secondo il modello allegato) ai tre indirizzi di posta elettronica della Segreteria organizzativa

Mercoledì 08 Gennaio 2025 – Invio del programma finale con orario delle singole presentazioni

SEGRETERIA ORGANIZZATIVA

Prof. **Francesco Nonnis Marzano** – Dip. Scienze Chimiche, della Vita e della Sostenibilità ambientale – Università di Parma (Tel. 0521-905643)

Indirizzi posta elettronica a cui inviare gli abstract delle presentazioni:

francesco.nonnismarzano@unipr.it

marcella.sozzoni@unifi.it

alessandro.russo@unifi.it

PROGRAMMA

14 GENNAIO 2025 – Riunione COLLEGIO DOCENTI

Ore 12:00 -13:00

Riunione COLLEGIO DEI DOCENTI del DOTTORATO in BIOLOGIA EVOLUZIONISTICA E ECOLOGIA

Per chiunque fosse impossibilitato a partecipare in presenza, sarà possibile collegarsi “online” al seguente link Teams (solo per docenti):

https://teams.microsoft.com/l/meetup-join/19%3ameeting_Nzg5N2Q5MWYtZTdmNS00YjFILTk3MTQtODBkMzA3MTcyNDg4%40thread.v2/0?context=%7b%22Tid%22%3a%22bb064bc5-b7a8-41ec-babe-d7beb3faeb1c%22%2c%22Oid%22%3a%222ac03512-6d5e-4efe-b504-06bd7e0a9464%22%7d

14 GENNAIO 2025 – PhD DAY

Ore 14:00 – 14:30

REGISTRAZIONE PARTECIPANTI

Ore 14:30 – 14:45

APERTURA PhD Day – Prof. Duccio Cavalieri – Coordinatore del Dottorato, Università di Firenze
SALUTI AUTORITA’ – Prof.ssa Chiara Dall’Asta – Delegata Rettore Università di Parma per i Dottorati di Ricerca

PRESENTAZIONE DOTTORANDI XL CICLO

Ore 14:45 – 15:15

- BUTELLI VERONICA
- CANNAERTS ALEXANDER
- GAZZOLDI LARA
- MARCONI MATILDE
- MARINONI TOMMASO
- MONTAGNI MARTA
- NERINI MARTA
- PRATESI LINDA
- RISPOLI ALICE

Sessione GENETICA ED EVOLUZIONE

Moderatori **DUCCIO CAVALIERI** e **STEFANO LEONARDI**

Ore 15:15 – 15:35

ARDENGHI ALESSIA (39)

GENETICA DELLA CONSERVAZIONE DI POPOLAZIONI MEDITERRANEE DEL GENERE SALMO (SALMO MARMORATUS, SALMO CETTI E SALMO GHIGII)

Ore 15:35 – 15:55

CELI DOMENICO (38)

TECNOLOGIE AVANZATE DI ANALISI, DIAGNOSTICA, MONITORAGGIO E CONTROLLO DI COMUNITÀ MICROBICHE COINVOLTE NEL DETERIORAMENTO DEL PATRIMONIO CULTURALE DEI CENTRI STORICI

Ore 15:55 – 16:15

CERASUOLO BENEDETTA (38)

INTERAZIONI ECOLOGICHE DEI LIEVITI NEL CONTESTO DELLA MALATTIA DI CROHN

Ore 16:15 – 16:35

CIAPPI GIORGIA (39)

PATTERN DI SVILUPPO SCHELETRICO NEI CACCIATORI-RACCOGLITORI ITALIANI DURANTE IL DRYAS RECENTE

Ore 16:35 – 16:55

CIERVO MICAELA (38)

ANALISI PALEOGENETICHE SU POPOLAZIONI UMANE ANTICHE: DUE CASI STUDIO
1. RICOSTRUZIONE DELLA STORIA GENETICA DEI CACCIATORI-RACCOGLITORI E ORTICOLTORI PRE-COLOMBIANI DEL SUD-EST DEL SUD AMERICA
2. ANALISI PALEOGENETICHE SU INDIVIDUI ETRUSCHI DELL'AREA PADANA

Ore 16:55 – 17:15

PASSERI IACOPO (38)

MESTUDIO: IL FRAMEWORK DI PAN-EPIGENETICA

Ore 17:15 – 17:35

SAVARINO FRANCESCO (39)

ANALISI PALEOGENOMICHE SU INDIVIDUI UMANI RINVENUTI A POMPEI

Ore 17:35 – 17:55

SOZZONI MARCELLA (38)

MODELLIZZARE IL PASSATO PER COMPRENDERE IL FUTURO: STORIA DEMOGRAFICA PASSATA E NICCHIA CLIMATICA IN TARTARUGHE TERRESTRI E D'ACQUA DOLCE

Ore 17:55 – 18:15

TOLVE LIVIA (37)

L'ANALISI DEL MITOGENOMA COMPLETO CHIARISCE LA FILOGEOGRAFIA GLOBALE DI *CARETTA CARETTA* E FORNISCE STRUMENTI PER STUDI ADATTATIVI

15 GENNAIO 2025 – PhD DAY

Sessione ECOLOGIA ED ETOLOGIA

Moderatori SARA FRATINI e DONATO GRASSO

Ore 11:00 – 11:20

BELLAVERE ELENA (38)

ECOLOGIA COGNITIVA NEGLI INVERTEBRATI D'ACQUA DOLCE: PROSPETTIVE EMPIRICHE E APPLICATE

Ore 11:20 – 11:40

BERTOLETTI GIULIA (39)

ANALISI DELLE DINAMICHE CAUSA-EFFETTO NEGLI ECOSISTEMI ACQUATICI: INFLUENZA DELLA DIVERSITÀ DELLE INTERAZIONI ECOLOGICHE

Ore 11:40 – 12:00

CHISCI FILIPPO (38)

L'IMPATTO DELL'INQUINAMENTO LUMINOSO SUGLI ECOSISTEMI COSTIERI

Ore 12:00 – 12:20

DI CESARE FLAVIA (39)

EFFETTI LETALI E SUBLETALI DEL BIOPESTICIDA *BACILLUS AMYLOLIQUEFACIENS* SU *APIS MELLIFERA* E *BOMBUS TERRESTRIS*

Ore 12:20 – 12:40

ESPOSITO ANTONIA (38)

ANALISI DELLA COMUNITÀ BATTERICA ASSOCIATA ALLE RADICI DELLE PIANTE DI POMODORO IN RISPOSTA ALLO STRESS SALINO

Ore 12:40 – 13:00

FRANCHELLA EMANUELA (38)

ISTOPATOLOGIA E RISPOSTA IMMUNITARIA INNATA DELL' *ANGUILLA ANGUILLA* INFESTATA DALL'*ACANTHOCEPHALUS RHINENSIS* (ACANTHOCEPHALA)

Pausa pranzo

Ore 14:30 – 14:50

RIBOTTI SARA (38)

PREVEDERE LA DISTRIBUZIONE FUTURA DEI LICHENI ALPINI IN SCENARI DI CAMBIAMENTO CLIMATICO

Ore 14:50 – 15:10

RUSSO ALESSANDRO (38)

L'USO DI *TALITRUS SALTATOR* COME ORGANISMO MODELLO NELLO STUDIO DELL' IMPATTO DELLE BIOPLASTICHE NELL'AMBIENTE SOPRALITORALE DELLE SPIAGGE SABBIOSE

Ore 15:10 – 15:30

SAMMARCO BEATRICE (39)

CONTRIBUTO DELLE VARIANTI FUNZIONALI AL CARICO GENETICO IN POPOLAZIONI PICCOLE A RISCHIO DI ESTINZIONE

Ore 15:30 – 15:50

STAFFONI GIORGIA (39)

STUDIO DELLA COMPOSIZIONE E LA STRUTTURA DI COMUNITÀ ANIMALI E DELLA LORO RISPOSTA ALLE PRESSIONI AMBIENTALI TRAMITE TECNICHE MOLECOLARI AVANZATE

Sessione BIOLOGIA E BIOTECNOLOGIE VEGETALI

Moderatori ILARIA COLZI e ALESSANDRO PETRAGLIA

Ore 16:00 – 16:20

REGINI GAIA (39)

STUDIO DI STRATEGIE INNOVATIVE PER IL MIGLIORAMENTO DEL FITORIMEDIO DI CONTAMINANTI DIFFUSI IN TOSCANA

Ore 16:20 – 16:40

SALERNO GIULIA GIOVANNA (39)

FORMAZIONE DEL SISTEMA DI CONDUZIONE: UN PROCESSO FISIOLOGICO AUXINA-DIPENDENTE COINVOLTO NELL'ORGANOGENESI DELLE PIANTE

Ore 16:40 – 17:00

SICCARDI EUGENIA (39)

TWO CASE STUDIES OF LAND ABANDONMENT AND ITS IMPACT ON THE TAXONOMIC AND FUNCTIONAL DIVERSITY OF PLANT COMMUNITIES

Ore 17:00

CONCLUSIONE LAVORI SCIENTIFICI

LIBRO DEGLI ABSTRACT

PhD Day

Dottorato di ricerca in

BIOLOGIA EVOLUZIONISTICA ED ECOLOGIA

UNIVERSITA' DI FIRENZE - UNIVERSITA' DI FERRARA - UNIVERSITA' DI PARMA

38° e 39° CICLO

14 – 15 Gennaio 2025

Università degli Studi di Parma

Centro Congressi Santa Elisabetta

Sessione

GENETICA ED EVOLUZIONE

Moderatori

Duccio Cavalieri e Stefano Leonardi

GENETICA DELLA CONSERVAZIONE DI POPOLAZIONI MEDITERRANEE DEL GENERE SALMO (*SALMO MARMORATUS*, *SALMO CETTI* E *SALMO GHIGII*)

CONSERVATION GENETICS OF MEDITERRANEAN POPULATIONS OF THE SALMO GENUS (*SALMO MARMORATUS*, *SALMO CETTII*, AND *SALMO GHIGII*)

ARDENGI ALESSIA

Università degli studi di Parma, Parco Area delle Scienze 11/A, alessia.ardengi@unifi.it

TUTOR UFFICIALE: NONNIS MARZANO FRANCESCO

Parole chiave: Conservazione genetica, Popolazioni mediterranee, Introggressione genetica, Tecniche ddRAD, Machine learning

Keywords: Genetic conservation, Mediterranean populations, Genetic introgression, ddRAD techniques, Machine learning

Riassunto

La conservazione delle popolazioni mediterranee del genere *Salmo* risulta essere di fondamentale importanza nell'ambito della tutela della biodiversità della fauna ittica italiana, laddove le principali criticità sono legate a fenomeni di introggressione genetica, modificazioni ambientali e pratiche di ripopolamento non conformi alle normative, nonostante le disposizioni previste dal DPR 357/1997 e dal DM di aprile 2020. Questo studio ha come obiettivo principale l'identificazione di popolazioni autoctone caratterizzate dalla presenza di genoma mediterraneo, monitorandone l'evoluzione temporale e valutando altresì l'impatto delle pressioni antropiche. Per perseguire tali obiettivi, sono stati sviluppati tre dataset distinti. Il primo comprende circa 3500 dati storici provenienti da alcuni bacini idrografici appartenenti alle regioni Valle d'Aosta, Alto Adige, Veneto, Emilia-Romagna, Liguria, Toscana e Abruzzo. Al fine di confrontare questi dati con la situazione attuale, nel 2024 è stata intrapresa una campagna di campionamento, supportata anche dalla collaborazione con pescatori locali (Citizen science), che ha consentito la raccolta di circa 300 campioni da Emilia-Romagna, Veneto, Toscana e Abruzzo. Oltre alla classificazione degli individui, nel dataset sono state considerate variabili ambientali, come la temperatura dell'acqua, i regimi idrologici e la presenza di sbarramenti fluviali, insieme ad analisi genetiche di primo livello, tra cui il marcatore mitocondriale *d-loop* e nucleare *LDH-C1*. Per 4 popolazioni selezionate, è stata applicata la tecnica ddRAD (double digest Restriction site Associated DNA sequencing) per analizzare la struttura genetica e valutare i livelli di diversità intra- e inter-popolazione. Parallelamente, è stato realizzato un terzo dataset con l'obiettivo di sviluppare un sistema automatizzato di identificazione della trota marmorata, basato su tecniche di machine learning con architettura Keras, per garantire un monitoraggio meno invasivo e più sostenibile delle popolazioni. Questo dataset è costituito da immagini fotografiche classificate in tre categorie (*Salmo marmoratus*, *Salmo trutta* e ibridi), raccolte appositamente per implementare il sistema.

I risultati preliminari suggeriscono una significativa variabilità genetica tra le popolazioni e indicano un progressivo deterioramento delle popolazioni situate nelle aree maggiormente esposte ad interventi antropici. La raccolta bibliografica e i risultati iniziali forniscono un quadro di riferimento cruciale per il monitoraggio continuo delle popolazioni di Salmonidi e per l'elaborazione di politiche di conservazione basate su evidenze scientifiche solide e aggiornate.

Abstract

The conservation of Mediterranean populations of the *Salmo* genus is of fundamental importance for the protection of Italy's fish biodiversity. The main challenges are related to genetic introgression, environmental changes, and non-compliant repopulation practices, despite the provisions of DPR 357/1997 and the April 2020 DM. The primary goal of this study is the identification of native populations characterized by high levels of genetic purity, monitoring their temporal evolution, and assessing the impact of anthropogenic pressures. To achieve these objectives, three distinct datasets have been developed. The first includes approximately 3500 historical data points collected from at least five hydrological basins in

each of the following regions: Val d'Aosta, Alto Adige, Veneto, Emilia-Romagna, Liguria, Tuscany, and Abruzzo. In order to compare these data with the current situation, a sampling campaign was carried out in 2024, supported by collaboration with local fishermen (Citizen science), resulting in the collection of about 300 samples from Emilia-Romagna, Veneto, Tuscany, and Abruzzo. For the classification of individuals in this dataset, environmental variables, such as water temperature, hydrological regimes, and the presence of river barriers, were considered, alongside genetic variables, including d-loop (mitochondrial) and LDH (nuclear) markers. Furthermore, for four populations identified as genetically pure and from distinct basins, the ddRAD (double digest Restriction site Associated DNA sequencing) technique was applied to analyze the genetic structure and assess intra- and inter-population diversity levels. In parallel, a third dataset was created with the aim of developing an automated species identification system, based on machine learning techniques with Keras architecture, to ensure less invasive and more sustainable population monitoring of marmle trout. This dataset consists of photographic images classified into three categories (*Salmo marmoratus*, *Salmo trutta*, and hybrids), specifically collected for implementing the system. Preliminary results suggest significant genetic variability among populations and indicate a progressive deterioration of populations in areas more exposed to anthropogenic pressures. The bibliographic collection and initial results provide a crucial framework for the continuous monitoring of Salmonid populations and for the development of conservation policies based on solid and up-to-date scientific evidence.

TECNOLOGIE AVANZATE DI ANALISI, DIAGNOSTICA, MONITORAGGIO E CONTROLLO DI COMUNITÀ MICROBICHE COINVOLTE NEL DETERIORAMENTO DEL PATRIMONIO CULTURALE DEI CENTRI STORICI

ADVANCED TECHNOLOGIES FOR ANALYSIS, DIAGNOSTICS, MONITORING AND CONTROL OF MICROBIAL COMMUNITIES INVOLVED IN THE DETERIORATION OF CULTURAL HERITAGE IN HISTORIC CENTERS

CELI DOMENICO

Università di Firenze, Dipartimento di Biologia, Via Madonna del Piano, 6, 50019, Sesto Fiorentino, FI – domenico.celi@unifi.it

TUTOR UFFICIALE: PERITO BRUNELLA

Parole chiave: biodeterioramento, patrimonio culturale, metagenomica, aerobiologia, biomonitoraggio, biocidi

Keywords: biodeterioration, cultural heritage, metagenomics, cultivation, biomonitoring, biocides

Riassunto

Gli oggetti del patrimonio culturale sono soggetti ad alterazioni del loro stato iniziale a causa dell'interazione con l'ambiente e della colonizzazione da parte di microrganismi, come batteri e funghi, che, come risultato del loro metabolismo, portano al fenomeno noto come biodeterioramento. L'obiettivo di questo progetto è articolato su più livelli e comprende lo studio multidisciplinare delle comunità microbiche che colonizzano le superfici di oggetti del patrimonio culturale (come pietre, legno, dipinti) attraverso l'impiego di tecniche microbiologiche classiche (coltivazione) e molecolari (come la metagenomica), nonché di tecniche chimiche e fisiche per lo studio dei substrati in analisi (XRF, XRD, Raman). In questo contesto, la presentazione dello stato di avanzamento fino al 2° anno sarà incentrata su: 1) l'indagine delle comunità microbiche associate al fenomeno delle alterazioni cromatiche rosse dei marmi bianchi esterni della Cattedrale di Santa Maria del Fiore con l'obiettivo di far luce sulla loro origine, biologica o abiotica; 2) il monitoraggio microbiologico dell'aria all'interno della Cattedrale di Santa Maria del Fiore per la valutazione del rischio di biodeterioramento; 3) i test sull'attività di biocidi innovativi (es. nanoparticelle di silice funzionalizzate con alluminio) contro i funghi filamentosi che possono crescere e attaccare le superfici lignee.

Abstract

Cultural heritage objects are subject to alteration of their initial state due to the interaction with the environment and colonization by microorganisms, such as bacteria and fungi, which, as a result of their metabolism, lead to the phenomenon known as biodeterioration. The aim of this project is multi-leveled and includes the multidisciplinary study of microbial communities colonizing surfaces of cultural heritage objects (like stones, wood, paintings) through the employment of classical microbiological (cultivation) and molecular techniques (like metagenomics), as well as chemical and physical techniques for studying the substrates under analysis (XRF, XRD, Raman). In this context, the presentation of the progress status up to the 2nd year will be focused on: 1) the investigation of the microbial communities associated with the phenomenon of red chromatic alterations of the external white marbles of the Cathedral of Santa Maria del Fiore with the aim of shedding light on their origin, whether biological or abiotic; 2) the microbiological monitoring of the air inside the Cathedral of Santa Maria del Fiore for the assessment of the biodeterioration risk; 3) the tests on the activity of innovative biocides (e.g. aluminum-functionalized silica nanoparticles) against filamentous fungi that can grow on and attack wood surfaces.

INTERAZIONI ECOLOGICHE DEI LIEVITI NEL CONTESTO DELLA MALATTIA DI CROHN

YEASTS ECOLOGICAL INTERACTIONS IN THE CONTEXT OF CROHN'S DISEASE

CERASUOLO BENEDETTA

Università degli studi di Firenze, Via Madonna del Piano 6, 50019, Firenze, (FI), benedetta.cerasuolo@unifi.it

Tutor ufficiale: CAVALIERI DUCCIO

Parole chiave: Morbo di Crohn, infiammazione, microbiota, lieviti, immunologia

Keywords: Crohn's disease, inflammation, mycobiota, yeasts, immunology

Riassunto

Le comunità fungine intestinali svolgono un ruolo complesso nella salute e nella patogenesi delle Malattie Infiammatorie Intestinali (IBD). Sebbene il contributo dei funghi nell'evoluzione delle IBD sia riconosciuto, i meccanismi attraverso cui alcuni lieviti amplificano l'infiammazione e acquisiscono caratteristiche patogeniche rimangono poco chiari.

In questo studio, da 23 pazienti pediatrici con Morbo di Crohn sono stati raccolti campioni fecali su cui sono state eseguite analisi metagenomiche per identificare firme microbiche legate alla malattia e isolare specie di lievito. Gli isolati, caratterizzati fenotipicamente e stratificati in base al rischio di progressione aggressiva della malattia, sono stati utilizzati per test immunologici volti a valutare i profili citochinici.

Per i ceppi con maggiore rilevanza clinica, la parete cellulare è stata analizzata misurando zuccheri strutturali e studiando l'interazione con recettori immunitari umani, come Dectin-1 e Dectin-2, noti per il loro ruolo nella modulazione della risposta immunitaria.

Questi risultati evidenziano come l'analisi a livello di ceppo sia cruciale per comprendere il legame tra microbiota e rischio di evoluzione della malattia. Forniscono inoltre una base solida per sviluppare terapie mirate, aprendo nuove prospettive per la medicina di precisione e la gestione personalizzata del Morbo di Crohn.

Abstract

Intestinal fungal communities play a complex role in health and the pathogenesis of Inflammatory Bowel Diseases (IBD). While the contribution of fungi to IBD progression is well recognized, the mechanisms by which certain yeast strains amplify inflammation and acquire pathogenic features remain poorly understood.

In this study, fecal samples were collected from 23 pediatric Crohn's disease patients, and metagenomic analyses were performed to identify microbial signatures associated with the disease and yeast species were isolated. The isolates were phenotypically characterized and stratified based on the risk of aggressive disease progression and were used in immunological tests to assess cytokine profiles.

For strains with higher clinical relevance, the cell wall was analyzed by measuring structural sugars and evaluating their interaction with human immune receptors such as Dectin-1 and Dectin-2, which are known to play key roles in immune response modulation.

These findings highlight the critical importance of strain-level analysis in understanding the relationship between microbial composition and the risk of disease progression. Moreover, they provide a strong foundation for developing targeted therapies, paving the way for precision medicine and personalized management of Crohn's disease.

PATTERN DI SVILUPPO SCHELETRICO NEI CACCIATORI-RACCOGLITORI ITALIANI DURANTE IL DRYAS RECENTE

CIAPPI GIORGIA

*Università degli Studi di Firenze, Laboratorio di Antropologia, via del Proconsolo, 12, 50122, Firenze
giorgia.ciappi@unifi.it*

TUTOR UFFICIALE: JACOPO MOGGI-CECCHI; IRENE DORI; TOMMASO MORI

Parole chiave: traiettorie di crescita, Paleolitico Superiore Finale, Mesolitico, Caverna delle Arene Candide

I cacciatori-raccoglitori europei nelle fasi fredde del tardo Pleistocene dovevano affrontare fluttuazioni climatiche e dure condizioni ambientali. Le limitate dimensioni effettive delle popolazioni causarono bassa diversità genetica e comportamenti funerari che sembrano enfatizzare “persone/eventi eccezionali”, legati a malattie (spesso congenite) o a morti violente. La sepoltura formale sembra essere stata concessa ad individui altamente selezionati, rendendo difficile ricostruire lo stato di salute e i pattern di sviluppo di queste popolazioni.

La serie scheletrica epigravettiana delle Arene Candide (Liguria), composta da individui di varie classi di età sepolti durante l’episodio freddo del Dryas recente (12.900-11.600 BP), permette di esplorare l’interazione fra condizioni ambientali e fattori culturali.

Gli individui sottoposti a stress ambientale mostrano tassi di crescita rallentati, maturazione ritardata, crescita prolungata e stature inferiori da adulti. In questo studio abbiamo considerato quale proporzione delle dimensioni adulte (lunghezza del femore e robustezza meccanica) venne raggiunta durante la crescita in sette bambini/adolescenti della necropoli epigravettiana delle Arene Candide, la cui età alla morte è stata stimata dallo sviluppo dentale. I pattern di crescita sono stati confrontati con un campione moderno (*Denver Growth Study*, DGS). Tutti i bambini mostrano un ritardo nello sviluppo rispetto al DGS. Questo deficit non sussiste in due bambini Epigravettiani (Grotta dei Fanciulli, Balzi Rossi) e in uno Mesolitico (Grotta della Madonna, Praia a Mare), risalenti a prima e a dopo l’evento di raffreddamento del Dryas recente. Sebbene la selezione funeraria potrebbe aver influenzato questo risultato, i pattern di crescita degli Epigravettiani delle Arene Candide sembrano legati al peggioramento delle condizioni ambientali durante l’ultimo evento glaciale.

ANALISI PALEOGENETICHE SU POPOLAZIONI UMANE ANTICHE: DUE CASI STUDIO

1. RICOSTRUZIONE DELLA STORIA GENETICA DEI CACCIATORI-RACCOGLITORI E ORTICOLTORI PRE-COLOMBIANI DEL SUD-EST DEL SUD AMERICA

2. ANALISI PALEOGENETICHE SU INDIVIDUI ETRUSCHI DELL'AREA PADANA

PALEOGENETIC ANALYSIS OF ANCIENT HUMAN POPULATION: 2 STUDY CASES

1. RECONSTRUCTION OF THE GENETIC HISTORY OF PRE-COLUMBIAN HUNTER-GATHERERS AND HORTICULTURALISTS FROM THE SOUTHEASTERN OF SOUTH AMERICA

2. PALEOGENETIC ANALYSIS ON ETRUSCAN INDIVIDUALS FROM THE PO VALLEY

CIERVO MICAELA

Università degli Studi di Firenze, micaela.ciervo@unifi.it

TUTOR UFFICIALE: MARTINA LARI

Parole chiave: DNA antico, Antropologia molecolare, Archeologia del Sud America

Key words: ancient DNA, Molecular Anthropology, South America Archaeology

Riassunto

L'ASSA program (Archaeology of Southeastern South America) è un progetto di ricerca multidisciplinare fondato con l'obiettivo di ricostruire la storia delle popolazioni pre-colombiane. Il contributo paleogenetico si è focalizzato sulla caratterizzazione genetica degli individui che hanno occupato l'area nel tardo olocene, indagando le relazioni filogenetiche tra popolazioni di cacciatori-raccoglitori e orticoltori. Sono stati analizzati individui appartenenti a diverse Facies culturali, distribuiti in siti archeologici localizzati in Argentina, Brasile ed Uruguay. Del primo gruppo di individui analizzati (N=39) solo 24 hanno restituito una percentuale di DNA endogeno superiore allo 0,1%, mentre il secondo set di campioni (N=60) è in fase di analisi. Ad oggi, solo un numero limitato di individui ha mostrato una buona preservazione del materiale genetico, rendendo difficile la possibilità di assemblare un dataset adeguato per analisi popolazionistiche. Pertanto, è stato portato avanti in parallelo un altro progetto di ricerca focalizzato sull'analisi genetica di individui Etruschi. Sono stati processati 41 Individui dell'Etruria Padana, i quali appartengono ad una regione più a nord della classica Etruria, con datazioni che li riconducono alla fase Villanoviana. Il dato risulta potenzialmente interessante in quanto non è presente ad oggi un confronto diretto a livello genetico tra Villanoviani ed Etruschi. Questi dati verranno successivamente uniti e analizzati insieme ad un altro dataset di 50 individui già processati dell'Etruria Padana (VIII-V secolo a.C), al fine di contribuire ad una più completa definizione del pool genetico etrusco e di meglio comprendere le relazioni tra il popolo etrusco e popolazioni contemporanee dello stesso territorio, come le popolazioni celtiche.

Abstract

The ASSA program (Archaeology of Southeastern South America) is a multidisciplinary research project aimed to reconstruct the history of pre-Columbian populations. The paleogenetic contribution has focused on the genetic characterization of individuals who inhabited the area during the Late Holocene, investigating phylogenetic relationships between hunter-gatherer and horticulturalist populations.

Individuals from various cultural facies, distributed across archaeological sites in Argentina, Brazil, and Uruguay, were analyzed. From the first group of analyzed individuals (N=39), only 24 yielded an endogenous DNA percentage above 0.1%, while the second set of samples (N=60) is currently under analysis. Until now, only a limited number of individuals have shown good preservation of genetic material, making it challenging to assemble a dataset for population genetic analyses. Therefore, a parallel research project was carried out, focusing on the genetic analysis of Etruscan individuals. A total of 41 individuals from the Po Valley, a region located north of classical Etruria, were processed. These individuals belong to the Villanovan phase. This dataset is particularly interesting, since there is no direct genetic comparison between Villanovans and Etruscans. These data will be combined with an additional dataset of 50 previously processed Etruscans from the Po Valley (8th–5th centuries BCE). The aim is to contribute to a more comprehensive definition of the Etruscan genetic pool and to better understand the relationships between the Etruscan people and contemporaneous populations in the same territory, such as Celtic populations.

MESTUDIO: IL FRAMEWORK DI PAN-EPIGENETICA

MESTUDIO: THE PAN-EPIGENETICS FRAMEWORK

PASSERI IACOPO

Dipartimento di Biologia - Università degli Studi di Firenze Via Madonna del Piano, 6, 50019 Sesto Fiorentino (FI) iacopo.passeri@unifi.it

Tutor: MENGONI ALESSIO

Bioinformatica, Machine Learning, Epigenetica, Procarioti, Simbiosi
Bioinformatics, Machine Learning, Epigenetics, Prokaryotes, Symbiosis

I meccanismi epigenetici di regolazione genica nei procarioti sono un campo ancora inesplorato. Per questo motivo nasce MeStudio: uno strumento computazionale per l'analisi "omica" di dati epigenetici.

Epigenetics mechanisms for gene regulation in prokaryotes are yet underexplored. For this reason, MeStudio was created: a computational framework for "omics" epigenetics data analysis

ANALISI PALEOGENOMICHE SU INDIVIDUI UMANI RINVENUTI A POMPEI

PALEOGENOMIC ANALYSIS ON HUMAN INDIVIDUALS FOUND IN POMPEII

SAVARINO FRANCESCO

Dipartimento di Biologia UNIFI Laboratorio di Antropologia Molecolare e Paleogenetica, via del Proconsolo 12 Firenze, francesco.savarino@unifi.it

TUTOR UFFICIALE: CARAMELLI DAVID

Parole chiave: Paleogenomica, Pompei, DNA antico, genetica delle popolazioni, NGS, Archeologia

Keywords: Paleogenomics, Pompeii, Ancient DNA, Population Genetics, NGS, Archaeology

Riassunto

La paleogenomica offre strumenti senza precedenti per indagare la biologia e le dinamiche evolutive delle popolazioni antiche, integrando dati genetici, archeologici e storici per una comprensione olistica delle società del passato. Il progetto si propone di caratterizzare la variabilità genetica, la struttura biologica e le relazioni popolazionistiche degli abitanti di Pompei, con particolare attenzione alla loro integrazione in contesti sociali, ambientali e culturali. Per ottenere un quadro più completo e preciso, verranno inoltre effettuati confronti con una necropoli vicina, cronologicamente antecedente (VIII-V secolo a.C.), per analizzare le dinamiche di continuità e cambiamento tra popolazioni di epoche diverse. Un punto focale del progetto è l'analisi del genoma di Marcus Venerius Secundio, morto prima dell'eruzione del 79 d.C. e quindi antecedente ai campioni provenienti dagli individui deceduti a causa di tale evento. I campioni di questo individuo hanno fornito un coverage del genoma di circa 5x, e su di esso sono attualmente in corso studi di genetica delle popolazioni, finalizzati a contestualizzarlo all'interno delle dinamiche genetiche mediterranee. Ulteriori indagini pop-gen saranno condotte su campioni provenienti dalla Casa degli Scheletri e dalla Casa del Primo Piano di Pompei, con l'obiettivo di esplorare le connessioni genetiche e i flussi genici delle popolazioni. Il progetto, attraverso un approccio interdisciplinare basato su tecniche NGS, analisi metagenomiche e bioinformatiche, intende fornire una visione dettagliata della biologia evolutiva, delle dinamiche popolazionistiche e delle interazioni tra geni e cultura, permettendo la comprensione delle dinamiche biologiche di Pompei e arricchendo il quadro evolutivo e culturale delle popolazioni mediterranee nell'antichità.

Abstract

Paleogenomics provides unprecedented tools to investigate the biology and evolutionary dynamics of ancient populations, integrating genetic, archaeological, and historical data for a holistic understanding of past societies. This project aims to characterize the genetic variability, biological structure, and population relationships of the inhabitants of Pompeii, with a particular focus on their integration within social, environmental, and cultural contexts. To achieve a more comprehensive and accurate picture, comparisons will also be made with a nearby necropolis, chronologically antecedent (8th–5th century BCE), to analyze the dynamics of continuity and change between populations from different time periods.

A focal point of the project is the genomic analysis of Marcus Venerius Secundio, who died before the eruption of 79 CE and, therefore, earlier than the samples derived from individuals who perished in the catastrophic event. Samples from this individual yielded a genome coverage of approximately 5x, and population genetic studies are currently underway to contextualize him within the genetic dynamics of the Mediterranean. Further population genetics investigations will be conducted on samples from the Casa degli Scheletri and the Casa del Primo Piano in Pompeii, aiming to explore genetic connections and gene flow within these populations.

Through an interdisciplinary approach based on NGS techniques, metagenomic analyses, and bioinformatics, this project seeks to provide a detailed understanding of the evolutionary biology, population dynamics, and gene-culture interactions of Pompeii. The findings will enhance our understanding of the biological dynamics of the city and contribute to the broader evolutionary and cultural narrative of Mediterranean populations in antiquity.

MODELLIZZARE IL PASSATO PER COMPRENDERE IL FUTURO: STORIA DEMOGRAFICA PASSATA E NICCHIA CLIMATICA IN TARTARUGHE TERRESTRI E D'ACQUA DOLCE

INFER THE PAST TO UNDERSTAND THE FUTURE: PAST DEMOGRAPHIC HISTORY AND ENVIRONMENTAL NICHE IN TORTOISES AND TERRAPINS

SOZZONI MARCELLA

Dipartimento di Biologia, University of Florence, via Madonna del Piano 6, 50019, Sesto Fiorentino (FI)

marcella.sozzoni@unifi.it

Tutor: CLAUDIO CIOFI

Parole chiave: genomica di popolazione, dimensione effettiva della popolazione, PSMC, ENM, rettili, *Emys orbicularis*

Keywords: population genomics, effective population size, PSMC, ENM, reptiles, *Emys orbicularis*

Abstract

Quaternary climatic fluctuations had a substantial influence on ecosystems and species distribution driving demographic shifts during glacial periods and postglacial expansions. Integration of genomic data and environmental niche modelling can provide valuable insights on how organisms responded to past environmental variations and contribute in assessing vulnerability and resilience to ongoing climatic challenges. Among vertebrates, turtles and tortoises are particularly vulnerable to habitat changes because of distinctive life history traits and the effect of environmental conditions on physiology and survival. We estimated contemporary heterozygosity (H) and historical effective population size (N_e) using reference genomes and whole-genome sequence data available for 21 species of tortoises and terrapins and a high-quality, chromosome-level reference genome we produced for the European pond turtle (*Emys orbicularis*). We then implemented environmental niche modelling (ENM) to estimate past habitat dynamics. We found recurrent cycles of population expansion and contractions over the last 10 Mya in all species, with a general pattern of decrease in N_e correlated to temperature reduction after the last interglacial period. No correlation was instead found between habitat fluctuations during the Quaternary and past N_e . Moreover, neither H or N_e were correlated to threat status as defined by IUCN Red List categories. Different results have been produced on the extent to which genetic parameters can aid the assessment of conservation status, particularly for data deficient taxa and although genomic data may not always be consistent indicators of the threat status, investigations on which genomic parameter could best represent an essential biodiversity variable should be supported.

Riassunto

Le fluttuazioni climatiche del Quaternario hanno influenzato significativamente gli ecosistemi e la distribuzione delle specie, determinando cambiamenti demografici durante i periodi glaciali e le espansioni postglaciali. L'integrazione dei dati genomici con la modellazione delle nicchie ambientali offre preziose informazioni sulle risposte degli organismi alle variazioni ambientali passate e aiuta a valutare la vulnerabilità e la resilienza alle sfide climatiche attuali. Tra i vertebrati, tartarughe e testuggini sono particolarmente vulnerabili ai cambiamenti dell'habitat a causa di specifiche caratteristiche del ciclo di vita e dell'influenza delle condizioni ambientali sulla loro fisiologia e sopravvivenza. Abbiamo stimato l'eterozigosità contemporanea (H) e la dimensione effettiva della popolazione storica (N_e) utilizzando genomi di riferimento e dati di sequenziamento genomico completo disponibili per 21 specie di tartarughe e testuggini, oltre a un genoma di riferimento ad alta qualità, a livello cromosomico, che abbiamo prodotto per *Emys orbicularis*. Abbiamo inoltre implementato la modellazione delle nicchie climatiche (ENM) per stimare le dinamiche degli habitat passati. Abbiamo riscontrato cicli ricorrenti di espansione e contrazione delle popolazioni negli ultimi 10 milioni di anni, con un generale declino di N_e correlato alla riduzione delle temperature dopo l'ultimo periodo interglaciale. Tuttavia, non è stata rilevata una correlazione tra le fluttuazioni dell'habitat nel Quaternario e il N_e passato. Inoltre, né H né N_e risultano correlati allo stato di conservazione secondo le categorie della Lista Rossa IUCN. Sebbene i dati genomici possano non essere

indicatori sempre coerenti dello stato di minaccia, è necessario indagare quali parametri genomici rappresentino meglio variabili essenziali per la biodiversità.

L'ANALISI DEL MITOGENOMA COMPLETO CHIARISCE LA FILOGEOGRAFIA GLOBALE DI *CARETTA CARETTA* E FORNISCE STRUMENTI PER STUDI ADATTATIVI

MITOGENOMIC ANALYSIS PROVIDES FURTHER INSIGHTS INTO THE GLOBAL PHYLOGEOGRAPHY OF *CARETTA CARETTA* AND FOR STUDIES ON MITOCHONDRIAL ADAPTATION

TOLVE LIVIA

Dipartimento di Biologia dell'Università degli Studi di Firenze, via Madonna del Piano 6 – 50019 Sesto Fiorentino (FI),
livia.tolve@unifi.it

Tutor: CIOFI CLAUDIO

Parole chiave: DNA mitocondriale, filogeografia globale, adattamento termico, tartaruga marina comune
Key words: Mitochondrial DNA, global phylogeography, thermal adaptation, loggerhead sea turtle

La tartaruga comune (*Caretta caretta*) è distribuita a livello globale; la sua storia evolutiva e le dinamiche di colonizzazione sono state studiate principalmente attraverso la regione di controllo del DNA mitocondriale (mtDNA), ma sono ancora oggetto di dibattito. Nel nostro studio intendevamo i) individuare la ricostruzione filogeografica globale più coerente per gli aplotipi del mtDNA di *C. caretta* e ii) indagare la diversità genetica degli aplotipi simpatici in Atlantico occidentale, sotto l'ipotesi di adattamento termico. Abbiamo utilizzato sequenze complete di mtDNA, 21 assemblate in questo studio e 6 scaricate da banche dati (campioni provenienti dal Mediterraneo, dall'Oceano Atlantico e dall'Oceano Pacifico). Attraverso filogenesi di massima verosimiglianza e bayesiana, abbiamo verificato che la topologia basata sui mitogenomi completi è diversa dalla topologia basata sulla sola regione di controllo. I nostri alberi filogenetici ben supportati indicano che l'aplogruppo esclusivamente atlantico si è separato dagli altri aplotipi e ha colonizzato l'Oceano Atlantico durante la chiusura dell'Istmo di Panama, mentre la colonizzazione del Mar Mediterraneo è avvenuta successivamente dal Sudafrica. Abbiamo riscontrato una relazione lineare significativa tra la diminuzione delle temperature nell'Atlantico occidentale e l'aumento della frequenza di un aplotipo. Nonostante la mancanza di significatività statistica per la selezione positiva tra gli aplotipi, abbiamo individuato mutazioni non sinonime fissate che potrebbero influenzare la funzionalità delle proteine nella membrana mitocondriale. Nel complesso, il nostro studio evidenzia il potenziale dell'analisi del mitogenoma completo per una migliore comprensione della storia evolutiva delle tartarughe marine rispetto alle analisi classiche basate su singole sequenze di DNA mitocondriale.

The loggerhead turtle (*Caretta caretta*) is a globally distributed species whose evolutionary history and colonization dynamics have been studied mainly by control region sequences of mitochondrial DNA (mtDNA), but they are still under debate. The aims of our study were i) to define the most consistent global phylogeographic reconstruction for mtDNA haplogroups of *C. caretta*, and ii) to investigate the genetic diversity of sympatric haplogroups in the western Atlantic, under the hypothesis of thermal adaptation. We addressed these aims by analysing whole mtDNA sequences, 21 assembled in this study and 6 downloaded from public databases, from samples of Mediterranean basin, Atlantic and Pacific Ocean. Through maximum likelihood and Bayesian phylogenies, we verified that the tree topology based on complete mitogenomes is different from the topology obtained by mtDNA control region only. Our well-supported phylogenetic trees indicate that the exclusively Atlantic haplogroup separated from the other haplogroups and colonized the Atlantic Ocean during the closure of the Panama Isthmus, while the colonization of the Mediterranean Sea occurred later, via South Africa. We found a significant linear relation between the

decrease of temperatures in western Atlantic and the increase in frequency of one haplogroup. Despite the lack of statistical significance for positive selection between haplogroups, we found fixed non-synonymous mutations which may affect the functionality of the proteins in the mitochondrion membrane. Overall, our study shows the potential of whole mitogenome analysis for a better understanding of the evolutionary history of sea turtles compared to classical analysis of single mitochondrial DNA sequences.

Sessione

ECOLOGIA ED ETOLOGIA

Moderatori

Sara Fratini e Donato Grasso

ECOLOGIA COGNITIVA NEGLI INVERTEBRATI D'ACQUA DOLCE: PROSPETTIVE EMPIRICHE E APPLICATE

COGNITIVE ECOLOGY IN FRESHWATER INVERTEBRATES: EMPIRICAL AND APPLIED PERSPECTIVES

BELLAVERE ELENA

Dipartimento di Chimica, Scienze della Vita e Sostenibilità Ambientale, Università di Parma, 43124, Parma, Italia, elena.bellavere@unipr.it (Department of Chemistry, Life Science and Environmental Sustainability, University of Parma, 43124, Parma, Italy, elena.bellavere@unipr.it)

TUTOR UFFICIALE: ROSSETTI GIAMPAOLO

Parole chiave: Ostracodi non marini, Fotorecezione, Sistemi analitici miniaturizzati, Cognizione negli invertebrati
Keywords: Non-marine Ostracods, Photoreception, Miniaturized analytical systems, Invertebrate cognition

Riassunto

Gli ostracodi sono crostacei bivalvi, i cui rappresentanti non marini appartengono tutti all'ordine Podocopida (Ostracoda). Gran parte delle ricerche sull'apparato fotorecettivo degli ostracodi si concentrano sulle specie marine, mentre lo stato dell'arte relativo alle specie non marine è ancora limitato. I sistemi analitici miniaturizzati sono tecnologie emergenti con numerose applicazioni in ecologia acquatica, particolarmente utili per l'analisi delle capacità cognitive degli invertebrati. Questi sistemi si rivelano efficaci nello studio della relazione tra fotorecezione e apprendimento negli ostracodi non marini. In questo studio, ho analizzato i comportamenti legati alla fotorecezione in diverse specie di ostracodi non marini. Utilizzando arene miniaturizzate progettate su misura, ho valutato tre abilità fondamentali: percezione e discriminazione dei colori, integrazione di segnali fotorecettivi e tattili per la quantificazione della memoria spaziale, e risposte optomotorie per analizzare l'acuità visiva e la sensibilità al contrasto. I movimenti degli individui esposti agli stimoli sono filmati e analizzati tramite tecniche computazionali, rilevando comportamenti come fototassi e variazioni di velocità o frequenza di rotazione. Gli esperimenti sulla percezione dei colori sono quasi completati, mentre i test sulla memoria spaziale sono ancora in corso. Ho effettuato un confronto tra individui condizionati e non condizionati ai diversi stimoli per valutarne comportamenti innati, appresi o complessi. I risultati preliminari per la percezione dei colori mostrano risposte diverse tra le specie, suggerendo adattamenti ecologici specifici. I setup sperimentali per la valutazione della risposta optomotoria, intrinsecamente innata, sono nelle fasi finali di progettazione.

Abstract

Ostracods are bivalve crustaceans with non-marine representatives belonging to the order Podocopida (Ostracoda). While much of the research on the photoreceptive apparatus of ostracods pertains to marine species, knowledge on non-marine ostracods remains limited. Miniaturized analytical systems are emerging technologies with diverse applications in aquatic ecology, particularly for assessing the cognitive abilities of invertebrates. These systems are also ideal for studying the relationship between photoreception and learning in non-marine ostracods. In this study, I investigated photoreception-related behaviors in several non-marine ostracod species, using custom-designed miniaturized arenas. Namely, I assessed three key abilities: color perception and discrimination, integration of photoreceptive and tactile cues to quantify spatial memory, and optomotor responses to evaluate visual acuity and contrast sensitivity. Movements of individuals exposed to stimuli are filmed and analyzed computationally, revealing responsive behaviors such as phototaxis, speed variations, and changes in the frequency of rotation. While color perception experiments are nearly completed, spatial memory tests are still ongoing. I compared conditioned and unconditioned individuals to assess innate, learned, or complex behaviors. Preliminary results show species-specific responses to color stimuli, suggesting diverse ecological adaptations. Experimental setups for the optomotor response, intrinsically innate, are in the final design phase.

ANALISI DELLE DINAMICHE CAUSA-EFFETTO NEGLI ECOSISTEMI ACQUATICI: INFLUENZA DELLA DIVERSITÀ DELLE INTERAZIONI ECOLOGICHE

ANALYZING CAUSE-EFFECT DYNAMICS IN AQUATIC ECOSYSTEMS: INFLUENCE OF ECOLOGICAL INTERACTION DIVERSITY

BERTOLETTI GIULIA

Dipartimento di Scienze Chimiche, della Vita e della Sostenibilità Ambientale, Università di Parma, Parco Area delle Scienze 11/A - 43124 Parma, e-mail: giulia.bertoletti@unipr.it

Department of Chemistry, Life Sciences and Environmental Sustainability, University of Parma, Parco Area delle Scienze 11/A - 43124 Parma, e-mail: giulia.bertoletti@unipr.it

TUTOR UFFICIALE: PROF. BODINI ANTONIO

Parole chiave: rete trofica, cambiamento climatico, stressors multipli, ecosistema acquatico, biodiversità, risposta dell'ecosistema

Keywords: food web, climate change, multiple stressors, aquatic ecosystem, biodiversity, ecosystem response

Riassunto

La conservazione e gestione degli ecosistemi richiedono una comprensione approfondita del ruolo della biodiversità e delle interazioni ecologiche, che modulano gli effetti dei drivers ambientali e antropici, spesso generando risposte imprevedibili da parte di specie ed ecosistemi. Questo progetto di ricerca analizza il ruolo della diversità delle interazioni ecologiche nell'interpretare i cambiamenti causati da perturbazioni esterne in ecosistemi marini e lacustri, utilizzando la loop analysis e metodi statistici per validare le previsioni modellistiche.

Nel primo anno, lo studio si è focalizzato sulle dinamiche evolutive del Lago Scuro (Italia settentrionale). Questo lago di alta quota ha subito un regime shift da uno stato dominato dal fitoplancton a uno dominato da macrofite dopo un'ondata di calore nel 2003. Analizzando le serie temporali di abbondanze planctoniche e temperatura dell'acqua, abbiamo ipotizzato che l'aumento graduale della temperatura dell'epilimnio, attribuibile al cambiamento climatico, abbia influenzato le dinamiche di comunità prima del regime shift. I risultati indicano che il riscaldamento progressivo dell'epilimnio ha esercitato pressioni costanti sulla comunità ecologica, in seguito amplificate dall'ondata di calore.

In seguito, il progetto indagherà gli effetti della diffusione di specie di meduse sulla struttura delle comunità marine, analizzando i meccanismi attraverso cui queste deviano il flusso di energia dalla catena del pascolo a quella del detrito. I risultati saranno generalizzati studiando ecosistemi come il Mar Baltico e altri sistemi marini e costieri per migliorare la comprensione delle risposte ecologiche ai disturbi e sviluppare strategie di gestione più efficaci.

Abstract

Ecosystem conservation and management require a thorough understanding of the role of biodiversity and ecological interactions, which modulate the effects of environmental and anthropogenic drivers, often generating unpredictable responses by species and ecosystems. This research project investigates the role of the diversity of ecological interactions in interpreting changes caused by external perturbations in marine and lake ecosystems, using loop analysis and statistical methods to validate model predictions.

In the first year, the study focused on the evolutionary dynamics of Lake Scuro (northern Italy). This high-altitude lake underwent a regime shift from a phytoplankton-dominated to a macrophyte-dominated state after a heatwave in 2003. By analyzing the time series of plankton abundances and water temperature, we hypothesized that the gradual increase in epilimnion temperature, attributable to climate

change, influenced community dynamics before the regime shift. The results indicate that the gradual warming of the epilimnion has exerted constant pressures on the ecological community, subsequently amplified by the heatwave.

The project will then investigate the effects of the spread of jellyfish species on the structure of marine communities, analyzing the mechanisms by which they divert energy flow from the grazing to the detritus chain. The results will be generalized by studying ecosystems such as the Baltic Sea and other marine and coastal systems to improve the understanding of ecological responses to disturbances and develop more effective management strategies.

L'IMPATTO DELL'INQUINAMENTO LUMINOSO SUGLI ECOSISTEMI COSTIERI

CHISCI FILIPPO

Università degli Studi di Firenze, Dipartimento di Biologia, Via Madonna del Piano, 6 - 50019 Sesto Fiorentino (FI)
OGS Istituto Nazionale di Oceanografia e di Geofisica Sperimentale, sede Livorno, Via del Cedro Livorno
filippochisci@unifi.it

Tutor Ufficiale: Cannicci Stefano

Parole chiave: Inquinamento Luminoso, Comportamento Animale, Ecosistema costiero, Modelli Biogeochimici, Intensità Luminosa

La luce ha un ruolo fondamentale per gli organismi dei sistemi marini costieri (Gattuso et al. 2006, Le Bail et al. 1999), ma l'attività antropica altera pesantemente la quantità e i periodi in cui gli organismi sono sottoposti a fonti luminose. L'inquinamento luminoso notturno o ALAN impatta il 22% dell'area costiera mondiale (Davies et al. 2014). Ad oggi il comportamento delle specie marine sottoposte a luce artificiale e in gran parte sconosciuto; lo scopo della ricerca è quindi approfondire la conoscenza sulla quantità di luce che raggiunge i vari organismi marini e come essi si comportano se esposti ad inquinamento luminoso.

In particolar modo, l'attività di ricerca si è concentrata sull'effetto di ALAN sulla specie di gasteropode *Phorcus turbinatus* e ha mostrato come il comportamento degli individui della specie vari significativamente, evitando completamente le zone della scogliera impattate da una fonte luminosa durante le ore notturne.

La ricerca si è successivamente concentrata sullo sviluppo di mappe e grafici usando dati satellitare applicati sul modello biogeochimico BFM (Alvarez et al. 2023). I risultati mostrano la quantità di luce diurna che raggiunge il fondale del Mediterraneo o come l'intensità luminosa vari nella colonna d'acqua al variare della presenza di organismi fotosintetici.

Attualmente la ricerca sta avanzando valutando l'effetto dell'inquinamento luminoso sulla specie invasiva *Callinectes sapidus*. In contemporanea, stiamo eseguendo campionamenti nelle coste di Livorno per valutare l'attendibilità delle mappe e valutare l'intensità luminosa diurna a cui gli individui di *Callinectes sapidus* sono sottoposti in condizioni naturali.

Bibliografia

- Gattuso, J.-P., Gentili, B., Duarte, C. M., Kleypas, J. A., Middelburg, J. J., and Antoine, D.: Light availability in the coastal ocean: impact on the distribution of benthic photosynthetic organisms and their contribution to primary production, *Biogeosciences*, 3, 489–513, <https://doi.org/10.5194/bg-3-489-2006>, 2006.
- Boeuf, Gilles, and Pierre-Yves Le Bail. "Does light have an influence on fish growth?" *Aquaculture* 177.1-4 (1999): 129-152.
- Davies, T. W., Duffy, J. P., Bennie, J., & Gaston, K. J. (2014). The nature, extent, and ecological implications of marine light pollution. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 12(6), 347-355.
- Álvarez, E., Cossarini, G., Teruzzi, A., Bruggeman, J., Bolding, K., Ciavatta, S., ... & Lazzari, P. (2023). Chromophoric dissolved organic matter dynamics revealed through the optimization of an optical–biogeochemical model in the northwestern Mediterranean Sea. *Biogeosciences*, 20(22), 4591-4624.

EFFETTI LETALI E SUBLETALI DEL BIOPESTICIDA *BACILLUS AMYLOLIQUEFACIENS* SU *APIS MELLIFERA* E *BOMBUS TERRESTRIS*

LETHAL AND SUBLETHAL EFFECTS OF THE BIOPESTICIDE *BACILLUS AMYLOLIQUEFACIENS* ON *APIS MELLIFERA* AND *BOMBUS TERRESTRIS*

DI CESARE FLAVIA

Università di Firenze, Dipartimento di Biologia, Via Madonna del Piano, 6, Sesto Fiorentino, 50019, Italy, flavia.dicesare@unifi.it

TUTOR: BARACCHI DAVID

Parole chiave: impollinatori, valutazione del rischio, ecotossicologia, apprendimento, memoria

Keywords: pollinators, risk assessment, ecotoxicology, learning, memory

Riassunto

Il declino globale degli impollinatori rappresenta un'urgente preoccupazione, strettamente legata a fattori antropogenici come l'utilizzo di pesticidi di sintesi. In questo scenario, i biopesticidi offrono un'alternativa promettente per il controllo dei parassiti, offrendo minori rischi per l'ambiente. Tuttavia, i protocolli di valutazione del rischio attualmente in uso tendono a sottovalutare gli effetti subletali di questi agenti di controllo biologico sugli insetti non target, trascurando aspetti fondamentali per la loro ecologia. Questo studio ha esaminato gli effetti letali e subletali del biopesticida *Bacillus amyloliquefaciens* QST713 a concentrazioni realistiche utilizzate in campo su *Apis mellifera* e *Bombus terrestris*. La tossicità orale è stata analizzata in relazione ad uno stress ambientale rappresentato da diete a diverse concentrazioni di zucchero, ottimali e subottimali, per individuare potenziali effetti sinergici sulla salute delle api. Tra gli effetti subletali, abbiamo studiato l'apprendimento e la memoria attraverso un esperimento di condizionamento classico Pavloviano, valutando la memoria a breve (1 ora), medio (24 ore) e lungo termine (72 ore). Inoltre, un esperimento di immunocompetenza è stato utilizzato per esaminare l'impatto del biopesticida sul sistema immunitario. I risultati non hanno evidenziato effetti significativi su *A. mellifera*. Al contrario, *B. terrestris* ha mostrato una maggiore sensibilità, con impatti significativi su mortalità, apprendimento e memoria. Questi risultati hanno motivato ulteriori indagini sui bombi, con esperimenti semi-campo che analizzano l'attività e l'efficienza di foraggiamento. Questi dati contribuiscono ad una comprensione più approfondita dell'impatto ecologico dei biopesticidi e possono favorire lo sviluppo di protocolli di valutazione del rischio più completi ed accurati.

Abstract

The global decline of pollinators is a pressing concern, largely due to anthropogenic factors, such as synthetic pesticides. In light of this, biopesticides offer a promising alternative for pest control with fewer environmental risks. However, conventional risk assessment protocols often overlook the sublethal impacts of these control agents on non-target insects, neglecting key sublethal effects. This study investigated the lethal and sublethal effects of the bacterial biopesticide *Bacillus amyloliquefaciens* QST713 at field-relevant concentrations on *Apis mellifera* and *Bombus terrestris*. Oral toxicity was assessed under environmental stress conditions represented by diets with varying sugar concentrations, both optimal and suboptimal, to identify potential synergistic effects on bee health. Sublethal effects were examined by studying learning and memory through a classical Pavlovian conditioning experiment, testing short-term (1 hour), medium-term (24 hours), and long-term memory (72 hours). Additionally, an immunocompetence assay was performed to assess the impact of the biopesticide on the immune system. Results revealed no significant effects on *A. mellifera*. In contrast, *B. terrestris* exhibited higher sensitivity, with notable impacts on mortality, learning, and memory. These findings led to further investigations on bumblebees, focusing on semi-field experiments analyzing foraging activity and efficiency. This research contributes to a deeper understanding of the ecological consequences of biopesticides, highlighting the need for more comprehensive and accurate risk assessment protocols to safeguard pollinator health.

ANALISI DELLA COMUNITÀ BATTERICA ASSOCIATA ALLE RADICI DELLE PIANTE DI POMODORO IN RISPOSTA ALLO STRESS SALINO.

EXPLORING THE ROOT-ASSOCIATED BACTERIAL COMMUNITY OF TOMATO PLANTS IN RESPONSE TO SALT STRESS.

ESPOSITO ANTONIA

Research Centre for Agriculture and Environment, Council for Agricultural Research and Economics (CREA-AA), 50125 Florence, Italy

Department of Biology, University of Florence, Via Madonna del Piano 6, Sesto Fiorentino, 50019 Florence, Italy

TUTOR UFFICIALE: DR. MOCALI STEFANO (CREA-AA)

Parole chiave: comunità batterica, lipidi, ossilipine, pianta di pomodoro, stress salino

Keywords: bacterial community, lipids, oxylipins, tomato plant, salt stress

Riassunto

Il progetto di dottorato mira a promuovere la tolleranza alla salinità delle piante di pomodoro mediante l'uso inoculanti fungini, come *Trichoderma harzianum*, *Penicillium bilaie*, *Aspergillus niger* e *Penicillium variabile*, già disponibili dal progetto H2020 EXCALIBUR.

In primo luogo, abbiamo valutato l'effetto della salinità sia sulla comunità microbica associata alle radici che sui metaboliti della pianta in diversi momenti dall'inizio del trattamento salino. Lo stress salino ha ridotto la biodiversità nei giorni 7 e 14 e ha indotto un progressivo cambiamento della struttura batterica a partire dal giorno 7, dopo lo stress. Negli stessi giorni, nelle piante stressate è stato osservato l'accumulo di metaboliti di una specifica via metabolica. L'aumento nelle tesi stressate di taxa specifici, associati a una maggiore abbondanza di geni coinvolti nel tratto PGP ha suggerito un ruolo chiave delle piante nel modellare il microbioma che supporta la pianta nell'affrontare lo stress.

In secondo luogo, test *in vitro* impiegati per valutare l'attività PGPR degli inoculanti fungini selezionati hanno rivelato che *T. harzianum* può inibire la crescita di almeno 3 funghi fitopatogeni, indicando un potenziale ruolo come biopesticida in agricoltura. Inoltre, abbiamo osservato come l'aggiunta di materiali di scarto nel terreno di coltura dei funghi testati ne abbia aumentato la biomassa e il numero di spore. Questi risultati dimostrano come, insieme all'uso di prodotti biologici, l'uso di materiali di scarto come additivi o substrati alternativi possa essere utilizzato per produrre grandi quantità di questi bioinoculanti soddisfacendo allo stesso tempo i requisiti di sostenibilità e bassi costi di produzione.

Abstract

The PhD project aims to promote salinity tolerance of tomato plants by means fungal inoculants as biofertilizers, *Trichoderma harzianum*, *Penicillium bilaie*, *Aspergillus niger* and *Penicillium variabile* available from the H2020 EXCALIBUR project.

Firstly, we evaluated the effect of salinity on root-associated microbial communities at different time points under salt-stress conditions. The results revealed how salinity had an impact on bacterial diversity especially after 7 and 14 days, as well as on bacterial structure after 7 days since the stress application. Plant metabolites associated with salt stress were also evaluated, revealing the activation of specific pathways at days 7 and 14 after stress treatment. At the same days, the occurrence of higher abundance of specific taxa associated with a higher abundance of genes involved in the PGP trait and nitrogen and phosphorus metabolism in salt treated samples suggested an role of plants to shape microbiome that support plant in coping with stress.

Secondly, *in vitro* test employed to evaluate the antimicrobial activity against 3 phytopathogens fungi of tomato plant revealed that *T. harzianum* can inhibit the growth of all tested fungi, indicated a potential role as a biopesticide. Furthermore, we observed how the addition of waste materials in the culture medium of tested fungi increased their biomass and number of spores.

These results demonstrate how, together with the use of biological products, the use of waste materials as additives or alternative substrates can be used to produce higher quantity of these bioinoculant to comply with sustainability requirements and low production costs.

ISTOPATOLOGIA E RISPOSTA IMMUNITARIA INNATA DELL' *ANGUILLA* *ANGUILLA* INFESTATA DALL'*ACANTHOCEPHALUS RHINENSIS* (*ACANTHOCEPHALA*)

HISTOPATHOLOGY AND INNATE IMMUNE RESPONSE OF *ANGUILLA* *ANGUILLA* INFECTED WITH *ACANTHOCEPHALUS RHINENSIS* (*ACANTHOCEPHALA*)

EMANUELA FRANCHELLA

Department of Life Sciences and Biotechnology, University of Ferrara, St. Borsari 46, 44121 Ferrara, Italy,
frmmnl1@unife.it

TUTOR UFFICIALE: BAHRAM SAYYAF DEZFULI

Keywords: *Anguilla anguilla*, Acanthocephala, immune cells, histopathology, mucous cells, rodlet cells

Parole chiave : *Anguilla anguilla*, Acanthocephala, cellule immunitarie, istopatologia, cellule mucose, rodlet cells

Abstract:

During the past three decades, the *Anguilla anguilla* population has declined dramatically. Habitat loss, climatic and oceanic changes, pollution, mortality due to river obstacles, overexploitation, and parasites have been suggested as possible reasons for such decline (Dekker, 2003. Eel biology, Tokyo pp. 497).

A total of 37 European eels, *A. anguilla*, sampled from Lake Piediluco, Central Italy, were examined, and their acanthocephalan infections assessed. Thirty-two (86.49%) eels were infected with *Acanthocephalus rhinensis*. It displays a high specificity for its definitive host *A. anguilla*, in fact, in Lake Piediluco other species of fish feed on the same gammarid, *Echinogammarus tibaldii*, but are not infested by this parasite.

Enteric helminths often cause inflammation of the digestive tract, inducing the recruitment of different types of immune cells at the site of infection. The most common cell types associated with enteric parasite infections in fish are neutrophils, mast cells (MCs), and rodlet cells (RCs). The pathogenicity of acanthocephalans is attributed to two factors: the density of the parasite burden and the depth of worm penetration. The present study has documented the histological changes caused by *A. rhinensis* to the intestine of *A. anguilla*, the abundance of this species was high in eels and the penetration of the worm's proboscis induced severe damage to the intestinal wall. Herein an increase in the number of neutrophils, MCs, RCs and mucous cells near the site of acanthocephalan attachment was observed.

Riassunto:

Negli ultimi tre decenni, la popolazione dell'*Anguilla anguilla* ha subito un forte declino. La perdita dell'habitat, i cambiamenti climatici e oceanici, l'inquinamento, la mortalità causata da ostacoli fluviali, l'eccessivo sfruttamento e i parassiti sono stati identificati come una possibile causa di questo declino (Dekker, 2003. Eel biology, Tokyo pp. 497).

Presso il Lago Piediluco, centro Italia, sono state campionate 37 anguille, l'esaminazione ha permesso di evidenziare l'infestazione da parte dell'acantocefalo, trentadue (86.49%) di queste anguille erano infestate dall'*Acanthocephalus rhinensis*. Questo parassita sembra mostrare un'alta specificità per il suo ospite definitivo rappresentato per l'appunto dall' *A. anguilla*, infatti, presso il Lago Piediluco, altre specie ittiche si nutrono dello stesso gammaride *Echinogammarus tibaldii* (ospite intermedio) ma non mostrano infestazione da parte dell'acantocefalo.

Gli elminti enterici causano spesso infiammazioni al tratto digestivo, inducendo il reclutamento di differenti cellule immunitarie al sito di infestazione. Le cellule più comuni associate ai parassiti enterici sono i neutrofili, le mast cells (MCs), e le rodlet cells (RCs).

La patogenicità degli acantocefali viene attribuita a due fattori: il numero dei parassiti nel sito di infestazione e la profondità di penetrazione attraverso i tessuti. Il presente studio ha permesso di documentare i cambiamenti istologici causati da *A. rhinensis* nell'intestino dell'*A. anguilla*, contenete un gran numero di individui di questa specie, inoltre la profonda penetrazione della proboscide dell'elminta

ha causato un notevole danno intestinale causando un aumento del numero di neutrofili, MCs, RCs e cellule mucose nel sito di attacco dell'acantocefalo.

PREVEDERE LA DISTRIBUZIONE FUTURA DEI LICHENI ALPINI IN SCENARI DI CAMBIAMENTO CLIMATICO

PREDICTING THE FUTURE DISTRIBUTION OF ALPINE LICHENS UNDER CLIMATE CHANGE SCENARIOS

RIBOTTA SARA

Dipartimento di Scienze Chimiche, della Vita e della Sostenibilità Ambientale, Università degli studi di Parma – sara.ribotta@unipr.it; sara.ribotta@unifi.it

TUTOR UFFICIALE: CARBOGNANI MICHELE

Parole chiave: Licheni alpini, Cambiamento climatico, Modelli di distribuzione delle specie (SDM), Idoneità dell'habitat, Conservazione della biodiversità, Ecosistemi alpini

Keywords: Alpine lichens, Climate change, Species distribution models (SDMs), Habitat suitability, Biodiversity conservation, Alpine ecosystems

Riassunto

Comprendere l'impatto del cambiamento climatico sulla biodiversità è cruciale, specialmente negli ecosistemi alpini, dove i licheni sono importanti bioindicatori. Questo studio analizza tre specie di licheni terricoli (*Cetraria islandica*, *Nephromopsis nivalis*, *Solorina crocea*), rappresentative di diversi gradienti altitudinali e nicchie ecologiche. *C. islandica* vive in zone alpine e subalpine su suoli poveri di nutrienti; *N. nivalis* si trova in ambienti estremi sopra il limite degli alberi; *S. crocea* preferisce altitudini medie-alte vicino ai nevai.

Utilizzando dati di presenza (1980–2024) e variabili bioclimatiche ad alta risoluzione (1 km²), incluse metriche sulla neve, sono stati sviluppati modelli di distribuzione delle specie (SDMs) per prevedere le loro distribuzioni future (scenari MPI-ESM SSP126, SSP370, SSP585) nei periodi 2011–2040, 2041–2070 e 2071–2100. La modellizzazione “ensemble” (GLM, RF, BRT, MDA, FDA) e la validazione spaziale hanno garantito robustezza ai risultati, valutati tramite AUC, TSS e indice di Boyce.

I risultati mostrano significativi cambiamenti negli habitat idonei: *C. islandica* potrebbe spostarsi geograficamente, *N. nivalis* potrebbe subire frammentazione e *S. crocea* potrebbe andare incontro a cambiamenti minimi. Tuttavia, solo *N. nivalis* potrebbe ampliare il suo habitat in alcuni scenari, mentre le altre due specie sono a rischio di perdita.

Questi risultati sottolineano l'urgenza di strategie di conservazione, come aree protette ad alta quota per *N. nivalis* o migrazione assistita per *C. islandica*. Approcci a livello di comunità saranno cruciali per comprendere e conservare la diversità vegetazionale e i servizi ecosistemici degli ambienti di alta quota. Studi futuri includeranno dinamiche di dispersione e interazioni biotiche tra piante vascolari e crittogame per comprendere meglio le risposte della vegetazione alpina ai cambiamenti climatici.

Abstract

Understanding the impact of climate change on biodiversity is crucial, especially in alpine ecosystems where lichens serve as key bioindicators. This study focuses on three terricolous lichen species (*Cetraria islandica*, *Nephromopsis nivalis*, *Solorina crocea*), representing distinct elevational gradients and ecological niches. *C. islandica* thrives in alpine and subalpine zones on nutrient-poor soils; *N. nivalis* inhabits extreme environments above the treeline; *S. crocea* prefers mid-to-high altitudes near snowbeds. Using occurrence data (1980–2024) and high-resolution bioclimatic variables (1 km²), including snow-related metrics, I developed species distribution models (SDMs) to project their potential distributions under future climate scenarios (MPI-ESM SSP126, SSP370, SSP585) for 2011–2040, 2041–2070, and 2071–2100. Ensemble modelling (GLM, RF, BRT, MDA, FDA) and spatial cross-validation ensured robust results, evaluated using AUC, TSS, and the Boyce index.

The findings reveal significant changes in suitable habitats: *C. islandica* might shift geographically, *N. nivalis* could face habitat fragmentation, and *S. crocea* may experience minimal changes. Notably, only *N. nivalis* may expand its habitat under certain scenarios, while the other two species are projected to lose habitat. These results highlight the urgency of targeted conservation strategies, such as high-altitude protected areas for *N. nivalis* or assisted migration for *C. islandica*.

Community-level approaches will be essential to preserve vegetation diversity and the ecosystem services provided by lichens, including nutrient cycling and soil stabilization. Future research will incorporate dispersal dynamics and biotic interactions between vascular plant and cryptogams to better understand alpine vegetation responses to climate change and inform tailored conservation strategies to mitigate biodiversity loss.

L'USO DI *TALITRUS SALTATOR* COME ORGANISMO MODELLO NELLO STUDIO DELL' IMPATTO DELLE BIOPLASTICHE NELL'AMBIENTE SOPRALITORALE DELLE SPIAGGE SABBIOSE.

THE USE OF SANDHOPPER *TALITRUS SALTATOR* AS MODEL ORGANISM TO STUDY BIOPLASTIC IMPACT IN SUPRALITTORAL ENVIRONMENT OF SANDY BEACHES

RUSSO ALESSANDRO

Dipartimento di Biologia, University of Florence, Via Madonna del Piano, 6, 50019 Sesto Fiorentino (FI),
alessandro.russo@unifi.it

TUTOR UFFICIALE: CAVALIERI DUCCIO

Parole chiave: bioplastiche, chitosano, microbiota intestinale, 16S rRNA, metagenomica, microscopia elettronica

Keywords: bioplastic, chitosan, gut microbiota, 16S rRNA, metagenomic, electron microscopy

Abstract

Marine supralittoral environments are endangered by plastic and bioplastic accumulation, transported by marine currents and influenced by winds and local hydrodynamics. Bioplastics are currently gaining attention due to effort to reduce conventional petroleum-based plastic production. Among these, starch-based bioplastics and chitin-derived chitosan material, often mixed with starch, are of particular interest. Sandhoppers, detritivore and scavengers amphipods, play a key role in the food web of supralittoral sandy beach ecosystems. In this framework, the key species *Talitrus saltator* is a bioindicator of pollutants such as heavy metals, PBDEs, and anthropogenic pressure. This study examined the effects of ingesting two starch-based bioplastics and various chitosan-starch mixtures on sandhoppers, focusing on palatability, survival, gut microbiota, and the hepatopancreas (HP), their primary digestive organ.

Experiments conducted under controlled conditions involved feeding adult sandhoppers exclusively with pre-characterized polymers (via FTIR and NMR). Gut and HP samples were analyzed using 16S rRNA metagenomic sequencing and light and transmission electron microscopy to assess microbial and morphological impacts.

Results indicated bioplastics are palatable to sandhoppers, while chitosan requires a high starch percentage for acceptance. Chitosan-starch mixtures proved particularly harmful, affecting survival rates. During gut transit, polymers underwent modification, with gut microbiota adapting to bioplastic degradation and specific microbial genera increasing. Furthermore, chitosan-fed sandhoppers exhibited disrupted HP caecal epithelia, marked by impaired B-cell differentiation and enhanced autophagy.

Overall, these results reveal the potential of *T. saltator* as a model organism for the investigation of bioplastic impact on supralittoral environments, shedding light on the effects of the ingestion of these polymers from different research perspectives.

Riassunto

Gli ambienti sopralitorali marini sono minacciati dall'accumulo di plastica e bioplastica, trasportate dalle correnti marine e influenzate dai venti e dall'idrodinamica locale. Le bioplastiche stanno guadagnando attenzione grazie agli sforzi per ridurre la produzione di plastica convenzionale a base di petrolio. Tra queste, le bioplastiche a base di amido e il chitosano derivato dalla chitina, spesso miscelato con amido, sono di particolare interesse.

I talitri, anfipodi detritivori e spazzini, svolgono un ruolo chiave nelle reti trofiche degli ecosistemi sopralitorali delle spiagge sabbiose. Tra questi, la specie chiave *Talitrus saltator* è un bioindicatore di inquinanti come metalli pesanti, PBDE e della pressione antropica. Questo studio ha esaminato gli effetti dell'ingestione di due tipi di bioplastiche a base di amido e di diverse miscele di chitosano-amido sui talitri, concentrandosi su palatabilità, sopravvivenza, microbiota intestinale e epatopancreas (HP), il principale organo digestivo.

Esperimenti condotti in condizioni controllate hanno riguardato l'alimentazione di talitri adulti esclusivamente con polimeri pre-caratterizzati (tramite FTIR e NMR). I campioni di intestino e HP sono stati analizzati utilizzando il sequenziamento metagenomico dell' rRNA 16S e la microscopia ottica ed elettronica a trasmissione per valutare gli impatti microbiologici e morfologici.

I risultati hanno indicato che le bioplastiche sono palatabili, mentre il chitosano richiede una percentuale elevata di amido per essere accettato. Le miscele di chitosano-amido si sono rivelate particolarmente dannose, influenzando i tassi di sopravvivenza. Durante il transito intestinale, i polimeri sono stati modificati e il microbiota si è adattato alla degradazione delle bioplastiche, con un aumento di generi microbici specifici. Inoltre, i talitri alimentati con chitosano hanno mostrato epiteli cecali dell'HP alterati, caratterizzati da un' alterata differenziazione delle cellule B e un'autofagia accentuata.

Questi risultati evidenziano il potenziale di *T. saltator* come organismo modello per studiare l'impatto delle bioplastiche sugli ambienti sopralitorali, facendo luce sugli effetti dell' ingestione di questi polimeri da differenti prospettive di ricerca.

CONTRIBUTO DELLE VARIANTI FUNZIONALI AL CARICO GENETICO IN POPOLAZIONI PICCOLE A RISCHIO DI ESTINZIONE

IMPACT OF FUNCTIONAL VARIANTS ON GENETIC LOAD IN SMALL ENDANGERED POPULATIONS

SAMMARCO BEATRICE

Università degli Studi di Ferrara, Dipartimento di Scienze della Vita e Biotecnologie, Via Luigi Borsari 46, 44121 Ferrara, beatrice.sammarco@unife.it

TUTOR UFFICIALE: PROF. BENAZZO ANDREA

Parole chiave: Mutazioni, Carico Genetico, Varianti Strutturali, Retrogeni, Specie a Rischio d'Estinzione, Specie Invasive.

Keywords: Mutations, Genetic Load, Structural Variants, Retrogenes, Endangered Species, Invasive Species.

Riassunto

Nelle popolazioni piccole e isolate la deriva genetica e l'inincrocio possono portare all'accumulo di mutazioni potenzialmente deleterie nei genomi degli individui. Sebbene recentemente siano stati condotti diversi studi in cui è stato investigato il carico genetico in tali popolazioni, questi si sono focalizzati sulle mutazioni puntiformi. Il nostro obiettivo è quello di ottenere una più ampia comprensione del carico genetico considerando più categorie di mutazioni funzionali. Queste includono delezioni, retrogeni, inserzioni di elementi trasponibili in regioni codificanti, alterazioni dello splicing, tutte mutazioni capaci di impattare significativamente l'espressione dei geni e il loro funzionamento. Per investigare a fondo il carico mutazionale a livello di popolazione, analizzeremo i geni impattati nell'ambito delle vie metaboliche al fine di verificare se nelle popolazioni piccole si osserva un accumulo di mutazioni deleterie in pathway critici per la sopravvivenza e per l'integrità della rete metabolica. La nostra ricerca condurrà ad una visione più comprensiva del carico genetico nelle popolazioni di piccole dimensioni ma anche di elaborare una procedura versatile e replicabile a diverse specie con popolazioni di diverse dimensioni. Investigare l'accumulo di mutazioni potenzialmente deleterie, non solo quantitativamente ma anche qualitativamente, potrebbe significativamente contribuire alla conservazione di specie a rischio di estinzione e di popolazioni vulnerabili. La procedura di studio del carico genetico verrà applicata anche ad un sistema modello per lo studio di specie invasive per valutare i meccanismi evolutivi alla base del processo di espansione e per comprendere come il carico genetico può influenzare la fitness degli individui durante il processo di espansione.

Abstract

In small, isolated populations genetic drift and inbreeding can lead to an accumulation of potentially harmful mutations in the individuals' genomes. While recent studies have investigated genetic load in these vulnerable populations, they primarily focused on point mutations. We aim to capture a more comprehensive picture of genetic burden by incorporating diverse functional mutations. These include deletions, retrogenes, transposable element insertions in coding regions, and splicing alterations, all capable of significantly impacting gene expression and functioning. To investigate deeper the potential population meltdown, we will analyse the affected genes within specific metabolic pathways. This crucial step will reveal whether small populations experience a concerning accumulation of deleterious mutations in pathways critical for their survival and network integrity. Our research will provide a more comprehensive understanding of genetic load in small populations, but also establish a versatile and replicable procedure applicable to diverse species with varying populations sizes. Investigating the accumulation of potentially functional deleterious mutations, not just quantitatively but also qualitatively, could significantly aid in the conservation of the endangered species and vulnerable populations. The new procedure will be applied also to a model system for the study of invasive species to evaluate the evolutionary mechanisms driving invasive species' range expansions and to comprehend how genetic load can influence individual fitness' during the process of expansion.

STUDIO DELLA COMPOSIZIONE E LA STRUTTURA DI COMUNITÀ ANIMALI E DELLA LORO RISPOSTA ALLE PRESSIONI AMBIENTALI TRAMITE TECNICHE MOLECOLARI AVANZATE

INVESTIGATING THE COMPOSITION AND STRUCTURE OF ANIMAL COMMUNITIES AND THEIR RESPONSES TO ENVIRONMENTAL PRESSURES USING ADVANCED MOLECULAR TECHNIQUES

STAFFONI GIORGIA

*Università degli Studi di Firenze - Dipartimento di Biologia, Via Madonna del Piano, 6, 50019 Sesto Fiorentino (FI),
giorgia.staffoni@unifi.it*

TUTOR UFFICIALE: FRATINI SARA

Parole chiave: DNA ambientale, metabarcoding, barcoding, vertebrati, monitoraggio della biodiversità, conservazione della biodiversità

Keywords: environmental DNA, metabarcoding, barcoding, vertebrates, biodiversity monitoring, biodiversity conservation

Riassunto

Il tema di ricerca esplora l'utilizzo del DNA ambientale e della genomica come strumenti innovativi per il monitoraggio della biodiversità e per il miglioramento delle strategie di conservazione e gestione delle specie. Un progetto chiave del mio primo anno di dottorato ha riguardato la creazione di una barcode library per le specie di pesci delle acque interne italiane. Grazie alla collaborazione con il Museo di Scienze Naturali dell'Università di Firenze "La Specola", a contatti esterni e alla raccolta di sequenze online, è in corso la creazione di un database contenente sequenze validate che coprono gran parte della biodiversità ittica di questi ecosistemi, e che risulterà fondamentale per il monitoraggio delle specie tramite DNA ambientale. In parallelo, nell'ambito del programma Biodiversity Genomics Europe (BGE), il mio gruppo di ricerca ha prodotto migliaia di sequenze COI appartenenti a diverse specie animali utilizzando tecnologia PacBio. In questo ambito, mi sono occupata di demultiplexing, creazione delle sequenze consenso, validazione dei dati e l'upload in BOLD. L'ultimo progetto avviato mira, invece, a integrare DNA ambientale e fototrappole per il monitoraggio dei mammiferi nel Parco Nazionale delle Foreste Casentinesi, Monte Falterona e Campigna. Dopo una fase iniziale di campionamento, sono attualmente in corso le analisi preliminari, focalizzate sull'ottimizzazione dei protocolli per affrontare la presenza di inibitori nella matrice suolo.

Abstract

My research focuses on using environmental DNA and genomics as innovative tools for monitoring biodiversity and improving species conservation and management strategies. A key project during the first year of my PhD was the creation of a barcode library for inland water fishes in Italy. In collaboration with the Natural History Museum of the University of Florence "La Specola", external contacts and online sequence retrieval, a validated dataset covering a significant part of the fish biodiversity in these ecosystems is being developed. Meanwhile, within my research group, thousands of COI sequences from different animal species were generated using PacBio technology under the Biodiversity Genomics Europe (BGE) programme. I was responsible for demultiplexing, consensus sequence generation, data validation, and uploading to BOLD. Finally, my most recent project focuses on integrating environmental DNA and camera traps for mammal monitoring in the Casentino Forests, Monte Falterona, and Campigna National Park. After an initial sampling phase, preliminary analyses are underway, with a focus on optimising protocols to deal with soil inhibitors.

Sessione

BIOLOGIA E BIOTECNOLOGIE VEGETALI

Moderatori

Ilaria Colzi e Alessandro Petraglia

STUDIO DI STRATEGIE INNOVATIVE PER IL MIGLIORAMENTO DEL FITORIMEDIO DI CONTAMINANTI DIFFUSI IN TOSCANA

STUDY OF INNOVATIVE STRATEGIES TO IMPROVE THE PHYTOREMEDIATION OF WIDESPREAD CONTAMINANTS IN TUSCANY

REGINI GAIA

Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Firenze, Via Micheli 1, Firenze 50121, gaia.regini@unifi.it

TUTOR UFFICIALE: GONNELLI CRISTINA

Parole chiave: tallio, antimonio, fitorimedio, fitoestrazione, tolleranza ai metalli, piante iperaccumulatrici

Keywords: thallium, antimony, phytoremediation, phytoextraction, metal tolerance, hyperaccumulator plants

Riassunto

Il tallio è l'elemento più tossico noto all'uomo e un contaminante ambientale emergente. Tuttavia, ha anche un grande valore economico, di conseguenza, nuovi metodi per l'estrazione da aree e rifiuti contaminati sono auspicabili, incluso il fitorimedio con piante iperaccumulatrici. L'iperaccumulo facoltativo è un fenomeno raro osservato in poche specie largamente diffuse, le cui popolazioni sono generalmente sensibili ai metalli, mentre alcune sono tolleranti e iperaccumulatrici, come *Silene latifolia* per il tallio: in questo studio abbiamo analizzato il tratto popolazione-specifico della tolleranza al tallio e il suo accumulo in due popolazioni metalliche e due non-metalliche. Dai risultati, le metalliche erano ipertolleranti e iperaccumulatrici per il tallio (fino a 7000 e 14,000 $\mu\text{g TI g}^{-1}$ d.w. nelle foglie al più alto livello di tallio in idroponica, 60 μM), con riduzioni minime della crescita. Invece, le non-metalliche hanno accumulato fino a 1000 e 2000 $\mu\text{g g}^{-1}$ d.w. e hanno avuto una riduzione della crescita del 50-70% alla dose maggiore di tallio. Inoltre, le popolazioni metalliche hanno preservato la loro attività fotosintetica e mostravano una maggior stabilità ionica quando trattate col tallio, e una correlazione positiva tra tallio e zolfo nelle foglie. Dopo questo studio, che ha evidenziato una straordinaria risposta ecotipica in *Silene latifolia* per la tolleranza/accumulo di tallio, è stato condotto un altro esperimento per investigarne più a fondo la fotosintesi. Dei risultati preliminari mostrano come una popolazione metallica avesse delle performance inalterate o addirittura aumentate quando esposta al tallio, in termini di parametri di scambi gassosi, fluorescenza della clorofilla e fotosintetici/biochimici.

Abstract

Thallium is the most toxic element known to mankind and an emerging environmental contaminant of concern. Thallium is both toxic and economically valuable, and therefore novel methods for extraction from contaminated land or wastes are desirable, including phytomining using hyperaccumulator plants. Facultative hyperaccumulation is a rare phenomenon observed in a small number of widespread species in which most populations are metal sensitive, but some populations are metal tolerant and hyperaccumulating. It is the case of *Silene latifolia* for thallium, and in this study, we examined population-specific thallium tolerance and accumulation trait in two metallic and two non-metallic populations. The results reveal that the metallic populations were thallium hyper-tolerant and hyperaccumulating (up to 7000 and 14,000 $\mu\text{g g}^{-1}$ d.w. in the shoots at the highest thallium dose level in hydroponics, 60 μM), with minimal growth reductions. In contrast, the non-metalliferous populations accumulated up to 1000 and 2000 $\mu\text{g g}^{-1}$ d.w. and had a growth reduction of 50–70% at the highest thallium dose level. Moreover, metallic populations preserved photosynthetic activity and had higher ionome stability under thallium treatment, in addition to a positive correlation between thallium and sulphur in their shoots. Following this study, revealing a striking ecotypic response in thallium tolerance/accumulation in *Silene latifolia*, another experiment, further investigating *Silene latifolia* photosynthesis was lead. Preliminary results show that one of the metallic populations had unaltered or even increased performances, regarding gas exchange parameters, leaf chlorophyll fluorescence and photosynthetic biochemical parameters, when exposed

FORMAZIONE DEL SISTEMA DI CONDUZIONE: UN PROCESSO FISILOGICO AUXINA-DIPENDENTE COINVOLTO NELL'ORGANOGENESI DELLE PIANTE

FORMATION OF THE CONDUCTION SYSTEM: AN AUXIN-DEPENDENT PHYSIOLOGICAL PROCESS INVOLVED IN PLANT ORGANOGENESIS

SALERNO GIULIA GIOVANNA

Dipartimento di Scienze Chimiche, della Vita e della Sostenibilità Ambientale, Università degli studi di Parma, Via delle Scienze 11/A, giuliagiovanna.salerno@unipr.it

TUTOR UFFICIALE: ALESSANDRO PETRAGLIA

Parole chiave: ABP1, *Arabidopsis thaliana*, Auxin, Urea Derivatives, Vascular System

Il sistema di conduzione nelle piante è essenziale per il trasporto a lunga distanza di acqua, nutrienti e molecole segnale. La sua formazione dipende dall'ormone auxina e molto probabilmente dal suo legame con il recettore Auxin Binding Protein 1 (ABP1).

In questo primo anno si è voluto valutare se e come derivati sintetici dell'urea, N,N'-bis-(2,3-methylenedioxyphenyl)urea (2,3-MDPU) e 1,3-di(benzo[*d*]oxazol-5-yl)urea (5-BDPU) i cui effetti sono stati precedentemente studiati e caratterizzati nel processo auxino-dipendente di formazione delle radici avventizie, possano influenzare la formazione del sistema di conduzione.

Sono state svolte analisi morfologiche sul pattern di formazione del sistema di conduzione utilizzando la pianta modello *Arabidopsis thaliana* Col. 0, coltivata *in vitro*. Sono stati analizzati gli effetti di diverse concentrazioni di due auxine naturali, acido indol-3-acetico (IAA) e acido indol-3-butirrico (IBA), ed una di sintesi, acido 1-naftilacetico (NAA); delle molecole di sintesi in studio (2,3-MDPU e 5-BDPU) e di un derivato ureidico commerciale, N-phenyl-N'-(1,2,3-thiadiazol-5-yl)urea (TDZ); delle miscele delle varie auxine e dei derivati ureidici. Inoltre, è stato anche valutato l'effetto di un trattamento sequenziale di NAA e 2,3-MDPU o 5-BDPU.

Sapendo che le nervature nei cotiledoni di *Arabidopsis* assumono una caratteristica disposizione a quattro lobi e che questo numero si riduce a seguito della somministrazione esogena di alte concentrazioni di auxina, abbiamo analizzato i cotiledoni di *Arabidopsis* mediante microscopia ottica.

Inoltre, sono stati svolti studi di docking molecolare analizzando il legame tra ABP1 ed IBA, ABP1 (vuoto) e le molecole di derivazione ureidica.

TWO CASE STUDIES OF LAND ABANDONMENT AND ITS IMPACT ON THE TAXONOMIC AND FUNCTIONAL DIVERSITY OF PLANT COMMUNITIES

EUGENIA SICCARDI

eugenia.siccardi@unifi.it

University of Florence, Department of Biology, Via G. La Pira, 50121, Florence, Italy

TUTOR: PROF. DANIELE VICIANI

Keywords: plant ecology, land-abandonment, chestnut woods, grassland, functional ecology, biodiversity

Abstract

Land abandonment is a complex phenomenon with contrasting environmental and social impacts. My research project examines two cases of land abandonment, one on semi-natural pasture and one on artificial chestnut woodland. Although the plant communities are very different, in both cases, changes in biodiversity are assessed from a taxonomic and functional point of view, and it has been investigated whether changes in diversity can be detected and interpreted by remote sensing. This integrated approach recognises that while taxonomic diversity remains the main measure of biodiversity, plant traits are linked to plant function and provide insight into the key processes driving vegetation change. In addition, exploratory techniques such as field surveys have limitations in spatial coverage that can be overcome by using remote sensing analysis techniques. Specifically, the first case study is included in a project titled CAROLINA (*ClimAte Resilience Over Landuse change In semi-Natural grAsslands*) which aims to explore the potential of extensive grassland management under different climatic conditions in terms of biodiversity conservation to investigate changes in ecosystem resilience to climate change with land use variation. The project foresees a double through a manipulation experiment and a chronosequence approach in different climatic zones of Italy. The second case study focused on the effects of anthropogenic drivers of change on the diversity of chestnut woods on Elba Island. Impacts are identified focusing on the progressive abandonment of chestnut groves planted in historical times, the widespread presence of phytopathologies, as well as the damage caused by local fauna in these environments.

