

ATTI DEL **BIODIVERSITÀ**  
CONVEGNO **2021**

**Agricoltura, Ambiente e Salute**  
XIII Convegno Nazionale sulla Biodiversità  
7, 8 e 9 settembre 2021, Foggia - Convegno online

UNIVERSITÀ DI FOGGIA  
DIPARTIMENTO DI SCIENZE  
AGRARIE, ALIMENTI, RISORSE  
NATURALI E INGEGNERIA





**Agricoltura, Ambiente e Salute**  
XIII Convegno Nazionale sulla Biodiversità  
7, 8 e 9 Settembre 2021, Foggia - Convegno online

**ATTI DEL CONVEGNO**  
a cura di Antonio Elia e Giulia Conversa



**UNIVERSITÀ DI FOGGIA**  
DIPARTIMENTO DI SCIENZE  
AGRARIE, ALIMENTI, RISORSE  
NATURALI E INGEGNERIA

# Riassunti dei lavori presentati al XIII Convegno Nazionale sulla Biodiversità Agricoltura, Ambiente e Salute 7, 8 e 9 settembre 2021, Foggia - Convegno online



**UNIVERSITÀ DI FOGGIA**  
 DIPARTIMENTO DI SCIENZE  
 AGRARIE, ALIMENTI, RISORSE  
 NATURALI E INGEGNERIA

Conveners

Antonio Elia

Giulia Conversa

in collaborazione con:

Media partner



**UNIVERSITÀ  
 DEGLI STUDI DI BARI  
 ALDO MORO**  
 DIPARTIMENTO DI SCIENZE AGRONOMICHE,  
 AMBIENTALI E TERRITORIALI - DISAAT



**REGIONE PUGLIA**  
 ASSESSORATO AGRICOLTURA

Consiglio Nazionale delle Ricerche



**ISPRA**  
 ISTITUTO DI SCIENZE DELLE  
 PRODUZIONI ALIMENTARI



**MDPI**  
 sustainability

Platinum sponsor



REGIONE PUGLIA



**crea**  
 Consiglio per la ricerca in agricoltura  
 e l'analisi dell'economia agraria



**FONDAZIONE DEI MONTUNUTI  
 di FOGGIA**

Gold sponsor

NATURALMENTE BIOLOGICO



**BIOORTO**



**SPIRITO CONTADINO**  
 VALORE ALLA TERRA



Consorzio  
 di Valorizzazione  
 e Tutela della  
**CIPOLLA BIANCA  
 DI MARGHERITA IGP**

Con il patrocinio di

Istituzioni/Enti



**mipAAF**  
 ministero delle politiche  
 agricole alimentari e forestali



Consiglio Nazionale  
 delle Ricerche



REGIONE PUGLIA



**crea**  
 Consiglio per la ricerca in agricoltura  
 e l'analisi dell'economia agraria



**UNIVERSITÀ  
 DEL SALENTO**



**UNIVERSITÀ  
 DEGLI STUDI DI BARI  
 ALDO MORO**



Università degli Studi  
**Basilicata**

Società e Associazioni Scientifiche / Accademie



Accademia Italiana  
 di Scienze Forestali



Accademia Nazionale  
 dell'Olio e dell'Olio



Accademia Italiana  
 della Vite e del Vino



Associazione Italiana di  
 Ingegneria Agraria



Associazione Italiana  
 Società Scientifiche  
 Agrarie



Associazione per la  
 Scienza e le Produzioni  
 Animali



Società Italiana di  
 Genetica Agraria



Società Italiana di  
 Agronomia



Società Botanica  
 Italiana onlus



SOCIETÀ ITALIANA DI  
 BIOLOGIA VEGETALE  
 Società Italiana di  
 Biologia Vegetale



Società Italiana di  
 Scienze del Suolo



Società di  
 Ortoflorofruitticoltura  
 Italiana



Società Italiana di  
 Microbiologia  
 Agro-Alimentare e  
 Ambientale



Società Italiana di  
 Farmacognosia

## Comitato organizzatore

Elia Antonio  
Renna Massimiliano

Conversa Giulia  
Alba Elio

Santamaria Pietro  
Cilardi Annamaria

## Comitato scientifico

### Coordinamento

Conversa Giulia

Elia Antonio

Renna Massimiliano

Santamaria Pietro

### Componenti

Alba Elio  
Bazzocchi Giovanni  
Blanco Antonio  
Branca Ferdinando  
Ciccarese Lorenzo  
De Feo Vincenzo  
Del Lungo Stefano  
Germinara Giacinto S.  
Lotti Concetta  
Nardone Gianluca  
Perniola Michele  
Romano Daniela  
Sanesi Giovanni  
Squartini Andrea

Albenzio Marzia  
Benedetti Anna  
Bocchi Stefano  
Candido Vincenzo  
Cornara Laura  
De Lucia Caterina  
Ferrara Giuseppe  
Bacchetta Gianluigi  
Migliorini Paola  
Orsini Francesco  
Pisante Michele  
Romano Patrizia  
Savino Vito  
Trotta Luigi  
Verrastro Vincenzo

Bàrberi Paolo  
Bevilacqua Antonio  
Boggia Antonio  
Cardi Teodoro  
De Bellis Luigi  
de Palma Laura  
Follesa Maria C.  
Giannino Donato  
Monteleone Massimo  
Pecchioni Nicola  
Prosdocimi Giaquinto Giorgio  
Russo Alessandra  
Sonnante Gabriella  
Velasco Riccardo

## Segreteria organizzativa



UNIVERSITÀ DI FOGGIA  
DIPARTIMENTO DI SCIENZE  
AGRARIE, ALIMENTI, RISORSE  
NATURALI E INGEGNERIA



# Sommario

<b>RELAZIONI AD INVITO</b>	<b>13</b>
BIODIVERSITÀ ZOOTECNICA: DAL VALORE AL REDDITO	14
IL MONDO DEI MICRORGANISMI: IL LATO INVISIBILE DELLA BIODIVERSITÀ	15
INCREASE: APPROCCIO PARTECIPATIVO PER LA CONSERVAZIONE DELL'AGROBIODIVERSITÀ DELLE LEGUMINOSE ALIMENTARI	16
LA BIODIVERSITÀ TRA CRISI CLIMATICA E DISTURBI, ABBANDONO E CONSUMO DI SUOLO	17
VERSO UN NUOVO ACCORDO GLOBALE PER ARRESTARE E INVERTIRE IL DECLINO DELLA NATURA. IL RUOLO E IL CONTRIBUTO DELLA SCIENZA	18
<b>BIODIVERSITÀ VEGETALE - ERBACEE</b>	<b>21</b>
<b>SESSIONE 2 - PRESENTAZIONI ORALI</b>	
DIVERSITÀ MORFO-GENETICA DI RISORSE GENETICHE VEGETALI DI <i>Vicia faba</i> L. var. <i>major</i> , <i>minor</i> ed <i>equina</i>	22
CARATTERIZZAZIONE MORFOLOGICA, BIOCHIMICA E GENETICA DI VARIETÀ LOCALI DI <i>Phaseolus vulgaris</i> COLTIVATE NEL LAZIO	23
STRATEGIE PER IL MIGLIORAMENTO DELLA TOLLERANZA DI COLZA ( <i>Brassica napus</i> ) ALLO STRESS SALINO TRAMITE INOCULO SU SEME DI PGPB	24
LA CARATTERIZZAZIONE MORFO-FISIOLOGICA DELLE RISORSE GENETICHE DELLE BANCHE DEL GERMOPLASMA DELLA REGIONE CAMPANIA	25
ANALISI GENOTIPICA DI UN'AMPIA COLLEZIONE DI LINEE <i>inbred</i> DI MAIS ITALIANE: UNA RISORSA PER LA MAPPATURA E IL BREEDING	26
AGROBIODIVERSITÀ CAMPANA: UN PROGETTO PER LA MOLTIPLICAZIONE, CONSERVAZIONE E CARATTERIZZAZIONE DI RISORSE GENETICHE VEGETALI ERBACEE AUTOCTONE A RISCHIO DI ESTINZIONE	27
IL PROGETTO ABC: UN'OPPORTUNITÀ PER METTERE A SISTEMA LE RGV CAMPANE CON GLI AGRICOLTORI, LE AMMINISTRAZIONI PUBBLICHE E IL MONDO DELLA RICERCA, PER LA SALVAGUARDIA DELL'AGROBIODIVERSITÀ E LO SVILUPPO DI NUOVI MODELLI ECONOMICI E SOCIALI	28
SPECIE SELVATICHE AFFINI PRIORITARIE IN ITALIA: DISTRIBUZIONE, ECOLOGIA, CONSERVAZIONE <i>in situ</i> ED <i>ex situ</i> ED AZIONI PREVISTE	29
<b>SESSIONE 29 - PRESENTAZIONI POSTER</b>	
PRO.CA.NA.P.A. REPERIMENTO, CARATTERIZZAZIONE, CONSERVAZIONE E MOLTIPLICAZIONE DI GERMOPLASMA DI <i>Cannabis sativa</i> L.	30
RECUPERO, CARATTERIZZAZIONE E VALORIZZAZIONE DI VARIETÀ LOCALI DI MAIS DELLA REGIONE EMILIA-ROMAGNA CONSERVATE <i>in situ</i>	31
RECUPERO E CARATTERIZZAZIONE DEL GERMOPLASMA MAIDICOLO TRADIZIONALE EMILIANO-ROMAGNOLO A 65 ANNI DAL CAMPIONAMENTO	32
PROPAGAZIONE <i>in vivo</i> DI IPERICO: EFFETTO DEL GENOTIPO E DEL FITOREGOLATORE SULLA RADICAZIONE DELLE TALEE	33
CARATTERIZZAZIONE CHIMICO-FISICA, BIOCHIMICA E NUTRIZIONALE DI ALCUNE VARIETÀ DI LEGUMINOSE CAMPANE	34
VALUTAZIONE D'INIBIZIONE <i>in vitro</i> E <i>seed coating</i> CON ESTRATTI NATURALI E DI <i>Trichoderma spp.</i> NEI CONFRONTI DI <i>Fusarium oxysporum</i> IN FAGIOLO DI SARCONI IGP	35
CARATTERIZZAZIONE AGRONOMICA DI VARIETÀ GENETICHE LOCALI DI FAGIOLO DEL VALLO DI DIANO (SA). PRIMI RISULTATI	36
VALUTAZIONE DELLA RESA IN SEME E IN OLIO DI NUOVE COSTITUZIONI DI <i>Nicotiana tabacum</i> L.	37
FENOTIPIZZAZIONE DI RISORSE GENETICHE DI FAGIOLO ( <i>Phaseolus vulgaris</i> L.) NELL'AREALE DEL "FAGIOLO DI SARCONI IGP"	38
OTTENIMENTO DI SEMI SANI E MOLTIPLICAZIONE DI ECOTIPI LUCANI DI FAGIOLO: ROSSO SCRITTO DEL PANTANO, MARUCHEDDA E MUNACHEDDA	39
INDAGINE SULL'ANDAMENTO DELLA MATURAZIONE DELLE CAPSULE DI <i>Nicotiana tabacum</i> L.	40
VALUTAZIONE AGRONOMICA DI LINEE DI TABACCO SELEZIONATE PER ELEVATA RESA IN SEME IN DUE AMBIENTI DELLA REGIONE CAMPANIA	41
CONTENUTO IN OLIO E SUA COMPOSIZIONE IN ACIDI GRASSI DI SEME DI LINEE DI TABACCO SELEZIONATE PER ELEVATA RESA IN SEME	42
<b>BIODIVERSITÀ VEGETALE - CEREALI</b>	<b>43</b>
<b>SESSIONE 6 - PRESENTAZIONI ORALI</b>	
DIVERSITÀ GENOMICA DI VARIETÀ LOCALI DI FRUMENTO DURO E TENERO	44
I GENI DELLE POLIFENOLO OSSIDASI NELLA STORIA EVOLUTIVA DEI FRUMENTI TETRAPLOIDI	45
STUDIO DELLA VARIABILITÀ GENETICA DELLA COMPOSIZIONE DELLA PAGLIA DI FRUMENTO MEDIANTE ANALISI DI ASSOCIAZIONE MULTI-LOCUS	46
CARATTERIZZAZIONE E VALORIZZAZIONE DEL GERMOPLASMA CEREALICOLO CAMPANO ATTRAVERSO INNOVATIVE TECNICHE DI DIAGNOSTICA PER IMMAGINI	47
ESAME DELLA DIVERSITÀ FENOTIPICA DI ANTICHE POPOLAZIONI DI SARAGOLLA ABRUZZESE ATTRAVERSO L'ANALISI D'IMMAGINE DEI SEMI	48
VECCHIE VARIETÀ DI FRUMENTO IN VAL SUSA (PIEMONTE)	49
<b>SESSIONE 9 - PRESENTAZIONI POSTER</b>	
ANTICHE SPECIE E VARIETÀ DI FRUMENTO PER UNA CEREALICOLTURA LUCANA SOSTENIBILE	50
ANALISI DELLA DIVERSITÀ GENETICA INTER- E INTRA-POPOLAZIONE DI GRANI ANTICHI SICILIANI	51
ANALISI QTL PER CARATTERI AGRONOMICI IN DUE POPOLAZIONI DI FRUMENTO TENERO DERIVATE DALLO STESSO INCROCIO	52
CARATTERIZZAZIONE GENETICA DI GRANI ANTICHI CAMPANI MEDIANTE L'IMPIEGO DI MARCATORI SSR	53

IL CONFRONTO VARIETALE DEI FRUMENTI AUTOCTONI VENETI DEL PROGETTO BIONET	54
DIVERSITÀ GENETICA IN LANDRACES E CULTIVAR ANTICHE E MODERNE DI FRUMENTO DURO ( <i>TRITICUM DURUM</i> DESF.)	55
ANALISI AGRONOMICA, GENETICA E QUALITATIVA PER LA PRODUZIONE DI MALTI DI POPOLAZIONI E LINEE DI <i>HORDEUM VULGARE</i> L. ADATTE ALLA COLTIVAZIONE IN UMBRIA	56
STUDIO DELL'EFFICIENZA D'USO DEL FOSFORO IN FRUMENTO DURO: ANALISI DELLA VARIABILITÀ GENETICA	57
VALORIZZAZIONE DELLA VARIABILITÀ GENETICA DEI FRUMENTI: IL PROGETTO "IPERDURUM"	58
VALUTAZIONE AGRONOMICA E QUALITATIVA DI NUOVE COSTITUZIONI DI FARRO SPELTA	59

## BIODIVERSITÀ VEGETALE - ORTICOLE

61

### SESSIONE 12 - PRESENTAZIONI ORALI

ECOTIPI DI ZAFFERANO DEI PAESI DEL BACINO DEL MEDITERRANEO: TRATTI FISILOGICI, MORFO-PRODUTTIVI, QUALITATIVI E GENETICI	62
UTILIZZO DEI BATTERI PGP COME AGENTI STIMOLANTI IN COLTIVAZIONI DI ZAFFERANO	63
CARATTERIZZAZIONE AGRONOMICA E QUALITATIVA DI DUE ECOTIPI DI FAVA ORIGINARI DELL'AREALE VESUVIANO, IN ITALIA MERIDIONALE	64
CARATTERIZZAZIONE E VALORIZZAZIONE DEL CAROSELLO ( <i>CUCUMIS MELO</i> L.)	65
DESTAGIONALIZZAZIONE E CARATTERIZZAZIONE DI VARIETÀ LOCALI DI CAROSELLO E BARATTIERE	66
EFFECT OF SALINE-NUTRIENT SOLUTION ON YIELD AND QUALITY AT HARVEST AND DURING STORAGE OF FRESH-CUT SEA FENNEL ( <i>CRITHMUM MARITIMUM</i> L.)	67
COSTITUZIONE DI NUOVE VARIETÀ DI CAVOLO BROCCOLO, FAGIOLO MANGIATUTTO E POMODORO PER LA TRANSIZIONE AGROECOLOGICA DELL'AZIENDA ORTICOLA: IL CASO DEL PROGETTO EU H2020 BRESOV	68
VALORIZZAZIONE E TRACCIABILITÀ DELLA BIODIVERSITÀ DI "PUNTARELLE" ( <i>CICHORIUM INTYBUS</i> , GRUPPO CATALOGNA) MEDIANTE APPROCCI OMICI INTEGRATI	69

### SESSIONE 33 - PRESENTAZIONI POSTER

VALUTAZIONE MORFO-QUALITATIVA DI LINEE <i>INBRED</i> DI CARCIOFO DERIVATE DA POPOLAZIONI ITALIANE PER LA COSTITUZIONE DI IBRIDI F <sub>1</sub>	70
VALORIZZAZIONE DI GERMOPLASMA COLTIVATO E SPONTANEO DI <i>BRASSICA OLERACEA</i> PER LA COSTITUZIONE DI CULTIVAR DI BROCCOLO E DI CAVOLFIORE DESTINATI ALLA COLTIVAZIONE CON IL METODO BIOLOGICO	71
BIODIVERSITÀ DEL CARCIOFO: CARATTERIZZAZIONE METABOLOMICA DI VARIETÀ LOCALI TRAMITE SPETTROSCOPIA NMR	72
CARATTERIZZAZIONE GENETICA DEL "CARCIOFO ORTANO", UNA VARIETÀ LOCALE AD ALTO RISCHIO DI EROSIONE GENETICA COLTIVATA NELLA VALLE DEL TEVERE	73
STUDIO FENOLOGICO DELLE RISORSE GENETICHE VEGETALI AUTOCTONE CAMPANE	74
LA BIODIVERSITÀ CAMPANA: UNA RISORSA PREZIOSA PER LE PRODUZIONI LOCALI DI NICCHIA E PER LO SVILUPPO DI NUOVE VARIETÀ	75
VALUTAZIONE DI GENOTIPI DI LATTUGA E RUCOLA COLTIVATE IN <i>VERTICAL FARM</i>	76
CARATTERIZZAZIONE MORFO-AGRONOMICA E QUALITATIVA DI POPOLAZIONI DI LINEE INTROGRESSE DI FAGIOLINO ( <i>PHASEOLUS VULGARIS</i> L.)	77
SELEZIONE GENETICA DI VARIETÀ DI FAGIOLINO ( <i>PHASEOLUS VULGARIS</i> L.) PER LA PRODUZIONE SOSTENIBILE IN AGRICOLTURA	78
APPROCCIO MULTIVARIATO PER LO STUDIO DELLA VARIABILITÀ AGRONOMICA E QUALITATIVA DI UNA COLLEZIONE DI POMODORO CORBARINO	79
GRESPINO, CACCIALEPRE E SENAPE COME NUOVI POTENZIALI ORTAGGI PER LA IV GAMMA	80
LE BANCHE DEGLI AGRICOLTORI CUSTODI: UNA VALIDA RISPOSTA PER CONSERVARE ANTICHE VARIETÀ VEGETALI DI INTERESSE AGRARIO AL PASSO CON I CAMBIAMENTI CLIMATICI	81
CARATTERIZZAZIONE MORFOLOGICA, NUTRIZIONALE E FITOCHIMICA DI VARIETÀ AUTOCTONE DI AGLIO COLTIVATE IN PROVINCIA DI FOGGIA	82
CARATTERIZZAZIONE MORFO-BIOMETRICA, NUTRIZIONALE E FITOCHIMICA DI VARIETÀ AUTOCTONE DI CAROTA COLTIVATE NEGLI ARENILI DELL'AREA DELLE 'SALINE DI MARGHERITA DI SAVOIA' (PUGLIA)	83
DIFFUSIONE E CARATTERIZZAZIONE NUTRIZIONALE DI DUE VARIETÀ AUTOCTONE DI RAPA IN PROVINCIA DI FOGGIA	84
ANALISI DELLA VARIABILITÀ BIOCHIMICA E GENETICA IN CULTIVAR DI <i>LAVANDULA</i> UTILIZZATE PER LA PRODUZIONE DI OLII ESSENZIALI	85

## BIODIVERSITÀ VEGETALE - SPECIE ARBOREE

87

### SESSIONE 11 - PRESENTAZIONI ORALI

CARATTERIZZAZIONE MORFOMETRICA E POMOLOGICA DI ACCESSIONI DI FICO ( <i>FICUS CARICA</i> L.) DELLA REGIONE BASILICATA	88
ASPETTI PRODUTTIVI DEL PECAN ( <i>CARYA ILLINOENSIS</i> L.) COLTIVATO IN PUGLIA	89
ANALISI DELLA VARIABILITÀ GENETICA IN UNA COLLEZIONE DI <i>FICUS CARICA</i> L. MEDIANTE SSR MARKERS	90
CENTRO REGIONALE PER LA CONSERVAZIONE <i>EX SITU</i> DI FRUTTIFERI, VITE, OLIVO E AGRUMI AUTOCTONI PUGLIESI	91
<i>AZOSPIRILLUM BRASILENSE</i> Sp245 MIGLIORA IL RADICAMENTO IN UN'ANTICA VARIETÀ DI OLIVE DA TAVOLA ( <i>OLEA EUROPEA</i> L., CV SANTA CATERINA)	92
DIVERSITÀ FENOTIPICA E METABOLICA IN CULTIVAR DI MIRTO ( <i>MYRTUS COMMUNIS</i> L.) A FRUTTO BIANCO E PIGMENTATO	93
VARIABILITÀ DI PATOGENI TRACHEFILI DELL'OLIVO IN PUGLIA	94
CARATTERIZZAZIONE CHIMICA DELLA COMPONENTE VOLATILE DI BUCCE E SUCCHI DI <i>CITRUS SPP.</i> TRAMITE SPME-GC/MS	95

### SESSIONE 32 - PRESENTAZIONI POSTER

CARATTERI QUALITATIVI DEI FRUTTI DI NUOVE SELEZIONI DI MIRTO	96
RESISTENZA ALLA BOLLA ( <i>TAPHRINA DEFORMANS</i> ) DI VECCHIE VARIETÀ DI PESCO PER LO SVILUPPO DI UNA LINEA COMMERCIALE LEGATA ALLA BIODIVERSITÀ E AI PRODOTTI DEL TERRITORIO	97
PRIMA CARATTERIZZAZIONE DI OLIVASTRI SPONTANEI SELEZIONATI IN SARDEGNA	98

CARATTERIZZAZIONE MORFOLOGICA, GENETICA E METABOLICA DELLA POMELLA GENOVESE ( <i>MALUS X DOMESTICA</i> BORKH.) ANTICA VARIETÀ DI MELA DELL'OLTREPÒ PAVESE	99
BIODIVERSITÀ DELLE DRUPACEAE NELLA REGIONE BASILICATA: IL PROGETTO BIODRUBA	100
DIVERSITÀ MOLECOLARE IN GERMOPLASMA DI CILIEGIO	101
SVILUPPO DI NUOVI MARCATORI MICROSATELLITI PER LA CARATTERIZZAZIONE DI ACCESSIONI DI MELOGRANO ( <i>PUNICA GRANATUM</i> L.) E COSTRUZIONE DI UNA BANCA DATI	102
RISPOSTA ALLO STRESS SALINO DELLA CULTIVAR ITALIANA DI NOCE SORRENTO PER UNA SUA VALORIZZAZIONE IN TERRENI SALINI	103
CARATTERIZZAZIONE E VALORIZZAZIONE DI ECOTIPI ITALIANI DI MELOGRANO ( <i>PUNICA GRANATUM</i> L.) ATTRAVERSO LA MORFOLOGIA DEL TEGMEN E IL PROFILO LIPIDICO DEL TESSUTO DI RISERVA DEL SEME	104
IL PROGETTO BIONET E LA CARATTERIZZAZIONE CHIMICA DELLE VECCHIE VARIETÀ DI MELO	105
USO DI FTIR-PAS COME TECNICA NON DISTRUTTIVA PER IL RICONOSCIMENTO DI CULTIVAR DI <i>OLEA EUROPAEA</i> L.	106
FRUTTIFERI MINORI DI PUGLIA	107
RECUPERO, CONSERVAZIONE, CARATTERIZZAZIONE VARIETALE E VALUTAZIONE SANITARIA DEL GERMOPLASMA DI POMACEE IN PUGLIA	108
RECUPERO, CONSERVAZIONE, CARATTERIZZAZIONE VARIETALE E VALUTAZIONE SANITARIA DEL GERMOPLASMA DI FICO IN PUGLIA	109
RECUPERO, CONSERVAZIONE, CARATTERIZZAZIONE VARIETALE E VALUTAZIONE SANITARIA DEL GERMOPLASMA DI MANDORLO IN PUGLIA	110
RECUPERO, CONSERVAZIONE, CARATTERIZZAZIONE VARIETALE E VALUTAZIONE SANITARIA DEL GERMOPLASMA AGRUMICOLO IN PUGLIA	111
RECUPERO, CONSERVAZIONE, CARATTERIZZAZIONE VARIETALE E VALUTAZIONE SANITARIA DEL GERMOPLASMA DI DRUPACEE IN PUGLIA	112
APPLICAZIONE DELLA CRIOPRESERVAZIONE MEDIANTE IL METODO DELLA VETRIFICAZIONE A GOCCIA ALLA CULTIVAR ITALIANA 'TONDA GENTILE ROMANA' ( <i>CORYLUS AVELLANA</i> L.)	113
POSTHARVEST CHARACTERIZATION AND METABOLIC BEHAVIOR OF ARONIA BERRY ( <i>ARONIA MELANOCARPA</i> ) DURING RIPENING	114
EFFECT OF MODIFIED ATMOSPHERE PACKAGING ON THE SENSORIAL AND NUTRITIONAL QUALITY OF GOJI BERRY ( <i>LYCIUM BARBARUM</i> L.)	115

## BIODIVERSITÀ VEGETALE - VITE

117

### SESSIONE 17 - PRESENTAZIONI ORALI

RECUPERO E CARATTERIZZAZIONE DELLA BIODIVERSITÀ VITICOLA DEL VENETO: IL CASO DEI VITIGNI "BENEDINA" E "MATTARELLA"	118
BIODIVERSITÀ ECOFISIOLOGICA ED EFFICIENZA D'USO DELL'ACQUA DI ANTICHE ACCESSIONI VITICOLE COLTIVATE IN CAPITANATA	119
IL GERMOPLASMA VITICOLO DELL'ENOTRIA NEL MEZZOGIORNO D'ITALIA	120
UTILIZZO DEI BATTERI PGP COME STIMOLANTI E AGENTI DI BIOCONTROLLO IN <i>VITIS VINIFERA</i> PER UNA GESTIONE SOSTENIBILE DEL VIGNETO BIOLOGICO	121
SPECIE DI BOTRYOSPHAERIAEAE ASSOCIATE ALLE MALATTIE DEL LEGNO DELLA VITE IN PUGLIA	122
IMPATTO DELLE CONDIZIONI AMBIENTALI E DELLA GESTIONE DEL SUOLO SUGLI ARTROPODI EDIFICI DELL'ECOSISTEMA VIGNETO	123
LE VARIETÀ AUTOCTONE ITALIANE NEL CAPESTRO DELLA NORMATIVA FITOSANITARIA. IL CASO DELLA VITE	124

### SESSIONE 31 - PRESENTAZIONI POSTER

CONSERVAZIONE, CARATTERIZZAZIONE E VALORIZZAZIONE DELLE RISORSE GENETICHE VITIVINICOLE DEL LAZIO PRESSO IL CENTRO DI RICERCA VITICOLTURA E ENOLOGIA (CREA - VE) DI VELLETRI (ROMA)	125
ANALISI DELLA BIODIVERSITÀ SOTTOCORTICALE IN VIGNETI A DIVERSA GESTIONE	126
RISCOPERTA E VALORIZZAZIONE DEI VITIGNI DEL PARCO NAZIONALE DEL CILENTO, VALLO DI DIANO E ALBURNI (RI.VI.PARCO)	127
MONITORAGGIO SANITARIO DEI VITIGNI MINORI DEL PARCO NAZIONALE DEL CILENTO, VALLO DI DIANO E ALBURNI	128
CARATTERIZZAZIONE AMPELOMETRICA DI GERMOPLASMA VITICOLO DEL VENETO	129
IDENTIFICAZIONE E SALVAGUARDIA DEI VITIGNI MINORI DEL LAZIO: RASPATO NERO N. E REALE BIANCA B.	130
CARATTERIZZAZIONE E VALORIZZAZIONE DEI VITIGNI AUTOCTONI DEL LAZIO: CIMICIARA B. E UVA GRECA PUNTINATA B.	131
LIEVITI BIOATTIVI COME ALTERNATIVA AI FUNGICIDI SINTETICI PER IL CONTROLLO DI <i>BOTRYTIS</i> NELLE UVE	132

## BIODIVERSITÀ ZOOTECNICA 1

133

### SESSIONE 3 - PRESENTAZIONI ORALI

REGIONI DI OMOZIGOSI E DIVERSITÀ GENETICA DEI BOVINI ITALIANI	134
VALIDAZIONE DI SEGNALI DI SELEZIONE PER IL COLORE DEL MANTELLO NELLA RAZZA PODOLICA ITALIANA	135
IL PROGETTO MIQUALAT E LO STUDIO SULLE QUALITÀ FUNZIONALI DEL LATTE ANALIZZATE IN ALCUNE RAZZE BOVINE AI FINI DEL MIGLIORAMENTO GENETICO ANIMALE E DELLA SALUTE UMANA	136
ANALISI DEL PEDIGREE NELLA BUFALA MEDITERRANEA ITALIANA ( <i>BUBALUS BUBALIS</i> )	137
NUOVE STRATEGIE DI SELEZIONE PER IL BUFALO MEDITERRANEO ITALIANO ( <i>BUBALUS BUBALIS</i> )	138
SETTE SFUMATURE DI GRIGIO: RICERCA DI SEGNALI DI SELEZIONE PER CARATTERI DI PIGMENTAZIONE IN RAZZE ZEBUINE	139

### SESSIONE 5 - PRESENTAZIONI POSTER

POLIMORFISMO <i>STAT5A</i> V686A IN BOVINE DI RAZZA MODICANA: EFFETTI SULLA PRODUZIONE DEL LATTE IN SISTEMA ESTENSIVO E SEMI-INTENSIVO	140
VALORIZZAZIONE E TUTELA DELLA BIODIVERSITÀ ZOOTECNICA SICILIANA: RICERCHE SU GENI CHE INFLUENZANO LA QUALITÀ DEL LATTE DELLA RAZZA BOVINA CINISARA	141

## SESSIONE 7 - PRESENTAZIONI ORALI

LIFE XERO-GRAZING: IL PASCOLAMENTO OVINO PER LA CONSERVAZIONE DELLA BIODIVERSITÀ IN PRATERIE ARIDE DELLE ALPI PIEMONTESI	144
GENI E STORIA: IL CASO DELLA "MURCIUNARA" E RELAZIONI GENETICHE TRA POPOLAZIONI CAPRINE DELL'ITALIA MERIDIONALE	145
SEGNALI DI SELEZIONE PER IL FENOTIPO FACCIUTO IN ALCUNE RAZZE CAPRINE ITALIANE	146
INDAGINE CONOSCITIVA DELLA DIVERSITÀ DELLA RAZZA ASININA MARTINA FRANCA NELL'AMBITO DEL TERRITORIO REGIONALE PUGLIESE	147
ANALISI PRELIMINARE DEI FATTORI DI CONDIZIONE DELLA RESA MEDIA GIORNALIERA DI LATTE NEI CAMELLI ALGERI	148
ALPHA DIVERSITY IN ANIMAL PRODUCTION, AN ALTERNATIVE MODEL FOR SMALL SCALE FARMING	149
EFFETTO DI DIETE ANTIOSSIDANTI SULLA BIODIVERSITÀ DEL MICROBIOTA FECALE E DI LETTIERA DI POLLI DA ALLEVAMENTO	150

## SESSIONE 10 - PRESENTAZIONI POSTER

TUTELA DELLE RAZZE CUNICOLE ITALIANE MEDIANTE L'IMPLEMENTAZIONE DELLA PRIMA CRIOBANCA DEL SEME A LIVELLO NAZIONALE	151
CONFRONTO DELLE PERFORMANCE RIPRODUTTIVE DI RAZZE DI <i>GALLUS GALLUS</i> DEL PROGETTO BIONET	152
CONSERVAZIONE DELLE RAZZE OVINE VENETE: <i>PERFORMANCE</i> RIPRODUTTIVE ED IMMUNITÀ PASSIVA NEI GIOVANI RIPRODUTTORI DEL PROGETTO BIONET	153
EFFICIENZA DI UN SET RIDOTTO DI MARCATORI SNPs COME STRUMENTO PER IL CONTROLLO GENEALOGICO E PER L'IDENTIFICAZIONE INDIVIDUALE NELLA SPECIE <i>CAMELUS DROMEDARIUS</i>	154
IL CAVALLO DI RAZZA MURGESE: AGGIORNAMENTO DEMOGRAFICO E DELLA STRUTTURA DI POPOLAZIONE	155

## BIODIVERSITÀ IN AMBIENTE ACQUATICO

## SESSIONE 20 - PRESENTAZIONI ORALI

TRATTI ECOSISTEMICI INVESTIGATI CON UN MODELLO DI RETE TROFICA NEL GOLFO DI TARANTO (MAR IONIO SETTENTRIONALE, MEDITERRANEO CENTRALE)	158
PESCA SOSTENIBILE E PROTEZIONE DI ECOSISTEMI MARINI VULNERABILI: UN MODO OPERATIVO PER LA CONSERVAZIONE DELLA BIODIVERSITÀ MARINA	159
EVOLUZIONE DELLA COGESTIONE DELLA PICCOLA PESCA PROFESSIONALE NELL'AREA MARINA PROTETTA PORTO CESAREO (LE)	160
VALUTAZIONE COMPARATIVA DELLA SOVRAPPOSIZIONE DELLA NICCHIA TROFICA TRA I CETACEI E LA PESCA NEL MAR MEDITERRANEO	161
LA CRIOCONSERVAZIONE DEL SEME COME STRATEGIA PER LA SALVAGUARDIA DELLA BIODIVERSITÀ: LA PRIMA CRIOBANCA IN EUROPA PER LA CONSERVAZIONE DELLA TROTA MEDITERRANEA NATIVA DEI FIUMI MOLISANI (LIFE NAT.SAL.MO PROJECT – REGIONE MOLISE)	162
UN OCEANO NEL NOSTRO PIATTO: APPROCCIO <i>METABARCODING</i> PER LA TRACCIABILITÀ IN PRODOTTI ITTICI MULTISPECIE	163
NUOVI METODI PER L'ANALISI GENOMICA E IL MONITORAGGIO DELLA BIODIVERSITÀ NEGLI ECOSISTEMI ACQUATICI	164

## SESSIONE 23 - PRESENTAZIONI POSTER

LE POPOLAZIONI ITTICHE DELL'UMBRIA: DUE RISORSE AUTOCTONE PER LA VALORIZZAZIONE DELLE ECONOMIE LOCALI. IL CASO DELLA TROTA FARIO DELL'APPENNINO UMBRO-MARCHIGIANO ( <i>SALMO CETTI</i> RAFINESQUE) E DEL LUCCIO DEL TRASIMENO ( <i>ESOX FLAVIAE</i> )	165
CARATTERIZZAZIONE FENOTIPICA E DELLO STATO SANITARIO DI UNA POPOLAZIONE SELVATICA DI TILAPIA ( <i>OREOCHROMIS NILOTICUS</i> ) IN MAURITANIA	166

## BIODIVERSITÀ MICROBICA ALIMENTARE

## SESSIONE 4 - PRESENTAZIONI ORALI

COLLEZIONE CNR-ITEM: RISORSE MICROBICHE DI INTERESSE AGRO-ALIMENTARE A SUPPORTO DELLA BIOECONOMIA	168
IL PROGETTO MICROBIODIVERSAR: INDAGINE SULLA BIODIVERSITÀ MICROBICA NELLE COLLEZIONI <i>EX SITU</i> DELLA SARDEGNA	169
STARTER MICROBICI DEL BIOTA NATURALE DEL FIOR DI LATTE	170
COLTURE NATURALI AUTOCTONE: UN'OPPORTUNITÀ PER PRESERVARE LA BIODIVERSITÀ E LA QUALITÀ DEL PECORINO ROMANO DOP	171
CARATTERIZZAZIONE DELLA BIODIVERSITÀ MICROBICA ASSOCIATA A SALAMI EUROPEI FERMENTATI SPONTANEAMENTE	172
BIODIVERSITÀ MICROBICA E STARTER FUNZIONALI: SELEZIONE DI UNA COLTURA STARTER PROBIOTICA DAL BIOTA NATURALE DI SALAMI ITALIANI	173
BIODIVERSITÀ E POTENZIALITÀ BIOTECNOLOGICHE DI BATTERI ISOLATI DA OLI EXTRAVERGINE DI OLIVA	174

## SESSIONE 14A - PRESENTAZIONI POSTER

VALORIZZAZIONE DI ACQUE DI VEGETAZIONE OLEARIE ATTRAVERSO FERMENTAZIONI GUIDATE	175
SELEZIONE DI CEPPI B-GLUCOSIDASI POSITIVI DA IMPIEGARE NELLA FERMENTAZIONE NATURALE DI OLIVE DA TAVOLA SICILIANE	176
STUDIO E CARATTERIZZAZIONE DEL MICROBIOTA DI IMPASTI ACIDI DI GRANI ANTICHI SICILIANI	177
SELEZIONE ED UTILIZZO DI BATTERI LATTICI AUTOCTONI NON STARTER PER LA PRODUZIONE DELLA PROVOLA DEI NEBRODI	178
BIODIVERSITÀ MICROBICA E CARATTERISTICHE ORGANOLETTEICHE DEI FORMAGGI DI MALGA TARENTINI, RUOLO DELLE POPOLAZIONI BATTERICHE E DEL TEMPO DI STAGIONATURA	179



## SESSIONE 8 - PRESENTAZIONI ORALI

INTERAZIONI MICROBICHE TRA DIVERSI CEPPI DI <i>STARMERELLA BACILLARIS</i> E <i>SACCHAROMYCES CEREVISIAE</i> IN FERMENTAZIONI MISTE	182
IMPIEGO DI CEPPI DI <i>CANDIDA ZEMPLININA</i> ADESI SU CHIPS DI QUERCIA PER MODULARE LE CARATTERISTICHE DEL VINO MONTEPULCIANO D'ABRUZZO	183
INFLUENZA DELLA FORMULAZIONE DEL LIEVITO NON- <i>SACCHAROMYCES</i> IN COLTURA MISTA CON <i>SACCHAROMYCES CEREVISIAE</i> SULLA PERFORMANCE FERMENTATIVA DELLO STARTER	184
<i>STARMERELLA BOMBICOLA</i> IN FERMENTAZIONE SEQUENZIALE CON OSSIGENO PER LA RIDUZIONE DEL CONTENUTO ALCOLICO NEL VINO	185
USO DI <i>METSCHNIKOWIA PULCHERRIMA</i> PER IL BIOCONTROLLO DI VINI A BASSO TENORE DI SOLFITI	186
MACERAZIONE CARBONICA NEL VINO E BIODIVERSITÀ MICROBICA, QUALE RELAZIONE?	187
IL CONCETTO DI 'CROSS-OVER' APPLICATO ALLA MICROBIOLOGIA ENOLOGICA: LIEVITI E BATTERI DA VITIGNI AUTOCTONI COME RISORSE PER L'INNOVAZIONE IN ALTRE FILIERE AGROALIMENTARI	188

## SESSIONE 14B - PRESENTAZIONI POSTER

UNA "MANNA" DI LIEVITI! VINI BIANCHI PRODOTTI CON NON- <i>SACCHAROMYCES</i> ISOLATI DA MANNA DI <i>FRAXINUS ANGUSTIFOLIA</i> (OLEACEAE)	189
ISOLAMENTO E CARATTERIZZAZIONE DI CEPPI NON <i>SACCHAROMYCES</i> IN MOSTI SICILIANI	190
VALUTAZIONE DEL RUOLO DELLO STARTER SUI PARAMETRI CORRELATI ALLA QUALITÀ SALUTISTICA DEL VINO	191
DIVERSITÀ DI <i>SACCHAROMYCES CEREVISIAE</i> RICORRENTI NEL CORSO DELLA PREPARAZIONE DI "PIED DE CUVE" DI UVA FALANGHINA PROVENIENTE DA DIVERSI "TERROIR" DEL SANNIO	192
EVOLUZIONE DEL MICROBIOMA ASSOCIATO ALL'UVA IN CONSEGUENZA ALL'APPASSIMENTO POST-RACCOLTA	193
STARTER MISTI <i>SCHIZOSACCHAROMYCES JAPONICUS</i> / <i>SACCHAROMYCES CEREVISIAE</i> : LA BIODIVERSITÀ DEI LIEVITI AL SERVIZIO DELLE CARATTERISTICHE CHIMICO-SENSORIALI DEL SANGIOVESE	194
VITICOLTURA BIODINAMICA: IMPATTO SULLE CARATTERISTICHE DEI VINI TREBBIANO E MONTEPULCIANO D'ABRUZZO	195

## BIODIVERSITÀ MICROBICA NELLA FERMENTAZIONE ALCOLICA

## 197

## SESSIONE 13 - PRESENTAZIONI ORALI

<i>TETRAPISISPORA PHAFFII</i> E <i>KOMAGATAELLA PHAFFII</i> : DUE LIEVITI PER UN ANTIMICROBICO NATURALE	198
IDROMELE SICILIANO, <i>HANSENIASPORA UVARUM</i> COME CO-STARTER	199
ECONOMIA CIRCOLARE NEL SETTORE BIRRARIO: STUDIO E VALORIZZAZIONE DELLE COMUNITÀ MICROBICHE DELLE MATERIE PRIME E DEI SOTTOPRODOTTI	200

## BIODIVERSITÀ MICROBICA AMBIENTALE

## 201

## SESSIONE 22 - PRESENTAZIONI ORALI

LA SPECIE, CHE TIPO DI UNITÀ DELLA BIODIVERSITÀ MICROBICA?	202
IL METAGENOMA EPIFITICO COME STRUMENTO PER LA TRACCIABILITÀ E LA SICUREZZA SANITARIA DEI SEMI	203
BIODIVERSITÀ MICROBICA IN SUOLI ANTROPOGENICI DI AMBIENTE MEDITERRANEO	204
LA BIODIVERSITÀ NEI SUOLI DI MINIERA: STRUTTURA E FUNZIONE DELLE COMUNITÀ BATTERICHE IN SEI SITI MINERARI EUROPEI	205
STUDIO DELLE PATINE MICROBICHE NEI DEPOSITI DI MANGANESE IN AMBIENTE SOTTERRANEO: UN APPROCCIO MULTIDISCIPLINARE PER LO STUDIO DELLE INTERAZIONI GEOMICROBIOLOGICHE CON IMPLICAZIONI NELLA GESTIONE DELLE ACQUE	206
RIDUZIONE MICROBICA DEL MANGANESE IN SEDIMENTI DI ORIGINE VULCANICA	207
DIVERSITÀ DEI PROCARIOTI IN ACQUE DI FALDA CONTAMINATE DA SOLVENTI CLORURATI	208
BIODETERIORAMENTO DEL PATRIMONIO CULTURALE OPERATO DA FUNGHI: IL CASO DI STUDIO SU DUE CHIESE RUPESTRI DI MATERA	209

## SESSIONE 35 - PRESENTAZIONI POSTER

PLASTICA IN MARE: BIODIVERSITÀ DELLA PLASTISFERA	210
CARATTERIZZAZIONE DELLA DIVERSITÀ MICROBICA IN SUOLI TRATTATI CON FERTILIZZANTI AZOTATI ED UNO STABILIZZATORE DELL'AZOTO (N-LOCK™)	211
BIODIVERSITÀ E SEQUENZIAMENTO: COME SHORT E LONG READS DESCRIVONO LA COMPOSIZIONE MICROBICA DEL SUOLO	212
BIODIVERSITÀ DEL MICROBIOMA AERODISPERSO NEI GRANDI CENTRI URBANI: ORIGINI E RELAZIONE CON L'INQUINAMENTO ATMOSFERICO	213
LA QUALITÀ MICROBICA DEL COMPOST E DEL VERMICOMPOST OTTENUTI DALLE TREBBIE DI BIRRA	214
LE ACQUE REFLUE BIRRARIE COME HOT SPOT PER LA SELEZIONE DI MICRORGANISMI RESISTENTI AGLI ANTIBIOTICI: INDAGINE NEI BIRRIFICI ARTIGIANALI OPERANTI IN SARDEGNA	215
BIODIVERSITÀ DEI RIZOBATTERI IN ALTA QUOTA: <i>ARTEMISIA ERIANTHA</i> TEN.	216
SELEZIONE DI BATTERI DELLA RIZOSFERA IN GRADO DI SOLUBILIZZARE IL FOSFORO E UTILIZZO DI AMMENDANTI (COMPOST, BIOCHAR, DIGESTATO) COME STRATEGIE PER LIMITARE I FERTILIZZANTI FOSFATICI NELLA COLTURA DELLA LATTUGA FUORI-SUOLO	217
ANALISI METAGENOMICA DEL MICROBIOMA DI TÈ DI COMPOST E DI ACCUMULATORI DI MICRORGANISMI	218
FUNGHI ASSOCIATI ALLE MICROPLASTICHE: ISOLAMENTO E IDENTIFICAZIONE	219

## SESSIONE 15 - PRESENTAZIONI ORALI

CONSORZI MICROBICI BENEFICI IMPIEGATI QUALI PROBIOTICI PER UN'AGRICOLTURA SOSTENIBILE	222
LIFE MYCORESTORE - USO INNOVATIVO DI RISORSE MICOLOGICHE LOCALI PER LA PROTEZIONE DI FORESTE MEDITERRANEE: BIOCONTROLLO DI PATOGENI FORESTALI	223
LA BIODIVERSITÀ NASCOSTA NELLE FAGGETE ORIENTALI DEL MATESE	224
RISULTATI DEI PRIMI ANNI DI ATTIVITÀ DI MICORRIZZAZIONE DI TARTUFI AUTOCTONI CAMPANI	225
CARATTERIZZAZIONE E POTENZIALITÀ D'USO DI <i>DITTRICHIA VISCOSA</i> (L.) GREUTER	226
VARIABILITÀ DI SPECIE DI <i>PLECTOSPHAERELLA</i> , PATOGENI FUNGINI DI BASILICO, PEPPERONE E POMODORO NEL SUD ITALIA	227
BIOTECNOLOGIE E BIODIVERSITÀ IN UN AGRO-ECOSISTEMA PIEMONTESE	228

## SESSIONE 18 - PRESENTAZIONI POSTER

CARATTERIZZAZIONE DEL MICROBIOMA DI TARTUFI DEL GRUPPO "BIANCHETTO" PER L'INDIVIDUAZIONE DI CEPPI BATTERICI UTILI IN AGRICOLTURA	229
CHITOSANO DA INSETTI PER IL CONTROLLO DELLE FITOPATIE	230
BIODIVERSITÀ NELLE RISAIE: L'APPROCCIO MULTIDISCIPLINARE DEL PROGETTO EPIRESISTENZE	231
DIVERSITÀ CHIMICA DEI FUNGHI ENDOFITI DELLA SPECIE IN DECLINO <i>ORCHIS PATENS</i> DESF. (LILIOPSIDA, ORCHIDACEAE)	232
NOTE SULLA DISTRIBUZIONE DI COLEOTTERI CERAMBYCIDAE IN DIRETTIVA HABITAT NELLE FORMAZIONI BOSCHIVE DEL MATESE	233

## BIODIVERSITÀ E SISTEMI AGRO-ECOLOGICI

## SESSIONE 21 - PRESENTAZIONI ORALI

LE RISPOSTE DELLA BIODIVERSITÀ EDAFICA ALLA GESTIONE DEGLI AGROECOSISTEMI: UN APPROCCIO BASATO SULL'ECOLOGICAL NETWORK ANALYSIS	236
RESILIENZA AGROBIOCULTURALE NEI PAESAGGI ALIMENTARI ALPINI: INCONTRI TRA PRATICHE AGROECOLOGICHE LOCALI ED INNOVATIVE	237
LA RETE ECOLOGICA DELL'AMBITO PAESAGGISTICO. LE COLLINE E I TERRAZZI DEL BRADANO (BASILICATA): APPROCCIO METODOLOGICO E FOCUS TERRITORIALE	238
UN'ANALISI A LIVELLO NAZIONALE DELLE PRATICHE AGRO-ECOLOGICHE PER LA GESTIONE DELLE AREE NATURA 2000 E DELLE AREE PROTETTE. LE OPPORTUNITÀ DI FINANZIAMENTO NELL'AMBITO DELLA PAC 2023/2027	239
EFFETTO MARGINE: INFLUENZA DELLE "AREE TAMPONE" SULLA DIVERSITÀ DEGLI AGROECOSISTEMI VITICOLI	240
STUDI PRELIMINARI PER LO SVILUPPO DI PROCEDURE IDONEE ALLA CONSERVAZIONE A LUNGO TERMINE DI <i>ABIES NEBRODENSIS</i>	241
STRUTTURA GENETICA DI <i>GYMNOSPERMIUM SCIPETARUM</i> SUBSP. <i>EDDAE</i> (BERBERIDACEAE), POPOLAZIONE ENDEMICA DELL'APPENNINO MERIDIONALE	242

## SESSIONE 24 - PRESENTAZIONI POSTER

ALBERI DA FRUTTO MONUMENTALI E NOTEVOLI DELLA REGIONE UMBRIA. UN PATRIMONIO DA VALORIZZARE. UNA STORYMAP PER CONOSCKERLI	243
BIODIVERSITÀ E COMPOSIZIONE DELLA COMUNITÀ EDAFICA DI UN MELETO TRENINO IN CONVERSIONE	244
STUDIO PRELIMINARE SULLA MAPPATURA GEOGRAFICA DELLA DIVERSITÀ GENETICA CASTANICOLA MEDIANTE STRUMENTI GIS	245

## BIODIVERSITÀ E FORME DI RESILIENZA

## SESSIONE 27 - PRESENTAZIONI ORALI

LE INFRASTRUTTURE VERDI PER MIGLIORARE L'EFFICIENZA ENERGETICA DEGLI EDIFICI E LA QUALITÀ DEL MICROCLIMA NELLE AREE URBANE	248
VALUTAZIONE DELLE PERFORMANCE DI GERMINAZIONE DI 14 SPECIE ERBACEE SPONTANEE ALPINE E SUBALPINE. NUOVE PROPOSTE PER IL VERDE URBANO IN AMBIENTE MONTANO	249
UN'INNOVATIVA TECNICA DI CAMPIONAMENTO BASATA SULL'UTILIZZO DI FIBRE SPME PER COLLEZIONARE COMPOSTI ORGANICI VOLATILI A LIVELLO AMBIENTALE	250
PROGETTO LIFE IP GESTIRE 2020: LE SPECIE VEGETALI ESOTICHE E LA NUOVA BLACK LIST DELLA REGIONE LOMBARDIA	251
DIVERSITÀ BATTERICA DI SUOLI MEDITERRANEI SOGGETTI A DESERTIFICAZIONE	252
CCS E IL MERCATO DEI CREDITI DI CARBONIO TRA CONTENUTI NORMATIVI E CASI ATTUATIVI NEL SETTORE AGRO-FORESTALE	253

## SESSIONE 28 - PRESENTAZIONI POSTER

IL POTENZIALE CONTRIBUTO DEGLI ORTI URBANI PER LA SALUTE UMANA E LA BIODIVERSITÀ	254
IXE-CO2 RIGENERARE IL SISTEMA URBANO CON LA NATURA	255
PAESAGGIO E AGRICOLTURA 4.0: QUALITÀ E TECNOLOGIA, PROGETTARE LA PRIMA DEEP FARM IN ITALIA NEL SOTTOSUOLO VARESINO	256
PRIMI RISULTATI DELLO STUDIO FITOSOCIOLOGICO CONDOTTO NELL'AREA ARCHEOLOGICA DI ATRIPALDA (AV) E POTENZIALITÀ DI VALORIZZAZIONE	257
STUDIO DEL GENERE <i>ECHIUM</i> : SUO UTILIZZO NEL VERDE URBANO PENSILE	258
TECNICHE DI REMOTE SENSING E DI GIS PER IL MONITORAGGIO DELLO STATO DI SALUTE DELLE PINETE LITORANEE INFESTATE DA PARASSITI	259
ANALISI DELLA CRESCITA DI TRE SPECIE ALIENE INVASIVE: <i>AILANTHUS ALTISSIMA</i> (MILL.) SWINGLE, <i>PHYTOLACCA AMERICANA</i> L. E <i>ROBINIA PSEUDOACACIA</i> L. 260	

**SESSIONE 26 - PRESENTAZIONI ORALI**

SAPERCI FARE. UN CONTRIBUTO ANTROPOLOGICO ALLA SALVAGUARDIA DELLA BIODIVERSITÀ AGROPASTORALE	262
BIODIVERSITÀ E AGRICOLTURA: POTENZIALITÀ DEL MONFERRATO ASTIGIANO	263
L'ETNOBOTANICA COME STRUMENTO DI INDAGINE PER EVIDENZIARE LE CULTURE TRADIZIONALI ABBINATE ALLE VARIETÀ LOCALI: IL CASO STUDIO DELL'ITALIA SETTENTRIONALE	264
BIODIVERSITÀ CULTURALE DEI VITIGNI NELLE AREE INTERNE: DALL'ENOTRIA ALLA VALLE ROTALIANA	265
QUALITÀ ALIMENTARE E SOCIOLOGICA NELLE FILIERE CORTE: DAL PUNTO DI VISTA DEL PRODUTTORE A QUELLO DEL CONSUMATORE	266
DIVERSITÀ BIOCULTURALE IN <i>JUGLANS REGIA</i> (L.) E <i>CASTANEA SATIVA</i> (MILL.) ATTRAVERSO L'EURASIA	267
BIODIVERSITÀ FRUTTICOLA IN BASILICATA: IL PROGETTO "FRUTTI DI CASA"	268
MICROBIODIVERSITÀ E CULTURE TRADIZIONALI: FERMENTATI ED INDICAZIONI GEOGRAFICHE, ETNOBIOLOGIA, ETNOMEDICINA, SIGNIFICATO GASTRONOMICO E VALORE EDUCATIVO	269

**SESSIONE 34 - PRESENTAZIONI POSTER**

IL PROGETTO BIONET E I SAPERI TRADIZIONALI DELL'AVICOLTURA VENETA	270
UTILIZZO ALIMENTARE DELLE VECCE: LA <i>VICIA ARTICULATA</i> HORNEM	271
MODELLI PER LA VALORIZZAZIONE ECONOMICA E STORICO-CULTURALE DEI PRODOTTI FORESTALI NON LEGNOSI DELLA PUGLIA	272
LA COMPAGNIA DEL CAROSELLO: AGROBIODIVERSITÀ E COMUNITÀ DEL CIBO	273
L'IMPORTANZA DELLE COMUNITÀ LOCALI NELLE AZIONI DI RECUPERO DELL'AGRO-BIODIVERSITÀ. IL CASO DI DUE VARIETÀ DI FAGIOLI DELLA VALLE DEL NERA IN UMBRIA: IL FAGIOLO DI ROSCIANO ED IL FAGIOLO MORONE DI MACENANO	274
VITIGNI MINORI: TESTIMONI DELLA MILLENARIA STORIA VITICOLA DEL PARCO NAZIONALE DEL CILENTO, VALLO DI DIANO E ALBURNI	275
USI TRADIZIONALI E POTENZIALI DI PIANTE OFFICINALI SPONTANEE DEL CILENTO	276
IL PROGETTO BIONET E I SAPERI TRADIZIONALI DELLA ORTICOLTURA VENETA	277
UN PROGETTO DI FRUTTETO-GIARDINO PER VALORIZZARE IL RUOLO MULTIFUNZIONALE DELLA BIODIVERSITÀ FRUTTICOLA STORICA E CONTEMPORANEA	278
LA SETTIMANA DELLA BIODIVERSITÀ PUGLIESE	279

**SESSIONE 16 - PRESENTAZIONI ORALI**

<i>OPUNTIA FICUS-INDICA</i> (L.) MILL., UNA COLTURA MULTIFUNZIONALE	282
VALUTAZIONE DELLE CARATTERISTICHE QUALITATIVE E NUTRIZIONALI DI PANI FUNZIONALI, ARRICCHITI CON <i>PORTULACA OLERACEA</i> L. E <i>OPUNTIA FICUS-INDICA</i>	283
LA CICERCHIA MARCHIGIANA: INGREDIENTE FUNZIONALE?	284
VALUTAZIONE DELLE CARATTERISTICHE NUTRACEUTICHE DI GERMOPLASMA DI LENTICCHIA DELL'AREA MEDITERRANEA	285
CARATTERIZZAZIONE NUTRACEUTICA DI TRENTASEI NUOVI GENOTIPI DI UVE DA TAVOLA OTTENUTI CON PROGRAMMI DI MIGLIORAMENTO GENETICO IN PUGLIA (SUD ITALIA)	286
CARATTERIZZAZIONE E VALORIZZAZIONE DI GERMOPLASMA MEDITERRANEO MULTIFUNZIONALE	287
ESTRATTI POLIFENOLICI DEI FRUTTI DI <i>MYRTUS COMMUNIS</i> E <i>ARBUS UNEDO</i> : LORO POSSIBILE INCLUSIONE NEL SIERO, UN COMUNE PRODOTTO DI SCARTO DELL'INDUSTRIA CASEARIA	288

**SESSIONE 30 - PRESENTAZIONI POSTER**

POTENZIALE ATTIVITÀ ANTITUMORALE DEI LICHENI	289
ATTIVITÀ ANTIOSSIDANTE ED IPOGLICEMIZZANTE DI TRE ECOTIPI LOCALI DI FAGIOLO: ROSSO SCRITTO DEL PANTANO, MUNACHEDDA E MARUCHEDDA	290
CARATTERISTICHE PRODUTTIVE E CONTENUTO DI COMPOSTI ANTIOSSIDANTI IN LINEE DI ORZO COLORATO	291
<i>CYPERUS ESCULENTUS</i> L. (MANDORLA DI TERRA): VALUTAZIONE AGRONOMICA E PROPRIETÀ NUTRIZIONALI	292
IL POMODORINO DA SERBO "VESUVIANO": EVOLUZIONE DELLA QUALITÀ ALIMENTARE, NUTRACEUTICA E DEL PROFILO AROMATICO DURANTE LA CONSERVAZIONE "NATURALE"	293
L'INSETTO <i>HERMETIA ILLUCENS</i> : UNA FONTE SOSTENIBILE DI NOVEL FEED E FOOD	294
LA CONOSCENZA COME BASE PER LA VALORIZZAZIONE DELLE RISORSE LOCALI. ANALISI NUTRIZIONALI DI VARIETÀ DI MELE AUTOCTONE DELLA REGIONE UMBRIA	295
NEWGRAIN: UN "NUOVO GRANO" PER LA VALORIZZAZIONE DELLA BIODIVERSITÀ DELLE PRODUZIONI CEREALICOLE IN PUGLIA	296
PROPRIETÀ BIOATTIVE DEL FIORE DEL <i>CROCUS SATIVUS</i> DELLE MARCHE: CONFRONTO TRA STIGMI E TEPALI	297
VALORIZZAZIONE DEL LATTE DI CAPRA GARGANICA ATTRAVERSO LA SUPPLEMENTAZIONE A BASE DI ACIDI GRASSI POLINSATURATI	298
VALUTAZIONE TRA IL CONTENUTO DI SOSTANZE BIOATTIVE IN CEPPI COMMERCIALI E SELVATICI DI <i>PLEUROTUS ERYNGII</i>	299

**SESSIONE 25 - PRESENTAZIONI ORALI**

IL RUOLO DELLA VALUTAZIONE MULTICRITERIALE PER SOSTENERE LA TRANSIZIONE VERSO UN'AGRICOLTURA SOSTENIBILE BASATA SULLA DIVERSIFICAZIONE CULTURALE	302
VALUTAZIONE DELLA BIODIVERSITÀ AGRICOLA NEGLI ALLEVAMENTI BIOLOGICI IN ITALIA	303
SOSTENIBILITÀ ECONOMICA DELLE VARIETÀ VITIVINICOLE AUTOCTONE PUGLIESI	304
CONSERVAZIONE DELLA BIODIVERSITÀ E GESTIONE DELLA RETE NATURA 2000 NELLE AREE AGRICOLE E FORESTALI: ANALISI DELLE MISURE DI CONSERVAZIONE IN RAPPORTO AGLI HABITAT ED ALLE SPECIE OBIETTIVO	305
ANALISI QUALI-QUANTITATIVA DELLA LETTERATURA INTERNAZIONALE SUI PRODOTTI FORESTALI NON LEGNOSI	306
BIODIVERSITÀ DELLE COMUNITÀ BATTERICHE IN UN SUOLO SOTTOPOSTO A BIORISANAMENTO IN MICROCOSMO	307
INCREMENTO DELLE RESE E DELLA SOSTENIBILITÀ DEL PROCESSO DI DIGESTIONE ANAEROBICA MEDIANTE L'UTILIZZO DEI FUNGHI	308
<b>SESSIONE 37 - PRESENTAZIONI ORALI</b>	
STRUMENTI DI <i>DECISION SUPPORT SYSTEM</i> AL SERVIZIO DELL'APICOLTURA PRODUTTIVA E DELL'AMBIENTE: IL PROGETTO NOMADI APP	309
I SITI DI COLTIVAZIONE DELLE VARIETÀ LOCALI IN EUROPA	310
IMPATTO SOCIO-ECONOMICO DEI SERVIZI ECOSISTEMICI NELL'AREA MARINA PROTETTA DI PORTO CESAREO APPLICANDO UN APPROCCIO DI CONTABILITÀ AMBIENTALE	311
TEORIA E METODI PER LA VALUTAZIONE DEI PRINCIPALI SERVIZI ECOSISTEMICI NELL'AREA DEL PARCO NAZIONALE DEL GARGANO	312
STRATEGIE INNOVATIVE DI CONSERVAZIONE <i>IN SITU</i> ED <i>EX SITU</i> DELL'ABETE DELLE MADONIE ( <i>ABIES NEBRODENSIS</i> )	313
BIODIVERSITÀ E SVILUPPO RURALE: ATTORI E TERRITORI DI DUE DISTINTI SISTEMI FLUVIALI	314
RAPPORTO TRA ATTIVITÀ ESTRATTIVE, BIODIVERSITÀ E CONNETTIVITÀ ECOLOGICA: IL CASO DEL POLO DI TERNATE (VA)	315
<b><i>BIODIVERSITÀ E POLITICHE EUROPEE, NAZIONALI E REGIONALI</i></b>	<b>317</b>
BIODIVERSITÀ E POLITICHE EUROPEE, NAZIONALI E REGIONALI	318
<b><i>TAVOLE ROTONDE</i></b>	<b>319</b>
POLITICHE REGIONALI FUTURE PER LA BIODIVERSITÀ	320
LE RAZZE OVINE DI CEPPO MERINO IN EUROPA: RISORSE LOCALI DA NON DIMENTICARE	321
SEMI E INFORMAZIONI: ACCESSO FACILITATO ALLE RGVA A E IMPATTO PER LA RICERCA E IL MIGLIORAMENTO GENETICO	322
<b><i>INDICE PER AUTORE</i></b>	<b>323</b>

# Re la zio ni ad invito



Sessione plenaria 1

Giuseppe Pulina  
Pietro Buzzini  
Roberto Papa

Sessione plenaria 19 | Marco Marchetti

Sessione plenaria 36 | Lorenzo Ciccarese

## Biodiversità zootecnica: dal valore al reddito

Pulina G.\*, Cesarani A., Macciotta N.

Sezione di Scienze Zootecniche, Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Sassari

\*Autore corrispondente: ppulina@uniss.it

Parole chiave: razze specializzate, razze locali, riduzione variabilità genetica, paesaggio rurale, *DOP-economy*

Per biodiversità zootecnica si intende la varietà di razze animali di interesse per l'uomo. Il concetto di biodiversità si estende a partire dalla domesticazione, processo che ha portato alla creazione delle differenti razze che sono allevate oggi. Come esempi basti pensare alle oltre 800 razze bovine, che derivano da un'unica popolazione ancestrale di Uro, e alle circa 400 razze composite ovine. Negli ultimi decenni, tuttavia, si è assistito a una erosione della biodiversità zootecnica, per lo più a causa dei piani di miglioramento genetico indirizzati fondamentalmente all'aumento della produttività. La costante crescita della domanda di prodotti alimentari di origine animale (latte, carne e uova), ha portato a un enorme miglioramento delle produzioni di poche razze specializzate cosmopolite, ma nel contempo ha generato una serie di problemi: la forte riduzione della variabilità genetica entro razza, l'aumento della variabilità genetica tra le razze, la minaccia alla biodiversità e l'abbandono delle popolazioni animali locali. In tempi più recenti, grazie alle crescenti preoccupazioni dei cittadini per gli aspetti etici dell'allevamento animale, per gli impatti ambientali dello stesso e per la qualità del paesaggio rurale, le razze locali hanno trovato un nuovo interesse, sia per il loro indubbio legame con i territori di produzione, sia per il fatto che costituiscono un prezioso bacino di resilienza, biodiversità e variabilità genetica. Le razze locali, inoltre, per la loro rusticità, rappresentano una possibile risposta ai cambiamenti climatici e un'importante fonte di ricavi nelle aree marginali. Lo scenario zootecnico è, pertanto, grossolanamente diviso in due grandi comparti: le razze cosmopolite specializzate e le razze locali, entrambi contraddistinti da aspetti positivi e negativi. Le razze locali sono state abbandonate in passato a causa di perdita della funzione produttiva principale (es. lavoro, lana, letame), per le basse produzioni e conseguentemente per gli alti indici di conversione

alimentare e, generalmente, per la minore qualità delle produzioni (es. eccessivo lardo nel suino). La loro salvaguardia è di fondamentale importanza perché la variabilità genetica rappresenta una risorsa non rinnovabile se non nel lungo periodo, e perché la perdita di biodiversità ha pesanti impatti sull'economia e sulla società. La biodiversità zootecnica, infatti, consente di arginare e contrastare l'abbandono dei territori rurali e permette di difendere anche la variabilità delle forme vegetali e del paesaggio, rendendo nel contempo diversi servizi ecosistemici. Il loro forte legame con l'areale di produzione (*terroir*) rende le razze locali centrali per la *DOP-economy*, sistema di produzioni agro-zootecniche a marchio di qualità UE che vanta in Italia, con 16,3 miliardi di euro di fatturato e 9,5 miliardi di export nel 2020, una quota del 21% dell'export nazionale. Nonostante circa il 70% in peso dei prodotti lattiero-caseari DOP/IGP sia ottenuto in aree di pianura, il maggior numero di prodotti a marchio e di allevamenti si trovano in aree svantaggiate montane e collinari, con disciplinari che normalmente prevedono solo razze-popolazioni locali. Recenti studi hanno dimostrato una crescente preferenza dei consumatori per gli alimenti di prossimità e di filiera corta, per i quali essi sono disposti a pagare di più. In questo contesto appare di fondamentale importanza non solo la salvaguardia, ma anche la valorizzazione delle razze locali e, quindi, della biodiversità zootecnica. Le strategie da mettere in campo, perciò, devono essere molteplici: da un lato, è necessaria una migliore focalizzazione degli interventi di salvaguardia attraverso l'incentivazione all'allevamento di razze reliquia o in grave pericolo di estinzione, dall'altra devono essere disegnate concrete politiche di valorizzazione delle produzioni materiali e immateriali delle razze locali rafforzando il legame di queste con il territorio all'interno della *DOP economy*.

## Il mondo dei microrganismi: il lato invisibile della biodiversità

Buzzini P.<sup>1\*</sup>, Sannino C.<sup>1</sup>, Borruso L.<sup>2</sup>, Mezzasoma A.<sup>1</sup>, Aiello D.<sup>1</sup>, Turchetti B.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università degli Studi di Perugia, Borgo XX Giugno, 74, 06121, Perugia

<sup>2</sup>Facoltà di Scienze e Tecnologie, Libera Università di Bozen-Bolzano, Bozen-Bolzano, piazza Università, 5, 39100, Bolzano

\*Autore corrispondente: [pietro.buzzini@unipg.it](mailto:pietro.buzzini@unipg.it)

Parole chiave: microrganismi, biodiversità microbica coltivabile e non-coltivabile, collezioni di microrganismi

I microrganismi rappresentano la maggior parte della diversità biologica presente sulla terra: un numero crescente di studi ha messo infatti in evidenza che non esistono habitat considerati “abiotici”. Negli ultimi decenni lo studio della biodiversità microbica ha fatto enormi progressi, specialmente in termini di caratterizzazione fenotipica, tassonomica e genetica, spesso finalizzate a scopi di tipo applicativo (produzione di alimenti e bevande fermentate, biocarburanti, biofarmaci, ecc.). L’impiego dei microrganismi nelle biotecnologie tradizionali ed avanzate, nonché l’uso di alcune specie quali organismi modello, hanno coinvolto il lavoro di molti ricercatori conducendo alla selezione di ceppi, il cui impiego su scala biotecnologica appare ormai un’evidenza ampiamente consolidata (Kharwar et al. 2014; Romano et al. 2019). Questo, se da un lato ha sicuramente modificato la percezione ottocentesca sui microrganismi, da “esseri portatori di malattie” a “organismi utili all’uomo”, dall’altro ha spesso ristretto lo studio del mondo microbico a poche specie, talora dotate di caratteristiche biologiche e biotecnologiche peculiari (talvolta implementate grazie all’ausilio di tecniche di manipolazione del DNA). Tutto ciò ha reso tuttavia meno evidente il fatto che le specie di interesse biotecnologico rappresentano nel migliore dei casi solo una piccola parte della immensa diversità esistente nel mondo microbico, presente non solo negli habitat antropizzati, ma anche e soprattutto in quelli naturali, spesso estremi, dove i microrganismi svolgono un ruolo chiave nel mantenimento della funzionalità degli ecosistemi ad essi associati (Buzzini et al. 2017; Abirami et al. 2021). Lo studio della biodiversità microbica ha visto nel corso dei decenni l’impiego di metodologie progressivamente sempre più sofisticate ed in grado

di generare una mole crescente di dati, interpretabili soltanto attraverso l’uso di mezzi “bioinformatici”. La dimostrazione che meno dell’1% del numero totale di microrganismi presenti negli habitat naturali può essere coltivato in laboratorio sui comuni terreni di coltura, ha permesso di passare in pochi anni dal concetto di biodiversità microbica “coltivabile” a quello di “non-coltivabile”, concetti solo in parte da considerarsi complementari (Laudadio et al. 2019). Alla luce di tutto ciò, anche in vista della rapida perdita di molti habitat naturali, causata dalle attività antropiche (es. agricoltura, deforestazione, urbanizzazione), nonché dal fenomeno di cambiamento climatico in atto, lo studio e la conservazione della biodiversità microbica appaiono di interesse strategico per il mantenimento della vita sulla terra. La protezione delle risorse genetiche microbiche (e degli habitat ad esse associati) è ormai una priorità riconosciuta da molteplici organismi internazionali. In questo contesto, le Collezioni di Colture e i Centri di Risorse Biologiche Microbiche possono essere considerati uno strumento fondamentale per la salvaguardia e la condivisione della biodiversità microbica, nonché per il progresso delle scienze della vita (De Vero et al. 2019).

### Bibliografia

- Abirami et al. 2021. *Sci Total Environ.*, 791, 147905.  
 Buzzini et al. 2017. *Yeasts in Natural Ecosystems: Diversity*, Springer International Publishing AG.  
 De Vero et al. 2019. *Microorganisms*, 7, 685.  
 Kharwar et al. 2014. *Microbial Diversity and Biotechnology in Food Security*. Springer International Publishing AG.  
 Laudadio et al. 2019. *OMICS.*, 23, 327-333.  
 Romano et al. 2019. *Yeasts in the Production of Wine*. Springer International Publishing AG.

## INCREASE: approccio partecipativo per la conservazione dell'agrobiodiversità delle leguminose alimentari

Papa R.

D3A, Università Politecnica delle Marche (UNIVPM), via Brecce Bianche, 60131 Ancona

Autore corrispondente: [r.papa@univpm.it](mailto:r.papa@univpm.it)

Parole chiave: colture proteiche, collezioni intelligenti, approccio partecipativo, *citizen science*

I legumi alimentari sono fondamentali per le strategie di mitigazione dei cambiamenti climatici e per tutte le sfide sociali legate all'agricoltura, tra cui la conservazione dell'agro-biodiversità, l'agricoltura sostenibile, la sicurezza alimentare e la salute umana. A livello europeo solo una porzione limitata di seminativi è attualmente dedicata alle colture proteiche, con importazioni di piante proteiche superiori al 75% a causa della mancanza di sforzi per l'adattamento delle leguminose alimentari agli agroecosistemi europei. Occorre sviluppare prodotti innovativi a base di legumi, tenendo in considerazione le preferenze dei consumatori, la sostenibilità degli agroecosistemi, le diete sane e la tradizione alimentare Europea e Mediterranea. La caratterizzazione e il mantenimento delle risorse genetiche alimentari-legumi costituisce il nucleo di sviluppo sia dell'agricoltura sostenibile che di un sistema alimentare sano. Il progetto INCREASE si concentra sulle risorse genetiche di leguminose alimentari: ceci, fagioli, lenticchie e lupini. All'interno di INCREASE verrà implementato un nuovo approccio per conservare, gestire e caratterizzare le

risorse genetiche. Verranno sviluppate collezioni intelligenti, sfruttando il germoplasma disponibile sia dalle banche genetiche, sia on farm. Le collezioni intelligenti di INCREASE saranno composte da accessioni purificate *single seed decent* (SSD) (linee *inbred*), che saranno sottoposte a diversi livelli di caratterizzazione genotipica e fenotipica. Le attività di fenotipizzazione e di scoperta di geni soddisferanno, attraverso un approccio partecipativo, le esigenze di vari attori tra cui allevatori, scienziati, agricoltori, industria agroalimentare e non. In quest'ottica INCREASE ha avviato un esperimento di *citizen science* che ha coinvolto circa 3500 cittadini europei a cui sono state distribuite più di 1000 accessioni di fagioli già studiati con il progetto Bean\_Adapt. Promuovendo l'uso dei legumi alimentari e migliorandone la qualità, l'adattamento e la resa e aumentando la competitività del settore agricolo e alimentare, INCREASE avrà un impatto importante sull'economia e sulla società, oltre a rappresentare un caso di studio di approccio partecipativo dedicato alla conservazione e allo sfruttamento delle ricche risorse genetiche disponibili per tutte le colture.



## La biodiversità tra crisi climatica e disturbi, abbandono e consumo di suolo

---

Marchetti M.

---

*Università del Molise - Fondazione Alberitalia*

*Autore corrispondente: [marchettimarco@unimol.it](mailto:marchettimarco@unimol.it)*

---

L'attuale manifestarsi della crisi climatica e dei suoi violenti esiti estremi, assieme alla pandemia da COVID 19, gigantesco promemoria dell'interconnessione socio-ecologica globale, rende sempre più evidente e urgente la necessità di porre un freno al consumo di territorio e suoli a livello globale, che si manifesta contraddittoriamente con artificializzazione e deforestazione, messa a coltura e abbandono degli spazi rurali. La crisi climatica dovuta al riscaldamento globale modifica più velocemente di quanto potessimo immaginare paesaggi ed ecosistemi, rendendo difficili i processi di adattamento e spesso poco significativi quelli di mitigazione. Serve una svolta globale che le prospettive sociali e politiche europee possono consentire di perseguire.

## Verso un nuovo accordo globale per arrestare e invertire il declino della natura. Il ruolo e il contributo della scienza

Ciccarese L.

Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale – ISPRA, via Vitaliano Brancati, 48 - 00144 Roma

Autore corrispondente: [lorenzo.ciccarese@isprambiente.it](mailto:lorenzo.ciccarese@isprambiente.it)

Parole chiave: erosione della diversità genetica, fame, salute, acqua, città, clima, oceani e terra

Il rapporto di valutazione sullo stato della biodiversità globale dell'*Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services* (IPBES), pubblicato nel 2019, ha concluso che a causa delle attività umane circa 1 milione di specie (circa un quarto di quelle conosciute) sono minacciate di estinzione. Il rapporto IPBES conferma il convincimento di numerosi scienziati secondo i quali l'attuale tasso di estinzioni di specie e sottospecie è da cento a mille volte superiore alla media delle estinzioni della storia del pianeta: siamo di fronte alla sesta grande estinzione di massa. L'allarmante tendenza all'erosione della diversità genetica, di specie e di paesaggio (*biological annihilation*, la definiscono alcuni) sta mettendo in pericolo le economie, i mezzi di sussistenza, la sicurezza alimentare e la qualità della vita delle persone di ogni parte del mondo, specialmente delle donne e delle comunità più vulnerabili, come le popolazioni indigene. La quinta edizione del *Global Biodiversity Outlook* (GBO5) delle Nazioni Unite (pubblicato nel 2020) ha concluso che nessuno dei 20 target che la comunità mondiale si era prefissato di raggiungere entro il 2020 sia stato centrato e ha affermato che, in mancanza di azioni decise per contrastare la perdita dell'integrità della natura e dei sistemi di supporto del pianeta ai bisogni umani, gli obiettivi dell'accordo di Parigi sulla crisi climatica e i *Sustainable Development Goals* dell'Agenda 2030 per lo sviluppo sostenibile dell'ONU non potranno essere raggiunti. Secondo il GBO5 le attuali tendenze negative dello stato della biodiversità e degli ecosistemi stanno minando la possibilità di centrare l'80% (35 su 44) dei sub-target della stessa Agenda 2030, specialmente di quelli relativi a povertà, fame, salute, acqua, città, clima, oceani e terra.

Di fronte a questo stato delle cose, sono diversi i possibili scenari socio-economici futuri. Tra questi c'è anche quello, il più auspicabile, che porta alla conservazione della biodiversità e alla costruzione di un futuro in cui sarà possibile, come si auspica la Convenzione ONU per Diversità Biologica (CBD), «vivere in armonia con la natura» e che consente «entro il 2050, di valorizzare, conservare, restaurare e utilizzare sapientemente la biodiversità e di preservare i servizi ecosistemici, sostenendo un pianeta sano e offrendo benefici essenziali per tutte le persone del mondo». Per rendere possibile questo scenario, come rileva l'IPBES, è necessario che si operi un 'cambiamento trasformativo'

(*transformational change*), definito dallo stesso IPBES come «una fondamentale e sistemica riorganizzazione dei fattori tecnologici, economici e sociali, nonché dei paradigmi, degli obiettivi e dei valori». La fermezza di questo messaggio ha dato ai negoziati in ambito CBD un senso di urgenza e di intenti e ha posto una serie di sfide cruciali per capire: (i) come questo cambiamento trasformativo e radicale può essere realizzato, (ii) come dovrà essere integrato nel nuovo accordo globale per la biodiversità per il post 2020, il cosiddetto *Global Biodiversity Framework* (GBF) e di conseguenza (iii) come il GBF potrà diventare una bussola per tutti i livelli di governo (da quello nazionale a quello locale) e attori di tutta la società (dalle imprese alle comunità locali) per procedere verso i tre obiettivi generali della Convenzione per la Diversità Biologica, ossia la conservazione della biodiversità genetica, di specie e di habitat, l'uso sostenibile delle sua componenti; la giusta e l'equa condivisione dei benefici derivanti dall'utilizzo delle risorse biologiche. Agli inizi del 2020 è stata presentata la bozza zero del GBF, a cui è seguita una prima bozza, a luglio 2021, che è stata discussa alla fine di agosto scorso nell'ambito del gruppo di lavoro *ad hoc* della CBD. La bozza prende spunto dalla *Theory of Change* dello stesso GBF, la quale incorpora il concetto di cambiamento trasformativo per implementare le soluzioni per ridurre le minacce alla biodiversità, rivolgendo l'attenzione non solo ai *fattori diretti* del declino della natura (il cambiamento dell'uso del territorio e del mare e la degradazione degli habitat; lo sfruttamento diretto, il cambiamento climatico, l'inquinamento, le specie invasive), ma anche ai *fattori indiretti*. Questi fattori comprendono le istituzioni formali e informali, come norme, valori, regole e sistemi di *governance*, fattori demografici e socioculturali e fattori economici e tecnologici, che strutturano le attività economiche e generano i fattori diretti citati prima. Il GBF, nella sua prima bozza, prevede 4 obiettivi principali per il 2050, 21 target orientati sulle azioni e un quadro di monitoraggio per il 2030. Inoltre, il GBF è ripartito in quattro cluster tematici: elementi orientati ai risultati; condizioni e mezzi di attuazione abilitanti; modalità di pianificazione e responsabilità, meccanismi e strumenti per il monitoraggio, la rendicontazione e la revisione; approcci e questioni trasversali. Nel corso della presentazione sarà illustrato il GBF e presentate le possibili evoluzioni verso il raggiungimento di un accordo. Inoltre, saranno analizzati il ruolo e il

contributo della comunità scientifica, sia delle scienze naturali sia di quelle umane e sociali, e delle strutture culturali per indirizzare le azioni necessarie per trasformare comportamenti e visioni del mondo e

fornire i segnali giusti per sapere se stiamo procedendo sulla strada giusta e per lo sviluppo di interazioni sostenibili e resilienti tra le società umane e l'ambiente naturale.



# Bio div ers ità vegetale specie erbacee



## Diversità morfo-genetica di risorse genetiche vegetali di *Vicia faba* L. var. *major*, *minor* ed *equina*

Trotta N.<sup>1\*</sup>, Frusciante E.L.<sup>1</sup>, Zito D.<sup>1</sup>, Serratore G.<sup>1</sup>, Mele M.<sup>1</sup>, Marino G.<sup>1</sup>, Barra L.<sup>1</sup>, Rea R.<sup>2</sup>, Costanza M.T.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria – Centro di ricerca Difesa e Certificazione Località Corno D'Oro, Strada Statale 18, n.242 – 84091 Battipaglia (SA)

<sup>2</sup>Agenzia Regionale per lo Sviluppo e l'Innovazione dell'Agricoltura del Lazio - Via Rodolfo Lanciani, 38, 00162 Roma

\*Autore corrispondente: [nikita.trotta@crea.gov.it](mailto:nikita.trotta@crea.gov.it)

Parole chiave: fava, diversità, registro, morfofisiologia, molecolare

Con la L.R. n.15 del 1° marzo 2000, la Regione Lazio interviene a protezione delle risorse genetiche, animali e vegetali, d'interesse agrario e zootecnico minacciate di erosione genetica. La predetta Legge affida ad ARSIAL la gestione dei due strumenti operativi attraverso i quali viene attuata la tutela: il Registro Volontario Regionale (RVR) e la Rete di Conservazione e Sicurezza. Nel 2020 è stata iscritta al RVR la *Favetta d'Aquino*, risorsa genetica autoctona del Lazio descritta e presentata nel 2016 all'undicesimo convegno nazionale sulla Biodiversità (MT). Contestualmente all'iscrizione della risorsa, l'ARSIAL ha commissionato al Centro di ricerca Difesa e Certificazione del CREA (CREA-DC) un ulteriore approfondimento sulla sua caratterizzazione genetico-molecolare e morfo-fisiologica comparandola con altre accessioni di varietà locali di *Vicia faba* L. var. *equina* (favetta), var. *minor* (favino) e var. *major* Harz (fava), fornite dalle Banche Regionali delle Regioni Umbria, Marche e Campania, nonché con varietà di riferimento iscritte al Registro Nazionale delle Varietà di specie ortive ed agricole presenti nella banca semi del CREA-DC, o richieste ai relativi costitutori. L'obiettivo è la verifica della diversità varietale della *Favetta di Aquino* rispetto alle altre risorse regionali già note e rispetto a varietà già ufficialmente registrate, nonché la sua giusta collocazione in uno dei tre tipi botanici di *Vicia faba* L. Per le prove è stato collezionato un set di 17 varietà vegetali rientranti nei tre tipi botanici in cui è suddivisa la specie di studio. I campioni all'arrivo in Centro sono stati registrati nel data-base del CREA-DC di Battipaglia (SA), identificati con codice a barre e conservati nell'apposita "collezione sementi" prima del loro utilizzo. La prova di campo, attualmente in corso, è stata istituita con disegno sperimentale *side by side* ed in duplice replica, con lo scopo di rilevare le espressioni di 41 caratteri morfo-fisiologici riportati nei protocolli UPOV (TG/206/1 e TG/8/7), su 60 piante per ogni RGV (30 piante per singola replica). Attualmente i rilievi sono in corso e le piante sono allo stadio fenologico della fioritura. Il carattere ad oggi rilevato è la presenza/assenza di tannino nel seme originario. È stata riscontrata l'assenza di tannino

nella varietà Castel del Monte e nel test di riferimento Driemaal Wilt; presente, invece, in tutte le altre varietà della collezione in esame. Per l'individuazione delle piante da sottoporre alla prova molecolare sono state scelte, in maniera random, 15 piante per replica fra le 30 destinate alla descrizione morfo-fisiologica e si è proceduto con l'estrazione del DNA da materiale verde fresco mediante un protocollo innovativo rapido ed efficace messo a punto da Paris Roberta del Laboratorio di Genomica Applicata del Centro di ricerca Cerealicoltura e Colture Industriali. Il DNA estratto è stato quantizzato mediante elettroforesi su gel d'agarosio allo 0,8-1% disciolto in 1X TBE buffer (89 mM Tris-borate, 2 mM EDTA, pH 8,3), visualizzato con colorazione del gel con GelRed™ Nucleic Acid Gel Stain (Biotium) alla concentrazione di 0,05 µl/ml. La stima della quantità di DNA estratto è stata realizzata per confronto diretto con quantità note di DNA purificato del fago λ (Invitrogen-cat no:25250-010) ed il gel visualizzato e fotografato al transilluminatore Gel Doc (Biorad) sottoposto a scansione mediante *Quantity One Software*. Il DNA è stato conservato alla temperatura di -20 °C in attesa di procedere all'amplificazione mediante marcatori molecolari. Per lo *screening* molecolare delle piante in esame si è proceduto a un'attenta ricerca bibliografica sui marker che hanno fornito migliori risultati sullo studio della diversità fra varietà vegetali di fava. All'uopo è prevista l'applicazione di 14 marcatori molecolari SRAP e 4 SSR, ed è stata prevista anche l'applicazione di 2 marcatori SCAR per presenza/assenza del gene *zt1* e *zt2* che consentiranno un *fingerprinting* sui caratteri: "colore dei fiori" e "presenza di alto contenuto di tannino nei semi", per un più accurato studio correlativo con le analisi di tannino sui semi secchi associato ai rilievi morfologici sui fiori. La procedura statistica dei dati riguarderà una prima analisi esplorativa di tutte le informazioni seguita da un'analisi multidimensionale; con le informazioni molecolari si calcoleranno matrici di similarità, per concludere con un'analisi di raggruppamento gerarchico.

## Caratterizzazione morfologica, biochimica e genetica di varietà locali di *Phaseolus vulgaris* coltivate nel Lazio

Catarcione G.<sup>1</sup>, Paolacci A.R.<sup>1</sup>, Taviani P.<sup>2</sup>, Rea R.<sup>2</sup>, Costanza M.T.<sup>2</sup>, Mercati F.<sup>3</sup>, Ciaffi M.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>DIBAF, Università della Tuscia, Via San Camillo de Lellis, 01100 Viterbo

<sup>2</sup>ARSIAL, Via Rodolfo Lanciani, 38 00162 Roma

<sup>3</sup>IBBR, CNR, Corso Calatafimi, 414, 90129 Palermo

\*Autore corrispondente: [ciaffi@unitus.it](mailto:ciaffi@unitus.it)

Parole chiave: diversità genetica, *landraces*, fagiolo, microsatelliti, proteine del seme

In Italia, numerose varietà locali di *Phaseolus vulgaris* L. sono state coltivate per generazioni e sono tuttora conservate in piccoli appezzamenti per il consumo familiare e per la vendita sui mercati locali. In particolare, la coltivazione del fagiolo in Italia è sempre stata un elemento tipico delle aree rurali, soprattutto nelle zone collinari e montuose delle regioni centro-meridionali e delle isole, come Abruzzo, Lazio, Campania, Molise, Calabria, Sicilia e Sardegna. Il germoplasma di varietà locali di queste regioni è stato ampiamente studiato utilizzando caratteri morfologici e marcatori biochimici e molecolari. La maggior parte di questi studi, tuttavia, ha avuto lo scopo di valutare principalmente la diversità e le relazioni genetiche tra accessioni, considerando di solito un solo individuo per varietà locale. Al contrario, è ben stabilito che è necessaria un'analisi separata di diversi individui al fine di determinare con precisione la diversità genetica all'interno delle accessioni delle varietà locali. Inoltre, nonostante la lunga storia di coltivazione, l'elevato numero di varietà locali, e la presenza di alcune risorse genetiche autoctone molto conosciute e apprezzate dai consumatori per le loro proprietà organolettiche e nutritive (es. "Cannellino di Atina", unica varietà locale con il marchio DOP) o utilizzate nella preparazione di piatti locali strettamente legati a tradizioni storiche o cerimonie religiose (es. "Fagiolo del Purgatorio"), il germoplasma della regione Lazio è stato scarsamente studiato. L'ARSIAL (Agenzia Regionale per lo Sviluppo e l'Innovazione dell'Agricoltura del Lazio), nell'ambito della Legge Regionale 1 marzo 2000 n. 15 "Tutela delle risorse genetiche autoctone di interesse agrario" ha raccolto e conservato *ex situ* diverse accessioni di varietà locali di *P. vulgaris* ancora coltivate nel Lazio di cui la maggior parte è ad elevato rischio di erosione genetica. La collezione, costituita da 114 accessioni appartenenti a 66 varietà locali, è stata caratterizzata utilizzando marcatori morfologici (caratteri del seme), biochimici (profili proteici delle faseoline e fitoemagglutinine) e molecolari (12 microsatelliti) con quattro obiettivi principali: 1) valutare l'entità e la distribuzione della variabilità genetica esistente nel germoplasma laziale di *P. vulgaris*; 2) indagare le relazioni genetiche tra le varietà locali al fine di

identificare anche possibili casi di omonimia e sinonimia; 3) identificare il pool genico originario (andino e/o mesoamericano) delle varietà locali coltivate nel Lazio; 4) valutare la presenza di eventi di ibridazione tra i due pool genici di origine nel germoplasma laziale di *P. vulgaris* (attività finanziata nell'ambito dell'Operazione 10.2.1 del PSR Lazio annualità 2016-2017). Per le analisi biochimiche e molecolari sono stati analizzati quattro semi per accessione. Per i microsatelliti sono stati determinati i seguenti parametri statistici: numero di alleli per locus, l'allele che si presenta con frequenza maggiore, l'eterozigosità attesa ( $H_e$ ), l'eterozigosità osservata ( $H_o$ ), il PIC (*Polymorphic Information Content*) ed il coefficiente di *inbreeding*. Le distanze genetiche per le relazioni filogenetiche tra le diverse accessioni sono state stimate utilizzando il coefficiente di Nei e l'analisi dei gruppi (*cluster analysis*) è stata effettuata mediante l'algoritmo UPGMA. Per analizzare la struttura genetica delle varietà locali è stato utilizzato il software STRUCTURE. I risultati hanno chiaramente dimostrato che: 1) il germoplasma laziale di *P. vulgaris* è caratterizzato da un elevato livello di diversità ( $H_e = 0,669$ ); 2) i pool genici mesoamericano ed andino sono nettamente distinti, con quello andino prevalente (82%); 3) l'analisi STRUCTURE ha evidenziato un discreto livello di "admixture" nella diversità delle varietà locali, indicando eventi di ibridazione tra i due pool genici; 4) l'utilizzo combinato di dati morfologici, biochimici e molecolari ha permesso di distinguere in maniera univoca tutte le varietà locali e di risolvere alcuni casi di sinonimia e omonimia. I risultati ottenuti in questo studio saranno utili sia ai fini della tutela e della conservazione *in situ/on farm* delle numerose varietà locali di *P. vulgaris*, mediante l'applicazione della Legge Regionale 1 marzo 2000 n. 15, sia ai fini della loro iscrizione al Registro nazionale come varietà da conservazione per consentire la commercializzazione delle sementi. Inoltre, l'approfondita conoscenza del germoplasma di *P. vulgaris* potrà contribuire ad un miglior utilizzo della variabilità genetica del germoplasma laziale nel miglioramento genetico per l'ottenimento di varietà di fagiolo da utilizzare in sistemi di coltivazione biologica.

## Strategie per il miglioramento della tolleranza di colza (*Brassica napus*) allo stress salino tramite inoculo su seme di PGPB

Rossi M.<sup>1,3\*</sup>, Borromeo I.<sup>2</sup>, Capo C.<sup>3</sup>, Pietrini F.<sup>4</sup>, Del Gallo M.<sup>5</sup>, Forni C.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Dottorato in Biologia Evoluzionistica ed Ecologia, Università di Roma Tor Vergata, Roma

<sup>2</sup>Dipartimento di Fisica, Università di Roma Tor Vergata, Via della Ricerca Scientifica, 00133 Roma

<sup>3</sup>Dipartimento di Biologia, Università di Roma Tor Vergata, Via della Ricerca Scientifica, 00133 Roma

<sup>4</sup>Istituto di Ricerca degli Ecosistemi Terrestri, Consiglio Nazionale delle Ricerche (IRET-CNR), Area di Ricerca Roma 1, Via Salaria Km 29.300, 00015 Monterotondo Stazione (Roma)

<sup>5</sup>Dipartimento di Medicina Clinica, Sanità Pubblica, Scienze della Vita e dell'Ambiente, Università dell'Aquila, Piazzale Salvatore Tommasi 1, 67100, Coppito (AQ)

\*Autore corrispondente: [massimiliano87rossi@hotmail.com](mailto:massimiliano87rossi@hotmail.com)

Parole chiave: stress salino, *Brassica napus*, *Plant Growth Promoting Bacteria*, fotosintesi, attività antiossidante

La salinizzazione dei suoli, una problematica che affligge sempre più territori in tutto il mondo, è dovuta a diverse cause, tra queste i fenomeni legati ai cambiamenti climatici e l'utilizzo di acque di bassa qualità per l'irrigazione rivestono un ruolo importante. I suoli salinizzati instaurano una pressione selettiva nei confronti di piante sensibili allo stress salino (glicofite), evento che porta alla perdita di biodiversità vegetale e, in campo agrario, ad una diminuzione della crescita delle piante e quindi della produzione. Un eccesso di sali nel suolo determina uno stress abiotico nella vegetazione, in particolare stress osmotico ed ossidativo. Quest'ultimo, dovuto alla sovrapproduzione di Specie Reattive dell'Ossigeno (ROS), incide sulla crescita e sviluppo della pianta, in quanto riduce l'attività fotosintetica andando ad incidere sulla stabilità del fotosistema II (PSII) danneggiando l'apparato fotosintetico. *Brassica napus* L., comunemente detta colza, è una specie estremamente importante da un punto di vista economico per il suo utilizzo in campo alimentare ed energetico. Essendo una glicofita, la sensibilità di questa specie alla salinità rappresenta un serio rischio per la coltivazione di alcune varietà, rappresentando un danno enorme per la conservazione della sua biodiversità. In campo agrario l'applicazione di diverse strategie consente di ottenere un miglioramento della tolleranza allo stress salino di diverse specie coltivate. Oltre all'acclimatazione ed al trattamento dei semi mediante *seed priming*, un approccio promettente si basa sull'utilizzo di *Plant Growth Promoting Bacteria* (PGPB) che hanno un'azione positiva sulla crescita delle piante, grazie alla produzione di molecole utili, alla fissazione dell'azoto atmosferico o alla competizione con i patogeni. Molte specie di PGPB, essendo alotolleranti, possono instaurare una relazione mutualistica con le piante anche in presenza di stress salino, consentendo un loro migliore adattamento alle condizioni ambientali tramite una modulazione della risposta allo stress. In questo lavoro è stato valutato l'effetto di diverse specie di PGPB sulla tolleranza della varietà di colza SySaveo sensibile alla salinità e allevata su un

terreno salino. Sono stati selezionati cinque ceppi alotolleranti delle seguenti specie: *Azospirillum brasilense*, *Arthrobacter globiformis*, *Burkholderia ambifaria*, *Herbaspirillum seropedicae* e *Pseudomonas putida*. Le colture batteriche sono state inoculate sui semi di colza e le piante sono state fatte crescere su terreno salinizzato (conducibilità elettrica pari a 8 dS/m) per 30 giorni. Sono stati valutati i seguenti parametri: lunghezza di fusti e radici, peso fresco, contenuto idrico, indice di danneggiamento delle membrane, attività fotosintetica, attività antiossidante e produzione di prolina. Le piante inoculate ed esposte allo stress salino hanno avuto dimensioni maggiori rispetto a quelle non inoculate (controlli) cresciute nelle stesse condizioni. L'attività fotosintetica, valutata mediante l'analisi dei parametri di fluorescenza della clorofilla e la stima del contenuto di clorofilla totale nelle foglie, non solo non è diminuita nelle piante inoculate e trattate, ma, in alcuni casi, ha mostrato valori di efficienza fotochimica, trasporto elettronico e contenuto in clorofille più elevati rispetto ai controlli, lasciando ipotizzare un ruolo protettivo nei confronti del PSII dovuto alla presenza dei batteri (PGPB). Inoltre, le piante inoculate con *B. ambifaria* e *P. putida* e trattate con sale hanno mostrato una riduzione dei valori di *Non Photochemical Quenching* (NPQ) rispetto ai controlli, indicando una minore dispersione di energia tramite calore da parte dell'apparato fotosintetico, e quindi un più efficiente utilizzo dell'energia assorbita tramite la radiazione luminosa. Questo potrebbe essere correlato ad una più efficiente risposta antiossidante che contrasta il danneggiamento delle membrane causato dai ROS. In ultimo si è visto che *A. globiformis* stimola la produzione di prolina, un amminoacido con capacità osmoprotettive, migliorando quindi una risposta contro lo stress osmotico. I risultati suggeriscono che l'utilizzo dei PGPB potrebbe rappresentare una strategia efficace per contrastare gli effetti negativi della salinizzazione dei suoli sulla crescita delle piante, consentendo la loro coltivazione anche in aree marginali.



## La caratterizzazione morfo-fisiologica delle risorse genetiche delle banche del germoplasma della regione Campania

Napoli M.C.\*, Trotta N., Oliviero A., Zito D., Cantalupo R., Barra L., Giannatiempo M., Feniello M.R., Frusciante E.L.

Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria – Centro di ricerca Difesa e Certificazione Località Corno D'Oro, Strada Statale 18, n.242 – 84091 Battipaglia (SA)

\*Autore corrispondente: [mariacarla.napoli@crea.gov.it](mailto:mariacarla.napoli@crea.gov.it)

Parole chiave: agrobiodiversità, test, distinguibilità, omogeneità, stabilità

Il Progetto Collettivo ABC “AgroBiodiversità Campana: moltiplicazione, conservazione e caratterizzazione di risorse genetiche vegetali erbacee autoctone” finanziato dalla Regione Campania nell’ambito del PSR 2014-2020 vede coinvolti sei partner pubblico-privati con Ente capofila il centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo del Consiglio per la ricerca in agricoltura e l’analisi dell’economia agraria. Nell’ambito del presente progetto il Centro di ricerca Difesa e Certificazione del CREA è partner responsabile dell’azione mirata a.4: Caratterizzazione morfofisiologica di 80 RGV autoctone campane. L’obiettivo dell’azione è caratterizzare morfofisiologicamente le risorse genetiche vegetali (RGV) della Banca del germoplasma vegetale della Regione Campania e, individuare fra queste, le risorse genetiche con requisiti di distinguibilità, omogeneità e stabilità sufficienti per una loro eventuale iscrizione al Registro delle varietà da conservazione. La propensione all’iscrizione a tale registro è legata al fatto che per molte di queste varietà, particolarmente adatte a determinate condizioni locali e regionali, ma minacciate dal rischio d’estinzione, esiste un consistente interesse alla commercializzazione delle loro sementi. Affinché ciò sia possibile è necessaria la loro iscrizione ufficiale con successivo controllo da parte delle autorità competenti. A tal fine sono state programmate prove descrittive mediante la pianificazione di disegni sperimentali e allestimento campi, esecuzione di rilievi morfofisiologici e fotografici ed elaborazione dei dati raccolti con la stesura delle schede descrittive finali per singola RGV. Per lo svolgimento dei rilievi è stato previsto l’impiego delle Linee guida della biodiversità vegetale di interesse agrario. Il materiale sementiero o di propagazione giunto al centro è stato opportunamente registrato, tracciato con codice a barre e conservato in banca seme prima della sua semina o trapianto. Le varietà locali sono state messe in allevamento in un ciclo preliminare di prova, al fine di conoscere le caratteristiche morfologiche macroscopiche indispensabili per l’individuazione

della varietà testimoni da affiancare alle RGV da descrivere. Individuare le varietà di riferimento è un’operazione fondamentale considerato che servono come parametro di valutazione della distinguibilità delle RGV in esame e per appurare e verificare che dette risorse non corrispondano a varietà già iscritte al Registro Nazionale delle specie ortive e/o a varietà note. Nell’autunno del 2019 sono state così pre-esaminate le varietà locali di *Allium sativum* L., di *Vicia faba* L., di *Lathyrus sativus* L., di *Pisum sativum* L.. Le attività di caratterizzazione morfo-fisiologica, come previste originariamente dal progetto, hanno preso di fatto avvio nell’autunno del 2020 ed i rilievi sono attualmente in corso. Per l’aglio, accessione “Bianco Locale” e “Locale di Caposele”, sono state selezionate le varietà di riferimento “Pallavicino” e “Bianco Piacentino”; per la cicerchia la RGV “VE-0070”, per la fava “Aguadulce supersimonia”, “Slonga” e “Lunga delle cascine” per il pisello “Santa Croce napoletano” ed “Espresso generoso”. Nella primavera del 2020 sono state pre-esaminate 17 RGV di *Solanum lycopersicum* L. attualmente al primo ciclo di prova affiancate con altrettante varietà di riferimento e, in esame preliminare, le accessioni di 6 RGV di *Cicer aretinum* L., 34 di *Phaseolus vulgaris* L., 1 di *Cucumis melo* L. e 4 di *Allium cepa* L. A conclusione del primo ciclo di prova si procederà all’accertamento della distinguibilità, ovvero verificare che la RGV in esame sia nettamente distinta da tutte le altre la cui esistenza sia notoriamente conosciuta al momento della caratterizzazione, per almeno un carattere e, all’accertamento dell’omogeneità ossia identificando e contando il numero di piante chiaramente differenti (fuori tipo) rispetto alle caratteristiche della varietà in esame, tenendo conto delle particolarità derivanti dal suo sistema di riproduzione o di moltiplicazione vegetativa. Il requisito di stabilità sarà accertato, invece, nel 2023, al termine dei due o tre cicli di prova per verificare che la varietà sia rimasta conforme alla definizione dei suoi caratteri essenziali a seguito di riproduzioni successive.

## Analisi genotipica di un'ampia collezione di linee *inbred* di mais italiane: una risorsa per la mappatura e il *breeding*

Mastrangelo A.M.<sup>1,2\*</sup>, Lanzaova C.<sup>2</sup>, Balconi C.<sup>2</sup>, Locatelli S.<sup>2</sup>, Valoti P.<sup>2</sup>, Petruzzino G.<sup>1</sup>, Pecchioni N.<sup>1,2</sup>, Hartings H.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>CREA-Centro di ricerca Cerealcoltura e Colture Industriali/Research Centre for Cereal and Industrial Crops, SS 673 km 25,200 - 71122 Foggia

<sup>2</sup>CREA-Centro di ricerca Cerealcoltura e Colture Industriali/Research Centre for Cereal and Industrial Crops, Via Stezzano 24 - 24126 Bergamo

\*Autore corrispondente: [annamaria.mastrangelo@crea.gov.it](mailto:annamaria.mastrangelo@crea.gov.it)

Parole chiave: mais, collezioni di germoplasma, diversità genetica

L'analisi della diversità genetica è di grande importanza per la comprensione dell'organizzazione dei loci che controllano i caratteri di importanza agronomica. Le collezioni di germoplasma sono uno strumento essenziale per studiare la diversità genetica nella specie coltivate. In particolare, la conoscenza della diversità genetica in linee di mais rappresenta un aspetto fondamentale per i breeder, ai fini della scelta dei parentali da utilizzare nei programmi di miglioramento genetico per raggiungere degli obiettivi specifici. Inoltre, alleli favorevoli per migliorare caratteri di interesse possono essere identificati attraverso approcci di mappatura per associazione. Una collezione molto vasta di genotipi derivati da cultivar italiane antiche e moderne di mais e linee in avanzata fase di selezione è disponibile presso il CREA di Bergamo. Un sottogruppo di 384 linee sono state moltiplicate in purezza e sottoposte a genotipizzazione mediante la tecnologia tGBS® *Genotyping by Sequencing*, condotta con l'enzima di restrizione Bsp1286I (*Freedom Markers*). Un set of 797,368 marcatori SNP è stato prodotto inizialmente. Dopo aver filtrato tali marcatori sulla base di parametri tra cui la percentuale di dati mancanti, i marcatori ridondanti e la frequenza dell'allele meno rappresentato, è stato definito per le analisi successive un dataset di 15872 SNP mappati fisicamente. In particolare, la collezione è stata caratterizzata in termini di *linkage disequilibrium* (LD),

diversità genetica e struttura della popolazione. Per quanto riguarda il LD, a livello genomico è stato trovato un decadimento pari a 52,4 kb per  $r^2$  0,1, dato che indica l'utilità della collezione in studi di mappatura per associazione. A livello cromosomico, il pattern di LD variava a seconda del cromosoma e di specifiche regioni cromosomiche. L'analisi della struttura della popolazione è stata condotta mediante ADMIXTURE su un set di marcatori non ridondanti sulla base del LD (soglie di  $r^2$  0,8 e 0,5), ed ha mostrato la distinzione di tre gruppi principali, con una certa differenziazione tra linee *inbred* derivanti dalla stessa cultivar. In particolare, le linee derivanti da Nostrano dell'Isola ed Isola Basso erano presenti maggiormente nel gruppo 1, mentre quelle derivanti da Scagliolino e Marano erano nel gruppo 3. Le linee derivanti da cultivar come Cinquantino, Sacra Famiglia e Scagliolo erano presenti in due o tutti e tre i gruppi, il che suggerisce che ci fosse una certa differenziazione tra campioni di semi considerati della stessa varietà. Le informazioni genotipiche hanno consentito di caratterizzare la collezione anche in termini di diversità genetica, sia rispetto all'intera collezione che rispetto ai gruppi individuati dall'analisi della struttura. Sulla base di questi dati, si può concludere che la collezione rappresenta una risorsa genetica di estrema importanza per l'identificazione di loci/alleli utili e per il loro utilizzo in programmi di *breeding*.

## Agrobiodiversità campana: un progetto per la moltiplicazione, conservazione e caratterizzazione di risorse genetiche vegetali erbacee autoctone a rischio di estinzione

Zaccardelli M.

CREA-Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo, Via Cavallegeri 25, 84098 Pontecagnano (SA)

Autore corrispondente: [massimo.zaccardelli@crea.gov.it](mailto:massimo.zaccardelli@crea.gov.it)

Parole chiave: varietà locali, banche del germoplasma, agricoltori custodi

La Regione Campania, mediante la Misura 10 - Sottomisura 10.2 - Tipologia di Intervento 10.2.1 del PSR 2014-2020, ha finanziato il progetto Collettivo "AgroBiodiversità campana: moltiplicazione, conservazione e caratterizzazione di risorse genetiche vegetali erbacee autoctone (acronimo ABC)". Il coordinamento scientifico del progetto è del CREA-Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo di Pontecagnano (SA), mentre i Partner di progetto sono la Soc. Coop. ARCA 2010, il CNR (ISA di Avellino e IBBR di Portici), UNINA-Federico II (DiA di Portici) e UNISA (DIIN e DIFARMA); oltre al CREA di Pontecagnano, partecipa al progetto anche il CREA-Centro di ricerca Difesa e Certificazione di Battipaglia (SA). Il progetto ha lo scopo di moltiplicare e conservare in sanità circa 350 risorse genetiche vegetali (RGV) di antiche varietà erbacee (ortive, legumi e cereali) autoctone coltivate in Regione Campania e di caratterizzare, a livello morfofisiologico, agronomico, biochimico e genetico-molecolare, rispettivamente 120, 95, 95 e 165 varietà locali. Il progetto è articolato in 9 azioni mirate e in un'azione di concertazione e una di accompagnamento. In dettaglio, l'azione a.1 riguarda la conservazione *in situ/on farm* delle RGV autoctone a rischio di estinzione iscritte al Repertorio regionale (82 RGV); l'azione a.2 riguarda la conservazione *ex situ* delle RGV autoctone a rischio di estinzione iscritte al Repertorio regionale; l'azione a.3 riguarda la conservazione *ex situ/in situ/on farm* delle RGV autoctone a rischio di estinzione non iscritte al Repertorio regionale; l'azione a.4 riguarda la caratterizzazione morfofisiologica delle RGV, al fine di consentire la loro successiva iscrizione al Repertorio regionale delle varietà a rischio di estinzione; l'azione a.5 riguarda la caratterizzazione agronomica delle RGV, al fine di avere informazioni sulla loro produttività, qualità e suscettibilità a stress biotici e abiotici negli areali tipici di coltivazione; l'azione a.6 riguarda la caratterizzazione biochimica e nutrizionale delle RGV caratterizzate a livello agronomico nell'azione a.5; l'azione a.7 riguarda la caratterizzazione genetico-molecolare delle RGV al

fine di verificare, in modo preciso, la loro identità genetica; l'azione a.9 riguarda il recupero di una decina di RGV segnalate in passato in Regione Campania; l'azione a.10 riguarda la ristrutturazione e l'implementazione del database "genidellacampania.it", nel quale verranno depositate e rese fruibili al pubblico tutte le informazioni inerenti i risultati delle suddette caratterizzazioni. L'azione di concertazione riguarda, invece, la realizzazione di una serie di ricerche e incontri tematici con funzionari regionali e responsabili della gestione di banche del germoplasma nazionali e internazionali, allo scopo di ampliare le conoscenze sulla legislazione italiana ed europea e sui database esistenti in materia di biodiversità vegetale erbacea e, inoltre, per confrontare tra loro i protocolli di gestione della moltiplicazione e conservazione delle RGV. L'azione di accompagnamento consiste, invece, di un'articolata attività di divulgazione delle finalità e dei risultati del progetto ABC mediante seminari, oltre che di formazione degli agricoltori custodi mediante la realizzazione di corsi strutturati e di un manuale pratico-applicativo sulla moltiplicazione e conservazione delle sementi. Con il progetto, della durata complessiva di quattro anni, è stato costituito anche l'Accordo di Rete, al quale hanno aderito oltre cento portatori di interesse sull'agrobiodiversità (coltivatori custodi, Slow Food, varie associazioni interessate alla promozione dell'agrobiodiversità, cooperative sociali ecc.) al fine di mettere in rete tutti i soggetti interessati allo sviluppo e alla promozione di iniziative comuni sull'agrobiodiversità, quali la realizzazione di eventi comuni di promozione delle varietà locali, la realizzazione di filiere corte, la promozione del turismo agro-gastronomico, la realizzazione di panieri di prodotti legati a determinati territori, la realizzazione di seminari tematici volti ad aumentare le conoscenze sulle possibili risoluzioni di problematiche relative alla gestione agronomica di queste RGV o di altre specifiche problematiche. Altre notizie sul progetto sono reperibili nel sito di progetto <https://www.agrobiodiversitacampana.it/>.

## Il progetto ABC: un'opportunità per mettere a sistema le RGV campane con gli agricoltori, le amministrazioni pubbliche e il mondo della ricerca, per la salvaguardia dell'agrobiodiversità e lo sviluppo di nuovi modelli economici e sociali

Pepe R.<sup>1\*</sup>, Tripodi P.<sup>1</sup>, Riccardi R.<sup>2</sup>, Spigno P.<sup>2</sup>, Zaccardelli M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>CREA-Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo, Via Cavallegeri 25, 84098 Pontecagnano (SA)

<sup>2</sup>ARCA 2010 - scarl, Via G. Leopardi 18, 81030 Teverola (CE)

\*Autore corrispondente: [rosa.pepe@crea.gov.it](mailto:rosa.pepe@crea.gov.it)

Parole chiave: agrobiodiversità, coltivatori custodi, territori, varietà locali

Il progetto "AgroBiodiversità Campana: moltiplicazione, conservazione e caratterizzazione di risorse genetiche vegetali erbacee autoctone (acronimo ABC) è un progetto finanziato attraverso la Sottomisura 10.2, Tipologia di intervento 10.2.1 (Conservazione delle risorse genetiche autoctone a tutela della biodiversità-Risorse genetiche vegetali) del PSR 2014-2020 della Regione Campania. La tutela e valorizzazione dell'agrobiodiversità in questa Regione è strettamente collegata al Trattato Internazionale della FAO, al Piano Nazionale sulla Biodiversità di Interesse Agrario, alle Linee Guida Nazionali per la Conservazione e la Caratterizzazione della Biodiversità Vegetale di Interesse per l'Agricoltura. La Regione Campania si è quindi dotata del Regolamento Regionale n. 6 del 3 luglio 2012, al fine di salvaguardare le risorse genetiche agrarie a rischio di estinzione, che disciplina le modalità di attuazione dell'art. 33 della Legge Regionale della Campania n. 1 del 19 gennaio 2007. In accordo con quanto indicato nei suddetti trattati e linee guida e in linea con quanto indicato nelle Leggi Nazionale e Regionale sulla biodiversità, il progetto ABC si propone di essere, tra l'altro, un'opportunità per connettere le risorse genetiche vegetali (RGV) campane con gli agricoltori, i territori, le amministrazioni pubbliche e il mondo della ricerca, stimolando interazioni e relazioni tra i diversi portatori d'interesse sull'agrobiodiversità, favorendo legami più solidi tra agricoltori custodi e ricercatori. In Regione Campania è stato istituito un elenco regionale dei coltivatori custodi e, con il progetto ABC, viene gestita la Banca Regionale del Germoplasma (il forziere dei semi Campani) articolata in due sedi, una presso il CREA di Pontecagnano (SA) e una presso la Soc. Coop. Arca 2010, ad Acerra (SA). In ambedue le sedi sono conservati sia i semi delle RGV iscritte nel Repertorio regionale che numerose

altre RGV non ancora iscritte ma, comunque, oggetto di moltiplicazione, caratterizzazione e conservazione. Le RGV iscritte al Repertorio regionale della Regione Campania, pari a 82 antiche varietà, sono disponibili - comunque in modica quantità, secondo quanto previsto dal DRD n° 8 del 29/05/2017 (adempimenti tecnico-amministrativi del DGR n. 260 del 15.05.2017) - a chiunque ne faccia richiesta scritta direttamente alla Banca o tramite la Regione Campania. Grazie al lavoro della Banca Regionale, l'agrobiodiversità campana ha l'opportunità di svilupparsi ulteriormente nel suo territorio di origine, consentendo così la circolazione delle numerose RGV nei rispettivi areali - più o meno limitati - di coltivazione, mantenendo pertanto la loro identità culturale e culturale. La biodiversità coltivata deve occupare un ruolo sempre più importante nell'alimentazione umana, sia perché rappresenta un cibo di qualità antitetico rispetto al cibo industriale e sia perché consentono un importantissimo presidio del territorio da parte dei coltivatori custodi che, nel proprio comprensorio, hanno l'importantissimo compito di essere animatori e ambasciatori dell'agrobiodiversità, rapportandosi con gli altri coltivatori e stakeholder in modo da creare, grazie alle sinergie che ne derivano, opportunità di reddito originate dalla vendita delle RGV anche al di fuori del territorio regionale e nazionale. Il ruolo dei coltivatori custodi dovrebbe essere un valore ulteriormente riconosciuto e premiato nella prossima programmazione del PSR, soprattutto nelle aree interne, dove prevalgono le piccole aziende multifunzionali a conduzione familiare e dove l'agrobiodiversità viene coltivata e conservata *in situ*, affiancando così le banche regionali del germoplasma che si occupano della conservazione *ex situ* delle RGV.

## Specie selvatiche affini prioritarie in Italia: distribuzione, ecologia, conservazione *in situ* ed *ex situ* ed azioni previste

Perrino E.V.<sup>1\*</sup>, Wagensommer R.P.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>CIHEAM, Istituto Agronomico Mediterraneo di Bari,

<sup>2</sup>Dipartimento di Biologia, Università di Bari "Aldo Moro"

\*Autore corrispondente: perrino@iamb.it

Parole chiave: *Crop Wild Relatives* prioritarie, conservazione *in situ* ed *ex situ*, Italia

Le specie selvatiche affini a quelle coltivate, in inglese chiamate *Crop Wild Relatives* (CWR) sono specie imparentate alle piante coltivate. Pertanto sono potenziali risorse di tratti genetici importanti per la resistenza a stress biotici e abiotici, miglioramento e stabilità delle rese produttive. Sono quindi una componente critica delle risorse genetiche delle piante per l'alimentazione e l'agricoltura (*Plant Genetic resources for Food and Agriculture: PGRFA*). Nonostante ciò, la loro conservazione *ex situ* e *in situ* è stata insufficiente e non abbastanza praticata (Perrino e Perrino 2020), come auspicato da alcuni autori (Zair et al. 2020). In termini monetari, le CWR hanno contribuito in modo significativo al miglioramento delle piante coltivate e all'economia mondiale (Maxted et al. 2009). Pimentel et al. (1997) hanno stimato che le specie selvatiche affini contribuiscono per circa 20 miliardi di dollari all'aumento dei raccolti all'anno negli Stati Uniti, e 115 miliardi di dollari nel mondo. Phillips et al. (1998) hanno notato che la perdita di piante selvatiche rare rappresenta una perdita economica sostanziale per l'agricoltura, stimando un valore di circa 10 miliardi di dollari l'anno solo per le CWR minacciate da estinzione. Sebbene questi contributi mostrino alcune divergenze significative, evidenziano l'importante valore economico globale che hanno le CWR per l'umanità. Maxted et al. (2006) definiscono CWR tutti i taxa appartenenti allo stesso genere della specie coltivata. Secondo questa definizione, basata su un concetto di affinità tassonomica (Taxon Group), avremmo che circa l'80% delle specie della flora Europea e Mediterranea risulterebbero CWR, d'importanza socio-economica (Kell et al. 2008). Una visione più concreta suggerisce, invece, una definizione basata sul concetto di affinità genetica o di gene pool ideata da Harlan e de Wet (1971), in cui le CWR sono specie selvatiche in grado di incrociarsi con le specie coltivate in relazione al loro grado di affinità genetica. I parenti selvatici di una determinata coltura sono specie che possono essere anche tassonomicamente diverse, ma in grado di scambiare geni con il loro taxon coltivato. Poiché non tutti i parenti selvatici incrociano nella stessa misura,

Harlan e de Wet li hanno classificati in tre pool genici (GP1, GP2, GP3), in base, appunto, alla capacità o facilità di scambiare geni con le specie coltivate. Il pool genico primario (GP1) comprende solo le specie che possono essere facilmente e direttamente incrociate con il parente coltivato producendo ibridi fertili. Questo studio presenta una panoramica aggiornata delle 14 CWR a rischio, non endemiche, in Italia: *Aegilops biuncialis* Vis., *Ae. uniaristata* Vis., *Ae. ventricosa* Tausch, *Asparagus pastorianus* Webb & Berthel, *Beta macrocarpa* Guss., *Brassica insularis* Moris, *B. montana* Pourr., *Crambe hispanica* L. subsp. *hispanica*, *C. tataria* Sebeók subsp. *tataria*, *Ipomoea sagittata* Poir., *Lathyrus amphicarpos* L., *L. palustris* L., *Vicia cusnae* Foggi & Ricceri e *V. serinica* R. Uechtr. et Huter. Sono state valutate distribuzione geografica, ecologia (incluse le comunità vegetali e relazione con gli habitat della Direttiva 92/43/CEE), genetica (focalizzata sul pool genetico), proprietà e conservazione *in situ* ed *ex situ*, allo scopo di suggerire azioni specifiche finalizzate alla loro protezione, conservazione, utilizzazione e valorizzazione.

### Bibliografia

- Harlan et al. 1971. *Taxon*, 20, 509-517.  
 Kell et al. 2008. In: Maxted et al. pp. 69-109.  
 Maxted et al. 2006. *Biodiversity and Conservation*, 15(8), 2673-2685.  
 Maxted et al. 2009. *Establishment of a Network for the In situ Conservation of Crop Wild Relatives: Status and Needs*, pp. 211.  
 Perrino et al. 2020. *Genetic Resource and Crop Evolution*, 67(5), 1067-1105.  
 Phillips et al. 1998. *Economic Botany*, 52(1), 57-67.  
 Pimentel et al. 1997. *BioScience*, 47, 747-757.  
 Zair et al. 2020. *Genetic Resource and Crop Evolution*. doi: 10.1007/s10722-020-01017-z

Lavoro pubblicato *in extenso* su *Sustainability*, nell'ambito dell'accordo tra il Convegno "Biodiversità 2021" e la rivista: Perrino E.V., Wagensommer R.P. 2021. Crop Wild Relatives (CWR) priority in Italy: distribution, ecology, in situ and ex situ conservation and expected actions. *Sustainability*, 13(4), 1682; <https://doi.org/10.3390/su13041682>

## PRO.CA.NA.P.A. reperimento, caratterizzazione, conservazione e moltiplicazione di germoplasma di *Cannabis sativa* L.

Direnzo P.\*, Urbano M., Laghetti G.

Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto di Bioscienze e Biorisorse – Via G. Amendola 165/A 70126 Bari

\*Autore corrispondente: [paolo.direnzo@ibbr.cnr.it](mailto:paolo.direnzo@ibbr.cnr.it)

Parole chiave: *Cannabis sativa* L., biodiversità, Genebank

In Italia, fino agli anni Cinquanta del secolo scorso, la coltivazione della canapa era molto sviluppata raggiungendo il picco di coltivazione negli anni Quaranta con una superficie dedicata di circa 86.000 ha. A seguito di una serie di restrizioni legislative, correlate principalmente al suo utilizzo come stupefacente, la sua coltivazione si è progressivamente ridotta sino a quando, nel 1978, anche gli ultimi appezzamenti sono stati investiti ad altre colture. Tutto ciò ha comportato la scomparsa di numerose varietà selezionate nel corso degli anni, con la conseguente perdita di germoplasma caratterizzato da adattabilità ai differenti areali di coltivazione e/o alle diverse destinazioni d'uso (estrazione olio, utilizzo fibra, utilizzo del seme). Obiettivo del Progetto PRO.CA.NA.P.A., finanziato nell'ambito dell'avviso pubblico per la presentazione di progetti di ricerca ed innovazione e interventi a carattere pilota, Legge regionale 6 giugno 2017, n. 21 "Promozione della coltivazione della canapa per scopi produttivi e ambientali", è quello di costituire una collezione di *Cannabis sativa* L. presso il Genebank dell'Istituto di Bioscienze e Biorisorse di Bari (CNR-IBBR) per il recupero e la salvaguardia di materiale genetico a rischio di erosione e, al contempo, renderlo disponibile per le attività di ricerca ed innovazione su colture industriali. Le azioni di progetto realizzate e in via di realizzazione, sono qui di seguito sinteticamente schematizzate:

1. Indagini bibliografiche. Sono state acquisite informazioni sulle risorse genetiche autoctone italiane di canapa (RGV) e su quelle estere tramite consultazione di archivi storici, biblioteche pubbliche e private, archivi di giornali locali nonché tramite interviste agli agricoltori e agli esperti di agricoltura e storia locali. L'obiettivo è stato quello di recuperare la storia, la provenienza, la distribuzione sul territorio, le conoscenze e le tradizioni legate alla coltivazione e all'utilizzo delle RGV di canapa coltivate in Italia in passato.

2. Reperimento di materiale. Tale attività è stata svolta con la individuazione di Enti pubblici di ricerca italiani, aziende, agricoltori o semplici appassionati che conservano o coltivano varietà locali o iscritte al catalogo europeo per incrementare e completare le

informazioni sulla coltivazione della canapa e per reperire materiale genetico. Il reperimento è stato ulteriormente incrementato richiedendo materiale genetico presso i Genebank che conservano accessioni e/o varietà di *Cannabis sativa* L.

3. Conservazione *ex situ* delle risorse genetiche. Il materiale reperito sino ad oggi è stato conservato a medio termine (0 °C, 30% RH) secondo le consolidate procedure utilizzate dal CNR-IBBR di Bari, dopo aver eseguito le prove di germinabilità.

4. Caratterizzazione. Si è proceduto allo studio dei criteri e delle metodologie riconosciute a livello nazionale ed internazionale per poter differenziare le varietà reperite mediante caratterizzazione morfo-fisiologica e agronomico-produttiva optando per l'adozione delle "Linee Guida dell'International Union for the Protection of New Varieties of Plants". Successivamente si è implementato lo schema di campo sperimentale e si è scelto il sito più idoneo in cui procedere, in aprile 2020, con la semina e le successive attività di caratterizzazione delle varietà di canapa reperite con l'attività 2.

5. Schede descrittive. Per l'identificazione, caratterizzazione e riconoscimento delle varietà/accessioni conservate presso il Genebank del CNR-IBBR di Bari si è deciso di utilizzare la "Scheda descrittiva pubblicata sulla Gazzetta Ufficiale della Repubblica Italiana - Serie Generale n. 138 del 16.06.2011 "Criteri per l'iscrizione di varietà di canapa al registro nazionale delle varietà di specie agrarie" implementandola con descrittori dell'UPOV.

6. Coordinamento, disseminazione e trasferimento. Per coordinare le diverse attività scientifiche e amministrative sono state effettuate riunioni del gruppo di lavoro. La disseminazione dei risultati del progetto ha previsto e prevede la partecipazione a convegni, workshop dedicati, articoli scientifici, giornate informative e visite al campo catalogo.

La coltivazione della Canapa per il suo elevato potenziale in termini di reddito, sostenibilità e multifunzionalità, rappresenta un'importante opportunità di sviluppo, non solo per le imprese agricole e risulta fondamentale procedere con il recupero e studio delle caratteristiche delle differenti varietà.

## Recupero, caratterizzazione e valorizzazione di varietà locali di mais della regione Emilia-Romagna conservate *in situ*

Stagnati L.<sup>1\*</sup>, Soffritti G.<sup>1</sup>, Martino M.<sup>1</sup>, Lanubile A.<sup>1,2</sup>, Rossi G.<sup>3</sup>, Ravasio A.<sup>3</sup>, Marocco A.<sup>1,2</sup>, Busconi M.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze delle Produzioni Vegetali Sostenibili, Università Cattolica del Sacro Cuore, Via Emilia Parmense 84, 29122 Piacenza

<sup>2</sup>Centro di Ricerca BioDNA, Università Cattolica del Sacro Cuore, Via Emilia Parmense 84, 29122 Piacenza

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze della Terra e dell'Ambiente, Università Pavia, Via S. Epifanio 14, 27100, Pavia

\*Autore corrispondente: [lorenzo.stagnati@unicatt.it](mailto:lorenzo.stagnati@unicatt.it)

Parole chiave: popolazioni locali di mais, agrobiodiversità, conservazione *in situ*, Emilia Romagna, caratterizzazione genetica

La diffusione del mais (*Zea mays* L.) nella penisola italiana è riportata dalla metà del XVI secolo, da tale epoca la specie iniziò un processo di diversificazione in funzione delle condizioni agroclimatiche, delle preferenze alimentari e delle epoche di semina e di raccolta delle differenti zone di coltivazione. La variabilità genetica del germoplasma italiano, come frutto della coltivazione e selezione ha condotto alla costituzione di un vasto complesso di varietà locali caratterizzate da elevata variabilità genetica. Le varietà locali, ampiamente coltivate fino al secondo dopoguerra sono state rapidamente soppiantate dall'avvento dei mais ibridi più performanti dal punto di vista agronomico. In alcuni casi, la coltivazione delle varietà tradizionali è rimasta relegata a piccole superfici presso agricoltori e hobbisti, sovente in aree marginali di alta collina-montagna dove l'agricoltura intensiva non si è mai sviluppata. Da una recente indagine in-loco presso le aree appenniniche della regione Emilia-Romagna è stato possibile identificare 7 nuove accessioni locali di mais, non riportate in precedenza, mantenute in coltivazione *in situ* da come "eredità familiare" piuttosto che per finalità produttive. Le varietà censite sono: Mais Tagliolino (accessione EMR01- RE), Mais Cinquantino Rosso (EMR03 - RE), Mais Rosso di Rasora (EMR04 - BO), Mais da scoppio (EMR06 - RA), Mais di Santa Sofia (EMR07 - FC), Mais del Principe di Scavolino (EMR10 - RN) e Mais Piacentino (EMR13 - PC). Le varietà sono state caratterizzate a livello morfologico, mediante la redazione delle schede UPOV, che

permettono di discriminare le accessioni sulla base di una serie di descrittori morfologici della pianta, della spiga e sulla durata del ciclo vegetativo. Per quanto riguarda i fenotipi di più facile individuazione sulle spighe/granella emerge come le accessioni siano ben differenziate e classificabili in base a: tipologia di cariosside, a granella vitrea (EMR10 ed EMR13), semivitrea (EMR03 ed EMR07), semidentata (EMR01), popcorn (EMR06); colorazione della spiga, biancastra in EMR06, giallo-arancione (EMR01, EMR07), dall'arancione al rosso scuro (EMR03, EMR04, EMR13). La caratterizzazione agronomica, effettuata mediante la realizzazione di un campo di confronto varietale a parcelle replicate ha evidenziato come i materiali in esame siano caratterizzati da diversa lunghezza del ciclo colturale e buoni livelli produttivi, in certi casi (EMR04) superiori a un ibrido moderno di simile tipologia. È stata valutata anche la resistenza al marciume della spiga causato da *Fusarium verticillioides* e all'accumulo di fumonisine nella granella. Le analisi effettuate hanno rivelato come EMR03 ed EMR07 siano molto tolleranti al marciume della spiga mentre la situazione risulta più uniforme per l'accumulo di fumonisine. La caratterizzazione genetica è stata effettuata mediante l'utilizzo di 10 marcatori molecolari SSR, le analisi genetiche hanno evidenziato, buoni livelli di eterozigotità ed elevati livelli di variabilità inter ed intra-accessione permettendo una chiara separazione tra le diverse varietà analizzate.

## Recupero e caratterizzazione del germoplasma maidicolo tradizionale emiliano-romagnolo a 65 anni dal campionamento

Stagnati L.<sup>1</sup>, Soffritti G.<sup>1</sup>, Martino M.<sup>1</sup>, Lanubile A.<sup>1,2</sup>, Rossi G.<sup>3</sup>, Ravasio A.<sup>3</sup>, Marocco A.<sup>1,2</sup>, Busconi M.<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze delle Produzioni Vegetali Sostenibili, Università Cattolica del Sacro Cuore, Via Emilia Parmense 84, 29122 Piacenza

<sup>2</sup>Centro di Ricerca BioDNA, Università Cattolica del Sacro Cuore, Via Emilia Parmense 84, 29122 Piacenza

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze della Terra e dell'Ambiente, Università Pavia, Via S. Epifanio 14, 27100, Pavia

\*Autore corrispondente: [matteo.busconi@unicatt.it](mailto:matteo.busconi@unicatt.it)

Parole chiave: germoplasma maidicolo, campionamento del 1954, conservazione *ex situ*, Emilia Romagna, caratterizzazione genetica

Negli anni 1949-50 fu avviata un'inchiesta conoscitiva volta a caratterizzare la coltivazione del mais (*Zea mays* L.) in Italia. Dal 1954 fu organizzata la raccolta sistematica di campioni di varietà locali; le accessioni raccolte vennero classificate in 11 gruppi differenziati per tipologia di spiga e granella. I diversi agroecotipi, ben affermati nelle diverse situazioni agroclimatiche, appartengono ai gruppi *indurata* e *indentata* o a forme intermedie. A partire dall'anno di campionamento i materiali sono stati conservati *ex situ* presso la Stazione Sperimentale di Maiscoltura di Bergamo, ora CREA-CI. Il campionamento risultò nella raccolta di 562 accessioni provenienti da tutta Italia, comprese 42 accessioni Emiliano-Romagnole 21 delle quali sono state recuperate presso il germoplasma del CREA-CI: varietà dalla provincia di Forlì-Cesena, Dente di cavallo Nostrano (Va211), Ottofile (Va212), Cinquantino (Va213), Locale Rocca di S. Casciano (Va214), Giallo Nostrano (Va215), Giallo Comune (Va216), Spinato (Va217) e Nostrano (Va218); varietà dalla provincia di Modena, Nostrano o Locale (Va219) e Cinquantino Bianco (Va220W); varietà dalla provincia di Parma, Turco (Va221), Ferragostano (Va222), Piacentino/Nostrano (Va223) e Nostrano (Va224); varietà dalla provincia di Piacenza, Nano Precoce (Va225), Agostano (Va226), Agostano 16 File (Va227), Ottofile (Va228), Piacentino (Va229), Nostrana (Va230) e Nostrano ottofile (Va231). Le varietà sono state caratterizzate a livello morfologico, mediante la redazione delle schede UPOV, che permettono di discriminare le accessioni sulla base di una serie di descrittori morfologici della pianta, della spiga e sulla durata del ciclo vegetativo. Le varietà appaiono piuttosto uniformi a livello delle spighe che appaiono spesso coniche e in misura minore cilindriche, le cariossidi hanno generalmente colorazione gialla o tendente all'arancione ad eccezione di Va220W a cariossidi bianca. La tipologia delle cariossidi è principalmente vitrea o semi-vitrea (15 accessioni), mentre Va211,

Va216, Va217, Va218, Va219, Va223 hanno cariossidi dentata. La varietà Va217 è morfologicamente molto diversa dalle altre, essendo caratterizzata da piante molto alte, foglie di grande sviluppo, ricurve, e spighe di grandi dimensioni. La caratterizzazione agronomica, effettuata mediante la realizzazione di un campo di confronto varietale a parcelle a parcelle replicate ha evidenziato come i materiali in esame siano caratterizzati da diversa lunghezza del ciclo colturale, principalmente precoce ad eccezione di Va217 che è molto tardiva rispetto alle altre, buoni livelli produttivi, in certi casi (Va 217, Va 211, Va222 e Va218) superiori a un ibrido moderno di simile tipologia. È stata valutata anche la resistenza al marciume della spiga causato da *Fusarium verticillioides* e all'accumulo di fumonisine nella granella. Le analisi effettuate hanno rivelato come (Va214 e Va221) siano molto tolleranti al marciume della spiga mentre la situazione risulta più uniforme per l'accumulo di fumonisine, con la sola Va211 risultata essere particolarmente resistente. Una problematica diffusa nella collezione esaminata è risultata essere la suscettibilità all'allettamento che può raggiungere livelli molto elevati. La caratterizzazione genetica, considerando mediamente 60 piante per accessione, è stata effettuata mediante l'utilizzo di 10 marcatori molecolari SSR, le analisi genetiche hanno evidenziato, buoni livelli di eterozigotità e livelli molto elevati di variabilità intra ed inter-accessione. La variabilità intra-accessione è talmente elevata che, se si considerano contemporaneamente tutte le varietà e tutti gli individui analizzati, non è possibile ottenere una chiara separazione delle accessioni. Contrariamente, se si suddivide il germoplasma in gruppi basati sulla tipologia di cariossidi o se si considera il dato medio di ciascuna popolazione, la separazione tra le diverse varietà risulta essere più definita.



## Propagazione *in vivo* di iperico: effetto del genotipo e del fitoregolatore sulla radicazione delle talee

Lazzara S.<sup>1</sup>, Carrubba A.<sup>2</sup>, Fascella G.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>CREA Centro di Ricerca Difesa e Certificazione, S.S. 113 – km 245.500, Bagheria (Palermo)

<sup>2</sup>Università di Palermo, Dipartimento SAAF, viale delle Scienze, Edificio 4, Palermo

\*Autore corrispondente: giancarlo.fascella@crea.gov.it

Parole chiave: *Hypericum*, specie, rizogenesi, auxina

Il genere *Hypericum*, uno dei nove generi appartenenti alla famiglia delle Ipericacee, vanta nel mondo circa 480 specie (Napoli et al. 2018), di cui 30 distribuite nel territorio nazionale (Giovino et al. 2020). Alcune di queste sono comunemente utilizzate come piante medicinali per la presenza di numerosi composti bioattivi (ipericine, iperforine, polifenoli) con note proprietà antinfiammatorie, antidepressive ed antimicrobiche. Per alcune di queste specie si dispone prevalentemente di informazioni botaniche (habitus vegetativo, fenologia, habitat e distribuzione geografica) ma poco o nulla, tranne che per la più nota specie *H. perforatum*, si conosce sulla loro risposta alla messa in coltura (Carrubba et al. 2010) ed in particolare alla propagazione vegetativa. È, infatti, noto che la definizione di un rapido ed efficiente protocollo di propagazione di una specie vegetale può consentire una produzione di massa e l'introduzione in coltura dei genotipi più interessanti (Fascella et al. 2017; 2018). A seguito di uno studio preliminare effettuato sulla propagazione vegetativa di *H. perforatum* (Lazzara et al. 2014), è stata realizzata una ulteriore prova di propagazione *in vivo* su 10 diverse specie del genere *Hypericum* (*H. aegypticum*, *H. androsaemum*, *H. calycinum*, *H. hircinum*, *H. montanum*, *H. patulum*, *H. perforatum*, *H. pubescens*, *H. tetrapterum*) reperite in varie regioni italiane, analizzando la loro attitudine alla radicazione con e senza l'ausilio di ormone radicante. A questo scopo è stata utilizzata una preesistente collezione di piante madri appartenenti alle 10 specie sopra elencate, in ottime condizioni vegetative e fitosanitarie. Nel maggio 2016 sono state prelevate talee erbacee (con 2-3 nodi) per ogni specie; il 50% delle talee è stato trattato con acido naftalenacetico (NAA), collocando successivamente le talee di entrambi i gruppi (trattato e non trattato) in piccoli vasi (7 x 7 cm) riempiti con un unico substrato

costituito da una miscela di torba, sabbia e perlite (1:1:1, v/v/v). I vasetti così preparati sono stati posizionati su appositi bancali all'interno di una serra non riscaldata. Il tasso di radicazione è stato valutato tramite conteggio del numero di talee radicate in tre rilievi successivi: 29 giugno, 2 agosto e 26 ottobre. I dati ottenuti sono stati sottoposti ad ANOVA separatamente per ogni data di rilievo, previa trasformazione dei valori originali mediante la formula  $Y = \sqrt{(X+0.5)}$  (Steel e Torrie, 1980), applicando un modello statistico lineare (GLM) in cui le variabili dipendenti (Y) erano il numero di individui vivi o morti per ogni trattamento, e le variabili indipendenti erano le specie (S) e la presenza/assenza del trattamento con NAA (T). L'analisi statistica ha mostrato, nelle specifiche condizioni sperimentali, una scarsa risposta delle talee al trattamento con ormoni, mentre assai evidente è risultata la diversa attitudine delle specie alla radicazione. In particolare, *H. aegypticum*, *H. hircinum*, *H. pubescens*, *H. tetrapterum* e *H. perforatum* hanno mostrato tassi di radicazione statisticamente non diversi tra loro e prossimi al 100%; le rimanenti specie hanno evidenziato valori di radicazione assai inferiori, raggiungendo il minimo in *H. perfoliatum*, in cui nessuna delle talee in osservazione ha emesso radici.

### Bibliografia

- Carrubba et al. 2010. *Atti 4° Convegno Nazionale Piante Mediterranee - Le potenzialità del territorio e dell'ambiente*: 209-213.
- Fascella et al. 2017. *Acta Hort.*, 1155, 543-548.
- Fascella et al. 2018. *Acta Italus Hortus*, 21, 42-44.
- Giovino et al. 2020. *Turk. J. Bot.*, 44, 309-321.
- Lazzara et al. 2014. *Atti X° Convegno Nazionale Biodiversità*, 206-211.
- Napoli et al. 2018. *Phytochemistry*, 152, 162-173.
- Steel e Torrie 1980. *Principles and Procedures of Statistics: A Biometrical Approach*. McGraw-Hill, New York, USA.

## Caratterizzazione chimico-fisica, biochimica e nutrizionale di alcune varietà di leguminose campane

Albanese D.<sup>1\*</sup>, Liguori L.<sup>1</sup>, Fratianni F.<sup>2\*</sup>, Ombra M.N.<sup>2</sup>, Nazzaro F.<sup>2\*</sup>, D'Alessandro A.<sup>3</sup>, Onofaro Sanajà V.<sup>3</sup>, Francese G.<sup>3</sup>, Mennella G.<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Ingegneria Industriale/DIIN, Università di Salerno, Via Giovanni Paolo II, 132 - 84084 Fisciano (SA)

<sup>2</sup>Istituto di Scienze dell'Alimentazione, Via Roma 64, 83100, Avellino

<sup>3</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria - Centro di Ricerca Orticoltura e Florovivaismo (CREA-OF) Sede di Pontecagnano (SA)-Via Cavallegeri, 25 - 84098 Pontecagnano Faiano (SA)

\*Autori corrispondenti: [filomena.nazzaro@isa.cnr.it](mailto:filomena.nazzaro@isa.cnr.it), [dalbanese@unisa.it](mailto:dalbanese@unisa.it), [giuseppe.mennella@crea.gov.it](mailto:giuseppe.mennella@crea.gov.it), [florinda.fratianni@isa.cnr.it](mailto:florinda.fratianni@isa.cnr.it)

Tutti gli autori hanno contribuito in egual misura

Parole chiave: biodiversità vegetale, leguminose, alimenti e salute

Negli ultimi anni, la consapevolezza della perdita della biodiversità vegetale ha evidenziato la necessità di programmi di ricerca di valorizzazione e conservazione delle Risorse Genetiche a rischio di estinzione che allo stesso momento tendessero anche a preservare le conoscenze locali sulle colture. La Campania è tra le regioni italiane quella con la più numerosa e variegata biodiversità. Con il Programma di Sviluppo Regionale 2007-2013, attraverso la misura 214 f.2, la Regione Campania aveva fortemente sostenuto due progetti per le risorse genetiche vegetali (AGRIGENET e SALVE), che hanno consentito, tra l'altro, di caratterizzare e recuperare centinaia di varietà locali. Con il PSR 2014-20, attraverso la misura 10.2, è iniziato un lavoro di ulteriore implementazione delle attività precedenti per la salvaguardia delle risorse genetiche agrarie a rischio di estinzione, e per recuperare, conservare, caratterizzare e valorizzare le risorse genetiche di interesse agrario autoctone di cui il territorio campano è un ricco serbatoio ancora non del tutto noto. Una delle risorse genetiche vegetali di cui è presente sul territorio regionale campano un elevato numero di varietà è rappresentata dai legumi, il cui ruolo nella moderna alimentazione è stato rivalutato con la riconsiderazione della dieta mediterranea, visti gli effetti benefici che possono esercitare sull'organismo un maggiore consumo di frutta e verdura. Negli ultimi anni si è visto, inoltre, che, avendo una buona composizione amidacea, le leguminose possono sostituire i prodotti a base di cereali e di patate (eccetto il pane che richiede glutine, assente nei legumi). Inoltre, grazie ad un abbondante contenuto in proteine, le leguminose riescono a raggiungere-laddove associate ad altri alimenti- livelli di valore biologico tali da far sì che esse potrebbero sostituire quasi completamente gli alimenti di origine animale. Nell'ambito del progetto "AgroBiodiversità Campana: moltiplicazione, conservazione e caratterizzazione di risorse genetiche vegetali erbacee autoctone (ABC) finanziato dalla Regione Campania nell'ambito del Programma di Sviluppo Rurale (P.S.R.) 2014-2020, Tipologia 10.2.1, sono state condotte diverse attività

di ricerca per la caratterizzazione di alcune varietà autoctone presenti in territorio campano e suscettibili di salvaguardia e valorizzazione. Lo studio qui descritto è stato condotto su 1 ecotipo di cicerchia (*Lathyrus sativus* L.) (*Maracuccia/Maracuocciolo*) e 2 ecotipi di fava (*Vicia faba* L.) (*Nocerino sarnese lunga, lunga Sommese*). I tre ecotipi sono stati sottoposti ad analisi, chimico-fisiche, biochimiche e di metabolomica. Dal punto di vista chimico-fisico, i tre ecotipi hanno esibito un contenuto di lipidi <1%, ed un contenuto di amido compreso tra il 27% (cicerchia) e 30% (fava). Per quanto riguarda la composizione dell'amido, la fava *Nocerino-Sarnese* e la cicerchia hanno esibito in media circa il 26% di amiloso, mentre la fava *lunga Sommese* un quantitativo più basso pari al 18%; ciò sarebbe dovuto a parametri genetici, pedoclimatici e di crescita. L'analisi biochimico-metabolomica ha evidenziato che la cicerchia contiene 242 mg di proteine/grammo di prodotto secco, mentre le due varietà di fava hanno un profilo di zuccheri differente soprattutto per il contenuto di saccarosio e, in termini minori, di fruttosio. Dal punto di vista biochimico-nutrizionale, la cicerchia *Marracuccia/Maracuocciolo* ha mostrato una ottima attività antiossidante ( $EC_{50}=1,5$  mg), un elevato tasso di proantocianidine (1.536 mg g<sup>-1</sup> di peso fresco) e circa 1mg GAE (ac. gallico equiv.) g<sup>-1</sup> di tannini leganti il che indicherebbe la presenza di un sapore molto forte. La cicerchia presenta inoltre un potere inibitorio *in vitro* verso l'attività enzimatica lipasica tra i 45 ai 55 mg mL<sup>-1</sup>. I composti bioattivi contenuti in queste cultivar sono quindi in grado di inibire la lipasi pancreatica, rallentando la digestione lipidica e la conseguente liberazione dei lipidi nel sangue, e quindi si candiderebbero pertanto a svolgere un potenziale ruolo anti-obesità. La *fava lunga Nocerino-Sarnese* esibiva un'attività antiossidante pari a 3,79 mg come  $EC_{50}$  g<sup>-1</sup> di peso fresco; la varietà *lunga Sommese* ha mostrato un potere antiossidante meno efficace ( $EC_{50}$  9,99 mg g<sup>-1</sup> di peso fresco) tuttavia, avendo un minor quantitativo di tannini, è risultata avere un sapore più delicato.

## Valutazione d'inibizione in vitro e seed coating con estratti naturali e di *Trichoderma spp.* nei confronti di *Fusarium oxysporum* in Fagiolo di Sarconi IGP

Bevilacqua V.<sup>1\*</sup>, Logozzo G.<sup>1</sup>, Gioia T.<sup>1</sup>, Marzario S.<sup>1</sup>, Sica R.<sup>1</sup>, Papa R.<sup>2</sup>, Nuzzaci M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari ed Ambientali, Università della Basilicata, Viale dell'Ateneo lucano 10, 85100 Potenza

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università Politecnica delle Marche, via Brecce Bianche, Ancona

\*Autore corrispondente: vincenzogiovann1984@libero.it

Parole chiave: Fagiolo di Sarconi IGP, seed coating, *Trichoderma spp.*, *Fusarium oxysporum*

La presenza dei patogeni sul o nel seme determina perdite notevoli di quantità e qualità delle produzioni senza tralasciare i costi da sostenere per la difesa delle produzioni e gli effetti negativi sulla salute dell'ambiente e dei consumatori. La concia delle sementi con adatti fungicidi ha lo scopo di salvaguardare il valore del seme a beneficio della produttività e della qualità del raccolto riducendo l'utilizzo di agrofarmaci. Tuttavia pochi sono gli agrofarmaci consentiti all'utilizzo in agricoltura biologica e quindi l'interesse è sempre più rivolto a metodi alternativi quali l'impiego di microrganismi antagonisti benefici e sostanze naturali, che va nella direzione dell'eco-sostenibilità ambientale e della sicurezza alimentare. In Basilicata, la diversità del territorio e l'azione delle comunità rurali hanno sviluppato popolazioni locali di diverse specie ortive tra cui il fagiolo. Nell'areale della Val d'Agri (PZ), in particolare la coltivazione dei fagioli è documentata con certezza già a partire dal 1811 e nel 1996 alcuni ecotipi, ad habitus determinato ed indeterminato, hanno ottenuto il marchio Indicazione Geografica Protetta (IGP) "Fagiolo di Sarconi". Questi ecotipi, hanno una diversa suscettibilità a patogeni *seed borne*. In particolare la tracheofusariosi causata dall'agente eziologico *Fusarium oxysporum* è una delle principali minacce del fagiolo provocando gravi perdite economiche. In questo studio si riportano i primi risultati di una delle attività previste nel progetto "PHAS.G.RE.EN. (PHASeolus Genetic REsources

ENhanced) – Conservazione e Uso Sostenibile di Risorse Genetiche di Fagiolo (*Phaseolus vulgaris* L.) Lucano" del PSR (Programma di Sviluppo Rurale) 2014-2020 della Regione Basilicata: l'analisi della sanità del seme di fagiolo in rapporto alla trasmissione di malattie per uno *screening* sanitario della semente e per la messa a punto di un protocollo per la concia del seme in regime biologico. L'attività ha previsto la valutazione in vitro: 1) dell'attività antagonista di due funghi autoctoni, *Trichoderma viridae* e *Trichoderma harzianum* e di sostanze naturali nei confronti di *F. oxysporum*; 2) concia del seme di due ecotipi di "Fagioli di Sarconi" IGP con *Trichoderma spp.* e sostanze naturali ad attività elicitoria e antiossidante e valutazione dell'attività inibitoria nei confronti di *F. oxysporum*. I risultati ottenuti hanno mostrato come i microrganismi benefici e le sostanze naturali impiegate, costituiscono degli ottimi candidati per lo sviluppo di prodotti "eco-friendly", da utilizzare in agricoltura biologica per la protezione del seme e delle prime fasi vegetative da stress biotici e abiotici.

### Bibliografia

Bevilacqua et al. 2020. *Sciforum:1° International Electronic Conference on Plant Science*.

Sarrocco et al. 2004. *Seed Science and Technology*, 32, 649-661.

Kthiri et al. 2020. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 30,139.

## Caratterizzazione agronomica di varietà genetiche locali di fagiolo del Vallo di Diano (SA). Primi risultati

De Falco E.<sup>1\*</sup>, Pepe R.<sup>2</sup>, Caputo M.<sup>2</sup>, Lupo F.<sup>1</sup>, Cardiello C.<sup>1</sup>, Vitti A.<sup>1</sup>, Vairo F.<sup>2</sup>, Zaccardelli M.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Università di Salerno, Dipartimento di Farmacia, Via Giovanni Paolo II, 132, 84084 Fisciano (SA)

<sup>2</sup>Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria, Centro di Ricerca Orticoltura e Florovivaismo, Via Cavallegeri, 25, 84098, Pontecagnano Faiano (SA)

\*Autore corrispondente: edefalco@unisa.it

Parole chiave: *Phaseolus vulgaris* L., Vallo di Diano, accrescimento, progetto ABC (AgroBiodiversità Campana)

Il territorio del Vallo di Diano è un'ampia e fertile conca pianeggiante, con altitudine media di 450 m s.l.m., che occupa la porzione a sud della provincia di Salerno, a confine con la Basilicata. Questo territorio, riveste una posizione strategica tra le valli e i distretti montani confinanti (area cilentana, Massiccio degli Alburni, Monti della Maddalena, Val d'Agri, Piana del Sele) che, nei secoli, hanno dato vita a una economia integrata, grazie alle strade di comunicazione e alle numerose e importanti fiere che nel passato rappresentavano una occasione di affari per i produttori e i consumatori (fiera di S. Pietro a Polla, fiera di San Bruno a Padula, fiera di San Michele a Sala Consilina, fiera di San Francesco ad Atena Lucana). Questa realtà ha portato alla differenziazione nei secoli di un grandissimo patrimonio di agrobiodiversità che è ancora disponibile tra le comunità agricole del territorio, particolarmente per alcune specie che hanno trovato nelle caratteristiche pedoclimatiche del Vallo di Diano le condizioni ottimali per il consolidamento della coltivazione. Tra queste, sicuramente una posizione di rilievo è occupata dal fagiolo. La presente ricerca riporta i primi risultati della sperimentazione condotta nella primavera-estate del 2020 nell'ambito del progetto ABC (PSR 2014-2020 della Regione Campania). Le attività hanno riguardato la caratterizzazione agronomica *in situ* di 11 RGV (Risorse Genetiche Vegetali) di fagiolo, di cui 4 a sviluppo determinato e 7 a sviluppo indeterminato, che sono state coltivate in due differenti località del Vallo di Diano: Sala Consilina (447 m s.l.m.) e Casalbuono (568 m s.l.m.), rispettando le consuetudini del posto per quanto riguarda l'epoca di semina che è stata effettuata, rispettivamente, il 10/6 e il 14/5. In entrambe le località la prova ha previsto 3 ripetizioni. Le RGV a sviluppo indeterminato sono state allevate su sostegno rappresentato da pali di castagno e rete. In media, l'inizio della fioritura è stato registrato nell'ultima decade di luglio e nella seconda decade di agosto a Sala Consilina, rispettivamente per i fagioli a sviluppo determinato e indeterminato. A Casalbuono l'inizio della fioritura è stato registrato nella prima decade e seconda decade di luglio, rispettivamente per i fagioli a sviluppo determinato e indeterminato. L'andamento meteorologico del periodo di prova, rilevato mediante

la rete delle stazioni della Protezione Civile, ha messo in evidenza, in entrambi gli ambienti, temperature molto elevate con valori massimi al di sopra di 30 °C per gran parte del periodo estivo, fino alla prima decade di settembre, seguite da repentini abbassamenti di temperatura. Tali condizioni meteorologiche sono risultate, in genere, poco favorevoli alla coltivazione del fagiolo in quanto le fasi di fioritura, allegagione e inizio riempimento dei baccelli si sono verificati in corrispondenza di temperature molto elevate. In media la ETC, calcolata fino all'inizio della maturazione cerosa mediante la formula di Hargreaves, tenendo conto della radiazione solare, delle temperature minime, medie e massime verificatesi durante il ciclo colturale, per i fagioli a sviluppo determinato è risultata pari a circa il 60% di quella calcolata per i fagioli a sviluppo indeterminato. Il peso dei baccelli pieni per pianta è risultato variabile tra le RGV, indipendentemente se a sviluppo determinato o indeterminato. Nella media i risultati sono risultati superiori nella località di Casalbuono, probabilmente anche in relazione alla semina più tardiva effettuata a Sala Consilina dove la fase riproduttiva ha risentito maggiormente delle temperature molto elevate. In entrambe le località per alcune RGV, sia a sviluppo determinato sia indeterminato, sono stati registrati valori di produzione molto più elevati rispetto alle altre (Ptilieddu, San Pasquale). Tali risultati andranno verificati ripetendo la sperimentazione. Tuttavia, i risultati ottenuti, seppure riferiti a un solo anno, evidenziano l'importanza del confronto *in situ* delle RGV disponibili, anche per mettere in evidenza la differente risposta agli andamenti meteorologici e il possibile adattamento ai cambiamenti climatici. Tale situazione costringe, inoltre, a rivedere alcune tecniche di coltivazione consolidate che si rivelano poco idonee a rispondere in modo efficiente ai mutamenti in atto e in particolare ai forti sbalzi termici che si verificano frequentemente, e possono danneggiare in modo importante la capacità produttiva delle colture primaverili-estive come il fagiolo. Tra le tecniche colturali meritevoli di maggiore approfondimento per il fagiolo, sulla base dei risultati della sperimentazione, appaiono l'epoca di semina e il sistema di allevamento, abbinati, ovviamente, al comportamento varietale.

## Valutazione della resa in seme e in olio di nuove costituzioni di *Nicotiana tabacum* L.

del Piano L.<sup>1\*</sup>, Raimo F.<sup>1</sup>, Sicignano M.<sup>1</sup>, Modestia F.<sup>2</sup>, Scognamiglio G.<sup>1</sup>, Enotrio T.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria-Centro di ricerca Cerealicoltura e Colture Industriali (CREA-CI), Laboratorio di Caserta. Via Torrino, 2 - 81100, Caserta

<sup>2</sup>ENEA C.R. Casaccia Istituto di Radioprotezione ((IRP), Laboratorio Integrato monitoraggio e misure della radioattività (MIR), Via Anguillarese, 301 00123 Roma

\*Autore corrispondente: [luisa.delpiano@crea.gov.it](mailto:luisa.delpiano@crea.gov.it)

Parole chiave: tabacco, olio da seme di tabacco, biodiversità, valorizzazione

Nella prima metà del secolo scorso, sia in Italia che all'estero, i semi di tabacco (*Nicotiana tabacum* L.), sottoprodotto della coltivazione del tabacco da foglia, venivano impiegati per l'estrazione di olio, utilizzato per la produzione di saponi, vernici, lubrificanti, o come combustibile. Negli ultimi anni, nell'ambito della ricerca di nuove fonti di energia rinnovabile, è stata rivalutata la possibilità di impiego del tabacco, coltura non alimentare, come fonte di olio vegetale per diversi usi industriali. Ai fini della valorizzazione del tabacco, per un uso alternativo al prodotto da fumo, sono state costituite linee diaploidi ed ibridi F1 con elevata produzione in seme a partire da genotipi, precedentemente caratterizzati, presenti nella collezione di accessioni di *N. tabacum* L., custodita presso il CREA-CI, laboratorio di Caserta. Negli anni 2017 e 2019 presso un'azienda agricola ubicata nel comune di Francolise (CE), sono state valutate, per la produzione in seme e olio, le costituzioni CAT-SL19, CAT-SL20, L121 confrontate con CAT-SL12, CAT-SL13, CAT-V1, linee di tabacco ad elevata produzione in seme, precedentemente saggiate nella stessa località utilizzando due densità di investimento, 40.000 e 60.000 piante per ettaro. Nel 2019 sono state valutate anche le linee DHSL19A7, DHT1107A2. È stato adottato un disegno sperimentale a blocco randomizzato con 3 ripetizioni. Sono state effettuate due raccolte di pannocchie. Le piante sono state allevate adottando le pratiche agronomiche e la difesa fitosanitaria, ordinarie per la coltura. A circa 45 giorni dalla fioritura è stata effettuata la recisione delle infruttescenze principali e dopo circa 50 giorni dalla prima raccolta, sono state recise le infruttescenze secondarie. Su ciascun campione di seme è stato determinato il contenuto in olio mediante estrazione con solvente. Per quanto riguarda la produzione di seme per pianta con due

raccolte, alla densità di investimento di 40.000 piante ha<sup>-1</sup>, è stata ottenuta una resa totale per le diverse linee compresa tra 1,3 e 3,6 t ha<sup>-1</sup> nel 2017; 1,7 e 2,9 t ha<sup>-1</sup> nel 2019. Alla densità di 60.000 piante ha<sup>-1</sup>, la produzione totale è risultata variare tra 1,8 t ha<sup>-1</sup> e 4,1 t ha<sup>-1</sup> nel 2017 e 1,8 t ha<sup>-1</sup> e 3,4 t ha<sup>-1</sup> nel 2019. Dall'analisi statistica dei dati, è risultato un effetto della densità di investimento e della linea. Non è stato osservato un effetto significativo dell'interazione densità-linea. Valori medi di produzione in seme più elevati sono stati ottenuti alla densità di 60.000 piante ha<sup>-1</sup> rispetto a 40.000, rispettivamente 3,1 e 2,7 t ha<sup>-1</sup> nel 2017 e 2,7 e 2,4 t ha<sup>-1</sup> nel 2019. Nel 2017 i maggiori valori medi, statisticamente significativi, della produzione di seme sono risultati pari a 3,8 t ha<sup>-1</sup>, per CAT-SL12 e CAT-SL13, precedentemente valutate. Tra le nuove linee allo studio, la più produttiva è risultata SL19 con valore medio di 3,3 t ha<sup>-1</sup>. Nel 2019 i maggiori valori medi di produzione in seme sono risultati pari a 3,2 t ha<sup>-1</sup> per la nuova linea in valutazione DHT1107A2, statisticamente non differenti da quelli ottenuti da CAT-SL12 e CAT-SL13, ma superiori a quelli di CAT-V1, pari a 2,4 t ha<sup>-1</sup>. Il contenuto in olio dei semi della prima raccolta ha evidenziato valori compresi tra 38 e 40% s.s nel 2017; 40 e 42% s.s. nel 2019. Per entrambi gli anni di prove, l'analisi statistica ha evidenziato un effetto della linea; nessun effetto per la densità di investimento. Il contenuto in olio dei semi della seconda raccolta ha raggiunto un valore di circa il 40% nel 2017 e tra 38 - 42% s.s. nel 2019. Sia per il 2017 che per il 2019, l'analisi statistica non ha evidenziato alcun effetto riguardo alla densità di investimento. Nel 2017, le differenze significative sono emerse tra le linee esaminate. Nel 2019 il valore medio maggiore è stato registrato per DHSL19A7, minore per CAT-SL13.

## Fenotipizzazione di risorse genetiche di fagiolo (*Phaseolus vulgaris* L.) nell'areale del "Fagiolo di Sarconi IGP"

Marzario S.<sup>1\*</sup>, Latorraca A.<sup>1</sup>, Sica R.<sup>1</sup>, Galante M.A.<sup>1</sup>, Nuzzaci M.<sup>1</sup>, Piergiovanni A.R.<sup>2</sup>, Papa R.<sup>3</sup>, Logozzo G.<sup>1</sup>, Gioia T.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari ed Ambientali, Università della Basilicata, Viale dell'Ateneo Lucano 10 – 85100 Potenza

<sup>2</sup>Istituto di Bioscienze e Biorisorse, Via G. Amendola 165/a, I - 70126 Bari

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università Politecnica delle Marche, Via Brecce Bianche 2-8, 60121 Ancona

\*Autore corrispondente: [stefy.85s@libero.it](mailto:stefy.85s@libero.it)

Parole chiave: fagiolo, ecotipi, diversità genetica, caratteri morfologici, conservazione

La diminuzione della biodiversità rappresenta una problematica che interessa sia le specie spontanee che quelle coltivate e la tutela dell'agro-biodiversità è importante per garantire il rinnovo varietale e la produttività agricola, nonché per favorire uno sviluppo agricolo sostenibile. L'attuazione di un monitoraggio costante delle risorse genetiche conservate sia *ex situ* che *in situ* permette di identificare ecotipi coltivati e popolazioni naturali di risorse vegetali geneticamente stabili in particolari ambienti. Queste risorse, opportunamente caratterizzate, possono rappresentare la base di partenza per un miglioramento genetico di tipo partecipativo finalizzato alla produzione di varietà ecocompatibili di pregio, migliorate direttamente negli ambienti di coltivazione e con una certa eterogeneità al loro interno in modo da garantire una stabilità di produzione. Il presente lavoro è stato realizzato nell'ambito del progetto "PHAS.G.RE.EN. (PHASeolus Genetic REsources ENhanced) – Conservazione e Uso Sostenibile di Risorse Genetiche di Fagiolo (*Phaseolus vulgaris* L.) Lucano" del PSR (Programma di Sviluppo Rurale) 2014-2020

della Regione Basilicata con gli obiettivi generali dell'individuazione, caratterizzazione e conservazione delle risorse genetiche di fagiolo nel territorio lucano della Val d'Agri, la cui valorizzazione ne consenta una utilizzazione sostenibile. Sono state valutate morfologicamente 276 accessioni di fagiolo collezionate sul territorio lucano e comprendenti anche gli ecotipi del "Fagiolo di Sarconi IGP". Tutte le accessioni sono state allevate secondo un approccio multi-campo (tre località: Villa d'Agri di Marsicovetere-PZ, Paterno-PZ e Sarconi-PZ) per due anni (2018 e 2019) e con uno schema a blocchi randomizzati con tre repliche per accessione. Durante il ciclo culturale ed in post raccolta sono stati rilevati 16 caratteri morfologici (11 caratteri quantitativi e 5 caratteri qualitativi) della pianta e dei fattori della produzione secondo i descrittori IPGRI e UPOV per il fagiolo. I risultati qui presentati sono discussi sulla base della necessità di azioni adeguate volte alla conservazione di questo germoplasma, che costituisce una risorsa preziosa per promuovere la valorizzazione delle produzioni tipiche nel quadro di uno sviluppo rurale sostenibile.

## Ottenimento di semi sani e moltiplicazione di ecotipi lucani di Fagiolo: Rosso Scritto del Pantano, Maruchedda e Munachedda

Battaglia V.<sup>1\*</sup>, Cermola M.<sup>1</sup>, Raimo F.<sup>1</sup>, Fanigliulo A.<sup>2</sup>, Crescenzi A.<sup>3</sup>, Lahoz E.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>CREA - Centro cerealicoltura e colture industriali, Via Torrino 3; 81100 Caserta

<sup>2</sup>Bioagritest Srl Centro Interregionale di Diagnosi Vegetale, Zona PIP Lotto E2; 85010 Pignola (PZ)

<sup>3</sup>Università della Basilicata, Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari ed Ambientali (SAFE), Viale dell'Ateneo Lucano 10; 85100 Potenza

\*Autore corrispondente: [valerio.battaglia@crea.gov.it](mailto:valerio.battaglia@crea.gov.it)

Parole chiave: ecotipo, fagiolo, malattie trasmissibili per seme, moltiplicazione della semente

La conservazione della biodiversità passa dalla produzione di seme o altro materiale di moltiplicazione/riproduzione. Nel caso delle piante arboree è ben noto che il materiale vegetale può portare con sé patogeni derivati dalla pianta madre e necessitano di tecniche di risanamento affinché si possa evitare la diffusione di patogeni. La stessa problematica si riscontra nella conservazione di semi di materiale vegetale, pertanto per evitare che le collezioni di germoplasma diventino anche "collezioni di patogeni" risulta necessaria una valutazione preventiva dello stato fitosanitario della semente e, nell'eventualità, applicare tecniche di risanamento parallelamente alla caratterizzazione biologica e molecolare. Nell'ambito del Progetto PURUS - C.U.P. G21G18000240009 (PSR Basilicata 2014-2020) sul recupero e conservazione di tre ecotipi locali di fagiolo: Rosso Scritto del Pantano (RSP), Munachedda (MUN) e Maruchedda (MAR) una parte del lavoro ha dapprima valutato lo stato fitosanitario del seme raccolto in partenza presso gli agricoltori attraverso il riconoscimento e la valutazione della carica degli agenti patogeni presenti. È stato, quindi, messo a punto un semplice protocollo per riportare entro limiti accettabili la carica di patogeni trasmessi per seme. L'attività è stata articolata in tre anni. Nel corso del primo anno si è proceduto alla verifica degli agenti di malattia presenti (funghi, batteri e virus) nei tre lotti di seme attraverso analisi di laboratorio. L'analisi dei funghi ha previsto la posa dei semi di ciascun ecotipo e di porzioni dell'embrione su terreno di coltura selettivo. Per i batteri, l'acqua di lavaggio dei semi è stata piastrata su terreno agarizzato ed è stata, anche, impiegata per l'indagine attraverso saggio immuno-enzimatico (ELISA). Inoltre, dai semi privati del tegumento esterno, è stato estratto il DNA e procedere con analisi molecolare (RT-PCR) al fine di verificare infezioni batteriche. Infine, per

verificare la presenza di virus sono state condotte indagini attraverso saggio immuno-enzimatico (ELISA) da succo cellulare proveniente dalla seconda foglia vera delle plantule preventivamente allevate in condizioni controllate. Le piante di ciascun ecotipo risultate sane dopo le determinazioni di laboratorio, sono state trasferite e coltivate in ambiente controllato (*screenhouse*). La semente, ottenuta al termine del primo anno di coltivazione in ambiente controllato, è stata impiegata per allestire un campo di moltiplicazione, per singolo ecotipo, in areali di coltivazione con microclima sfavorevole ai fitofagi vettori ed in isolamento rispetto a fagiolo e a colture suscettibili ai patogeni oggetto del presente lavoro. Tale schema è stato ripetuto per due annualità successive. Sono state, inoltre, monitorate le popolazioni afidiche e predisposti opportuni interventi fitoiatrici. La semente ottenuta è stata oggetto di valutazione fitosanitaria anche *a posteriori*, con saggi diagnostici, al fine di verificare la completa sanità del materiale ottenuto. Dalle analisi condotte è emerso che il materiale vegetale di partenza presentava circa il 30% di semi infetti essenzialmente da patogeni ad eziologia virale (*Bean common mosaic virus* -BCMV, *Cucumber mosaic virus* -CMV), per ogni ecotipo di fagiolo e, al termine del lavoro di selezione, in due anni di attività, il livello di infezione è stato ridotto a circa l'1%. Come è noto l'assenza in campo di piante infette (provenienti da seme infetto) riduce drasticamente la possibilità di diffusione delle malattie. Seguendo il protocollo di recupero sopra descritto, è ora possibile fornire agli agricoltori semi sani. Seminare semi sani è un fattore essenziale per ottenere una buona resa e qualità soprattutto quando per la coltivazione si utilizzano ecotipi locali, evitando che le collezioni di germoplasma diventino anche collezioni di patogeni.

## Indagine sull'andamento della maturazione delle capsule di *Nicotiana tabacum* L.

del Piano L.<sup>1\*</sup>, Raimo F.<sup>1</sup>, Sicignano M.<sup>1</sup>, Modestia F.<sup>2</sup>, Scognamiglio G.<sup>1</sup>, Enotrio T.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria-Centro di ricerca Cerealicoltura e Colture Industriali (CREA-CI), Laboratorio di Caserta, Via Torrino, 2 - 81100, Caserta

<sup>2</sup>ENEA C.R. Casaccia Istituto di Radioprotezione ((IRP), Laboratorio Integrato monitoraggio e misure della radioattività (MIR), Via Anguillarese, 301 00123 Roma,

\*Autore corrispondente: [luisa.del.piano@crea.gov.it](mailto:luisa.del.piano@crea.gov.it)

Parole chiave: olio da seme di tabacco, maturazione, biodiversità, valorizzazione

Negli ultimi anni, nell'ambito della ricerca di nuove fonti di energia rinnovabile, è stata rivalutata la possibilità di impiego del tabacco (*Nicotiana tabacum* L.), coltura non alimentare, come fonte di olio vegetale per diversi usi industriali. Ai fini della valorizzazione del tabacco, per un uso alternativo al prodotto da fumo, è stata condotta un'indagine su linee di tabacco con elevata produzione in seme per ottimizzare l'epoca di raccolta ai fini della resa in seme ed olio. Presso il campo sperimentale dell'ex CRA-CAT di Scafati, è stata allestita una prova utilizzando due genotipi di tabacco, allevati ad una densità di investimento di 60.000 piante ha<sup>-1</sup> adottando un disegno sperimentale a blocco randomizzato con tre ripetizioni. Le piante sono state allevate adottando le pratiche agronomiche e la difesa fitosanitaria ordinarie per la coltura. Alla fioritura, sono state individuate e numerate 50 piante che presentavano l'infiorescenza con un numero di fiori aperti compreso tra 3 e 5. Dopo dieci giorni dalla data di fioritura, sono state tagliate le infruttescenze principali di dieci piante, scelte a caso tra le 50 contrassegnate. Tale operazione è stata ripetuta, con cadenza settimanale, per un totale di cinque rilievi (T1, T2, T3, T4, T5). Per ciascun rilievo, dalle infruttescenze di cinque piante sono stati separati i fiori, le capsule verdi (CAV), le capsule parzialmente mature (CAP) e le capsule mature (CAM) al fine di valutare la distribuzione percentuale dei tre stadi di maturazione delle capsule della pannocchia. Le infruttescenze delle altre cinque piante sono state messe ad essiccare all'aria per favorire un eventuale ulteriore avanzamento della maturazione delle capsule. A partire dal rilievo T3 e per ciascun rilievo, 50 giorni dopo il taglio dell'infruttescenza principale, sono state raccolte le infruttescenze secondarie per effettuare rilievi (RT3, RT4, RT5) secondo le stesse

procedure adottate per l'infruttescenza principale. Per ciascuna varietà non sono stati osservate differenze tra valori medi di produzione di seme per pianta, statisticamente significativi, tra i tempi di raccolta T4 e T5. Per ciascuna varietà non sono state evidenziate differenze, statisticamente significative, tra i valori medi di produzione di seme per pianta, tra i tempi di raccolta delle infruttescenze secondarie. Con riferimento all'epoca di raccolta T4, la produzione di seme per pianta è stata, per la prima raccolta, di circa 30 g per Cat-V1 e 19 g per Cat-V2, e per la seconda raccolta di circa 20 g per Cat-V1 e 16 g per CAT-V2. È stato analizzato l'andamento del contenuto in olio dei semi delle capsule della pannocchia per ciascun tempo di raccolta, per ciascuna varietà. I valori medi del contenuto di olio dei semi delle capsule, superiori al 40%, dell'epoca di raccolta T4 e T5 non hanno mostrato differenze statisticamente significative. L'andamento del contenuto in olio in dipendenza dall'epoca di raccolta è risultato simile per le due varietà. Sono stati valutati gli effetti della varietà e dell'epoca di recisione dell'infruttescenza principale sul contenuto in olio dei semi della seconda raccolta. Per quanto riguarda la varietà sono stati osservati valori medi di contenuto in olio dei semi simili per CAT-V1 (42,0%) e CAT-V2 (41,7%). Per quanto riguarda l'effetto dell'epoca di recisione dell'infruttescenza principale sul contenuto in olio dei semi della seconda raccolta, sono stati evidenziati valori medi leggermente maggiori del contenuto di olio dei semi per i tempo RT5, rispetto a RT4 e RT3 che comunque superano il 40% di contenuto in olio dei semi. I valori medi registrati per la varietà CAT-V1 non ha evidenziato differenze statisticamente significative tra il contenuto in olio dei semi tra i tempi di raccolta di infruttescenze secondarie.



## Valutazione agronomica di linee di tabacco selezionate per elevata resa in seme in due ambienti della regione Campania

Raimo F.<sup>1</sup>, Sicignano M.<sup>1</sup>, Modestia F.<sup>2</sup>, Scognamiglio G.<sup>1</sup>, Enotrio T.<sup>1</sup>, del Piano L.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria-Centro di ricerca Cerealicoltura e Colture Industriali (CREA-CI), Laboratorio di Caserta, Via Torrino, 2 - 81100, Caserta

<sup>2</sup>ENEA C.R. Casaccia Istituto di Radioprotezione (IRP), Laboratorio Integrato monitoraggio e misure della radioattività (MIR), Via Anguillarese, 301 00123 Roma

\*Autore corrispondente: [luisa.delpiano@crea.gov.it](mailto:luisa.delpiano@crea.gov.it)

Parole chiave: olio da seme di tabacco, biomassa, biodiversità, valorizzazione

Il seme del tabacco ha un elevato contenuto in olio, generalmente variabile dal 30 al 40% di s.s. Nella prima metà del secolo scorso, sia in Italia che all'estero, principalmente in alcuni paesi dell'Europa orientale ed in India, i semi di tabacco, sottoprodotto della coltivazione del tabacco da foglia, venivano impiegati per l'estrazione di olio ed utilizzato per la produzione di saponi, vernici, lubrificanti o combustibile. Studi recenti hanno mostrato che l'olio da semi di tabacco può essere utilizzato per la produzione di biodiesel di alta qualità e di resine alchidiche che non ingialliscono. Inoltre, il residuo di estrazione dell'olio (panello proteico) può essere utilizzato per l'alimentazione animale, essendo ricco di proteine e fibre ma privo di alcaloidi e la considerevole biomassa della pianta per la produzione di energia. Sulla base di queste premesse, al fine di un uso della coltura alternativo alla produzione di prodotti da fumo, nel 2014 è stata condotta una valutazione della produzione in seme e biomassa di due linee di tabacco (CAT-V1 e CAT-V2) selezionate per elevata resa in seme in due ambienti della regione Campania. Sono stati allestiti due campi, uno in provincia di Caserta (CE) e l'altro in provincia di Benevento (BN), con un disegno sperimentale a blocchi randomizzati con tre repliche ad una densità di investimento di 60.000 piante/ha. Sono state effettuate due raccolte: le infruttescenze principali e dopo circa 50 giorni le secondarie. Per la produzione totale di seme, dall'analisi statistica dei dati è stato evidenziato un effetto della località sulla produzione, con valori maggiori a CE rispetto a BN, pari rispettivamente a 1,95 e 1,19 t ha<sup>-1</sup>. Per quanto riguarda il comportamento delle due varietà, sono stati osservati valori medi di produzione in seme più elevati, statisticamente significativi, per CAT-V1 rispetto a CAT-V2 pari a 1,7 e 1,5 t ha<sup>-1</sup>. Per quanto concerne il contenuto in olio dei semi, l'analisi statistica dei dati ha evidenziato un effetto della località e della raccolta sul contenuto in olio dei semi, in particolare nella località CE si è osservato un valore medio di 42,6% s.s rispetto a 39,1 di BN e per la prima raccolta è stato registrato un valore medio di 41,9% s.s. contro 39,9 della seconda. È stata

evidenziata un'interazione località-raccolta con valori medi di contenuto in olio della seconda raccolta rispetto alla prima, minori solo a BN. Per quanto riguarda il contenuto di azoto totale dei semi, sono stati rilevati valori medi compresi tra 3,8 e 4,2% di sostanza secca. L'analisi statistica ha evidenziato effetti significativi della località, della varietà e della raccolta, con valori maggiori a CE rispetto a BN, di CAT-V1 rispetto a CAT-V2 e della prima rispetto alla seconda raccolta. Per quanto riguarda le produzioni di biomassa essiccata di foglie, l'analisi statistica ha evidenziato effetti significativi della località, della varietà e della raccolta con valori di produzione maggiori a BN rispetto a CE, pari a 2,9 e 2,6 t ha<sup>-1</sup>, della varietà CAT-V1, rispetto alla CAT-V2, pari a 3,2 e 2,3 t ha<sup>-1</sup>, e della prima raccolta rispetto alla seconda pari a 3,4 e 2,1 t ha<sup>-1</sup>. È stato evidenziato un effetto significativo dell'interazione località-varietà con valori maggiori della varietà CAT-V1 sia a BN che a CE rispetto a CAT-V2, che non ha mostrato differenze tra le due località. Per quanto riguarda le produzioni di biomassa di fusti essiccati, l'analisi statistica ha evidenziato effetti significativi della località con valori medi maggiori a CE rispetto a BN, pari a 5,0 e 2,9 t ha<sup>-1</sup>. Non sono state osservate differenze significative tra i valori medi di produzione di fusto tra le varietà e tra la prima e della seconda raccolta. È stata evidenziata un'interazione località-varietà. Per quanto riguarda le produzioni di biomassa in peso secco dei germogli ascellari, sono stati osservati valori di produzione maggiori a CE rispetto a BN, pari a 1,7 e 1,1 t ha<sup>-1</sup>, della varietà CAT-V2, rispetto alla CAT-V1, pari a 1,7 e 1,2 t ha<sup>-1</sup>, e della seconda raccolta rispetto alla prima, pari rispettivamente a 2,0 e 0,8 t ha<sup>-1</sup>. È stata anche valutata la produzione in biomassa degli scarti di lavorazione del processo di sgranatura del seme. L'analisi statistica ha evidenziato un effetto sulla produzione di scarti di lavorazione della sgranatura del seme della località, con valori più elevati a CE rispetto a BN, pari a 1,2 t ha<sup>-1</sup> e 0,73 t ha<sup>-1</sup>, e dell'interazione località-raccolta, con valori più elevati per prima raccolta a BN e per la seconda a CE.

## Contenuto in olio e sua composizione in acidi grassi di seme di linee di tabacco selezionate per elevata resa in seme

Sicignano M.<sup>1</sup>, Raimo F.<sup>1</sup>, Modestia F.<sup>2</sup>, Baiano S.<sup>1</sup>, Scognamiglio G.<sup>1</sup>, Enotrio T.<sup>1</sup>, del Piano L.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria-Centro di ricerca Cerealicoltura e Colture Industriali (CREA-CI), Laboratorio di Caserta, Via Torrino, 2 - 81100, Caserta

<sup>2</sup>ENEA C.R. Casaccia Istituto di Radioprotezione ((IRP), Laboratorio Integrato monitoraggio e misure della radioattività (MIR), Via Anguillarese, 301 00123 Roma

\*Autore corrispondente: [luisa.delpiano@crea.gov.it](mailto:luisa.delpiano@crea.gov.it)

Parole chiave: olio da seme di tabacco, acidi grassi, biomassa, biodiversità, valorizzazione

Il tabacco (*Nicotiana tabacum* L.), è una specie del genere *Nicotiana* appartenente alla famiglia delle Solanaceae, occupa un ruolo significativo nelle economie di molti Paesi, dove viene notoriamente coltivata per la produzione di prodotti da fumo. Poco noto, invece, è l'impiego dell'olio contenuto nel seme, generalmente variabile dal 30 al 40% di s.s., ricco di azoto e privo di nicotina. Negli ultimi anni, l'attenzione verso le fonti di energia rinnovabile per ridurre l'impatto ambientale, ha rivalutato la possibilità di impiego del tabacco, coltura non alimentare, come fonte di olio vegetale da utilizzare in diversi settori industriali. Nella valutazione economica della produzione di olio da tabacco, bisogna anche tener conto del possibile utilizzo del residuo di estrazione (panello proteico) per l'alimentazione animale e dei residui culturali che potrebbero essere utilizzati non solo come biomassa, ma anche come materiale lignocellulosico nell'industria della carta. Sulla base di queste premesse, al fine di considerare usi alternativi alla produzione di prodotti da fumo, è stata valutata la resa in olio e la sua composizione in acidi grassi di linee di tabacco, caratterizzate per la produzione in seme e biomassa. Nel biennio 2015-2016, presso un'azienda agricola sita in Francolise (CE), sono state allevate, linee diaploidi ed ibridi F1, CAT-ER21, CAT-SL12, CAT-SL13, CAT-DS48, CAT-DHSL8C2 e CAT-E8A, confrontate con un testimone, CAT-V1, linea di tabacco ad elevata produzione in seme, precedentemente saggiata, nella stessa località. È stato adottato un disegno sperimentale a blocco randomizzato con 3 ripetizioni e una densità di

investimento teorico di 60.000 piante per ettaro, coltivate con pratiche agronomiche e difesa fitosanitaria ordinariamente impiegate. A circa 40 giorni dalla fioritura è stata effettuata la prima raccolta delle infruttescenze, e dopo circa 50 giorni la seconda. Sono stati effettuati rilievi ponderali relativi alla produzione di biomassa areica (foglie, fusti e germogli erbacei) in corrispondenza della prima e della seconda raccolta delle infruttescenze e successivamente determinata la produzione totale di biomassa secca. Tra le linee, CAT-SL12 e CAT-SL13, sono risultate le più produttive con una resa in seme di circa 3,5 t ha<sup>-1</sup> ed una produzione di biomassa totale secca rispettivamente di circa 7 e 9 t ha<sup>-1</sup>. Campioni di seme, per ciascuna tesi, sono stati analizzati per il contenuto in olio. L'analisi statistica ha evidenziato un effetto dell'annualità e della raccolta sul contenuto in olio del seme, in particolare nell'anno 2016 è stato determinato un valore medio di 40,9% s.s., rispetto a 38,3% s.s. del 2015, mentre per l'epoca di raccolta, nella prima è stato registrato un valore medio del 40,0% s.s. contro 39,2% della seconda. Inoltre, emerge un effetto della linea sul contenuto in olio con valori più elevati, statisticamente significativi per SL12 pari a 42,2%. L'olio estratto dai diversi campioni di seme, è stato analizzato per la composizione in acidi grassi mediante gas-cromatografo con rivelatore di massa. I principali acidi grassi rilevati sono stati il linoleico (valore medio 68,8%), l'oleico (14,8%), il palmitico (10,8%), lo stearico (3,5%) e l'acido linolenico (0,9%).

# Bio div ers ità vegetale

## cereali



## Diversità genomica di varietà locali di frumento duro e tenero

Mangini G.<sup>1,2</sup>, Margiotta B.<sup>1</sup>, Blanco A.<sup>2</sup>, Simeone R.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Istituto di Bioscienze e BioRisorse, Consiglio Nazionale delle Ricerche (IBBR-CNR), Via G. Amendola, 165/A, 70126, Bari

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze del Suolo della Pianta e degli Alimenti (DiSSPA), Università di Bari Aldo Moro, Via G. Amendola, 165/A 70126, Bari

\*Autore corrispondente: [giacomo.mangini@ibbr.cnr.it](mailto:giacomo.mangini@ibbr.cnr.it)

Parole chiave: frumento, varietà locali, diversità genomica, struttura genetica, marcatori SNP

All'inizio del XX secolo, la coltivazione dei frumenti si basava sull'uso di varietà locali (*landraces*) ben adattate all'ambiente di coltivazione. La *Green Revolution* ha determinato la completa sostituzione di tali varietà con moderne cultivar a taglia ridotta e altamente produttive, causando quindi una diminuzione della diversità genetica e potenzialmente la capacità di adattamento dei frumenti coltivati ai cambiamenti climatici. Per questo motivo, oggi si assiste a una rivalutazione delle varietà locali intese come fonte di alleli utili per ampliare la base genetica delle moderne cultivar. In questo contesto risulta fondamentale stimare la loro diversità genomica anche con strumenti innovativi basati su polimorfismi a singolo nucleotide (*Single Nucleotide Polymorphism*, SNP). A tal proposito e per ampliare le conoscenze sulle varietà locali di frumento si è stabilito di: *i*) definire la loro struttura genetica; *ii*) studiare la variabilità genomica estendendo l'analisi ad una collezione di frumenti duri e teneri; *iii*) predisporre un metodo per distinguerle univocamente. Per raggiungere il primo obiettivo sono state analizzate tre varietà locali di frumento duro (Dauno III, Grano Ricco e San Pasquale) e una di frumento tenero (Bianchetta), con un chip contenente 81506 marcatori SNP (90K). Il livello di polimorfismo intra-varietale è risultato compreso tra

9,5% (Bianchetta) e 1,5% (San Pasquale). L'analisi dei gruppi (*cluster analysis*) ha consentito di identificare quattro gruppi corrispondenti alle varietà locali esaminate e per ciascuna un differente numero di aplotipi. Questi risultati indicano che la struttura genetica delle varietà esaminate è riconducibile a una mescolanza di linee pure. Per studiare la variabilità genomica è stato utilizzato un chip ottimizzato di marcatori SNP (15K), con il quale sono identificati 6800 SNP, successivamente sottoposti ad analisi delle componenti principali (*Principal Component Analysis*, PCA) e a *cluster analysis*. Entrambi gli approcci hanno permesso di discriminare il gruppo delle varietà locali da quello delle moderne cultivar di frumento duro e tenero e di dimostrare in particolare quanto le varietà locali siano una risorsa genetica poco sfruttata dai moderni programmi di miglioramento genetico e quindi potenzialmente ricca di alleli inesplorati. Gli SNP risultati polimorfici nella collezione sono stati infine usati per identificare il numero minimo di marcatori necessario a discriminare univocamente le varietà locali della collezione. Un set di 33 SNP è risultato sufficiente a distinguere tutti i campioni ed è stato quindi utilizzato per generare un codice a barre (*Quick Response*, QR code) potenzialmente utile per la tracciabilità della materia prima, lungo la filiera cerealicola.

## I geni delle polifenolo ossidasi nella storia evolutiva dei frumenti tetraploidi

Taranto F.<sup>1\*</sup>, Mangini G.<sup>1</sup>, Miazzi M.M.<sup>2</sup>, Stevanato P.<sup>3</sup>, De Vita P.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto di Bioscienze e BioRisorse (IBBR), Via Giovanni Amendola 165/A, 70126 Bari

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti, Università di Bari "Aldo Moro", Via Giovanni Amendola 165/A, 70126 Bari

<sup>3</sup>DAFNAE, Università di Padova, 35020, Legnaro

<sup>4</sup>Centro di Ricerca Cerealicoltura e colture Industriali SS 673 km 25+200 - 71122 Foggia

\*Autore corrispondente: francesca.taranto@ibbr.cnr.it

Parole chiave: *Triticum turgidum*, polifenolossidasi, marcatori SNP, GWAS, aplotipi

I frumenti tetraploidi (*Triticum turgidum* ssp.,  $2n = 4x = 28$ ; genoma AABB) hanno avuto un ruolo chiave nella storia dell'agricoltura e della civiltà umana in quanto progenitori delle moderne varietà di frumento duro e tenero. I progenitori selvatici e domesticati dei frumenti moderni, grazie alle caratteristiche di rusticità e di resistenza alle malattie, vengono sfruttati nei programmi di miglioramento genetico per migliorare la resa e la qualità delle nuove varietà. Tra i caratteri qualitativi della materia prima, il colore della farina/semola rappresenta uno dei parametri più importanti da valutare. L'espressione di questo carattere è regolata dai processi di biosintesi e di degradazione dei carotenoidi che si verificano durante le fasi di coltivazione e trasformazione del frumento. Recentemente, le polifenolossidasi (PPO) sono state incluse tra gli enzimi ossidativi legati alla degradazione dei carotenoidi e all'imbrunimento della semola. Nelle piante, le PPO sono enzimi che catalizzano l'ossidazione di diversi *o*-difenoli in *o*-chinoni, sostanze biologicamente molto attive, che provocano l'imbrunimento e conseguente deprezzamento del prodotto alimentare (i.e. pasta, pane e/o prodotti da forno). Sebbene la riduzione del livello di attività PPO sia diventato un obiettivo perseguito dal miglioramento genetico solo negli ultimi anni, la maggior parte delle varietà moderne di frumento, coltivate a partire dalla prima metà del secolo scorso, mostrano una bassa attività PPO. In questo scenario, lo studio e la comprensione delle basi genetiche dei tratti correlati alle PPO gioca un ruolo cruciale nel miglioramento genetico dei frumenti. L'obiettivo di questo studio è stato quello di analizzare la variabilità genetica dell'attività delle PPO presente in una collezione di 220 genotipi di

frumenti tetraploidi (*T. turgidum* ssp., TWC), composta da varietà di frumento duro (DWC) ed accessioni selvatiche e domesticate di farro, frumento polonico, turanico, turgido e cartlico. L'intera collezione è stata genotipizzata mediante l'utilizzo della piattaforma Illumina 90k *Infinium* SNP array, che include più di 80,000 marcatori SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) distribuiti lungo l'intero genoma. I materiali genetici sono stati allevati in campo nel corso di tre annate agrarie e l'attività PPO è stata determinata mediante dosaggio spettrofotometrico sui campioni di granella. L'analisi di associazione *genome-wide* (GWA), condotta separatamente sulla TWC e DWC, ha permesso di identificare rispettivamente 23 e 85 associazioni (MTA) significative per i livelli di PPO nella granella. Sulla base delle associazioni rilevate nella TWC, è stato possibile individuare due aplotipi contrastanti per attività PPO, mentre, l'analisi della divergenza genetica ( $F_{ST} > 0,25$ ) tra le sottospecie di *T. turgidum*, ha fornito informazioni utili per comprendere il processo evolutivo dei frumenti ed in particolare del frumento cartlico. Quattro marcatori SNP, identificati sui cromosomi omeologhi 2A e 2B, sono stati validati tramite pirosequenziamento, confermando la discriminazione allelica tra i due aplotipi associati ad alta e bassa attività PPO. Tra i quattro SNP considerati, il marcatore IWB75732, localizzato sul cromosoma 2A, ha evidenziato il più alto grado di affidabilità nella discriminazione allelica per l'attività PPO. Infine, l'analisi condotta sulla DWC ha suggerito agli autori una possibile ipotesi sulle cause che hanno determinato la riduzione dell'attività PPO nelle varietà moderne, nonostante questo obiettivo sia stato dichiarato solo negli ultimi anni.

## Studio della variabilità genetica della composizione della paglia di frumento mediante analisi di associazione multi-locus

Esposito S.<sup>1\*</sup>, Vitale P.<sup>1</sup>, Taranto F.<sup>2</sup>, Ficco D.<sup>1</sup>, Giovaniello V.<sup>3</sup>, Colecchia S.<sup>3</sup>, De Vita P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro di Ricerca Cerealicoltura e colture Industriali (CREA-CI). Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria, 71122 Foggia

<sup>2</sup>Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto di Bioscienze e BioRisorse (IBBR), Via Giovanni Amendola 165/A, 70126 Bari

\*Autore corrispondente: [salvatore.esposito@crea.gov.it](mailto:salvatore.esposito@crea.gov.it)

Parole chiave: frumento, biomassa, multi-locus GWAS, QTN, *biofuel*

Fino ad oggi l'attenzione dei miglioratori genetici vegetali si è concentrata quasi esclusivamente sull'incremento delle rese in granella attraverso la selezione di piante a taglia bassa e con un'elevata fertilità di spiga. Recentemente, grazie ai processi tecnologici di trattamento della paglia di frumento, la qualità dei residui colturali ha assunto un ruolo importante tra gli obiettivi dei costitutori. Tuttavia, nonostante le tecnologie per la trasformazione siano diventate semplici ed efficienti, la complessità del sistema di sintesi della lignina e della cellulosa rende l'impiego della paglia, come substrato per la produzione di bioetanolo e/o biogas, ancora molto difficoltoso. Molto interessante appare la strategia di miglioramento che prevede l'esplorazione e lo sfruttamento della variabilità genetica presente all'interno delle principali specie di cereali coltivate in Italia, per mappare i determinanti genetici dei caratteri di interesse mediante mappatura per associazione. In particolare, con l'avvento delle tecnologie di sequenziamento ad alto rendimento, la genomica è diventata uno strumento ideale per avanzare nello studio della biodiversità a qualsiasi livello di organizzazione biologica come mai prima d'ora. La combinazione delle tecniche di fenotipizzazione con le moderne piattaforme di genotipizzazione ha reso possibile l'individuazione di centinaia di varianti genetiche associate ai principali caratteri di interesse agronomico. Gli studi di associazione *genome-wide* (GWAS), rappresentano una delle metodologie più utilizzate per l'analisi dei caratteri agronomici regolati da geni con effetto *major*. Recentemente, inoltre, sono stati sviluppati nuovi algoritmi multi-Locus (ML-GWAS) in grado di evidenziare l'effetto di geni *minor*, spesso

responsabili dell'espressione di caratteri complessi. In questo studio, sono stati testati sei diversi modelli di ML-GWAS (mrMLM, FASTmrMLM, FASTmrEMMA, pLARmEB, pKWmEB, and ISIS EMBLASSO) su un panel di 185 genotipi di frumento, fenotipizzati per caratteri legati alla composizione della biomassa (fibra acido e neutro detersa, cellulosa ed emicellulosa) ed alle caratteristiche morfologiche della paglia. I materiali genetici sono stati allevati in pieno campo per tre annate agrarie, presso la sede di Foggia del CREA. I dati raccolti, opportunamente trasformati, sono stati sottoposti ad analisi della varianza (ANOVA) e delle componenti principali (PCA). I risultati dell'analisi ML-GWAS hanno evidenziato oltre 400 associazioni (QTN); di cui 61 QTN sono stati confermati da almeno due modelli. Quindici QTN sono stati suggeriti come "robusti" in quanto spiegavano oltre il 10% della varianza osservata per i caratteri di interesse. Le associazioni identificate, inoltre, ricadono in regioni cromosomiche in cui sono presenti geni coinvolti nel metabolismo dei lipidi, della parete cellulare, del ciclo cellulare e della fotosintesi. Tra i diversi geni indentificati, alcuni come *Cellulose Synthase (CeSa)*, *Anaphase promoting complex (APC/C)*, *Glucoronoxylan 4-O Methyltransferase (GXM)* e *Hyponastic Leaves1 (HYL1)* potrebbero essere ottimi candidati da validare mediante studi funzionali. Infine, l'identificazione di marcatori molecolari strettamente associati alla composizione della paglia di frumento apre un nuovo scenario per la selezione di nuove varietà a duplice attitudine, ossia oltre alla produzione di granella anche quella di energia da biomasse lignino-cellulosiche.

## Caratterizzazione e valorizzazione del germoplasma cerealicolo campano attraverso innovative tecniche di diagnostica per immagini

Sorrentino G.<sup>1</sup>, Garozzo Quirini Zannini E.<sup>1\*</sup>, Rascio A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>CNR- Istituto Protezione Sostenibile delle Piante – Via Enrico Fermi 1 - 80055 Portici (NA)

<sup>2</sup>CREA Colture Industriali- SS 16 km 675- 71100 Foggia

\*Autore corrispondente: [eleonora.garozzo@ipsp.cnr.it](mailto:eleonora.garozzo@ipsp.cnr.it)

Parole chiave: biodiversità, filiera cerealicola sostenibile, indagine 3D, caratterizzazione grani tradizionali

Il recupero e la valorizzazione di molte popolazioni locali di colture agrarie sia erbacee che arboree è stato recentemente oggetto di interesse scientifico da parte di molte istituzioni sia pubbliche che private. La ragione è legata al grande interesse mostrato dai consumatori verso prodotti derivanti da filiere a marchio territoriale, la cui domanda nell'ultimo anno è aumentata del 10%. La filiera cerealicola, in particolare, dopo il successo del Senatore Cappelli, sta mostrando interesse verso ecotipi regionali, per lo più coltivati in aree di montagna e collina, che sono particolarmente adatti per una coltivazione sostenibile e che in aggiunta presentano aspetti nutrizionali e salutistici di notevole importanza. Purtroppo, la coltivazione avviene spesso tramite l'acquisto di materiale semenziero non certificato, contravvenendo agli obblighi previsti dal registro fitosanitario. Per superare questo problema è necessario procedere ad una caratterizzazione di queste popolazioni locali e successivamente avviare l'iscrizione al registro delle varietà antiche. Questo procedimento può rappresentare il primo passo per l'avvio di filiere territoriali certificate. Accanto ai metodi classici di caratterizzazione che analizzano parametri morfologici e fisiologici di popolazioni cerealicole, già previsti dalla legislazione attuale, si stanno sviluppando sistemi più sofisticati che si basano sulla diagnostica in 3D capaci di cogliere aspetti molto particolari della struttura del seme spesso di difficile valutazione tramite il semplice test visivo. Questa nuova tecnica sviluppata dal Consiglio Nazionale

delle Ricerche permette lo studio della fenotipizzazione ad alta risoluzione per la caratterizzazione tessuto-specifica del seme. La micro-tomografia a raggi X è quindi una tecnica non distruttiva sempre più utilizzata per analizzare la qualità dei semi. L'indagine si basa sull'acquisizione di una serie di "radiografie" su un campione di materiale posto su un supporto rotante ottenendo proiezioni, secondo diversi angoli di rotazione, della sua capacità di attenuare i raggi X. Le immagini delle sezioni trasversali vengono poi "sovrapposte" ricostruendo la geometria tridimensionale del campione. Questa tecnica è già stata applicata in alcuni semi di legumi, canapa ed olivo che qui si presentano ma l'obiettivo futuro è quello di applicarla a popolazioni di cereali campani come Risciola e Saragollo, oggetto di studio del progetto GRADITI finanziato dalla Regione Campania. Le informazioni possono servire anche a completare ed integrare quelle già ottenute dal CREA- CI di Foggia attraverso le metodologie classiche su ecotipi di cereali abruzzesi e pugliesi. Infine questa tecnica di indagine abbinata ad un codice a barre potrebbe costituire in futuro una sorta di carta di identità dei cereali tradizionali favorendo la nascita di un sistema di tracciabilità territoriale. Questo potrebbe avere una importante ricaduta economica per gli agricoltori impegnati nelle filiere locali che mirano a valorizzare la biodiversità cerealicola autoctona e la sostenibilità ambientale.

## Esame della diversità fenotipica di antiche popolazioni di saragolla abruzzese attraverso l'analisi d'immagine dei semi

Rascio A.<sup>1\*</sup>, Fiorillo F.<sup>2</sup>, Garozzo Zannini Quirini E.<sup>3</sup>, De Santis G.<sup>1</sup>, Sorrentino G.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>CREA - Centro di ricerca per la Cerealicoltura e le Colture Industriali - SS 675 km 25,200 - 71122 Foggia

<sup>2</sup>Techfoodies - Via Senato, 45 - 20121 Milano

<sup>3</sup>CNR - Istituto Protezione Sostenibile delle Piante - Via Enrico Fermi 1 - 80055 Portici (NA)

\*Autore corrispondente: [agata.rascio@crea.gov.it](mailto:agata.rascio@crea.gov.it)

Parole chiave: Abruzzo, Saragolla, biodiversità, caratterizzazione semi, popolazioni

In Abruzzo, diverse aziende coltivano da tempi più o meno remoti un frumento denominato "Saragolla", molto apprezzato dai consumatori. La semente di forma allungata è simile a quella del grano turanicum (*Triticum turanicum Jakubz*), anche detto frumento orientale o grano *Khorasan* che ha avuto un notevole successo commerciale sotto il marchio Kamut, per la presunta origine antichissima. Il progetto SARAB della Regione Abruzzo ha avuto per scopo la caratterizzazione e la valutazione dello stato di conservazione delle sementi provenienti da 11 putative popolazioni abruzzesi di Saragolla, per definirne analogie e differenze ai fini della iscrizione nel Registro abruzzese delle varietà da conservazione. Le stesse sono state messe a confronto con un'accessione di Saragolla rinvenuta in Puglia e conservata dagli anni '70 presso il CREA-CI, sede di Foggia. Sulla base dei caratteri distintivi dei semi dei diversi taxa dei cereali, la maggior parte delle accessioni è risultata multi-genere e multi-specie. Dopo il *Triticum*, il genere più rappresentato è l'orzo (*Hordeum L.*) una specie inquinante molto invasiva tanto da ammontare, in alcuni campioni, al 50-60% della semente. Tra le sottospecie di frumento ci sono principalmente grano duro (*T. turgidum L. ssp. durum*) e grano tenero (*T. aestivum L.*). Sulla base dell'indice di Shannon-Weaver e Simpson e del Coefficiente di Variazione la diversità intra-popolazioni è risultata più o meno alta a seconda della loro provenienza. Attraverso l'analisi

morfometrica digitale di 100 semi (depurati dall'orzo) per ciascuna popolazione e di altrettanti campioni di semi di frumento duro, tenero e turanicum è stata effettuata una valutazione delle affinità tra popolazioni. La *cluster analisi* basata sui soli parametri adimensionali: circolarità (CI), rapporto tra diametro massimo e minimo (AR), rotondità (RO) e *solidity* (SO), ha evidenziato l'esistenza di tre gruppi di popolazioni il primo comprendeva il *turanicum* e 5 popolazioni abruzzesi; il secondo gruppo conteneva sei delle 11 popolazioni abruzzesi; il terzo gruppo includeva il frumento duro, il tenero e la popolazione pugliese. L'analisi discriminante ha permesso di stabilire che i semi dei tre gruppi si distinguevano soprattutto per il rapporto AR e per la solidità ossia il rapporto fra area seme / area convessa circoscritta. Lo stato di conservazione è stato valutato mediante prove di germinazione in vitro ed in pieno campo (*ex situ*). La germinabilità media dei campioni pari al 60%, ma con punte minime del 35% indica uno stato di conservazione della semente mediamente piuttosto scadente. In conclusione, si può affermare che la collezione di Saragolla studiata grazie al progetto SARAB è ricca di biodiversità, ma in mediocre stato di conservazione. Per preservare questo patrimonio è necessario adottare delle pratiche di coltivazione e conservazione *in situ* più corrette, da parte di "agricoltori custodi", disposti a trasferire le risorse genetiche e il patrimonio culturale abruzzese.



## Vecchie varietà di frumento in Val Susa (Piemonte)

Roatta F.<sup>1\*</sup>, Spagnolo S.<sup>2</sup>, Migliorini P.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Università di Parma, via Università, 12, 43121 Parma (PR)

<sup>2</sup>Università di Scienze Gastronomiche, Piazza Vittorio Emanuele, 9, 12042 Pollenzo-Bra (CN)

\*Autore corrispondente: roattafederica@gmail.com

Parole chiave: varietà locali, scambio della semente, biodiversità, cambiamento climatico, agroecologia

Il frumento (*Triticum aestivum* L.) è un prodotto agricolo che fornisce grande parte delle calorie della dieta della popolazione mondiale. Nel contesto attuale, caratterizzato da eventi quali il cambiamento climatico, la perdita di biodiversità e l'incremento dell'incidenza di malattie causate da uno stile di vita occidentale, è necessario sottolineare il valore di ricominciare o mantenere la coltivazione di varietà locali di grano tenero. Questo per diversi motivi, fra cui: l'adattabilità; l'ampia diversità genetica; le proprietà da *functional food*; la qualità dei prodotti ottenuti e l'inserimento in progetti di filiera corta, locali e rispettosi del valore di ogni partecipante. Le vecchie varietà di frumento sono una valida opportunità per creare in Piemonte filiere cerealicole sostenibili? Per dare una risposta è stata fatta: a) un'analisi critica della bibliografia sull'argomento; b) un'indagine conoscitiva attraverso questionari proposti ai soggetti della filiera cerealicola piemontese (agricoltori, mulini e panificatori); c) l'analisi del caso studio "Mulino Valsusa" con correlata osservazione descrittiva del campo catalogo di vecchie varietà di frumento, di cui 19 coltivate in purezza (Ardito, Damiano, Autonomia, Est Mottin, Gentilrosso, Gambo di Ferro, Inallettabile, Risciola, Solina, Villa Glori, *Triticum Vulgare*, Terminillo, San Pastore, Inallettabile 96, Noè, Sieve, Tosella, Verna, Mentana) e 5 popolazioni (miscele Germonte, Brudama, Cervo, Solibam, e Piemonte). Dall'analisi bibliografica è emerso che queste sono caratterizzate da: a. alti livelli di adattamento quando coltivate in condizioni non ottimali ed in assenza di input esterni; b. un'elevata competitività verso le infestanti e da effetti positivi sulla fertilità del terreno. Sotto il profilo nutrizionale, la presenza di polifenoli, la concentrazione dei minerali e la debolezza del glutine sono i fattori che più le differenziano dalle varietà moderne; inoltre il loro consumo innesca meccanismi antinfiammatori ed antiossidanti nell'organismo umano, benefici per i disturbi cardiovascolari. Grazie allo scambio della semente e alla conservazione *in situ* di vecchie varietà è possibile condurre pratiche

come la semina di popolazioni evolutive, che offrono alti livelli di complessità e variabilità nel materiale genetico. Le miscele presentano risultati più interessanti rispetto alle vecchie varietà coltivate in purezza. I limiti più importanti si riscontrano per la produttività e le caratteristiche tecnologiche. Infine il fatto che diversi progetti di filiera ne valorizzino la coltivazione e la trasformazione in prodotti di qualità, implica che queste attività generino valore su diversi livelli, da quello sociale a quello economico. Dall'indagine alla filiera cerealicola si è osservato che le aziende agricole, specialmente le realtà biologiche, coltivano vecchie varietà perché fortemente adattabili. La semina di miscele è una strategia ampiamente condivisa dagli agricoltori perché queste sono caratterizzate da rese costanti e rappresentano una via per il miglioramento genetico; essi inoltre dimostrano interesse nel condividere la propria semente. Per i mulini queste varietà, macinate a pietra, costituiscono un'esigua parte della produzione totale, ma potrebbero essere il perno di progetti di filiera. Infine i panificatori affermano di utilizzare farine di vecchie varietà provenienti da agricoltura biologica/integrata, con un prezzo molto più elevato rispetto alla media di mercato, ma un profilo nutrizionale di qualità, riconosciuto dai consumatori. *Driver* comune alle 3 categorie per un maggiore impiego delle vecchie varietà è il crescente interesse da parte della clientela. I risultati dell'analisi del caso studio "Mulino Valsusa" sono sintetizzati nella tabella. Le evidenze portano a ritenere che gli studi debbano proseguire poiché queste varietà possono aprire a nuovi scenari con un impatto positivo sull'ambiente e creare valore per le realtà che decidono di coltivarle, soprattutto nei luoghi dove la coltivazione è più ardua e quindi spesso abbandonata, come le aree collinari e montuose.

### Bibliografia

Bocci et al. 2020. *Eur J Agron.*, 121, 126-156.

Migliorini et al. 2016. *Eur J Agron.*, 79, 131-141.

Osservazione descrittiva in campo					
Rilievi agronomici			Rilievi sul fenotipo		
No allattamento	Presenza infestanti	Produttività elevata	Alto indice di accestimento	Altezza elevata	Eterogeneità nel fenotipo
Intervista al titolare					
Agricoltura sostenibile	Preservare biodiversità	Prodotti di qualità	Filiere corte, collaborazione	Ricerca scientifica, valorizzazione lavoro contadino	Rendita maggiore, sviluppo del territorio

## Antiche specie e varietà di frumento per una cerealicoltura lucana sostenibile

Urbano M.\*, Negro D., Montesano V., Stimolo L., Losavio F., Laghetti G.

Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto di Bioscienze e BioRisorse – Via G. Amendola 165/A 70126 Bari

\*Autore corrispondente: [marcella.urbano@ibbr.cnr.it](mailto:marcella.urbano@ibbr.cnr.it)

Parole chiave: frumenti antichi, sostenibilità, prodotti di nicchia

I farri (*Triticum monococcum* - f. piccolo, *T. dicoccum* - f. medio e *T. spelta* - spelta) sono antiche specie di frumento vestite sostituite nel tempo dai più performanti frumenti nudi e dalle più produttive varietà moderne. L'interesse per la reintroduzione in coltura di questi antichi frumenti è sempre più crescente negli ultimi anni. Sono specie rustiche caratterizzate da tolleranza agli stress ambientali di natura biotica e abiotica, capaci di dare una produzione economicamente valida anche in condizioni di modesta fertilità del terreno, aspetti non trascurabili nell'attuale contesto di cambiamenti climatici e inaridimento dei suoli, utili anche ai fini del recupero di aree agricole marginali. Colture agrarie a basso input energetico, sono idonee alla coltivazione in regime di agricoltura biologica che, già per sé, è garanzia di rispetto delle componenti suolo, acqua, aria e biodiversità. Caratterizzati da pregevoli caratteristiche qualitativo-nutrizionali, rientrano sempre più frequentemente come ingredienti in preparazioni dietetiche e salutistiche. La presente attività di ricerca rientra tra le azioni previste nell'ambito del progetto "Ottimizzazione degli input per la sostenibilità della cerealicoltura lucana – CERESO" finanziato dalla Regione Basilicata (PSR Basilicata 2014-2020, misura 16, sottomis. 16.2) e prevede la realizzazione di un prototipo di filiera corta per la produzione di pasta e prodotti da forno innovativi da farine di antiche specie di frumento da reintrodurre in Basilicata. Le specie e le varietà di frumento scelte per la conduzione delle prove sperimentali parcellari e di pieno campo sono state: farro monococco di origine lucana, farro monococco di origine toscana, farro dicocco var. 'Lucanica' e spelta var. 'Forenza', a confronto con due antiche varietà di frumento consolidate in Basilicata: il grano tenero 'Carosella' e il grano duro 'Saragolla'. Sono stati previsti due differenti tipi di concimazioni in regime di agricoltura biologica: vermicompost e polvere naturale di roccia. Per le prove parcellari, data la presenza di due fattori, è stato predisposto uno schema sperimentale *split-plot* con quattro ripetizioni in cui il primo fattore, la fertilizzazione, è

studiato a 2 livelli mentre il secondo è costituito dal numero delle varietà (n. 6). I campi sperimentali sono stati allestiti in agro di Lavello (PZ) in collaborazione con il consorzio Con.Pro.Bio. Lucano. Al momento è stata conclusa la prima annata agraria (2019-20) ed è in corso la seconda. Nelle parcelle sperimentali si è proceduto al rilevamento dei caratteri morfo-fisiologici delle specie a confronto, mentre i parametri agronomici sono stati rilevati nei parcelloni di pieno campo. I risultati del primo anno di sperimentazione inerenti i principali rilievi produttivi dei genotipi a confronto e dei due diversi tipi di concimazione adottati hanno mostrato una discreta variabilità e significatività statistica per i diversi caratteri rilevati: Altezza pianta (cm), Spighe per pianta (n), Produzione (t ha<sup>-1</sup>), Umidità granella (%), Peso Ettolitrico (kg hl<sup>-1</sup>), Peso 1000 semi (g), incidenza percentuale di semi Striminziti e Bianconati. Leggere differenze sono emerse nell'applicazione dei due diversi concimi. È attualmente in corso l'analisi delle farine mediante HPLC, seguendo la metodica di Brandolini et al. (2013) per la determinazione, la quantificazione e la caratterizzazione del contenuto polifenolico delle stesse. Si procederà successivamente al rilevamento dei parametri tecnologico-qualitativo-nutrizionali per definire le specie/varietà, o miscele di esse, da utilizzare per la trasformazione in pasta e prodotti da forno biologici che saranno proposti ai consumatori per valutarne il gradimento tramite "Consumer Test". Sebbene la ricerca non sia stata ancora ultimata, possiamo ipotizzare che la reintroduzione in coltura dei frumenti antichi in Basilicata potrebbe tradursi in una maggiore valorizzazione della filiera cerealicola biologica ed avere ricadute positive non solo sui principali attori della filiera produttiva, ma anche su commercianti, ristoratori e consumatori da tempo sempre più attenti agli aspetti salutistici dei prodotti e alla salvaguardia dell'ambiente.

### Bibliografia

Brandolini et al. 2013. *J. Cereal Sci.*, 58(1), 123-131.

# Analisi della diversità genetica inter- e intra-popolazione di grani antichi siciliani

Di Serio E.<sup>1</sup>, Taranto F.<sup>2\*</sup>, Miazzi M.M.<sup>3</sup>, De Vita P.<sup>4</sup>, D'Agostino N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Agraria, Università di Napoli Federico II, Via Università 100, 80055 Portici

<sup>2</sup>Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto di Bioscienze e BioRisorse (IBBR), Via Giovanni Amendola 165/A, 70126 Bari

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti, Università di Bari "Aldo Moro", Via Giovanni Amendola 165/A, 70126 Bari

<sup>4</sup>Centro di Ricerca Cerealicoltura e colture Industriali SS 673 km 25+200 - 71122 Foggia

\*Autore corrispondente: francesca.taranto@ibbr.cnr.it

Parole chiave: grano duro, russello, timilia, marcatori SNP, diversità genetica

Il grano duro (*Triticum turgidum* ssp. *durum*) è una delle colture più importanti per l'economia italiana. L'Italia, infatti, è il principale produttore europeo e il secondo produttore mondiale di grano duro, con la Puglia e la Sicilia che, da sole, garantiscono circa il 40% della produzione nazionale. Dagli inizi del XX secolo in poi, il grano duro è stato sottoposto ad un'intensa attività di miglioramento genetico che ha portato allo sviluppo delle varietà moderne oggi coltivate. Numerosi studi hanno dimostrato che il reiterato utilizzo di un numero ridotto di genotipi fondatori nei programmi di miglioramento genetico, oltre alla forte pressione selettiva esercitata sulla coltura per massimizzare la resa e la qualità della produzione, ha determinato una rilevante riduzione della diversità genetica del germoplasma élite rispetto alle popolazioni antiche ed agli ecotipi locali (*landraces*). Per far fronte alle nuove sfide poste all'agricoltura dai cambiamenti climatici in atto, è necessario recuperare la variabilità genetica presente nelle vecchie popolazioni e nelle varietà locali coltivate in Italia, sfruttando la maggiore adattabilità alle condizioni pedo-climatiche del nostro territorio. L'obiettivo del presente studio è stato quello di indagare la diversità genetica inter- e intra-popolazione di due ecotipi locali di grani antichi siciliani, denominati Russello e Timilia, ampiamente adattati alle condizioni ambientali dell'Italia meridionale. In particolare, sono state analizzate dodici popolazioni di cui 5 di Russello e 7 di Timilia, recuperate in differenti aree geografiche del territorio siciliano. I materiali genetici sono stati genotipizzati mediante l'utilizzo della piattaforma Illumina 15k *Infinium* SNP array, che include circa 15.000 marcatori SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) distribuiti lungo l'intero genoma di grano duro. Sono state rimosse le accessioni con un tasso di siti

mancanti > 10%; i siti con una frequenza dell'allele minore (MAF) < 5%; ed i siti con un tasso di chiamata (*call rate*) < 10%. Sono stati, quindi, eliminati i marcatori SNP in *linkage disequilibrium* (i.e. LD *pruning*). In questo modo è stato ottenuto un insieme di marcatori SNP di elevata qualità, utilizzato per calcolare la matrice di distanza IBS (*Identical by State*) tra tutte le coppie di accessioni di ciascuna popolazione. Tale matrice ha consentito l'identificazione di accessioni sinonime con una percentuale di alleli condivisi  $\geq 0.99$ . La matrice di distanza IBS è stata anche impiegata per studiare la struttura di ciascuna popolazione attraverso la costruzione di un grafico MDS (*Multi Dimensional Scaling*). La struttura di ciascuna popolazione è stata anche definita attraverso la costruzione di un albero filogenetico mediante metodo *neighbour joining*. Il risultato di queste analisi ha mostrato che alcune popolazioni presentano un grado di diversità genetica maggiore rispetto ad altre. Al momento, è in corso la stima dei principali indici di diversità (es. Nei, Shannon) al fine di valutare ulteriormente l'ampiezza della distanza genetica tra le accessioni di ciascuna popolazione; l'analisi per la ricerca di loci divergenti tra le popolazioni e per l'identificazione di SNP privati, ovvero dei marcatori SNP che caratterizzano in maniera univoca singole accessioni. Lo studio della diversità genetica in *landraces* di grano duro siciliano potrebbe rivelarsi utile nell'individuazione di geni/alleli non presenti nel pool genico delle varietà moderne italiane. Le *landraces*, infatti, data la loro ampia adattabilità alle condizioni climatiche dell'areale di coltivazione italiano, rappresentano una fonte di alleli utili da sfruttare per lo sviluppo di nuove varietà mediante l'approccio classico di *breeding* e/o attraverso l'impiego delle biotecnologie innovative basate sull'*editing* genomico.

## Analisi QTL per caratteri agronomici in due popolazioni di frumento tenero derivate dallo stesso incrocio

Vitale P.<sup>1,2,†\*</sup>, Fania F.<sup>1,†</sup>, Esposito S.<sup>2</sup>, Pecorella I.<sup>2</sup>, Pecchioni N.<sup>2</sup>, Palombieri S.<sup>3</sup>, Sestili F.<sup>3</sup>, Lafiandra D.<sup>3</sup>, Taranto F.<sup>4</sup>, De Vita P.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia, Via Napoli 25, 71122 Foggia

<sup>2</sup>Centro di Ricerca Cerealicoltura e colture Industriali (CREA), 71122 Foggia

<sup>3</sup>Dipartimento di agricoltura e scienze forestali (DAFNE), Università della Tuscia, 01100 Viterbo

<sup>4</sup>Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto di Bioscienze e BioRisorse (IBBR), Via Giovanni Amendola 165/A, 70126 Bari

<sup>†</sup> Questi autori hanno contribuito al lavoro in modo uguale

\*Autore corrispondente: [paolo.vitale@unifg.it](mailto:paolo.vitale@unifg.it)

Parole chiave: frumento tenero, marcatori SNP, mappe genetiche, QTL, RIL, F<sub>2</sub>

Le sfide che un moderno programma di miglioramento genetico deve affrontare sono legate alla necessità di sviluppare nuove varietà capaci di unire l'elevata capacità produttiva e qualitativa ad una maggiore adattabilità ai futuri scenari climatici. In quest'ottica, le priorità rispetto all'attuale ideotipo di frumento, caratterizzato dalla taglia ridotta, portamento eretto e ridotta capacità di accestimento, stanno cambiando ed includono soprattutto la necessità di sfruttare la variabilità genetica esistente nella specie. Caratteri fenotipici, come l'altezza (PH), l'epoca di spigatura (HD), il portamento (GH) e la capacità di accestimento della pianta (i.e. numero di culmi totali, TTN e numero di culmi fertili, FTN), incidono direttamente sul potenziale produttivo e sulla capacità di adattamento della coltura ai cambiamenti climatici. Sulla base di queste considerazioni e partendo da due varietà di frumento tenero, contrastanti per caratteristiche morfo-fisiologiche, sono state sviluppate due popolazioni segreganti: una temporanea (F<sub>2</sub>) ed una stabile (F<sub>6</sub>, *recombinant inbred lines*, RIL). I materiali genetici sono stati sviluppati al fine di individuare le posizioni dei *loci* ad azione quantitativa (QTL) associati ai caratteri di interesse e identificare "putativi" geni candidati. I materiali genetici, per un totale di 176 e 178 linee F<sub>2</sub> e F<sub>6</sub>, sono stati genotipizzati utilizzando l'array "wheat Illumina 25K Infinium SNP" e, ciascuna popolazione, è stata sottoposta a due cicli di analisi fenotipiche (F<sub>2</sub>-F<sub>3</sub> ed F<sub>6</sub> e F<sub>7</sub>) presso il CREA-CI di Foggia, per quattro annate agrarie. L'analisi delle mappe

genetiche ha evidenziato una lunghezza di 2487 cM e 3733 cM rispettivamente per la F<sub>2</sub> e la RIL F<sub>6</sub>, con una densità media dei marcatori di 1,4 e 1,0 marker/cM. La copertura è stata del 47,5%, 36,8% e 15,7%, rispettivamente per i genomi A, B e D nella F<sub>2</sub> e del 46,6%, 42,3%, e 11,1% nella F<sub>6</sub>. Un totale di 37 QTL associati ai caratteri in esame è stato mappato lungo l'intero genoma di frumento, di cui 28 sono stati indentificati nelle generazioni temporanee e 10 in quelle stabili; solo un QTL è stato mappato in entrambe le generazioni. Tra i principali QTL identificati, quelli in grado di spiegare la percentuale più alta di varianza fenotipica sono stati quelli associati ai caratteri HD e GH sui cromosomi 2B, 2D, 5A e 7D, e quelli associati al carattere PH sui cromosomi 4B e 4D. Diversi QTL, specifici per i caratteri PH, TTN e FTN, sono stati indentificati solo nelle generazioni temporanee, in quanto legati ad effetti di dominanza. I risultati hanno anche evidenziato la co-localizzazione di alcuni QTL (i.e. HD, GH, TTN) con geni noti coinvolti nei meccanismi di adattamento della coltura (es. *Ppd-1*, *Vrn-1* e *Rht-1*) e/o con putativi geni candidati coinvolti nella via biosintetica delle gibberelline (es. *Ga3ox*, *GA20ox*). In conclusione, i risultati emersi dallo studio hanno evidenziato l'utilità e l'affidabilità delle mappe genetiche sviluppate a partire da parentali comuni nell'identificazione dei principali QTL coinvolti nell'espressione di caratteri agronomici importanti per affrontare la sfida dei cambiamenti climatici.

## Caratterizzazione genetica di grani antichi campani mediante l'impiego di marcatori SSR

Corvino A.<sup>1</sup>, Vitale P.<sup>1,2\*</sup>, Esposito S.<sup>1</sup>, Fania F.<sup>1</sup>, Pecorella I.<sup>1</sup>, Taranto F.<sup>3</sup>, De Vita P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro di Ricerca Cerealicoltura e colture Industriali (CREA), 71122 Foggia

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia, Via Napoli 25, 71122 Foggia

<sup>3</sup>Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto di Bioscienze e BioRisorse (IBBR), Via Giovanni Amendola 165/A, 70126 Bari

\*Autore corrispondente: [paolo.vitale@unifg.it](mailto:paolo.vitale@unifg.it)

Parole chiave: grano duro, grano tenero, fingerprinting, marcatori molecolari, SSR

Sicurezza alimentare e sostenibilità ambientale sono un binomio strettamente correlato alla agrobiodiversità ed alla necessità di preservare la capacità di resilienza delle persone e delle comunità delle aree rurali. In questo contesto, la coltivazione dei grani "antichi" offre un'opportunità per salvaguardare l'ambiente di coltivazione, in quanto questi grani sono adatti ai sistemi cerealicoli biologici, e per incrementare il valore della produzione, grazie al crescente interesse dei consumatori. Rispetto a queste potenzialità esiste una problematica molto importante legata alla necessità di garantire l'identità genetica delle varietà antiche e la tracciabilità della filiera sementiera. Nell'ambito del PSR Campania 2014-2020 - Tipologia Intervento 16.1.1 "Sostegno per costituzione e funzionamento dei GO del PEI in materia di produttività e sostenibilità dell'agricoltura" - Azione 2 "Sostegno ai POI" - è stato elaborato il progetto POIGA "Progetto Operativo di Innovazione per i Grani Antichi" con l'obiettivo di valorizzare 4 grani "antichi" storicamente diffusi sul territorio Campano (Saragolla, Marzellina, Romanella e lanculedda). Per tutelare il patrimonio agroalimentare, il *fingerprinting* con marcatori molecolari di tipo microsatellite (SSR, *Simple Sequence Repeat*), è una delle tecniche più utilizzate, in quanto la tipizzazione del DNA permette di ricavare informazioni genetiche difficilmente ottenibili con le analisi morfologiche. Per arginare l'erosione genetica di questi grani "antichi", l'obiettivo del presente lavoro è stato quello di sviluppare un protocollo di caratterizzazione genetica mediante l'impiego di marcatori SSR. I materiali genetici

oggetto dello studio, riconducibili a due specie di frumento (duro e tenero), sono stati collezionati nell'areale Campano e sottoposti ad analisi con 8 marcatori SSR (*DuPw004*, *DuPw115*, *DuPw205*, *DuPw167*, *Xgwm155*, *Xgwm413*, *DuPw217*, *Xgwm003*) altamente polimorfici (Röder et al. 1998; Eujayl et al. 2002). I risultati delle amplificazioni hanno confermato l'elevato grado di polimorfismo dei marcatori utilizzati e la capacità discriminante rispetto alle varietà oggetto dello studio, oltre che risolvere i casi di omonimia e sinonimia con altri materiali genetici. In particolare, i marcatori *Xgwm413*, *DuPw115* e *DuPw167* hanno permesso di discriminare rispettivamente la Saragolla del Sannio, Saragolletta del Sannio e la Saragolla lucana, dalle altre popolazioni di Saragolla. Al contrario, tutte le accessioni di Marzellina hanno evidenziato un profilo elettroforetico pressoché identico per tutti i primer testati suggerendo una origine comune del materiale collezionato. Sono attualmente in corso ulteriori analisi per confermare, in maniera univoca ed affidabile, i risultati dei profili genetici ottenuti anche con altre popolazioni/varietà antiche e moderne coltivate nelle Regioni limitrofe. Il completamento delle analisi molecolari permetterà di definire un protocollo di (rin)tracciabilità genetica delle sementi e valorizzare la filiera cerealicola dei grani "antichi" Campani.

### Bibliografia

Röder et al. 1998. *Genetics*, 149.4, 2007-2023.

Eujayl et al. 2002. *Theoretical and Applied Genetics*, 104.2, 399-407.

## Il confronto varietale dei frumenti autoctoni veneti del progetto Bionet

Ducange M.<sup>1\*</sup>, Converso R.<sup>2</sup>, Sanson S.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>I.I.S. Stefani Bentegodi Isola della Scala VR, Az. Agr. Bovolino Buttapietra (VR)

<sup>2</sup>Veneto Agricoltura, Agenzia Veneta per l'innovazione nel settore primario, Viale dell'Università 14 Legnaro (PD)

<sup>3</sup>I.I.S. Della Lucia, via Vellai Feltre (BL)

\*Autore corrispondente: [ducangematteo@stefanibentegodi.it](mailto:ducangematteo@stefanibentegodi.it)

Parole chiave: Bionet, conservazione, cereali a paglia

Con il programma Bionet, Rete regionale per la biodiversità di interesse agrario e alimentare del Veneto, la Regione Veneto ha finanziato l'attività di conservazione delle risorse genetiche locali di interesse agrario e alimentare a rischio di estinzione o di erosione genetica oltre che la loro registrazione negli appositi registri. L'attività di conservazione delle antiche varietà di cereali è stata avviata in 8 centri di conservazione della rete: Agenzia veneta per l'innovazione nel settore primario a Ceregnano (Rovigo), la Provincia di Vicenza con l'Istituto di Genetica e Sperimentazione Agraria "N. Strampelli" di Lonigo (Vicenza), l'Istituto Agrario "A. Della Lucia" di Feltre (Belluno), l'Istituto Agrario "Duca degli Abruzzi" di Padova, l'Istituto Agrario "Domenico Sartor" di Castelfranco Veneto (Treviso), l'Istituto Agrario "Stefani-Bentegodi" sede di Buttapietra (Verona), l'Istituto Agrario "Alberto Parolini" di Bassano del Grappa (Vicenza), l'Istituto Agrario "Viola Marchesini" di Sant'Apollinare (Rovigo). La conservazione dei cereali autunno vernini viene realizzata attraverso tre fasi distinte. La prima fase prevede la costituzione di parcelle elementari di circa 1,6 m<sup>2</sup> composta da 2 file di lunghezza pari a 3,5 m per l'ottenimento del seme di conservazione per la banca del germoplasma. Seguono le altre due fasi che prevedono la realizzazione di altre due parcelle una di piccole dimensioni (parcella 1 standard) di circa 10 m<sup>2</sup> per il rilievo dei principali dati

morfofisiologici e la riproduzione del seme, ed una di più grandi dimensioni (parcella 2) pari a circa 200 m<sup>2</sup> dove prelevare le 600 spighe necessarie a ricavare un seme in grado preservare il mantenimento di una pur minima variabilità e da poter riutilizzare per l'allestimento delle parcelle standard da 10 m<sup>2</sup> (Bressan et al. 2003). Utilizzando i dati produttivi di diverse annate agrarie delle parcelle 1 sono state determinate le rese ettaro medie dei cereali a paglia: varietà Brenellano, Ardito, Abbondanza, Leone, Canove, Piave, Gentil Rosso 48, Mentana, Cologna 12, San Pastore, Libellula, Lontra (*Triticum aestivum*), Haermanni (*Triticum monococcum*), *Triticum spelta* del progetto Bionet e, per disponibilità di seme anche delle varietà Guà, Terminillo, Autonomia B varietà (*Triticum aestivum*). Le produzioni così ottenute se pure condizionate dal fattore superficie, parcella da 10 m<sup>2</sup> meno influenzate dalle competizioni di pieno campo (effetto bordo), possono dare indicazioni produttive aggiornate ad un contesto agronomico attuale e dare indicazioni utili nella coltivazione di queste antiche varietà autoctone locali

### Bibliografia

Bressan et al. 2003. La Banca del Germoplasma dell'Istituto "N Strampelli" in *Cereali del Veneto, le varietà di frumento tenero e mais della tradizione veneta*. 2003.

## Diversità genetica in landraces e cultivar antiche e moderne di frumento duro (*Triticum durum* Desf.)

Sica R.<sup>1</sup>, Verrastro C.<sup>1</sup>, Marzario S.<sup>1</sup>, Latorraca A.<sup>1</sup>, Galante M.<sup>1</sup>, Fania F.<sup>2</sup>, De Vita P.<sup>2</sup>, Taranto F.<sup>3</sup>, Logozzo G.<sup>1</sup>, Gioia T.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari ed Ambientali, Università della Basilicata, Viale dell'Ateneo Lucano 10, 85100 Potenza

<sup>2</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria (CREA), Centro di ricerca cerealicoltura e colture industriali (CREA-CI), S.S. 673, Km 25,200, 71122 Foggia

<sup>3</sup>Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto di Bioscienze e BioRisorse (IBBR), Via Giovanni Amendola 165/A, 70126 Bari

\*Autore corrispondente: [tania.gioia@unibas.it](mailto:tania.gioia@unibas.it)

Parole chiave: *Triticum durum*, caratteri morfo-agronomici, *landraces*, antiche varietà, varietà moderne

Il frumento duro (*Triticum durum* Desf.,  $2n = 4x = 28$ ; genoma AABB) è una coltura di importanza mondiale originaria della "Mezzaluna Fertile". La sua coltivazione è diffusa in tutto il mondo, principalmente nel bacino del Mediterraneo, considerato il centro di diversificazione e produzione. L'Italia, in particolare il Sud Italia, ha una lunga tradizione di coltivazione ma il lavoro di *breeding* negli anni ha portato a una grave perdita di variabilità genetica. In questo studio è stata caratterizzata e valutata la variabilità genetica esistente in una collezione di frumento duro costituita da 41 *landraces*, 41 cultivar antiche e 41 cultivar moderne di diversa origine e raccolte dal 1914 al 2016, al fine di: a) comprendere l'evoluzione della diversità genetica presente nel germoplasma custodito attraverso la sua fenotipizzazione; b) identificare germoplasma potenzialmente utile al miglioramento genetico o al reinserimento nella filiera cerealicola per la produzione di prodotti tipici locali; c) verificare l'identità dei genotipi presenti nella collezione. Le accessioni sono state allevate in blocchi randomizzati replicati in due ambienti: l'AASD 'Pantanello' dell'ALSIA in agro di Bernalda, Metaponto (MT) e l'Azienda Manfredini del Crea-CI di Foggia. La collezione è stata caratterizzata per 29 caratteri agro-morfologici (19 caratteri qualitativi e 10 caratteri quantitativi) basati sui descrittori internazionali UPOV. I caratteri quantitativi sono stati sottoposti ad analisi univariate e multivariate, mentre per i caratteri qualitativi sono state calcolate le frequenze con relativo test del  $X^2$  e l'indice di diversità di Shannon. Sulla base delle analisi univariate, sono risultati significativi tutti i caratteri rilevati sia tra che entro *landraces*, antiche e moderne

varietà. In media le *landraces* e le antiche cultivars sono risultate tardive e alte (118 cm e 105 cm rispettivamente), e con maggiore numero di semi per spiga (54 e 50 rispettivamente). Le cultivar moderne, al contrario, sono state in media precoci, con altezza media (68 cm) e con minor numero di semi per spiga (45). L'analisi delle componenti principali (PCA) ha spiegato nelle prime due componenti il 57% della varianza totale. L'analisi cluster ha suddiviso la collezione in tre gruppi costituiti in prevalenza da: cultivar moderne, *landraces* e genotipi eterogenei; le accessioni con lo stesso nome sono state identificate come ridondanti o altro genotipo. Infine, le analisi sul seme e sulla semola hanno mostrato differenza altamente significativa tra i due ambienti di coltivazione. Le informazioni acquisite nel corso dello studio potranno essere utilizzate per avviare nuovi di miglioramento genetico e/o alimentare filiere di nicchia destinate alla produzione di alimenti tipici di alta qualità. La caratterizzazione morfologica e qualitativa, inoltre, potrà essere integrata con strumenti di analisi genetica e sfruttata per promuovere l'iscrizione al Registro Nazionale delle varietà antiche, come "varietà da conservazione". Questo studio è stato realizzato nell'ambito del progetto "SA.GR.A.L.-Le Saragolle e gli antichi grani lucani" del PSR Basilicata 2014/2020 – Sottomisura 10.2 "Conservazione e uso sostenibile delle risorse genetiche in agricoltura".

### Bibliografia

- De Vita et al. 2007. *Eur. J. Agron*, 26, 39–53.  
Marzario et al. 2018. *Genes*, 9, 465.  
Taranto et al. 2020. *Front. Genet.*, 11, 217.

## Analisi agronomica, genetica e qualitativa per la produzione di malti di popolazioni e linee di *Hordeum vulgare* L. adatte alla coltivazione in Umbria

Raggi L., Marconi O., Perretti G., Farneselli M., Bonciarelli U., Negri V.\*

Università di Perugia, Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali (DSA3). Borgo XX Giugno, 74, 06121, Perugia

\*Autore corrispondente: [valeria.negri@unipg.it](mailto:valeria.negri@unipg.it)

Parole chiave: *Hordeum vulgare*, breeding evolutivo, popolazioni e agricoltura sostenibile, analisi diversità genetica

A causa dell'aumento della popolazione mondiale e di una maggiore attenzione alla tutela dell'ambiente si osserva oggi un crescente interesse per sistemi colturali sostenibili quali ad esempio il biologico e la coltivazione a basso impiego di input. Purtroppo, nella quasi totalità dei casi, le cultivar utilizzate in questi sistemi sono ad essi poco adatte poiché selezionate per garantire rese elevate in condizioni di alti input, tipici dell'agricoltura convenzionale (Lammerts van Bueren et al. 2011). Uno degli approcci più promettenti per ovviare questo problema, ed aumentare le rese dei sistemi sostenibili, è quello di utilizzare materiali caratterizzati da variabilità intraspecifica e cioè composti da una pluralità di individui geneticamente diversi gli uni dagli altri. Infatti, grazie alla loro diversità, tali materiali possono bene adattarsi alle condizioni variabili caratteristiche dei sistemi biologici e a bassi input (Raggi et al. 2017). Le popolazioni composite da incrocio, o i miscugli di linee, sviluppate tramite il miglioramento genetico evolutivo, potrebbero quindi rappresentare materiali di elezione per l'uso in biologico. L'orzo (*Hordeum vulgare* L.,  $2x=2n=14$ ), coltura diffusa in Italia così come nel resto del mondo, viene normalmente utilizzato per l'alimentazione animale e per quella umana dove può essere consumato tal quale o utilizzato per la produzione della birra. Lo sviluppo presso il DSA3 di un programma di miglioramento genetico evolutivo nel corso di circa 30 anni, ha permesso di selezionare popolazioni evolutive (composite da incrocio e miscugli di linee) e linee pure di orzo con caratteri di interesse per l'agricoltura sostenibile (Raggi et al. 2016a, 2016b, 2017). Nella presente sperimentazione, condotta in pieno campo con basso apporto di azoto, i miscugli (denominati Mix48 e Mix10) e le diverse linee pure (denominate con la sigla SOL- seguita da numeri crescenti) selezionati sono stati caratterizzati da un punto di vista genetico, mediante utilizzo di marcatori molecolari, e valutati in relazione alle performance agronomiche e alla possibilità di maltazione della granella in confronto con varietà di controllo (Leutece, Ketos, Cometa, Quench, Sunshine, Traveller e Visuel). La popolazione di orzo Mix48 è risultata composta da una pluralità di linee pure con origine genetica piuttosto diversa mentre una diversità genetica

minore caratterizza la popolazione Mix10. Tuttavia, molte delle linee distiche che compongono quest'ultima (e.g. SOL-01, 02, 03, 04, 06, 07, 08, 10, 11, 15, 16) sono geneticamente diverse le une dalle altre, con la sola eccezione dalla identità delle linee SOL-01 con SOL-16 e SOL-02 con SOL-11. Dai risultati analitici ottenuti è stata evidenziata una buona attitudine alla maltazione di tutte le suddette linee e popolazioni. I malti ottenuti presentano bassi valori di proteine solubili in molte delle linee/popolazioni dovuto al basso apporto di azoto. Il contenuto di  $\beta$ -glucani delle linee/popolazioni, ed in particolare in SOL-30 e -57, è in linea con quello delle varietà commerciali Quench, Sunshine, Traveler e Visuel. I campioni Mix48, Mix10 e SOL75 presentano un elevato valore di  $\beta$ -glucani associato ad una bassa friabilità dovuta probabilmente ad una bassa attività enzimatica richiedendo una maggiore attenzione nella messa a punto del programma di maltazione e di quello per la successiva produzione della birra. Dal punto di vista agronomico le performance migliori sono state registrate da Mix48 e SOL1, SOL30 e SOL57 con rese paragonabili a quelle registrate dalle varietà commerciali. Al contrario in Mix10 e nelle altre linee pure valutate, la produttività è stata inferiore ai controlli commerciali. Sulla scorta di quanto evidenziato esistono prospettive interessanti di utilizzo delle popolazioni e di alcune linee di orzo sviluppate dal DSA3 per la produzione di birra in regime di agricoltura biologica. La caratterizzazione molecolare dei materiali stessi ha permesso inoltre di comprendere il livello di diversità delle popolazioni in esame che si è dimostrato adeguato a dotarle di capacità di adattamento ad ambienti e sistemi di allevamento diversi, sia biologici che a basso impiego di input. I dati qui presentati sono stati ottenuti grazie al progetto di ricerca di base finanziato da UNIPG\_DSA3 dal titolo *Analisi agronomica, genetica e qualitativa di popolazioni e linee di H. vulgare L*

### Bibliografia

- Lammerts van Bueren et al. 2011. *NJAS – Wageningen J. Life Sci.*, 58, 193–205.  
Raggi et al. 2016a. *J. Agric. Sci.*, 154, 23–39.  
Raggi et al. 2016b. *J. Agric. Sci.*, 154, 943–959.  
Raggi et al. 2017. *Field Crop Res.*, 204, 76–88.



## Studio dell'efficienza d'uso del fosforo in frumento duro: analisi della variabilità genetica

Nigro D.<sup>1\*</sup>, Giove S.L.<sup>2</sup>, Caranfa D.<sup>2</sup>, de Pinto R.<sup>2</sup>, Lacolla G.<sup>2</sup>, Cucci G.<sup>2</sup>, Gadaleta A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e Degli Alimenti, Università di Bari Aldo Moro, Via Orabona 4, 70126, Bari

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali, Università di Bari Aldo Moro, Via Orabona 4, 70126, Bari

\*Autore corrispondente: [domenica.nigro@uniba.it](mailto:domenica.nigro@uniba.it)

Parole chiave: efficienza d'uso del fosforo, frumento duro, sostenibilità, espressione genica

Il fosforo è un elemento essenziale per la crescita delle piante, per il suo primario ruolo in molti processi metabolici (Vance et al. 2003). L'impiego di fertilizzanti a base di fosforo minerale in agricoltura è una pratica diffusa per mantenere la fertilità del suolo e garantire la sostenibilità delle produzioni vegetali, per contribuire ad aumentare la resa delle colture e soddisfare la domanda sempre crescente di produzione primaria e soddisfare i fabbisogni della popolazione globale in continua crescita (Tilman et al. 2002). Considerata la natura non rinnovabile di questa risorsa, l'offerta di fosforo per l'agricoltura sarà limitata in futuro dalla disponibilità di riserve estraibili (Cordell e White, 2014). L'uso eccessivo di fertilizzanti fosfatici negli ultimi decenni ha determinato l'insorgenza di effetti deleteri non solo sull'ambiente, quali l'eutrofizzazione, ma di riflesso, anche sulla salute umana e sugli ecosistemi in generale. I complessi processi edafici causano l'immobilizzazione di fosforo nel suolo, ostacolando la tempestiva e sufficiente disponibilità per l'assorbimento da parte delle piante coltivate, riducendone la capacità di assorbire ed utilizzare il fosforo (efficienza d'uso del fosforo). Le attuali pratiche agricole per incrementare l'efficienza d'uso del fosforo si sono rivelate inadeguate per ridurre queste problematiche. Pertanto, ridurre l'uso di fertilizzanti fosfatici minerali e migliorare il riciclo di fosforo, mantenendo adeguati livelli produttivi, rappresentano aspetti cruciali per garantire la sostenibilità delle produzioni e soddisfare la richiesta alimentare per le generazioni future nel rispetto dell'ambiente (Cordell e White, 2014). Il frumento duro è uno dei cereali coltivati più importanti nell'area

mediterranea ed in particolare per il territorio agricolo pugliese. Sebbene la variabilità genotipica del frumento duro per l'efficienza d'uso del fosforo sia stata ampiamente documentata (Deng et al. 2018; Ozturk et al. 2005; Wang et al. 2010), i processi fisiologici, nonché le basi genetiche determinanti, non sono state ancora completamente comprese. L'efficienza è la risultante di diversi processi, dalla capacità di assorbire e immagazzinare il fosforo, ai meccanismi di trasferimento e rimobilizzazione. Il suo miglioramento può essere perseguito ottimizzando la gestione dei sistemi colturali e individuando genotipi più efficienti nell'assorbire e metabolizzare il fosforo (Veneklaas et al. 2012) per ridurre la quantità di apporti fosfatici e salvaguardando l'ambiente. Lo studio ha riguardato la valutazione di due genotipi di frumento duro e diversi regimi di fertilizzazione fosfatica, organica e minerale. Sono state condotte analisi di espressione genica ed attività enzimatica dei geni chiave coinvolti nei processi di assorbimento ed utilizzazione del fosforo su diversi tessuti ed in diverse fasi fenologiche, al fine di comprendere le basi genetiche ed i processi fisiologici alla base dei meccanismi di assorbimento, stoccaggio e rimobilizzazione del fosforo.

### Bibliografia

- Vance et al. 2003. *Phytol.*, 157(3), 423-447.  
Tilman et al. 2002. *Nature*, 418(6898), 671.  
Cordell e White 2014. *Annu Rev Environ Resour*, 39(1), 161-188.  
Deng et al. 2018. *Front Plant Sci*, 9.  
Ozturk et al. 2005. *Plant Soil*, 269(1), 69-80.  
Wang et al. 2010. *Plant Sci*, 179(4), 302-306.

## Valorizzazione della variabilità genetica dei frumenti: il progetto “IPERDURUM”

Nigro D.<sup>1\*</sup>, Giove S.L.<sup>2</sup>, Caranfa D.<sup>2</sup>, de Pinto R.<sup>2</sup>, Gadaleta A.<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e Degli Alimenti, Università di Bari Aldo Moro, Via Orabona 4, 70126, Bari

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali, Università di Bari Aldo Moro, Via Orabona 4, 70126, Bari

\*Autore corrispondente: [agata.gadaleta@uniba.it](mailto:agata.gadaleta@uniba.it)

Parole chiave: frumento duro, contenuto proteico, fertilizzazione azotata

Il progetto “IPERDURUM” si sviluppa nell’ambito del PSR Puglia 2014-2020, sottomisura 16.2, “Filiera frumento duro: Innovazione varietale, Qualità e Tracciabilità delle produzioni pugliesi”) e si focalizza sulla valorizzazione della variabilità genetica dei frumenti, soprattutto in relazione alla loro componente proteica. Il contenuto proteico delle cariossidi di frumento è infatti uno dei caratteri agronomici di maggiore rilevanza ai fini della determinazione della qualità delle farine, semole e dei prodotti finiti da essi ottenuti. In particolare, IPERDURUM si focalizza sul frumento duro, coltura d’élite nel panorama agricolo Pugliese. Tra i principali target del miglioramento genetico del frumento duro, le proteine hanno avuto da sempre un ruolo fondamentale. Infatti, sebbene rappresentino solo il 15% delle cariossidi mature, sono alla base delle proprietà tecnologiche delle semole. L’importanza della qualità e della quantità delle proteine di riserva delle cariossidi di frumento duro non deriva solo dalla loro diretta relazione con il valore nutrizionale, ma anche dal loro valore commerciale. Infatti, da esse dipendono le caratteristiche reologiche e di trasformazione, ma anche il valore nutrizionale finale dei prodotti stessi, essendo la risultante di diverse componenti proteiche a loro volta potenzialmente

implicate nella determinazione di patologie (es. allergeni). Il contenuto proteico è un carattere “quantitativo”, determinato sia da una componente genetica (in quanto diversi geni sono coinvolti nell’espressione del carattere), sia da una componente ambientale, che ne rende lo studio e la determinazione ancora più complessa e difficoltosa. Inoltre, un aspetto importante ai fini del miglioramento genetico delle proteine è la correlazione negativa mostrata con la produzione. Negli ultimi decenni, l’incremento in produttività è stato ottenuto somministrando elevate dosi di supplementi organici, soprattutto azotati, i quali nel tempo hanno mostrato avere gravi effetti deleteri sull’ambiente. La necessità di ottimizzare i sistemi colturali e renderli sostenibili è una priorità assoluta al fine di preservare l’ambiente e garantire al tempo stesso elevate rese che possano soddisfare le domande sempre maggiori, soprattutto in considerazione dell’incremento della popolazione mondiale. A tal fine, l’obiettivo del presente lavoro è stato la valutazione agronomica di un set di varietà, mediante prove *ad hoc* con concimazioni azotate a diverso regime, tali da determinare le migliori in condizioni di bassi input.

## Valutazione agronomica e qualitativa di nuove costituzioni di farro spelta

Codianni P., Paone S., Iannucci A.\*

Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria (CREA), Centro di Ricerca per la Cerealicoltura e Colture Industriali (CI) S.S. 673, km 25.200 - 71122 FOGGIA, IT

\*Autore corrispondente: [anna.iannucci@crea.gov.it](mailto:anna.iannucci@crea.gov.it)

Parole chiave: cultivar, incrocio interspecifico, produzione di seme, qualità tecnologica, *Triticum spelta*

Il *Triticum spelta* L. o farro grande è uno dei cereali vestiti più anticamente coltivato dall'uomo. È una specie esaploide ( $2n=2x=42$ ) con genoma di tipo AABBDD uguale a quello del frumento tenero (*Triticum aestivum* L.) con cui può essere facilmente incrociato. Il farro spelta possiede potenzialità produttive elevate ma non competitive con i cereali di maggiore diffusione. Veniva utilizzato soprattutto per la produzione di farina per la panificazione e per la produzione di semilavorati. Tuttavia, il crescente interesse verso i prodotti biologici ha determinato una ripresa della coltivazione dei frumenti vestiti anche nei Paesi ad agricoltura evoluta. Inoltre, grazie alle sue caratteristiche di rusticità unitamente al valore organolettico della granella, può rappresentare una valida fonte di reddito nelle filiere agro-alimentari di nicchia. Attualmente esso viene utilizzato come cibo alternativo e salutistico e la sua riscoperta è legata anche al recupero di aree marginali e svantaggiate attraverso forme di agricoltura sostenibile. Diversamente dal farro medio lo spelta non è presente in Italia sotto forma di popolazioni autoctone, mentre sono disponibili numerose varietà commerciali, quasi tutte selezionate in paesi centroeuropei. Da molti anni presso il CREA-CI di Foggia vengono condotti studi sulle potenzialità produttive, l'adattamento all'ambiente mediterraneo e sulle caratteristiche qualitative del farro spelta. È stato quindi avviato un programma di miglioramento finalizzato al miglioramento delle caratteristiche agronomiche (precocità, riduzione della taglia, minore aderenza delle glume alla cariosside, minore fragilità del rachide e maggiore produttività) e della qualità tecnologica (pane, biscotti ed altri prodotti da forno). Vengono riportati i dati produttivi, bio-agronomici e qualitativi di tre nuove varietà di farro spelta, iscritte al Registro Nazionale Varietale, ottenute dall'incrocio tra una varietà di farro spelta 'Altgold Rotkorn' e due varietà di frumento tenero 'Bolero' e 'Centaurio', denominate 'Maddalena', 'Rita' e 'Rossella'.

La valutazione è stata condotta presso il Centro di ricerca per la cerealicoltura e le colture industriali (CREA-CI) a Foggia durante 3 stagioni di crescita (2011, 2012 e 2018) confrontando le nuove selezioni con il parentale di farro spelta utilizzato negli incroci, la cv. 'Altgold Rotkorn'. Sono stati rilevati 9 caratteri: epoca di spigatura (giorni dall'1 Aprile), altezza della pianta (cm), produzione di seme ( $t\ ha^{-1}$ ), peso ettolitrico ( $hL\ kg^{-1}$ ), peso 1000 semi (g), contenuto proteico (% s.s.), contenuto in glutine (% s.s.), contenuto in carotenoidi totali ( $\mu g\ g^{-1}$ ) e SDS (mL) nella granella. La produzione di seme media delle nuove cultivar è di  $5,3\ t\ ha^{-1}$  che corrisponde ad un incremento medio del 46% rispetto al parentale. La riduzione della taglia e del tempo di spigatura delle tre nuove costituzioni è stata in media del 8% e del 31%, rispettivamente. L'abbassamento della taglia riduce i problemi di allettamento e determina una migliore ripartizione della sostanza secca tra organi vegetativi e riproduttivi con il conseguente aumento dell'harvest index mentre la precocità di spigatura consente di allungare il periodo di riempimento della cariosside. Il contenuto in proteine e glutine è risultato piuttosto alto in tutti i genotipi (18,0% e 11,7% in media, rispettivamente). La cultivar 'Maddalena' si distingue per un più alto contenuto in carotenoidi totali ( $4,6\ \mu g\ g^{-1}$ ) e in SDS (5,0 mL). Il progresso genetico raggiunto mediante l'incrocio di genotipi di *Triticum spelta* x *Triticum aestivum* è stato notevole ed ha portato alla costituzione di varietà con elevate caratteristiche bio-agronomiche e qualitative. Questa selezione può dare un contributo importante al rilancio della coltura nei sistemi di coltivazione low-input e allo sviluppo di prodotti alimentari con elevate proprietà nutrizionali.

### Bibliografia

- Codianni et al. 2008. *L'informatore Agrario*, 35,43.  
Codianni e Iannucci 2019. *Il farro: una passione da coltivare*. Leone Arti Grafiche, Foggia, pp. 524. ISBN 979-12-200-1871-5  
Spina et al. 2009. *Ital. J. Agron.*, 4 Suppl. 777-78.



# Bio div ers ità vegetale

# orticole



## Ecotipi di zafferano dei Paesi del bacino del Mediterraneo: tratti fisiologici, morfo-produttivi, qualitativi e genetici

Cardone L.<sup>1\*</sup>, Castronuovo D.<sup>1</sup>, Perniola M.<sup>2</sup>, Cicco N.<sup>3</sup>, Gonzalez Nebauer S.<sup>4</sup>, Renau-Morata B.<sup>4</sup>, Molina R.V.<sup>4</sup>, Candido V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari ed Ambientali, Università della Basilicata, Viale dell'Ateneo Lucano, 10, 85100, Potenza

<sup>2</sup>Dipartimento delle Culture Europee del Mediterraneo, Università della Basilicata, Via Lanera, 20, 75100, Matera

<sup>3</sup>Istituto di Metodologie per l'Analisi Ambientale - Consiglio Nazionale delle Ricerche, c.da S. Loja snc Z.I., Tito Scalo, 85050, Potenza

<sup>4</sup>Dipartimento di Biologia Vegetale, Università Politecnica di Valencia, Camí de Vera, s/n, 46022, Valencia, Spagna

\*Autore corrispondente: [loriana.cardone@unibas.it](mailto:loriana.cardone@unibas.it)

Parole chiave: *Crocus sativus*, biodiversità, stimmi, crocina, marcatori molecolari

Lo zafferano è una spezia antica e funzionale, ottenuta dagli stimmi essiccati del *Crocus sativus* L., una geofita a fioritura autunnale che si propaga solo attraverso i cormi. Viene utilizzato come colorante alimentare, agente aromatizzante e in medicina, grazie alla presenza di 3 principali componenti bioattivi, crocina, picrocrocina e safranale. Nonostante lo zafferano sia attualmente coltivato in Iran, India, Afghanistan, Grecia, Marocco, Spagna ed Italia, la superficie dedicata alla sua coltivazione ha subito un declino, che potrebbe aver provocato una forte erosione genetica. Al fine di difendere e promuovere la biodiversità di questa specie, è stato condotto uno studio sulla caratterizzazione fisiologica, morfologica, agronomica, qualitativa e molecolare di quattro ecotipi: Abruzzo (Italia), Sardegna (Italia), Castilla-La Mancha (Spagna) e Kozani (Grecia). I cormi, di diversa origine geografica e aventi un diametro equatoriale di 4 cm, sono stati impiantati in Basilicata (Matera, 40°42', N 16°42', E; 385 m s.l.m.) secondo un disegno sperimentale a blocchi randomizzati con 3 ripetizioni. In particolare, sono stati valutati i parametri relativi alla fenologia (giorni necessari alla fioritura e intervallo di fioritura), morfologia fiorale [peso fresco e secco di stimmi, stami e tepali (g), lunghezza di stimmi e stami (mm)], produzione di zafferano resa della spezia e dei cormi (kg ha<sup>-1</sup>), sviluppo vegetativo [numero e lunghezza foglie (mm)], area fogliare (cm<sup>2</sup>/pianta), numero e

diametro dei cormi (cm) e qualità (potere colorante, amaricante ed odoroso). Inoltre, è stata condotta un'analisi genetica attraverso tre marcatori molecolari basati sulla tecnica della PCR, RAPD, SRAP e SSR. I risultati ottenuti hanno evidenziato una variazione fenotipica tra gli ecotipi per due anni consecutivi. L'origine dei cormi ha mostrato un effetto significativo sulla maggior parte dei parametri studiati tranne che per la lunghezza degli stami, le coordinate colorimetriche dei tepali, la lunghezza e il numero di foglie/pianta. L'ecotipo Sardegna ha fatto registrare un intervallo di fioritura più lungo, una fioritura più precoce e una maggiore resa della spezia con tratti qualitativi più elevati rispetto alle altre provenienze. I valori massimi riguardanti i tratti morfologici, come la lunghezza degli stimmi, il peso medio dei fiori e delle foglie, sono stati ottenuti dall'ecotipo Abruzzo. La *cluster analysis*, effettuata per verificare l'esistenza di raggruppamenti di ecotipi simili per tratti quantitativi e qualitativi, ha identificato 3 gruppi principali, in cui Sardegna e Spagna sono rientrati nello stesso gruppo, mentre Abruzzo e Kozani in gruppi diversi. Tuttavia, i marcatori molecolari utilizzati, non hanno permesso di rilevare differenze genetiche tra le origini dei cormi. Gli ecotipi di zafferano costituiscono una preziosa fonte di biodiversità e la loro valorizzazione rappresenta un presupposto fondamentale per una strategia di sviluppo sostenibile ed un'opportunità di diversificazione per i coltivatori.

## Utilizzo dei batteri PGP come agenti stimolanti in coltivazioni di zafferano

Bernardi M.\*, Djebaili R., Pellegrini M., Spera D.M., Pace L., Del Gallo M.

Dipartimento di Medicina clinica, sanità pubblica, scienze della vita e dell'ambiente Università dell'Aquila, Via Vetoio, 1, Coppito, 67100 L'Aquila

\*Autore corrispondente: [matteo.bernardi1@graduate.univaq.it](mailto:matteo.bernardi1@graduate.univaq.it)

Parole chiave: batteri promotori della crescita, biostimolanti, zafferano, NGS

I batteri che stimolano la crescita della pianta (PGPB) possono incrementare la disponibilità dei nutrienti e mitigare problemi ambientali indotti dall'utilizzo di fertilizzanti chimici in agricoltura. Questo lavoro è stato condotto allo scopo di studiare l'effetto prodotto sullo sviluppo di bulbi di zafferano (*Crocus sativus* L.) da un consorzio di quattro batteri selezionati (*Azospirillum brasilense*, *Gluconacetobacter diazotrophicus*, *Herbaspirillum seropedicae*, e *Burkholderia ambifaria*). I bulbi di zafferano sono stati inoculati mediante immersione in una coltura del consorzio batterico ( $10^8$  UCF mL<sup>-1</sup>) per un'ora e lasciati asciugare per una notte. I cormi inoculati e di controllo (trattati con sola acqua), sono stati seminati in vaso (serra) e in pieno campo e seguiti fino alla completa raccolta dei fiori. Le piante sono state analizzate per il contenuto di clorofilla e sono stati seguiti i parametri biometrici durante la crescita. I fiori sono stati analizzati per il loro contenuto fenolico e di carotenoidi e per l'attività antiossidante. I profili chimici e molecolari del suolo sono stati eseguiti mediante analisi fisico-chimiche ed estrazione del DNA e analisi delle regioni V3-V4 dell'rRNA 16S tramite metodo NGS. Il trattamento batterico ha influenzato positivamente le coltivazioni di zafferano, sia in serra che in pieno campo. Nella condizione sperimentale trattata con PGPB è stata dimostrata una fioritura precoce e abbondante, rispetto al controllo non trattato e un migliore profilo metabolico delle piante (clorofille) e dei fiori (contenuto di carotene e attività antiossidante). Anche la comunità microbica del suolo analizzata tramite gli indici ecologici di Shannon e Chao-1 e lo stato di fertilità (profilo chimico) sono stati positivamente influenzati dalla presenza di batteri. Il presente lavoro ha mostrato come l'utilizzo di batteri che promuovono la crescita delle piante possa essere una valida strategia di fertilizzazione per migliorare la resa e la qualità dello zafferano, salvaguardando la biodiversità del suolo.

## Caratterizzazione agronomica e qualitativa di due ecotipi di fava originari dell'areale vesuviano, in Italia Meridionale

Caruso C.<sup>1</sup>, Tallarita A.<sup>1\*</sup>, Giordano G.<sup>1</sup>, De Pascale S.<sup>1</sup>, Cozzolino E.<sup>2</sup>, Cuciniello A.<sup>2</sup>, Rouphael Y.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Agraria, Università di Napoli "Federico II", Via Università, 100 (Portici)

<sup>2</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria (CREA)-Centro di ricerca Cerealicoltura e Colture Industriali (Caserta)

\*Autore corrispondente: [lexvincentall@gmail.com](mailto:lexvincentall@gmail.com)

Parole chiave: *Vicia faba* L., varietà locali, indici di crescita, produzione, qualità-antiossidanti

La salvaguardia degli ecotipi locali è finalizzata alla valorizzazione delle risorse naturali di un territorio e, a tal proposito, esiste una stretta connessione tra le due componenti dell'ecosistema: biodiversità e tradizioni storiche. Nel presente lavoro, due ecotipi di *Vicia faba* L. ("Nocerino-Sarnese" e "Sommese"), originari dell'area vesuviana (Napoli, Italia meridionale) ed ivi coltivati, sono stati caratterizzati agronomicamente e qualitativamente. Sono stati determinati i seguenti parametri agronomici: epoca di fioritura, precocità ed epoca di raccolta, contenuto di sostanza secca delle piante, indice di area fogliare, numero di baccelli e semi, produzione e peso medio, suscettibilità alle malattie, peso di 1000 semi, lunghezza dei baccelli, numero medio di semi per baccello. Le analisi qualitative dei semi hanno riguardato la sostanza secca, solidi solubili, proteine, composizione minerale, composti ed attività

antiossidante, con la finalità di chiarire come il materiale genetico può modulare la qualità della produzione. Entrambi gli ecotipi sono stati trapiantati nell'autunno del 2019 e del 2020 presso l'area sperimentale del Dipartimento di Scienze Agrarie dell'Università di Napoli "Federico II", in file singole con una densità di 7 piante per m<sup>2</sup>. Due parcelle sono state disposte e distribuite in campo secondo lo schema a blocchi randomizzati, con tre repliche. In media, la fioritura è iniziata 82 e 84 giorni dopo il trapianto, rispettivamente negli ecotipi "Sommese" e "Nocerino-Sarnese", quando ogni pianta presentava 3 germogli, 35 foglie e 4 fiori, ed era alta 52 cm; l'allegagione è iniziata 112 e 114 giorni dopo il trapianto, rispettivamente negli ecotipi "Sommese" e "Nocerino-Sarnese". I dati ottenuti sono stati elaborati statisticamente, calcolando i valori medi e le relative deviazioni standard.



## Caratterizzazione e valorizzazione del carosello (*Cucumis melo* L.)

Palmitessa D.O.<sup>1\*</sup>, Leoni B.<sup>1</sup>, Somma A.<sup>1</sup>, Di Liddo S.<sup>1</sup>, Renna M.<sup>2</sup>, Serio F.<sup>2</sup>, Santamaria P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali, Università di Bari, Via Amendola 165/a, 70126 Bari

<sup>2</sup>Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari (ISPA), Centro Nazionale delle Ricerche, Via Amendola 122/o, 70126 Bari

\*Autore corrispondente: [onofrio.palmitessa@uniba.it](mailto:onofrio.palmitessa@uniba.it)

Parole chiave: biodiversità, Cucurbitaceae, idroponica, orticoltura, luce artificiale

Il carosello è una varietà locale, afferente alla specie *Cucumis melo* L., molto diffusa sul territorio pugliese e fortemente radicata nelle tradizioni contadine e gastronomiche. I frutti di carosello, anche all'interno di una stessa popolazione, possono assumere diversa forma, dalla cilindrica all'ellittica o ovata, peso molto variabile (da circa 50 ad oltre 300 g), colore dell'epicarpo da verde chiaro a verde molto scuro, uniforme o screziato. La descrizione dell'aspetto delle piante basata sul rilievo di caratteri morfo-fisiologici e la possibilità di discriminare le diverse popolazioni mediante tali caratteristiche risulta, quindi, di grande importanza ai fini della valorizzazione di questa varietà locale. Uno degli scopi del presente studio, pertanto, è stato quello di caratterizzare, dal punto vista morfo-fisiologico, una popolazione di 'Carosello leccese' mediante l'utilizzo di una scheda descrittiva elaborata dal GIBA (Gruppo di lavoro nazionale sulla Biodiversità Agraria) per il melone. Come tutte le Cucurbitacee, anche il carosello prevede un ciclo di coltivazione primaverile-estivo in virtù delle esigenze climatiche necessarie ad ottimizzare la produzione quanti-qualitativa dei frutti. Altro scopo del presente studio, quindi, è stato quello di sperimentare l'utilizzo di una tecnologia di illuminazione supplementare al fine di sopperire alle condizioni sub-ottimali di luminosità del periodo autunnale e favorire la destagionalizzazione produttiva di questa varietà locale. A margine dello studio è stata anche condotta una valutazione delle potenzialità gastronomiche del carosello in un'ottica di valorizzazione del prodotto "dal campo alla tavola". La prova sperimentale è stata realizzata nell'Azienda sperimentale "La Noria" dell'Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari (ISPA) del CNR di Bari, allevando le piante di carosello con la tecnica di coltivazione senza suolo a ciclo chiuso. Sono state utilizzate due lampade LED interlight, caratterizzate da due differenti spettri di

emissione della radiazione supplementare: R+B - luce blu (450 nm) + luce rossa (660 nm); R+B+FR - luce blu (450 nm) + luce rossa (660 nm) + luce infrarossa (730 nm); le piante del controllo sono invece state coltivate con la sola luce naturale. Sono state effettuate le seguenti determinazioni: parametri climatici, PPFD, pH e CE della soluzione nutritiva, produzione e qualità dei frutti. Per la caratterizzazione morfo-fisiologica è stato utilizzato il modello dei descrittori GIBA del melone (Rif. CPVO TP/104/2). Dall'insieme dei risultati ottenuti in questa sperimentazione è emerso che l'applicazione di luce supplementare sulle piante ha permesso di ottenere un maggior numero di frutti (mediamente il 30%) ed una resa più elevata (mediamente del 27%) rispetto al controllo, senza però influire sulle caratteristiche biometriche e colorimetriche dei frutti. Inoltre, la caratterizzazione morfo-fisiologica ha permesso di evidenziare alcune differenze nella biologia fiorale tra 'Carosello leccese' ad altre popolazioni di carosello descritte in bibliografia. Infine, i frutti di 'Carosello leccese' hanno mostrato un'ottima attitudine a diverse applicazioni gastronomiche, evidenziando interessanti prospettive di valorizzazione del prodotto primario. Il presente studio è stato condotto nell'ambito del progetto SOILLESS GO "SOstenibilità ambientale, Innovazioni di processo e di prodotto per la competitività delle coltivazioni Senza Suolo in Puglia – Gruppo Operativo", finanziato nell'ambito del PSR Puglia 2014/2020 – Misura 16 – Cooperazione – Sottomisura 16.2 "Sostegno a progetti pilota e allo sviluppo di nuovi prodotti, pratiche, processi e tecnologie".

### Riconoscimenti

Lavoro classificato al primo posto (ex-aequo) al concorso "Premio Dottorandi - Convegno Biodiversità 2021".

## Destagionalizzazione e caratterizzazione di varietà locali di carosello e barattiere

Somma A.<sup>1\*</sup> Palmitessa O.D.<sup>1</sup>, Leoni B.<sup>1</sup>, Signore A.<sup>1</sup>, Renna M.<sup>2</sup>, Santamaria P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali, Università di Bari, Via Amendola 165/a, 70126 Bari

<sup>2</sup>Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari (ISPA), Centro Nazionale delle Ricerche, Via Amendola 122/o, 70126 Bari

\*Autore corrispondente: [annalisa.somma@uniba.it](mailto:annalisa.somma@uniba.it)

Parole chiave: serra, melone immaturo, allevamento in verticale, illuminazione supplementare, biodiversità

Il cetriolo (*Cucumis sativus* L.) è uno degli ortaggi più coltivati in serra con la tecnica del senza suolo, ma l'agricoltura pugliese è ricca di altre cucurbitacee che ben potrebbero adattarsi a questo tipo di coltivazione. Il carosello e il barattiere sono delle apprezzate varietà locali della specie *Cucumis melo* L., il cui frutto immaturo è tradizionalmente consumato crudo, al pari di un cetriolo. Esse presentano una notevole variabilità intraspecifica, che si manifesta a livello di fenotipo, biologia florale (distribuzione di fiori maschili e andromonoici sugli steli) e morfologia dei frutti. Di conseguenza, la discriminazione delle popolazioni sulla base dell'aspetto delle piante e la conoscenza dell'*habitus* riproduttivo risultano di grande importanza sia per la valorizzazione di queste varietà locali sia per l'ottimizzazione della tecnica colturale e quindi della produzione. Così come il cetriolo, il ciclo di coltivazione di queste varietà, in pieno campo, è primaverile-estivo, in quanto le basse temperature e la ridotta disponibilità di radiazione solare ostacolano l'attività vegeto-riproduttiva. Pertanto, scopo del presente studio è stato quello di sperimentare l'utilizzo di una tecnologia di illuminazione supplementare al fine di sopperire alle condizioni sub-ottimali di luminosità e consentire la destagionalizzazione produttiva di caroselli 'Tomentoso' (CAT) e 'Scopatizzo' (CAS) e di barattieri, 'Tondo' (BT) e 'Allungato' (BA) in ambiente protetto. Inoltre, al fine di valutare le potenzialità produttive dei genotipi citati, sono stati allevati anche due ibridi F1 (CB; Rijk Zwaan, NL) di cetriolo: 'Baby star' tipologia liscio barese e 'Modan', tipologia spinoso, in qualità di riferimento commerciale. Le varietà locali sono state anche caratterizzate morfologicamente. La prova sperimentale è stata realizzata presso l'innovativa serra semi-chiusa dell'Azienda Agricola F.lli Lapietra (Monopoli, BA) allevando le piante di carosello, barattiere e cetriolo in un impianto di coltivazione fuori suolo in lastre di lana di roccia, con sistema di micro-irrigazione e forma di allevamento verticale dello stelo principale e degli steli primari per carosello e cetriolo, dello stelo primario e steli secondari previa cimatura del principale per barattiere. Sono state utilizzate lampade LED *toplight*, con spettro di emissione 5% blu (460 nm) e 95% rosso (660 nm), densità del

flusso fotonico fotosintetico di 175  $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-2}$  e fotoperiodo di 18 ore gestito da apposito software. Durante l'attività sperimentale sono stati determinati: parametri climatici, scambi gassosi, fluorescenza, produzione, contenuto di clorofilla delle foglie. L'infiorescenza è stata descritta secondo biologia, posizione sugli steli e forma; sulle peponidi sono stati rilevati: morfologia (in sezione longitudinale misurare profondità mesocarpo, placenta, cavità placentare), colore epicarpo, diametri equatoriale e polare, sostanza secca. Per la caratterizzazione morfo-fisiologica è stato utilizzato il modello dei descrittori GIBA (Gruppo di lavoro nazionale sulla Biodiversità Agraria) del melone (Rif. CPVO TP/104/2). Dai risultati sono emerse differenze morfo-fisiologiche tra i genotipi pugliesi, che sono stati dettagliatamente caratterizzati. Gli ibridi di cetriolo hanno mostrato una crescita rapida e vigorosa e una pronta entrata in produzione, a differenza delle varietà locali, tra cui BA e BT sono stati i più lenti e meno vigorosi; tuttavia, CAS e CAT hanno raggiunto livelli di produzione confrontabili a quelli dei cetrioli e i barattieri hanno comunque raggiunto il volume produttivo atteso da questa varietà. Si può quindi affermare che barattiere e carosello ben si adattano alla coltivazione in serra con la tecnica del senza suolo e possono essere una valida alternativa alla coltivazione del cetriolo. Inoltre, così come recenti studi effettuati da questo gruppo affermano, anche per cetriolo, carosello e barattiere, l'impiego dell'illuminazione supplementare LED permette la destagionalizzazione produttiva. Il presente studio è stato condotto nell'ambito del progetto SOILLESS GO "SOstenibilità ambientale, Innovazioni di processo e di prodotto per la competitività delle coltivazioni Senza Suolo in Puglia – Gruppo Operativo", finanziato nell'ambito del PSR Puglia 2014/2020 – Misura 16 – Cooperazione – Sottomisura 16.2 "Sostegno a progetti pilota e allo sviluppo di nuovi prodotti, pratiche, processi e tecnologie".

### Riconoscimenti

Lavoro classificato al primo posto (ex-aequo) al concorso "Premio Dottorandi - Convegno Biodiversità 2021".

## Effect of saline-nutrient solution on yield and quality at harvest and during storage of fresh-cut sea fennel (*Crithmum maritimum* L.)

Amoruso F.<sup>1,2</sup>, Gómez P.A.<sup>3</sup>, Martínez-Ballesta M.C.<sup>1,3</sup>, Giménez A.<sup>1</sup>, Egea-Gilabert C.<sup>1</sup>, Fernández J.A.<sup>1,3\*</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Ingeniería Agronómica. Universidad Politécnica de Cartagena. Paseo Alfonso XIII, 48, 30203 Cartagena, Spain

<sup>2</sup>Department of Agricultural and Environmental Sciences. University of Bari "Aldo Moro". Via G. Amendola, 165/A, 70126 Bari

<sup>3</sup>Instituto de Biotecnología Vegetal. Universidad Politécnica de Cartagena. Campus Muralla del Mar s/n. 30202 Cartagena, Spain

\*Corresponding author: [juan.fernandez@upct.es](mailto:juan.fernandez@upct.es)

Parole chiave: salinity, microbial growth, sensory quality, floating system, ready-to-eat

Sea fennel (*Crithmum maritimum* L.) is an herbaceous aromatic and edible halophyte, naturally occurring in coastal areas of the Mediterranean basin. Besides its scientific interest as a salt-tolerant species, it exhibits considerable nutritional value and economical potential as a ready-to-eat product. In this study, the effect of salinity (80 mM NaCl) compared to a control (9 mM NaCl) on growth and shelf-life of fresh-cut sea fennel was evaluated. For that, sea fennel plants were cultivated during 30 days in a hydroponic floating system. Plant growth and minerals content were determined at harvest. Then, the leaves were washed, packaged in PVC baskets, heat sealed with an OPP film to generate a passive modified atmosphere and stored during 12 days at 5°C. At days 0, 6 and 12, atmosphere composition, weight loss, colour, firmness, microbial and sensory quality and antioxidant capacity were determined. At harvest, leaves from plants grown in salinity had a lower content of NO<sub>3</sub><sup>-</sup>, K<sup>+</sup> and Ca<sub>2</sub><sup>+</sup> and an increased Cl<sup>-</sup> and Na<sup>+</sup> concentration when compared to the

control. There was a positive effect in the aerial part with increased fresh weight due to salt stress, but a reduction in the root biomass. During storage, atmosphere composition within packages was very similar for both treatments (CO<sub>2</sub>/O<sub>2</sub> concentrations around 9 kPa/12 kPa, respectively). Weight loss and colour changes were not significant while leaves' firmness was higher for control and increased during storage, probably due to lignification. Microbial growth (psychrophiles, yeast and moulds and enterobacteria) was higher at harvest for control and increased during storage, with no differences between treatments after 12 days at 5°C. *Listeria* was not detected in both treatments. Sensory quality was similar for both treatments, but leaves from NaCl treatment had a salty taste easily detected by panellists. These results show that saline-nutrient solution applied in hydroponics is a suitable system for sea fennel growth. It gives a slightly salty but high-quality product, acceptable as a "ready-to-eat" vegetable.

## Costituzione di nuove varietà di cavolo broccolo, fagiolo mangiatutto e pomodoro per la transizione agroecologica dell'azienda orticola: il caso del progetto EU H2020 BRESOV

Branca F.<sup>1\*</sup>, Schippa G.<sup>1</sup>, Papa R.<sup>2</sup>, Cardi T.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Università di Catania, Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente (Di3A), via Valdisavoia 5. Catania

<sup>2</sup>Università Politecnica delle Marche, Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente (Di3), Ancona

<sup>3</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria, Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo (CREA-OF), Via Cavalleggeri 25, 84098 Pontecagnano

\*Autore corrispondente: fbranca@unict.it

Parole chiave: *Brassica oleracea*, *Phaseolus vulgaris*, *Solanum lycopersicum*, orticoltura biologica, qualificazione varietale

Il progetto BRESOV (*Breeding for Resilient, Efficient and Sustainable Organic Vegetable production*), approvato nell'ambito del Programma EU H2020 (SFS-07-2017, GA 774244), persegue l'obiettivo generale di incrementare la competitività di tre importanti colture orticole (cavolo broccolo, fagiolino e pomodoro), attraverso la costituzione e diffusione di cultivar resilienti ai cambiamenti climatici, idonee ai sistemi e alle tecniche di coltivazione biologica (<https://bresov.eu>). Il progetto è sostenuto da 22 partner, che rappresentano 10 Paesi europei, 2 Paesi associati UE (Svizzera e Tunisia) e 2 Paesi extra-UE (Cina e Corea del Sud), strettamente interconnessi con articolate attività interdisciplinari. La cronica carenza di sementi biologiche per l'orticoltura, a cui si assiste da decenni in Europa, e l'abuso di richieste di deroga per la coltivazione in biologico di sementi non certificate sono stati di recente presi in considerazione dalla Direttiva EU 848/2018 che vieta tale deroga e pone le basi per la costituzione del catalogo delle varietà eterogenee per la coltivazione biologica. L'ambizione del progetto è quella di: i) migliorare la competitività della produzione biologica di tre importanti colture orticole; ii) ampliare la base genetica per il miglioramento genetico di tali colture; iii) migliorare le varietà esistenti e/o di recente costituzione per la produzione di ortaggi biologici in EU; iv) aumentare la resistenza di tali colture agli stress biotici e abiotici. Il progetto, avviato nel maggio del 2018, ha consolidato una rete di collaborazioni attive per lo sviluppo della produzione di sementi ortive biologiche di elevata qualità grazie all'ampio coinvolgimento di portatori di interesse (*breeder*, ditte

sementiere, tecnologi agrari e alimentari, associazioni di coltivatori e di consumatori, industrie alimentari, istituti di istruzione e di ricerca). Durante le attività in corso, 837 accessioni di *Brassica oleracea* (broccoli, cavolfiori e relativi parenti selvatici), 496 di *Solanum lycopersicum* e 675 di *Phaseolus vulgaris* sono stati genotipizzati e fenotipizzati per identificare tratti di interesse per l'orticoltura biologica (caratteristiche biomorfologiche delle piante, tolleranza a stress idrici, salini e termici, efficienza d'uso di azoto e di acqua irrigua, resistenza a numerosi patogeni chiave). Particolare attenzione è stata posta al contenuto di composti antiossidanti, quali glucosinolati, polifenoli, carotenoidi, e proteici e alle principali caratteristiche organolettiche del prodotto (es. dolcezza, acidità, colore). Al fine di produrre sementi biologiche di alta qualità, è in corso la valutazione degli individui contraddistinti da tratti agronomici e tecnologici di pregio, in aziende biologiche di vari Paesi europei ed extra-EU, caratterizzati da differenti condizioni pedoclimatiche e culturali. I risultati sinora acquisiti consentono già al consorzio di supportare la crescente domanda di ortaggi biologici. La selezione e la propagazione in corso dei genotipi di élite di cavolo broccolo, fagiolino e pomodoro, più resistenti ai cambiamenti climatici e ai parassiti delle piante, pongono le basi per rendere l'orticoltura biologica più competitiva e attraente per gli agricoltori di tutta Europa e anche nei Paesi Extra-EU.

### Bibliografia

Rossi et al. 2020. *J. Agron.*, 24, 114-120.

## Valorizzazione e tracciabilità della biodiversità di “puntarelle” (*Cichorium intybus*, gruppo *Catalogna*) mediante approcci omici integrati

Testone G.<sup>1</sup>, Mele G.<sup>1</sup>, D’Acunzo F.<sup>1</sup>, Sobolev A.<sup>1</sup>, Gonnella M.<sup>2</sup>, Renna M.<sup>2</sup>, Longo V.<sup>3</sup>, Giannino D.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Istituto per i Sistemi Biologici, Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Via Salaria km 29,300. Monterotondo Scalo. 00015, Roma

<sup>2</sup>Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari, CNR, Via Amendola, 122/O – 70126, Bari

<sup>3</sup>Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria, CNR, Via Moruzzi 1, 56124 Pisa

\*Autore corrispondente: [donato.giannino@cnr.it](mailto:donato.giannino@cnr.it)

Parole chiave: puntarelle, diversità, scienze omiche, amarezza, dolcezza

Negli ultimi anni si è assistito a un costante ampliamento del mercato delle “puntarelle” - le punte degli steli delle infiorescenze di cicoria (*Cichorium intybus* L., gruppo *Catalogna*) - che da tipico prodotto locale della tradizione pugliese e laziale, stanno approdando su mercati sempre più ampi per essere venduti come prodotti d’élite per il consumo fresco o lavorato (III, IV e V gamma). Nello specifico, le aree pugliesi di Molfetta e Galatina rappresentano importanti bacini di biodiversità per le “puntarelle” e da cui gli agricoltori locali hanno attinto per la selezione e il mantenimento degli ecotipi ‘Molfettese’ (Mol) e ‘Galatina’ (Gal). Al fine di caratterizzare la biodiversità delle “puntarelle”, sono state eseguite analisi a livello fenotipico (descrittori morfologici e di amarezza/dolcezza), nutraceutico (proprietà e composti antiossidanti), metabolico (oltre 30 composti idrosolubili che includono: nitrati, amminoacidi, carboidrati ecc.) e genico (variazione trascrittomico e polimorfismo allelico). L’insieme integrato dei dati è stato utile per la valorizzazione e la tracciabilità del prodotto e, in prospettiva, per il miglioramento genico assistito, e ha fornito informazioni sulle prestazioni delle coltivazioni *in-* ed *ex-situ* in pieno campo. Utilizzando l’approccio “dal metabolita al gene” (bottom-up), sono state investigate le reti molecolari che sottendono le vie metaboliche di alcuni tratti

d’interesse. Per quanto riguarda il gusto, il tipo e i livelli dei sesquiterpeni lattoni (STL) e il contenuto totale dei carboidrati risultavano rispettivamente più alti e più bassi in Mol rispetto a Gal, coerentemente con i punteggi di amarezza e dolcezza, e i test gustativi. L’assemblaggio del trascrittoma di Gal e le analisi comparative dell’espressione genica (Mol vs Gal) hanno identificato 1640 geni differenzialmente espressi (DEGs) che mantenevano il profilo indipendentemente dal sito di coltivazione. Le analisi delle vie metaboliche classificate secondo KEGG hanno rivelato l’arricchimento di DEGs all’interno dei *pathway* degli STL e del catabolismo del saccarosio. Le analisi di correlazione tra le variazioni delle abbondanze dei metaboliti, e dei livelli di espressione dei geni della biosintesi e dei fattori trascrizionali hanno rivelato diversi network genici in grado di regolare il contenuto di zuccheri e STL. Queste reti risultavano scarsamente influenzate dall’ambiente ed erano accompagnate da marcatori dei polimorfismi, che rappresentano una ricchezza per studi biologici e di miglioramento varietale. Inoltre, l’alto contenuto di fucosterolo bioattivo e benefico nelle “puntarelle” ha stimolato l’investigazione del *pathway* dei fitosteroli e, in fine, è stato approcciato lo studio sull’uso dei polimorfismi del DNA dei cloroplasti finalizzato al fingerprinting degli ecotipi.

## Valutazione morfo-qualitativa di linee *inbred* di carciofo derivate da popolazioni italiane per la costituzione di ibridi F<sub>1</sub>

Ficcadenti N.<sup>1\*</sup>, Galieni A.<sup>1</sup>, Platani C.<sup>1</sup>, Dattoli M.A.<sup>1</sup>, Di Filippo V.<sup>1</sup>, Stagnari F.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Centro di Ricerca Orticoltura e Florovivaismo, CREA, Via Salaria, 1, 63077 Monsampolo del Tronto (AP)

<sup>2</sup>Facoltà di Bioscienze e Tecnologie Agroalimentari e Ambientali, Università di Teramo, Via R. Balzarini, 1, 64100 Teramo

\*Autore corrispondente: [nadia.ficcadenti@crea.gov.it](mailto:nadia.ficcadenti@crea.gov.it)

Parole chiave: *Cynara cardunculus* var. *scolymus*, descrittori morfologici, autoimpollinazione, tratti qualitativi

Il carciofo, una tra le più importanti ortive in Italia, è una pianta erbacea perenne coltivata principalmente nel bacino del Mediterraneo; è una specie eterozigote a impollinazione incrociata. La costituzione varietale del carciofo è stata per lo più limitata alla selezione clonale nell'ambito di popolazioni locali propagate agamicamente. Il sistema riproduttivo via seme, attraverso lo sviluppo di nuove cultivar e/o di ibridi F<sub>1</sub>, può sostituire quello basato sull'impiego degli organi tradizionali di riproduzione consentendo di: meccanizzare le operazioni di semina e ridurre i costi d'impianto; ottenere carciofaie omogenee; migliorare lo stato sanitario delle piante; incrementare le rese unitarie. Il miglioramento genetico del carciofo da seme ha una storia limitata a causa delle difficoltà di operare su popolazioni allogame eterogenee e ad elevata depressione da *inbreeding*. L'avvio di un programma di miglioramento richiede la conoscenza delle performance delle linee parentali e della plasticità fenotipica dei caratteri al fine di definire le migliori combinazioni di incrocio. In questo studio sono state valutate 4 popolazioni locali, "Jesino" (Je), "Mazzaferrata" (Mz), "Montelupone B" (ML\_B) e "Violetto Tardivo di Pesaro" (VT\_PS). Per ogni genotipo, sono stati posti a confronto 3 diversi stadi del ciclo genetico (popolazione, S<sub>n</sub>; primo ciclo di autofecondazione, S<sub>1</sub>; secondo ciclo di autofecondazione, S<sub>2</sub>). Allo stadio S<sub>2</sub>, le piante delle popolazioni ML\_B, Je, Mz e VT\_PS hanno raggiunto rispettivamente l'80, il 60, il 55 e il 42% dell'omozigosi. L'esperimento è stato condotto nel 2019 presso l'azienda sperimentale del Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo (CREA-OF), Monsampolo del Tronto (AP). Il materiale vegetale (carducci) è stato trapiantato nel 2016 in file distanziate di 1,0 m x 1,2 m. Per ogni tesi sperimentale (genotipo x ciclo genetico), 6 piante sono state selezionate per la valutazione dei caratteri morfologici e qualitativi dei capolini primari. La precocità è stata misurata come giorni dall'inizio dell'esperimento (DABE), stabilito il 15 marzo 2019 (piena ripresa vegetativa). I capolini sono stati raccolti scalarmemente alla maturazione commerciale,

caratterizzati sulla base dei descrittori morfologici riportati sul protocollo CPVO (*Community Plant Variety Office*) e liofilizzati per le determinazioni analitiche (polifenoli totali, TPC; flavonoidi totali, TFC; attività antiossidante, ABTS; acido clorogenico, CGA; acido caffeico, CaA). L'analisi della varianza (ANOVA) è stata eseguita per ciascun genotipo al fine di testare gli effetti del ciclo genetico sulle variabili studiate. VT\_PS si è dimostrato il genotipo più precoce (42 DABE); risultati inattesi sono stati osservati per Je (53 DABE), normalmente caratterizzato da maggiore precocità, probabilmente a causa delle elevate precipitazioni e delle basse temperature registrate nel periodo marzo-aprile. Non sono state osservate differenze significative tra S<sub>n</sub>, S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>. Le caratteristiche morfologiche registrate erano in linea con i caratteri distintivi tipici varietali, nonostante un certo numero di capolini "off-type" sia stato osservato nelle generazioni S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>. In generale, indipendentemente dal genotipo e a causa della depressione da *inbreeding*, è stata osservata una diminuzione del peso fresco (FW) dei capolini nelle linee *inbred* (S<sub>2</sub> in particolare); tuttavia, queste differenze sono state significative solo per i genotipi Je e Mz. Il ridotto FW è associato ad una riduzione complessiva della dimensione dei capolini. Gli effetti del ciclo genetico sui caratteri qualitativi del capolino erano strettamente legati al genotipo e non è stato possibile identificare un trend comune. In termini di TPC, differenze significative sono state registrate solo per ML\_B, genotipo caratterizzato dal livello più elevato di omozigosi, con contenuti inferiori nelle linee *inbred*. Il contenuto di CGA negli estratti è risultato inferiore nei cicli di autofecondazione. Interessante, per ML\_B è stato osservato un contenuto significativamente più elevato di CaA in S<sub>2</sub> rispetto a S<sub>n</sub> e S<sub>1</sub>. Questi risultati preliminari dovrebbero incoraggiare le future attività di ricerca volte a selezionare genotipi dotati di caratteri quantitativi di pregio nelle generazioni di autofecondazione, idonei per la costituzione di ibridi F<sub>1</sub>.

## Valorizzazione di germoplasma coltivato e spontaneo di *Brassica oleracea* per la costituzione di cultivar di broccolo e di cavolfiore destinati alla coltivazione con il metodo biologico

Palma D.<sup>1\*</sup>, Pepe A.<sup>1</sup>, Leteo F.<sup>1</sup>, Bertone A.<sup>1</sup>, Campanelli G.<sup>1</sup>, Sestili S.<sup>1</sup>, Bianchi G.<sup>2</sup>, Picchi V.<sup>2</sup>, Lo Scalzo R.<sup>2</sup>, di Bella M.C.<sup>3</sup>, Branca F.<sup>3</sup>, Ficcadenti N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro di Ricerca Orticoltura e Florovivaismo, CREA-OF, Via Salaria, 1, 63077 Monsampolo del Tronto (AP)

<sup>2</sup>Centro di Ricerca Industria e Trasformazioni Agroalimentari, CREA-IT, via G. Venezian, 26, 20133 Milano

<sup>3</sup>Università di Catania, Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente (Di3A), via Valdisavoia, 5, 95123 (Catania)

\*Autore corrispondente: [daniela.palma@crea.gov.it](mailto:daniela.palma@crea.gov.it)

Parole chiave: *Brassica oleracea* spp., breeding, agricoltura biologica, biocomponenti nutraceutici

Nell'ambito dell'ampio panorama orticolo che caratterizza i Paesi del Bacino del Mediterraneo, le Brassicaceae, assumono un'importanza di rilievo, dovuta soprattutto all'ampia diversità espressa sia dalle specie spontanee (CWRLs) che da quelle coltivate locali (*landraces*). Le numerose cultivar locali, coltivate e conservate *on farm* nel tempo dagli orticoltori, hanno suscitato, negli ultimi anni, l'interesse di genetisti e dei produttori di tutto il mondo, per l'elevato adattamento all'ambiente di produzione, la maggiore resistenza agli stress biotici e abiotici e soprattutto per le note proprietà nutraceutiche. Questi aspetti sono di fondamentale importanza per la sostenibilità della biodiversità delle cultivar locali, che tendono sempre più ad essere sostituite da cultivar commerciali. Al fine di valorizzare tale biodiversità, è stata avviata, nell'ambito del progetto Europeo H2020 "Breeding for Resilient, Efficient and Sustainable Organic Vegetable Production" (BRESOV), un programma di breeding con l'obiettivo di migliorare le principali caratteristiche agronomiche e qualitative di cultivar di broccolo e di cavolfiore adatte per la coltivazione in biologico. I materiali genetici costituiti presso l'Università di Catania sono stati coltivati, sia in pieno campo sia in serra, presso il CREA-OF di Monsampolo del Tronto; questi erano rappresentati da 10 cultivar locali di cavolfiore e broccolo (*Brassica oleracea* var. *botrytis* e *Brassica oleracea* var. *italica*), da 8 specie spontanee afferenti al *B. oleracea*

complex species (n=9), da 7 ulteriori ibridi F<sub>1</sub> (HF<sub>1</sub>) realizzati tra alcune cultivar locali e specie spontanee. In totale, sono stati realizzati 32 HF<sub>1</sub>. Per ciascun HF<sub>1</sub> sono state allevate 18 piante. Tutti i materiali sono stati valutati dal punto di vista fenotipico, agronomico e qualitativo. La selezione è stata effettuata sulla base dei caratteri fisiologici (epoca di maturazione commerciale, fioritura), dei caratteri morfologici dell'infiorescenza quali dimensione, colore, consistenza, compattezza, e dei caratteri qualitativi di rilevanza nutraceutica. Le piante selezionate sono state autofecondate e/o utilizzate per la realizzazione di incroci e reincroci. I materiali aventi tratti agronomici e qualitativi di pregio saranno valutati in ambiente biologico al fine di verificarne l'adattabilità in coltivazione. Il materiale selezionato è stato caratterizzato presso il CREA-IT di Milano per il contenuto di acido ascorbico (AsA) (HPLC), di alchil-solfuri (HS-SPME GC-MS) e per la capacità antiossidante *in vitro* (saggio spettrofotometrico DPPH). I campioni analizzati hanno mostrato come previsto una notevole variabilità: riguardo l'AsA il corrispondente *range* è risultato compreso tra 290 e 771 mg/100 g di peso secco, mentre per l'indice di capacità antiossidante sono stati osservati valori compresi tra 406 a 11308 mg eqAsA/100 g di peso secco. I due parametri sono risultati discretamente correlati (r=0,515). Gli alchil-solfuri totali sono stati quantificati in un intervallo tra 0,66 e 7,59 µmol g<sup>-1</sup> di peso secco.

## Biodiversità del carciofo: caratterizzazione metabolomica di varietà locali tramite spettroscopia NMR

Blanco E.<sup>1\*</sup>, Musio B.<sup>2</sup>, Todisco S.<sup>2</sup>, Morgese A.<sup>1</sup>, Losavio F.<sup>1</sup>, Gallo V.<sup>2,3</sup>, Mastroilli P.<sup>2,3</sup>, Sonnante G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Istituto di Bioscienze e Biorisorse del CNR (IBBR), Via Amendola 165/A, 70126, Bari

<sup>2</sup>Dipartimento di Ingegneria Civile, Ambientale, del Territorio, Edile e di Chimica (DICATECh), Politecnico di Bari, via Orabona 4, I-70125, Bari

<sup>3</sup>Innovative Solutions S.r.l. – Spin Off del Politecnico di Bari, zona H 150/B, I-70015, Noci (BA)

\*Autore corrispondente: [emanuela.blanco@ibbr.cnr.it](mailto:emanuela.blanco@ibbr.cnr.it)

Parole chiave: *Cynara cardunculus*, NMR, *fingerprinting*, analisi metabolomica, composti nutraceutici

Il carciofo è un alimento funzionale ricco di composti nutraceutici, benefici per la salute umana. In particolare, i capolini, ossia la parte edule, sono ricchi di metaboliti secondari quali polifenoli, fibre (inulina) e minerali. L'Italia possiede il più ampio pool genico di carciofo coltivato [*Cynara cardunculus* var. *scolymus* (L.) Fiori], includendo una ricca biodiversità cinaricola (Pavan et al. 2018). Nelle regioni centro-meridionali Italiane, tra cui la Puglia, vengono coltivate e preservate una moltitudine di tipi varietali ed ecotipi, differenti per ciclo fenologico, morfologia e composizione chimica. Le peculiari proprietà nutrizionali ed attività farmacologiche, quali attività antiossidanti, antitumorali, epatoprotettive, antimicrobiche ed anti-iperlipidemiche sono strettamente correlate alla composizione metabolica. Per cui, la determinazione dei metaboliti presenti nella parte edule delle varietà locali di carciofo risulta importante per poter valorizzare ed utilizzare al meglio le risorse genetiche autoctone di questa specie. Al fine di ottenere un esauriente studio metabolomico, sono state condotte analisi di spettroscopia NMR non-targeted, metodica comparativa rapida ed altamente riproducibile che, attraverso lo studio globale della composizione metabolica (*fingerprinting*), permette di individuare anche minime variazioni metaboliche tra campioni appartenenti a diverse varietà. Nell'ambito del presente studio, sono state selezionate 16 varietà

locali, di cui 10 di origine pugliese, caratterizzate da un diverso colore del capolino (viola, verde o intermedio verde-viola), coltivate nel campo catalogo dell'IBBR-CNR di Bari. Le analisi sono state condotte su estratti acquosi sia delle brattee esterne sia dei cuori, ossia la parte edule (composti dalle brattee interne e dal ricettacolo) per delineare la distribuzione dei metaboliti all'interno delle diverse parti del capolino, ed individuare piccole variazioni del profilo metabolico responsabili della biodiversità e delle proprietà nutrizionali delle varietà cinaricole studiate. Le indagini effettuate hanno evidenziato una chiara distinzione nel contenuto metabolomico tra brattee esterne e cuore, soprattutto a carico di alcuni specifici metaboliti, tra cui l'inulina, amminoacidi come isoleucina e arginina, e carboidrati come il glucosio, che sono maggiormente presenti nella parte edule del capolino. Il profilo metabolico delle brattee esterne evidenzia invece la suddivisione delle varietà in 3 gruppi, in accordo con la loro differenza di colore. Acidi caffeoilchinici e asparagina caratterizzano le varietà con le brattee esterne viola, mentre gli zuccheri sono i composti che contribuiscono al raggruppamento delle varietà dalle brattee esterne verdi e verdi-viola.

### Bibliografia

Pavan et al. 2018. *PLoS One*, 13, e0205988.



## Caratterizzazione genetica del ‘Carciofo Ortano’, una varietà locale ad alto rischio di erosione genetica coltivata nella Valle del Tevere

Catarcione G.<sup>1</sup>, Paolacci A.R.<sup>1</sup>, Alicandri E.<sup>2</sup>, Covino S.<sup>1</sup>, Del Lungo A.<sup>1</sup>, Paoletti S.<sup>3</sup>, Pati F.<sup>3</sup>, Iacononi V.<sup>3</sup>, Ciaffi M.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>DIBAF, Università della Tuscia, Via San Camillo de Lellis, 01100 Viterbo

<sup>2</sup>Università Mediterranea di Reggio Calabria, Località Feo di Vito 89121, Reggio Calabria

<sup>3</sup>ARSIAL, Via Rodolfo Lanciani, 38 00162 Roma

\*Autore corrispondente: [ciaffi@unitus.it](mailto:ciaffi@unitus.it)

Parole chiave: diversità genetica, conservazione *in situ*, *Cynara cardunculus* var. *scolymus* L., SSR, ISSR

Nel Lazio, la produzione del carciofo è legata principalmente alla coltivazione del Carciofo Romanesco del Lazio (CRL) IGP. La zona di produzione del CRL IGP è circoscritta ad alcune aree delle province di Viterbo, Roma e Latina. Il disciplinare di produzione dell'IGP del CRL indica che il materiale da coltivare deve essere rappresentato dalle varietà locali ‘Castellammare’ e ‘Campagnano’ (tutelate dalla L.R. n. 15/2000), ed i relativi cloni. Nel Lazio infatti in passato era molto diffusa la coltivazione di due popolazioni appartenenti alla tipologia ‘Romanesco’ denominate ‘Campagnano’ e ‘Castellammare’, soprattutto nell’areale del litorale romano. Successivamente, il clone C3, proveniente da selezione massale nella popolazione Castellammare per la sua precocità e qualità del capolino, ha sostituito le varietà locali tradizionali nella maggior parte delle carciofaie laziali, e si è anche diffuso su ampie superfici di altre regioni cinaricole quali Sicilia, Puglia e Sardegna. L’elevata richiesta di questo clone da parte del mercato ha però causato, almeno in Lazio e Campania, un fenomeno di erosione genetica per le popolazioni autoctone di Romanesco tradizionalmente coltivate in queste aree. Oltre a Castellammare e Campagnano un’altra varietà locale probabilmente appartenente alla tipologia ‘Romanesco’ risultava ampiamente coltivata lungo il tratto del fiume Tevere nel comprensorio del comune di Orte e per questo denominata ‘Carciofo Ortano’. Questa varietà locale si è mantenuta grazie all’attività di alcuni agricoltori che la continuano a coltivare in piccole aziende o orti locali ed è ad alto rischio di erosione genetica data l’età avanzata degli agricoltori e le piccole superfici di coltivazione. Lo scopo del presente lavoro è stato quello di analizzare in dettaglio la struttura genetica del ‘Carciofo Ortano’ mediante marcatori molecolari (SSR e ISSR) al fine di delineare e sviluppare le migliori strategie per la sua conservazione *in situ/on farm* e per l’individuazione dei genotipi rappresentativi della tipologia della varietà locale per la sua riproduzione allo scopo di estenderne le superfici di coltivazione. Inizialmente è stato effettuato un censimento delle aziende e degli orti dove tuttora viene coltivata la varietà locale ‘Carciofo Ortano’ che ha permesso di identificare 16 impianti di coltivazione da dove sono state selezionate e contrassegnate un

totale di 56 piante per le analisi genetico/molecolari, nelle quali sono state inoltre incluse alcune accessioni di varietà o cloni appartenenti alle quattro tipologie varietali coltivate in Italia: Romaneschi, Violetti, Spinosi e Catanesi (attività finanziata nell’ambito dell’Operazione 10.2.1 del PSR Lazio). I risultati ottenuti in questo studio analizzando un campione di piante rappresentativo del ‘Carciofo Ortano’ mediante due diverse tipologie di marcatori molecolari (SSR e ISSR) hanno evidenziato che questa varietà locale è caratterizzata da un discreto livello di variabilità genetica, indicando che gli agricoltori hanno probabilmente mantenuto materiali morfologicamente simili, ma geneticamente distinti. Le analisi genetiche condotte hanno confermato l’appartenenza della maggior parte delle piante campionate nell’areale di coltivazione del ‘Carciofo Ortano’ alla tipologia ‘Romanesco’ ed hanno indicato che nell’ambito della varietà locale ‘Carciofo Ortano’ si possono distinguere due gruppi principali, uno che risulta più vicino da un punto di vista genetico alle varietà locali Campagnano e Castellammare e ai cloni da esse derivati, l’altro alla varietà locale Montelupone coltivata nel comprensorio dell’omonimo comune in provincia di Macerata. Tuttavia, grazie alla sua peculiare ed elevata variabilità la varietà locale ‘Carciofo Ortano’ risulta distinta da un punto di vista genetico dalle varietà appartenenti al tipo ‘Romanesco’ utilizzate nelle analisi come controlli, incluse le varietà locali ed i relativi cloni che costituiscono la base varietale del CRL IGP. Le analisi condotte hanno permesso l’identificazione di un gruppo di genotipi rappresentativi della variabilità genetica riscontrata nella varietà locale che sono stati riprodotti *in situ* mediante l’allestimento, con il supporto del Comune di Orte e dell’Associazione di agricoltori locali “*Horti in Tiberi*”, di un campo catalogo, per una loro dettagliata ed estesa caratterizzazione morfo-fenologica e nutrizionale, per la conservazione della variabilità genetica e per la produzione di materiale destinato all’eventuale aumento delle superfici di coltivazione. Nel 2020 la varietà locale è stata iscritta al Registro Volontario Regionale in quanto risorsa genetica autoctona del Lazio, a rischio di erosione genetica, in applicazione della L.R. 1 marzo 2000 n. 15 “Tutela delle risorse genetiche autoctone di interesse agrario”.

## Studio fenologico delle risorse genetiche vegetali autoctone campane

Frusciante E.L.\*, Trotta N., Giannatiempo M., Adinolfi P.P.

Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria – CREA, Centro di ricerca Difesa e Certificazione, Via SS 18, n° 242 – Battipaglia SA

\*Autore corrispondente: [elaura.frusciante@crea.gov.it](mailto:elaura.frusciante@crea.gov.it)

Parole chiave: agrobiodiversità, PSR, RGV, fenologia, database

Nell'ambito del progetto collettivo ABC "AgroBiodiversità Campana" per la moltiplicazione, conservazione e caratterizzazione delle risorse genetiche vegetali erbacee autoctone, finanziato dalla Regione Campania (PSR 2014-2020), il centro Difesa e Certificazione del CREA è partner responsabile dell'azione mirata a.4: "Caratterizzazione morfofisiologica di risorse genetiche vegetali autoctone campane". Le piante della stessa Risorsa Genetica Vegetale (RGV) per quanto possano sembrare identiche, difficilmente lo sono, per varie caratteristiche anatomiche e strutturali ereditarie, nonché fisiologiche fortemente influenzate da fattori ambientali. Pertanto, con il presente lavoro, si è voluto evidenziare come la variabilità fenotipica all'interno di ogni RGV esaminata sia causata oltre che da differenze genetiche, anche e soprattutto dall'ambiente e dall'interazione di questi due fattori. Lo studio è stato condotto su dodici accessioni allevate in parcelle sperimentali dedicate a quattro specie: fava (*Vicia faba* L.), aglio (*Allium sativum* L.), cicerchia (*Lathyrus sativus* L.) e pisello (*Pisum sativum* L.), nell'azienda agricola sperimentale "Corno D'Oro" del CREA-DC sita in Battipaglia nell'omonima località al n.242 della Strada Statale 18 alla Latitudine 40.576 e Longitudine 14.985. Dopo l'archiviazione delle informazioni inerenti i campioni ricevuti dalla Banca del germoplasma vegetale della Regione Campania, è stata eseguita la semina di ogni accessione e in seguito alla messa a dimora delle giovani piante ha avuto inizio l'esecuzione dei

rilievi morfo-fenologici delle RGV e la realizzazione di un database fenologico che ha consentito lo studio dell'andamento di sviluppo delle colture in relazione ai cambiamenti climatici. I rilievi sono stati eseguiti con cadenza settimanale e con l'ausilio di specifica strumentistica quali, calibri, righelli graduati, righelli di precisione ad angolo retto per misurazione millimetrica e fotocamere digitali per foto e video. La registrazione dei dati, in modalità cartacea e telematica, ha riguardato le seguenti informazioni: numero di parcella, data e ora del rilievo, numero delle piante sane per singolo plot, altezza pianta, diametro del fusto principale, espansione fogliare, inizio e fine di ogni singola fase fenologica, nonché ore di luce giornaliera (fotoperiodo), dati agrometeorologici: temperatura media, umidità media, millimetri di pioggia, provenienti dalla capannina meteorologica installata presso il centro CREA-DC di Battipaglia (SA). Per i rilievi morfo-fenologici sono state impiegate le Linee guida Nazionali della biodiversità vegetale di interesse agrario, specifiche per ogni RGV, integrate dai descrittori specifici di studio. Le elaborazioni statistiche delle informazioni raccolte hanno consentito la messa a punto di calendari fenologici per singola RGV che dovranno essere confermati nel secondo ciclo di prova, per costatare se esistono statisticamente significative fra le singole accessioni della stessa specie.

## La biodiversità campana: una risorsa preziosa per le produzioni locali di nicchia e per lo sviluppo di nuove varietà

Tranchida-Lombardo V.<sup>1</sup>, Tripodi P.<sup>2</sup>, Tucci M.<sup>1</sup>, Grasso F.<sup>3</sup>, Rao R.<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup>Istituto di Bioscienze e Biorisorse, CNR, Via Università 100, 80055, Portici

<sup>2</sup>Centro di Ricerca Orticoltura e Florovivaismo, Via dei cavalleggeri 84098, Pontecagnano (SA)

<sup>3</sup>Università di Napoli Federico II, Dipartimento di Agraria, Via Università 100, 80055, Portici

\*Autore corrispondente: rao@unina.it

Parole chiave: risorse genetiche locali, agrobiodiversità, fingerprinting molecolare, specie ortive

La perdita di biodiversità, interspecifica ed intraspecifica, rappresenta oggi uno dei problemi di maggiore interesse su scala mondiale e coinvolge sia il settore strettamente scientifico che l'iniziativa dei privati e degli organi di governo internazionali e nazionali. La conservazione e valorizzazione della diversità biologica è, conseguentemente, uno degli obiettivi più importanti per il futuro dell'umanità. La variabilità genetica delle specie coltivate dall'uomo (Risorse Genetiche Vegetali per l'Alimentazione e l'Agricoltura, RGVAA) influenza fortemente il tessuto produttivo e sociale delle comunità locali, ed è inoltre determinante per l'evoluzione dell'agricoltura poiché costituisce una fonte preziosa e insostituibile di geni utili. Tuttavia, la maggiore erosione genetica si osserva proprio nelle specie agrarie, a causa dell'industrializzazione dell'agricoltura e della spinta alla massima produttività delle colture, che hanno richiesto la selezione e la diffusione di varietà migliorate geneticamente molto produttive e rispondenti a requisiti di omogeneità, stabilità e standardizzazione sia a livello delle loro sementi che del loro metodo di coltivazione. Le nuove varietà così costituite hanno velocemente soppiantato le numerose varietà locali esistenti. Le varietà locali, tuttavia, rappresentano una risorsa fondamentale non solo come fonte di geni utili ma anche per lo sviluppo delle microeconomie locali. Infatti, il maggiore interesse ed attenzione da parte di consumatori verso gli aspetti salutistici dei prodotti tradizionali ne hanno fatto negli ultimi anni aumentare la richiesta. Sul territorio italiano, la Regione Campania, grazie alle caratteristiche eco-geografiche ed alla presenza di ambienti rurali molto ben differenziati, conserva una notevole biodiversità agraria rappresentata da un elevato numero di varietà locali e tradizionali, soprattutto di specie ortive, tanto da essere considerata un centro secondario di differenziazione. Recentemente, nell'ambito della misura 10.2.1 del Programma di Sviluppo Rurale 2014-2020, è stato

finanziato il Progetto "AgroBiodiversità Campana (ABC): moltiplicazione, conservazione e caratterizzazione di risorse genetiche vegetali (RGV) erbacee autoctone", che prevede azioni di caratterizzazione, moltiplicazione, tutela e valorizzazione delle risorse genetiche locali. Nell'ambito del progetto, l'azione a7 si occupa della caratterizzazione genetico-molecolare, mediante utilizzo di marcatori molecolari informativi, delle RGVAA autoctone campane per le quali sono già in atto processi di valorizzazione e caratterizzazione. In particolare, sono in corso di analisi 165 RGVAA di 22 specie erbacee appartenenti alle famiglie delle Solanaceae, Brassicaceae, Amaryllidaceae, Leguminosae, Cucurbitaceae, Asteraceae. I risultati della caratterizzazione genetico-molecolare contribuiranno a definire l'identità delle RGVAA oggetto del progetto ABC, sulla base di un profilo genetico distintivo che consentirà di identificare in maniera ripetibile e non ambigua le singole varietà locali, non sempre distinguibili sulla base di caratteri morfo-fisiologici. I profili genetici distintivi, ottenuti mediante utilizzo di marcatori molecolari ad elevata ripetibilità, consentiranno inoltre di caratterizzare il livello e la struttura della diversità genetica intra- ed inter-varietale e determinare le relazioni genetiche reciproche identificando con certezza situazioni di sinonimie e omonimie tra varietà/genotipi. Questo tipo di caratterizzazione contribuirà a migliorare le collezioni di germoplasma e consentirà di scambiare informazioni tra le collezioni costituite in diverse regioni italiane, promuovendo un'accurata e mirata scelta delle varietà da iscrivere al Registro Nazionale delle Varietà da Conservazione. Le analisi molecolari saranno integrate con le analisi di caratterizzazione morfo-agronomica e biochimica, previste nelle altre azioni progettuali e saranno finalizzate al percorso di diffusione e valorizzazione al fine di promuovere, utilizzando un approccio integrato, la conservazione e l'utilizzazione delle RGVAA del territorio campano.

## Valutazione di genotipi di lattuga e rucola coltivate in *vertical farm*

Cocetta G.<sup>1\*</sup>, Maghrebi M.<sup>1</sup>, Kontarini D.<sup>2</sup>, Pistillo A.<sup>2</sup>, Franchetti B.<sup>2</sup>, Sosso D.<sup>2</sup>, Colombani C.<sup>1</sup>, Guffanti D.<sup>1</sup>, Vignati S.<sup>1</sup>, Ferrante A.<sup>1</sup>, Prinsi B.<sup>1</sup>, Espen L.<sup>1</sup>, Sacchi G.A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali, Università di Milano, Milano

<sup>2</sup>Agricola Moderna, Sunspring Srl, Melzo

\*Autore corrispondente: giacomo.cocetta@unimi.it

Parole chiave: *baby leaf*, coltivazione *indoor*, glucosinolati, nitrati, quarta gamma

La coltivazione di ortaggi a foglia in ambiente protetto permette, attraverso la realizzazione di apposite strutture e allo sviluppo verticale del sistema produttivo, di massimizzare la produttività per unità di superficie. Tali condizioni si realizzano anche grazie a sistemi di controllo e gestione, che permettono di mantenere condizioni standardizzate in termini di temperatura, umidità relativa e illuminazione. Inoltre, l'utilizzo di sistemi idroponici, permette una gestione razionale della risorsa idrica e della fertilizzazione. Questi sistemi di produzione risultano particolarmente adatti alla coltivazione di ortaggi *baby leaf*, in quanto tali prodotti sono caratterizzati da cicli di produzione brevi e da una buona adattabilità alla coltivazione *indoor*. In questo ambito, è necessario identificare nuovi genotipi, studiandone l'attitudine e l'adattabilità ai sistemi *indoor* e verticali. Lo scopo di questo lavoro è stata la valutazione quali-quantitativa di 15 genotipi di lattuga (*Lactuca sativa* L.), 3 di rucola (*Eruca sativa* Mill.) e 7 di rucola selvatica [(*Diplotaxis tenuifolia* (L.) DC.)], coltivati in un sistema di coltivazione verticale. Per ogni specie, i semi di provenienza certificata sono stati collocati in alveoli riempiti con un substrato organico a base di torba e fibre di cocco. Dopo la

germinazione in camera oscura, le plantule sono state trasferite nella *vertical farm* che fa uso di un sistema di flusso e riflusso per la fertirrigazione, e di luci LED per la gestione dell'illuminazione. Dopo 20 giorni di crescita le piante sono state raccolte e campionate, dopo aver effettuato delle analisi di phenotyping riguardanti la morfologia, il colore, lo stato di salute e la stima della produzione. La valutazione qualitativa dei prodotti alla raccolta ha riguardato la determinazione del contenuto dei nitrati, degli zuccheri totali, riducenti e del saccarosio, e, nel caso delle rucole, anche dei glucosinolati totali, composti chiave nel determinare le caratteristiche nutraceutiche e sensoriali (Cavaiuolo e Ferrante, 2014). I risultati ottenuti hanno permesso di evidenziare come le differenze intra e interspecifiche abbiano determinato il raggiungimento degli obiettivi produttivi necessari e dei requisiti qualitativi attesi. Ulteriori ricerche verranno condotte sui genotipi più promettenti, allo scopo di ottimizzare ulteriormente le condizioni di coltivazione.

### Bibliografia

Cavaiuolo e Ferrante, 2014. *Nutrients*, 6(4), 1519-1538.

## Caratterizzazione morfo-agronomica e qualitativa di popolazioni di linee introgresse di fagiolino (*Phaseolus vulgaris* L.)

Morante V.<sup>1</sup>, Latorraca A.<sup>1</sup>, Marzario S.<sup>1</sup>, Sica R.<sup>1</sup>, Di Giuseppe L.P.<sup>1</sup>, Bitocchi E.<sup>2</sup>, Papalini S.<sup>2</sup>, Bongiorno G.<sup>2</sup>, Tosoroni A.<sup>2</sup>, Beleggia R.<sup>3</sup>, Logozzo G.<sup>1</sup>, Gioia T.<sup>1\*</sup>, Papa R.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari ed Ambientali, Università della Basilicata, viale dell'Ateneo Lucano 10, Potenza

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università Politecnica delle Marche, via Brecce Bianche, Ancona

<sup>3</sup>Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria, Centro di ricerca per la cerealicoltura e le colture industriali (CREA-CI), S.S. 673 km 25+200, Foggia

\*Autore corrispondente: [tania.gioia@unibas.it](mailto:tania.gioia@unibas.it)

Parole chiave: *Phaseolus vulgaris* L., linee di introgressione, miglioramento genetico

Il fagiolino (*Phaseolus vulgaris* L.) è diventato, negli ultimi 20 anni, una coltura competitiva sui mercati nazionali, regionali e internazionali. Questa situazione rappresenta un contesto dinamico per produttori e ricercatori e richiede un rinnovamento delle attuali strategie per far fronte alle esigenze di ricerca e produzione, alle opportunità e alle sfide del futuro e all'adattamento ai cambiamenti climatici. Le attività del presente lavoro sono parte dell'ampio progetto Horizon 2020 "Breeding for Resilient Efficient and Sustainable Organic Vegetable Production" (BRESOV, Nr. 774244), il quale prevede di migliorare geneticamente il fagiolino con l'obiettivo di ottenere nuove linee resilienti e sostenibili della filiera dei prodotti biologici e che ben si adattano agli agrosistemi orticoli sempre più sottoposti ai nuovi scenari del cambiamento climatico e con caratteristiche di qualità del prodotto come gusto, aspetto visivo, durata post-raccolta. La popolazione delle linee di introgressione (ILs) analizzate in questo lavoro sono il frutto della selezione di ILs che hanno mostrato le migliori prestazioni morfo-agronomiche per due anni consecutivi, nel 2018 e 2019, in tre località diverse in cui sono stati svolti gli esperimenti del progetto BRESOV. 200 ILs, cinque linee di introgressione avanzate e due parentali, MIDAS e MG38, sono stati allevati in pieno campo presso l'azienda agricola biologica "Azienda Agricola Lauria

Maria" localizzata in Alta Val d'Agri, comune di Paterno (PZ) (latitudine 40° 21'25.6" N, longitudine 15° 49'51.8" E, altitudine 592 s.l.m.) e caratterizzati a livello morfo-agronomico per 21 caratteri quantitativi e un carattere qualitativo (grado zuccherino). Nelle ILs è stata riscontrata un'ampia variabilità, permettendo di selezionare nove linee promettenti che si sono particolarmente distinte per la produzione. La maggior parte delle linee ha mostrato un fenotipo del baccello molto simile al progenitore parentale MIDAS. Tutte le linee hanno mostrato baccelli leggermente curvi, con un contenuto in fibra nella sutura del baccello da basso a moderato, caratteristiche adatte per la produzione di fagiolini. Non sono stati osservati sintomi di malattie e questo è di particolare importanza nella coltivazione in biologico. Inoltre, le ILs hanno mostrato un contenuto in zuccheri superiore rispetto ai parentali e alle linee di introgressione avanzate. I due parentali, MIDAS e MG38, sono risultati significativamente diversi tra loro per l'attività antiossidante e due importanti acidi fenolici (acido gallico e acido clorogenico). Questo ci permetterà in futuro di poter caratterizzare le ILs non solo da un punto di vista morfo-agronomico ma anche da un punto di vista qualitativo, essendo la qualità uno dei requisiti più importanti per il consumatore finale.

## Selezione genetica di varietà di fagiolino (*Phaseolus vulgaris* L.) per la produzione sostenibile in agricoltura

Di Giuseppe L.P.<sup>1</sup>, Latorraca A.<sup>1</sup>, Marzario S.<sup>1</sup>, Sica R.<sup>1</sup>, Morante V.<sup>1</sup>, Bitocchi E.<sup>2</sup>, Papalini S.<sup>2</sup>, Bongiorno G.<sup>2</sup>, Tosoroni A.<sup>2</sup>, Beleggia R.<sup>3</sup>, Logozzo G.<sup>1</sup>, Gioia T.<sup>1\*</sup>, Papa R.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari ed Ambientali, Università della Basilicata, viale dell'Ateneo Lucano 10, Potenza

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università Politecnica delle Marche, via Brecce Bianche, Ancona

<sup>3</sup>Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria, Centro di ricerca cerealicoltura e colture industriali (CREA-CI), S.S. 673 km 25+200, Foggia

\*Autore corrispondente: [tania.gioia@unibas.it](mailto:tania.gioia@unibas.it)

Parole chiave: *Phaseolus vulgaris* L., agricoltura sostenibile, miglioramento genetico

Il fagiolino (*Phaseolus vulgaris* L.) è da sempre considerato coltura di notevole rilevanza sia da un punto di vista agronomico, poiché in rotazione con i cereali migliora la fertilità del suolo, sia da un punto di vista nutrizionale essendo una preziosa fonte di proteine. Attualmente, la disponibilità di varietà di fagiolino sviluppate e specifiche per i sistemi di agricoltura biologica è limitata. L'agricoltura biologica, un'agricoltura alternativa a quella convenzionale sia nella gestione dell'azienda agricola sia nella produzione agricola, tende ad avere un impatto ambientale limitato, in quanto incoraggia l'uso responsabile dell'energia e delle risorse naturali, il mantenimento della biodiversità, la conservazione degli equilibri ecologici regionali, il miglioramento della fertilità del suolo e della qualità delle acque. L'agricoltura biologica richiede l'indagine e il miglioramento della diversità genetica per sfruttare le interazioni tra i genotipi e il loro ambiente volgendo l'attenzione non solo sulle componenti della resa e sui tratti legati alla qualità, ma anche sullo sviluppo del sistema radicale e dello sviluppo delle piante sotto l'impatto di fattori abiotici e biotici. In questo contesto si inserisce il progetto Horizon 2020 BRESOV (*Breeding for Resilient, Efficient and Sustainable Organic Vegetable production*) che mira a rispondere alle esigenze dei produttori biologici incoraggiando la ricerca per lo sviluppo di varietà sostenibili per la produzione biologica, tenendo conto delle esigenze e degli obiettivi specifici dell'agricoltura biologica, come una migliore diversità genetica, resistenza/ tolleranza agli attacchi patogeni e adattamento a vari suoli e condizioni climatiche. Sulla base di queste considerazioni generali, gli obiettivi di questo lavoro sono: caratterizzare mediante l'ausilio di marcatori morfo-agronomici una

collezione di fagiolino allevata in condizioni di agricoltura biologica, quantificare la variazione genetica presente nella collezione, valutare l'adattamento dei diversi genotipi alle condizioni di agricoltura biologica, selezionare infine genotipi particolarmente adatti a questa tipologia di coltivazione e dunque potenzialmente utili in programmi di miglioramento genetico. Una collezione di 297 linee/elite varietà di fagiolino, sia antiche che moderne, europee (provenienti da Francia, Italia, Romania, Slovenia, Spagna, Svizzera) e mondiali sono state allevate in pieno campo presso l'azienda agricola biologica "Azienda Agricola Lauria Maria" localizzata nell'areale della Val d'Agri, comune di Paterno (PZ) (latitudine 40° 21'25.6" N, longitudine 15° 49'51.8" E, altitudine 592 s.l.m.). L'areale è stato scelto perché particolarmente vocato alla coltivazione del fagiolino e caratterizzato da clima tipicamente mediterraneo. Tutte le linee sono state replicate tre volte e seminate in parcelle a fila singola con dieci semi per parcella (1,5 m tra le file; 0,15 m tra le piante e 0,45 cm tra le parcelle) adottando un disegno sperimentale a blocchi randomizzati. Le caratteristiche morfologiche delle linee in campo sono state rilevate in accordo con i descrittori IBPGR (*International Board For Plant Genetic Resources*), che rappresentano un linguaggio universalmente riconosciuto per il rilievo dei caratteri morfologici su risorse genetiche agrarie. Sono stati rilevati caratteri fenologici, caratteri dell'architettura della pianta, caratteri legati alla componente produttiva e caratteri qualitativi (contenuto in zuccheri). I risultati qui presentati sono discussi sulla base della necessità di azioni adeguate volte alla selezione di genotipi di fagiolini con caratteri migliori e con maggiore adattabilità a condizioni di coltivazione biologica.

## Approccio multivariato per lo studio della variabilità agronomica e qualitativa di una collezione di pomodoro Corbarino

Pentangelo A.<sup>1\*</sup>, Aversano R.<sup>2</sup>, Parisi M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>CREA Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo, Sede di Pontecagnano, Via Cavallegeri, 25 - 84098, Pontecagnano (SA)

<sup>2</sup>DiA – Dipartimento di Agraria, Facoltà di Napoli “Federico II”, Via Università 100, Portici (NA)

\*Autore corrispondente: [alfonso.pentangelo@crea.gov.it](mailto:alfonso.pentangelo@crea.gov.it)

Parole chiave: resa produttiva, biotipo, residuo secco, precocità, colore Hunter

Il Corbarino è una varietà locale di pomodoro che ha il suo centro di origine e diffusione attorno al comune di Corbara (Salerno), in zona collinare, ai piedi dei monti Lattari, sul versante della Penisola Sorrentina-amalfitana che guarda verso la Valle del Sarno. Tra i pomodorini inclusi nell'elenco nazionale dei «Prodotti agroalimentari tradizionali» (Mipaaf, 2017), il Corbarino è tra quelli più conosciuti e ampiamente studiati. Questa varietà locale comprende storicamente diversi biotipi (Giordano et al. 1999) con bacche dal peso variabile tra i 15 e i 25 g destinate al consumo fresco e/o da serbo, ma soprattutto alla trasformazione in conserve. Grazie all'ottima qualità tecnologica della materia prima risulta, infatti, particolarmente adatto alla trasformazione industriale per la produzione di un derivato (inscatolato intero, non pelato, immerso nel liquido di governo prodotto dallo stesso pomodoro) particolarmente ricercato dai mercati di nicchia di prodotti di alta qualità (Giordano et al. 2000). In questo studio viene analizzata la variabilità morfologica, produttiva e qualitativa di una collezione di 18 biotipi di Corbarino, provenienti dall'areale storico di coltivazione e zone limitrofe. I materiali sono stati allevati in campo, in parcelle randomizzate e ripetute quattro volte, per due annate consecutive, adottando la tecnica colturale ordinaria, tipica dell'areale di coltivazione e specifica per questa varietà locale. Per le valutazioni dei biotipi si è fatto ricorso a descrittori morfo-fisiologici della pianta (PM) e dei frutti (FM), a parametri produttivi (Y) e qualitativi delle bacche, con riferimento agli aspetti merceologici (MQ) e a quelli tecnologici (TQ). I dati rilevati sono stati sottoposti ad analisi delle componenti principali (PCA) valutando la distribuzione dei casi (biotipi) e la correlazione delle variabili lungo le prime due principali componenti. La distribuzione dei biotipi sul piano fattoriale (biplot) evidenzia una variabilità piuttosto ampia tra i materiali in osservazione, ma che appaiono raggruppati in almeno 3 cluster differenti. I gruppi si distinguono soprattutto per i tratti morfo-fisiologici della pianta e delle bacche, mentre tutti i biotipi presentano caratteristiche produttive e qualitative (merceologiche e tecnologiche) fra loro

similari. I due cluster più numerosi (A e B), composti da 11 e 6 biotipi, rispettivamente, caratterizzati da piante a sviluppo indeterminato o semi-determinato, si differenziano quasi esclusivamente per la forma e la dimensione delle bacche. Nel gruppo B i materiali sono caratterizzati da bacche di forma allungata (rapporto fra gli assi pari a 1,7, in media) e di dimensioni >15 g (16,9 g, in media). I biotipi del gruppo A presentano, invece, bacche di forma più tendente all'ovoidale (rapporto fra gli assi pari a 1,4 in media) e di dimensioni medie più contenute (13,7 g). In entrambi i cluster si evidenzia comunque una variabilità interna dove emergono, in maniera evidente, dei sub-cluster. Nel subcluster A.1 si distingue, particolarmente, un biotipo (cod. 20) caratterizzato da elevato numero di bacche/palco (9,9 vs 5,7 di media), di piccole dimensioni (10,1 g), di forma ovoidale tendente al tondo, scarsamente produttivo e con elevato numero di peduncoli aderenti alla bacca (biotipo più adatto all'utilizzo “da serbo”). Nel cluster B si distinguono, sia tra loro e sia tra gli altri, 2 biotipi: il primo (cod. 01) è costituito da pianta a sviluppo semi-determinato con minore vigoria vegetativa, scarsa copertura fogliare e stato fitosanitario; il secondo (cod. 16) si distingue dagli altri componenti del gruppo per la maggiore dimensione della bacca (20,4 g, in media) risultata, tra l'altro, molto allungata, piriforme e con apice mucronato molto evidente. Un terzo cluster (C) è rappresentato da un solo materiale (cod. 27) a pianta con sviluppo determinato e, di conseguenza, ad elevata concentrazione di maturazione alla prima raccolta, con bacca di piccole dimensioni (11,4 g, in media), di forma tondo-ovale e senza presenza dell'apice mucronato. Questo biotipo, al pari di quelli appartenenti al cluster A, è particolarmente adatto alla trasformazione industriale a differenza di quelli del cluster B che, invece, sono maggiormente adatti al consumo fresco.

### Bibliografia

Giordano et al. 1999. *Acta Hort.*, 487, 343-347.

Giordano et al. 2000. *Industria Conserve*, 75, 317-329.

## Grespino, caccialepre e senape come nuovi potenziali ortaggi per la IV gamma

Anaclerio M.<sup>1</sup>, Renna M.<sup>2</sup>, Serio F.<sup>2</sup>, Santamaria P.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali, Università di Bari Aldo Moro, Via G. Amendola, 165/A, 70126 Bari

<sup>2</sup>Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari, Consiglio Nazionale Ricerche, Via G. Amendola, 122/O, 70126 Bari

\*Autore corrispondente: [pietro.santamaria@uniba.it](mailto:pietro.santamaria@uniba.it)

Parole chiave: domesticazione, *Reichardia picroides*, *Sinapis arvensis*, *Sonchus oleraceus*, specie eduli spontanee

I prodotti di IV gamma rappresentano attualmente uno dei più promettenti comparti del settore ortofrutticolo, mostrando trend di crescita di assoluto rilievo. Per diversificare ed ampliare la disponibilità di prodotti di IV gamma, sono in corso numerose ricerche sperimentali con l'obiettivo di individuare nuove specie da mettere a coltura. Un grande potenziale è costituito dalle specie spontanee che, con opportuna domesticazione, permetterebbero di avere nuove referenze con elevato e diversificato contenuto di nutrienti e di molecole potenzialmente utili per la salute umana. Grespino (*Sonchus oleraceus* L.), caccialepre (*Reichardia picroides* (L.) Roth.) e senape (*Sinapis arvensis* L.) sono tre specie eduli spontanee utilizzate nella cucina tradizionale e nella medicina popolare. Recentemente è stata valutata l'attitudine alla domesticazione del boccone maggiore e boccone minore mediante il *floating system* (Anaclerio et al. 2021); tuttavia le informazioni inerenti alla domesticazione di grespino, caccialepre e senape sono ancora scarse in letteratura. Scopo del presente lavoro, pertanto, è stata la valutazione dell'attitudine alla coltivazione di queste tre specie utilizzando sistemi di coltivazione senza suolo e la valutazione della produzione e delle caratteristiche qualitative del prodotto raccolto ai fini di un potenziale utilizzo per la IV gamma. La prova sperimentale è stata realizzata nell'Azienda sperimentale "La Noria" dell'Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari (ISPA) del CNR di Bari. In una prima prova le tre specie sono state coltivate in vaso con sub-irrigazione, somministrando una soluzione nutritiva (SN) tipo Hoagland con due diverse concentrazioni di micro e macronutrienti: forza piena e mezza forza.

Nella seconda prova, grespino e senape sono stati coltivati in *floating system* mettendo a confronto due densità di semina: 824 e 412 piante/m<sup>2</sup>. Nella prima prova la produzione maggiore è stata ottenuta con la SN forza piena, indipendentemente dal genotipo, ma la senape ha mostrato i valori più alti di produzione areica, area fogliare, sostanza secca e magnesio. Il contenuto di nitrato è stato generalmente più basso con la SN mezza forza ad eccezione della caccialepre che ha mostrato il più alto contenuto dell'anione, indipendentemente dalla forza della SN. Nella seconda prova è stata osservata una maggiore produzione areica delle due specie utilizzando la densità di semina più elevata, a fronte di un minor contenuto di sostanza secca. La senape ha mostrato un contenuto più elevato di nitrato, indipendentemente dalla densità di semina. In conclusione, i risultati dello studio hanno messo in evidenza come le specie prese in considerazione sono idonee alla domesticazione, esprimendo un potenziale produttivo apprezzabile con caratteri di pregio per le richieste del comparto della IV gamma: foglie uniformi per colore, dimensioni e forma, con interessanti contenuti di sostanza secca e elementi minerali. A differenza delle piante spontanee raccolte in pieno campo, le foglie delle piante coltivate in *floating system* sono prive di residui di terreno, evidenziando la buona attitudine della coltivazione senza suolo per le produzioni orticole da destinare al settore della IV gamma.

### Bibliografia:

Anaclerio et al. 2020. *J. Agricult.*, 11, 74.



## Le banche degli agricoltori custodi: una valida risposta per conservare antiche varietà vegetali di interesse agrario al passo con i cambiamenti climatici

Pepe R.\*, Tripodi P., Zaccardelli M.

CREA-Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo, Via Cavallegeri 25, 84098 Pontecagnano (SA)

\*Autore corrispondente: [rosa.pepe@crea.gov.it](mailto:rosa.pepe@crea.gov.it)

Parole chiave: agrobiodiversità, coltivatori custodi, banche del germoplasma

La Banca del Germoplasma erbaceo della Regione Campania è una struttura pubblica, senza fini di lucro, che assicura la conservazione *ex situ* delle risorse genetiche vegetali (RGV) autoctone, in particolare quelle a rischio di estinzione, sia iscritte che non iscritte al Repertorio regionale delle varietà tradizionali. Tale Banca garantisce la corrispondenza varietale e la sanità delle sementi in quanto, prima della conservazione dei semi, vengono eseguiti su questi ultimi i necessari accertamenti fitosanitari delle RGV, in modo da mettere in circolazione seme sano dal punto di vista fitosanitario. Il compito principale della Banca regionale del germoplasma è quello di garantire l'identità genetica delle RGV ed eseguire il rinnovo della semente delle varietà locali affidate, moltiplicandole o su terreni direttamente gestiti dalla Banca, oppure sui terreni gestiti dagli agricoltori custodi, mettendo così a disposizione le sementi agli aderenti alla Rete di conservazione e sicurezza delle RGV. La Banca del Germoplasma erbaceo della Regione Campania si articola su due sedi: una a Pontecagnano-Faiano (SA), presso il CREA-Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo e una ad Acerra (NA), presso la Soc. Coop. ARCA 2010. Le banche del germoplasma sono, di fatto, un serbatoio importantissimo di geni che, per millenni, gli agricoltori hanno selezionato direttamente in campo. Tali geni possono risultare molto utili nella risoluzione di problemi legati, ad esempio, ai cambiamenti climatici, a seguito dei quali potrebbe essere necessario costituire delle varietà con diverse

caratteristiche di resistenza a stress biotici e abiotici. I semi sono da considerarsi delle vere e proprie "risorse vive" che, pertanto, vanno necessariamente e periodicamente rinnovate attraverso la loro moltiplicazione controllata. Un ruolo fondamentale svolto dagli agricoltori custodi che, grazie alle attività formative in atto con il progetto "AgroBiodiversitàCampana" (finanziato attraverso la Sottomisura 10.2, Tipologia di intervento 10.2.1 del PSR 2014-2020 della Regione Campania) hanno acquisito le competenze fondamentali per la coltivazione e il mantenimento in purezza delle sementi di RGV. Tali attività sono state messe in atto grazie alla Rete di Conservazione e Sicurezza che disciplina la circolazione del materiale genetico dei semi a livello locale tra i soggetti aderenti. Inoltre, si sta procedendo con le attività di iscrizione al Registro delle Varietà da Conservazione da parte di qualsiasi agricoltore o associazione. Infine, si stanno potenziando i circuiti locali di produzione, consumo e vendita attraverso la filiera corta. Queste iniziative sostenute a livello regionale e dagli Enti Locali offrono la duplice possibilità di garantire un reddito agli agricoltori ed offrire l'opportunità al cittadino/consumatore di riscoprire le tradizioni e la conoscenza delle varietà locali, consentendo contemporaneamente di ridurre notevolmente i rischi di erosione genetica, assicurando così per il futuro geni potenzialmente utili per migliorare l'adattamento ai cambiamenti climatici delle piante di interesse agrario.

## Caratterizzazione morfologica, nutrizionale e fitochimica di varietà autoctone di aglio coltivate in provincia di Foggia

Bonasia A.\*, Conversa G., Lazzizzera C., La Rotonda P., Elia A.

Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia, Via Napoli 25, 71121, Foggia

\*Autore corrispondente: [anna.bonasia@unifg.it](mailto:anna.bonasia@unifg.it)

Parole chiave: *Allium sativum* L., morfologia del bulbo, fenoli, elementi minerali, composti volatili

Le esplorazioni territoriali condotte nell'ambito del Progetto integrato a tutela dell'agro-biodiversità regionale -'Biodiversità delle Specie Orticole della Puglia' (BiodiverSO) (<https://biodiversitapuglia.it>) - hanno rivelato che la provincia di Foggia è la provincia pugliese più ricca in varietà locali di ortaggi (Conversa et al. 2018, 2020), tra queste l'aglio è la specie più a rischio di erosione nell'ambito della famiglia botanica *Alliaceae*. Lo studio ha previsto la caratterizzazione morfo-biometrica, nutrizionale e nutraceutica (elementi minerali, acidi organici, zuccheri liberi, composti volatili e fenolici) di sei popolazioni di aglio, dal nome 'Aglio dei Cortigli', 'Aglio di Peschici', 'Aglio Rosso di Monteleone di Puglia', 'Aglio di Anzano di Puglia', 'Aglio Bianco di Panni', 'Aglio Durevole di Panni'. Nel confronto è stato inserita anche una varietà commerciale ('Aglio bianco spagnolo'). Le varietà locali hanno mostrato una grande variabilità, imputabile ad un lungo processo di adattamento a specifiche condizioni ambientali (proprietà pedo-climatiche e pratiche agronomiche non intensive), insieme ad una costante selezione operata nel tempo dai custodi. Questi processi hanno assicurato una 'non-omologazione'

del prodotto finale e una specificità delle caratteristiche morfo-biometriche, nutrizionali e fitochimiche di ciascun genotipo. I genotipi di aglio in generale hanno mostrato elevati standard biometrici, alti livelli di elementi minerali e di composti fenolici, e bassi livelli di composti volatili rispetto al genotipo commerciale in esame e ai valori riportati in letteratura. 'Aglio di Peschici' e 'Aglio Rosso di Monteleone di Puglia' sono risultati particolarmente ricchi di elementi minerali (soprattutto potassio) e composti fenolici (principalmente, acido ferulico e un derivato dell'acido caffeico tra i composti fenolici, isoramnetina e rutinoside-1 tra i flavonoidi). Ampliare la conoscenza delle proprietà fisiche e chimiche di queste popolazioni locali di aglio potrebbe rappresentare uno strumento chiave per stimolarne il consumo. Allo stesso tempo, il consumo ne incoraggerebbe la coltivazione, contribuendo così alla protezione e conservazione *on-farm* di questa agro-biodiversità ad alto rischio di erosione genetica.

### Bibliografia

- Conversa et al. 2018. *Acta Hort.*, 1215, 453-458.  
Conversa et al. 2020. *Biodivers. Conserv.*, 29, 747-770.

## Caratterizzazione morfo-biometrica, nutrizionale e fitochimica di varietà autoctone di carota coltivate negli arenili dell'area delle 'Saline di Margherita di Savoia' (Puglia)

Bonasia A.<sup>1\*</sup>, Conversa G.<sup>1</sup>, Lazzizzera C.<sup>1</sup>, Gambacorta G.<sup>2</sup>, La Rotonda P<sup>1</sup>, Elia A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia, Via Napoli 25, 71121, Foggia

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti (DISPA), Università of Bari, 70126 Bari

\*Autore corrispondente: [anna.bonasia@unifg.it](mailto:anna.bonasia@unifg.it)

Parole chiave: *Daucus carota* L., elementi minerali, acidi organici, fenoli,  $\beta$ -carotene

L'area denominata 'Saline di Margherita di Savoia' (SMS), ricadente nelle province Barletta-Andria-Trani (BT) e Foggia (FG), è un paesaggio costiero che include le saline più grandi di Europa, la gran parte delle zone umide regionali, e gli 'arenili'. Questi ultimi sono strisce di terreno sabbioso comprese tra le saline ed il mare adriatico, risultato di una opera di bonifica di zone paludose includenti un antico lago costiero (Caldara et al. 2002). Gli arenili si prestano alla coltivazione di ortaggi da organo sotterraneo, quali patata, cipolla e carota. Le esplorazioni territoriali condotte nell'ambito del progetto integrato a tutela dell'agro-biodiversità regionale - 'Biodiversità delle Specie Orticole della Puglia' (BiodiverSO) (<https://biodiversitapuglia.it/>) -, hanno rivelato che in questi arenili, insieme alle varietà commerciali, sono coltivate varietà autoctone di carota (*Daucus carota* L.) denominate 'carota a punta lunga' (CPL) e 'carota a punta tonda' (CPT). Queste ultime sono da considerarsi 'creole', derivate da cultivar introdotte oltre 50 anni fa, e nel tempo selezionate e auto-propagate dagli agricoltori locali (Conversa et al. 2020). Attualmente la loro coltivazione interessa piccole superfici, destinata soprattutto per l'autoconsumo e per questo a forte rischio di estinzione (Conversa et al. 2018). L'indagine ha previsto la caratterizzazione delle proprietà morfo-biometriche, nutrizionali e fitochimiche di CPL, CPT e di un ibrido commerciale ('Presto') coltivato negli arenili contemporaneamente alle varietà autoctone. Lo studio ha evidenziato che le condizioni pedologiche degli arenili sono il principale fattore nel determinare il profilo quanti-qualitativo dei genotipi in

esame, principalmente in termini nutrizionali (basso rapporto tra sodio e potassio, basso contenuti di nitrato, acido ossalico e zuccheri) e nutraceutici (alte concentrazioni di fenoli e  $\beta$ -carotene) rispetto a carote coltivate in altri areali. Tuttavia, tra i genotipi presi in esame è emersa una grande variabilità. La varietà autoctona 'carota a punta tonda' ha mostrato alti livelli di minerali, fenoli (210 mg kg<sup>-1</sup> peso fresco) (principalmente, un derivato dell'acido dicaffeico e acido clorogenico),  $\beta$ -carotene (21.512  $\mu$ g 100 g<sup>-1</sup> peso fresco), insieme ad elevate proprietà antiossidanti, risultando un genotipo promettente come potenziale candidato per alimenti funzionali e/o materiale per attività di miglioramento genetico. Ampliare le conoscenze sulle proprietà nutrizionali e nutraceutiche di queste varietà locali può promuovere il loro consumo ed al tempo stesso incentivarne la coltivazione che garantirebbe la conservazione *on-farm* di queste risorse genetiche vegetali a forte rischio di estinzione.

### Bibliografia

Caldara et al. 2002. *J. Coast. Res.*, 36, 124-133.

<https://biodiversitapuglia.it/>

Conversa et al. 2020. *Biodivers. Conserv.*, 29, 747-770.

Conversa et al. 2018. *Acta Hortic.*, 1215, 453-458.

Lavoro pubblicato *in extenso* su *Sustainability*, nell'ambito dell'accordo tra il Convegno "Biodiversità 2021" e la rivista: Bonasia A., Conversa G., Lazzizzera C., Gambacorta G., Elia A. 2021. Morpho-biometrical, nutritional and phytochemical characterization of carrot landraces from Puglia region (Southern Italy). *Sustainability* 13(7), 3940; <https://doi.org/10.3390/su13073940>

## Diffusione e caratterizzazione nutrizionale di due varietà autoctone di rapa in provincia di Foggia

Conversa G.\*, Lazzizzera C., Bonasia A., La Rotonda P., Elia A.

Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia, Via Napoli 25, 71121, Foggia (FG)

\*Autore corrispondente: [giulia.conversa@unifg.it](mailto:giulia.conversa@unifg.it)

Parole chiave: *Brassica rapa* L. subsp. *rapa*, composti fenolici, glucosinolati, vitamina C, agricoltura tradizionale

La regione Puglia è ricca di varietà locali orticole malgrado sia in atto un continuo processo di erosione genetica (Elia e Santamaria, 2013). Attraverso le esplorazioni territoriali eseguite nell'ambito del Progetto integrato a tutela dell'agro-biodiversità regionale - 'Biodiversità delle Specie Orticole della Puglia' (BiodiverSO) (<https://biodiversitapuglia.it>) la provincia di Foggia è risultata la più ricca di varietà locali orticole (Conversa et al. 2018 2020). La coltivazione di varietà locali di rapa da radice (*Brassica rapa* L. subsp. *rapa*) denominate dalle comunità locali 'Cima di rapa dalla testa' (CrT) e 'Cima di rapa antica' (CrA) è stata individuata in zone ad elevata altitudine della provincia di Foggia, rispettivamente in una area marginale e peri-urbana (800 m slm) di un comune dei Monti Dauni Meridionali e in un sito isolato all'interno della Foresta Umbra (Zona di Protezione Speciale) (700 m slm). In passato la coltivazione di rapa è stata diffusa in Capitanata per la produzione di radici destinate all'alimentazione umana e del bestiame e molto probabilmente da esse derivano le varietà locali CrT e CrA. Tuttavia esse state selezionate dagli agricoltori locali per il consumo non già di radici ma di germogli ed infiorescenze alla stessa stregua della *cima di rapa* (*Brassica rapa* L. subsp. *sylvestris*) diffusamente coltivata in Puglia, da cui deriva il nome. Rispetto a quest'ultima, le varietà locali CrT e CrA sono molto più adatte alle basse temperature che caratterizzato il territorio di origine e per questo preferite da anziani contadini che ne mantengono la coltivazione. La parte epigea è molto simile alla subsp. *sylvestris*, mentre presenta una grossa radice fittonante (250-800 g), di forma cilindrico-piramidale, di colore bianco-giallo (denominata 'testa') che, con una porzione di fusto ingrossata, funge da sede di accumulo di sostanze di riserva (sostanza secca 15-35%). Durante l'autunno vengono raccolte soltanto le foglie mentre le infiorescenze (*cimette*) compaiono superato l'inverno. Lo studio della composizione

chimica e delle proprietà nutrizionali ha messo in evidenza che, rispetto alla subsp. *sylvestris*, il prodotto delle varietà autoctone di rapa presenta un miglior profilo nutrizionale, riconducibile al livello di composti antiossidanti, quali vitamina C (458 mg kg<sup>-1</sup> peso fresco -p.f.), composti fenolici (347 mg acido gallico equivalenti kg<sup>-1</sup> p.f.) e glucosinolati (in 'CrA', 741 μmol kg<sup>-1</sup> p.f.) oltre che ad un elevato contenuto in elementi minerali, come il potassio. Queste caratteristiche sembrano dipendere dalla interazione tra caratteristiche genetiche e l'ambiente pedoclimatico in cui queste varietà sono state sviluppate. Le peculiarità nutrizionali di queste produzioni e la disamina degli aspetti agro-ecologici e socio-economici del luogo di origine suggeriscono una strategia di conservazione *on-farm* sostenibile per CrT e CrA. La coltivazione ed il loro consumo potrebbe essere incluso in forme aziendali di produzione/vendita quali ad esempio, aziende agricole didattiche, agriturismi, mercati in azienda agricola, ristoranti tipici di cui i territori dei Monti Dauni e del Gargano sono particolarmente ricchi. Il turismo naturalistico, culturale, enogastronomico e ricreativo, attento agli aspetti culturali e salutistici dei prodotti tradizionali, insieme all'impegno delle comunità locali, potrebbe consolidare il processo di conservazione *on farm* di queste due varietà locali di rapa.

### Bibliografia

- Elia e Santamaria 2013. *Ital. J. Agron.*, 8, 21–34.  
Conversa et al. 2018. *Acta Hort.*, 1215, 453–458.  
Conversa et al. 2020. *Biodivers. Conserv.*, 29, 747–770.

Lavoro pubblicato *in extenso* su *Sustainability*, nell'ambito dell'accordo tra il Convegno "Biodiversità 2021" e la rivista: Conversa G., Lazzizzera C., Bonasia A., La Rotonda P., Elia A. 2020. Nutritional characterization of two rare landraces of turnip (*Brassica rapa* var. *rapa*) tops and their on-farm conservation in Foggia Province. *Sustainability*, 12(9), 3842; <https://doi.org/10.3390/su12093842>

## Analisi della variabilità biochimica e genetica in cultivar di *Lavandula* utilizzate per la produzione di olii essenziali

De Benedetti L.\*, Di Silvestro D., Graniglia C., Monroy F.

CREA Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo, Corso degli Inglesi 508 - 18038 Sanremo (IM)

\*Autore corrispondente: [laura.debenedetti@crea.gov.it](mailto:laura.debenedetti@crea.gov.it)

Parole chiave: lavanda, percolati, metaboliti, marcatori molecolari, similarità

Il genere *Lavandula*, appartenente alla famiglia delle Lamiaceae, comprende specie diffuse nell'area del Mediterraneo, nell'Africa del Nord e nell'Asia dalla Penisola Arabica fino all'India, con cinque specie spontanee della flora italiana. Numerose sono le cultivar utilizzate per scopi ornamentali e officinali tra cui il più importante è l'estrazione degli olii essenziali, che avviene mediante la distillazione dei fiori. Uno dei principali scarti di lavorazione del processo di distillazione è costituito dalle acque di reflusso (percolati), ricche in composti polifenolici, zuccheri, acidi organici e aminoacidi. I percolati costituiscono quindi una fonte sottovalutata di composti potenzialmente utili a scopo nutraceutico e agronomico (Beruto et al. 2018). In più, poiché la composizione di queste acque residue dipende dalla cultivar considerata, queste potrebbero essere utilizzate per caratterizzare il materiale vegetale di partenza. A scopo di validare l'utilizzo dei percolati per caratterizzare la variabilità inter e intraspecifica nelle produzioni di lavanda, è stata analizzata la componente polifenolica di questi scarti di distillazione prendendo in considerazione specie, cultivar ed ibridi interspecifici coltivati in diverse aziende locali del Ponente ligure. I percolati ottenuti dopo la distillazione degli olii essenziali sono stati sottoposti ad analisi cromatografica tramite RP-HPLC

(*Reversed Phase - High Performance Liquid Chromatography*). Inoltre sono stati messi a punto i marcatori molecolari di tipo SCoT (*Start Codon Targeted*, Collard e Mackill 2009), allo scopo di caratterizzare, a partire da materiale vegetale fresco, i genotipi selezionati. Entrambe le tecniche sono state in grado di discriminare a livello inter e intraspecifico fornendo risultati paragonabili tra loro. Le differenze osservate a livello molecolare sono state associate a differenze nella presenza e relativa abbondanza di composti fenolici e flavonoidi, fornendo informazioni utili sulla diversità chimica nelle cultivar di lavanda. In alcuni casi, l'uso combinato delle due tecniche ha permesso di discriminare tra variabilità biochimica dovuta a differenze nel materiale di partenza e variabilità dovuta alle condizioni di distillazione. Queste due metodologie si configurano come strumenti complementari sia per verificare la diversità tra le cultivar del genere *Lavandula* utilizzate per la produzione di olii essenziali, sia per valutare le procedure di distillazione e le caratteristiche degli scarti di lavorazione.

### Bibliografia

Beruto et al. 2018. *Vitro Cell. Dev. Biol. Plant*, 54, S117.  
Collard e Mackill 2009. *Plant Mol. Biol. Rep.*, 27, 86-93.



# Bio div ers ità vegetale

# specie arboree



## Caratterizzazione morfometrica e pomologica di accessioni di fico (*Ficus carica* L.) della regione Basilicata

Amato D., Gatto A., Montanaro G.\*, Figliolo G., Nuzzo V.

Dipartimento delle Culture Europee e del Mediterraneo: Architettura, Ambiente, Patrimoni Culturali, Università della Basilicata, via Lanera, 20 – 75100 Matera

\*Autore corrispondente: [giuseppe.montanaro@unibas.it](mailto:giuseppe.montanaro@unibas.it)

Parole chiave: comparazione accessioni, correlazione forma-dimensione, analisi d'immagine, *cluster analysis*, PCA

I sicòni, infruttescenze del fico (*Ficus carica* L.), hanno rappresentato, da tempi immemori, uno degli alimenti più apprezzati dalle popolazioni del bacino del Mediterraneo (Grassi e Parrillo, 2002). In Basilicata, il fico è raramente coltivato in coltura specializzata, mentre risulta ancora oggi consociato ad altri alberi da frutto, seminativi arborati, piccoli orti periurbani. La specie è caratterizzata da un alto numero di varietà locali, la cui denominazione è principalmente basata su caratteristiche del frutto (colore, forma, dimensione ed epoca di maturazione) e sull'origine geografica della varietà (Baziar et al. 2018). Tuttavia, la corrispondenza tra denominazione dell'accessione e relativa varietà risulta spesso incerta rendendo azioni di conservazione della biodiversità meno efficaci. Obiettivo del presente studio è stato di esplorare e caratterizzare la diversità genetica *in situ* di 25 accessioni di fico rinvenute in alcune aree della Basilicata utilizzando caratteri morfometrici delle foglie e del frutto. Per le singole accessioni, attraverso interviste su un campione di circa 40 anziani agricoltori (>65 anni), sono state raccolte notizie su denominazione, principale destinazione d'uso (fresco o trasformato) ed esemplari presenti sul territorio. Ogni pianta è stata geo-referenziata e successivamente monitorata durante la stagione vegetativa per il rilievo dei descrittori morfo-fisiologici, utilizzando la lista dei descrittori IPGRI (2003). I caratteri morfometrici sono stati misurati su un campione rappresentativo di foglie mature (35-40) poste nella parte centrale di germogli ben esposti alla luce e senza sintomi apparenti di fisiopatie e prelevate da tutti i lati della pianta tra la fine di giugno ed inizi luglio. Alla maturazione, un campione rappresentativo di frutti (30-40) è stato raccolto per una l'analisi di parametri qualitativi e carpologici. Una immagine digitale di ogni foglia e di ogni frutto è stata acquisita mediante camera digitale (Panasonic DMC-FS45, Kadoma, Osaka, Japan). I punti morfometrici (landmark) sono stati acquisiti utilizzando un software libero della serie TPS (TPSutil, TPSdig). I landmarks sono stati scelti su base morfologica. Un totale di 20 landmarks sono

stati utilizzati per caratterizzare la foglia, e di 12 landmarks per i sicòni. I risultati di questo studio hanno messo in evidenza, fra le varie accessioni, una alta variazione nei tratti morfologici quantitativi. Ad esempio le accessioni "Violetto" e "Justa" hanno presentato i valori più elevati di lunghezza e larghezza della foglia, mentre "Natalino nero" aveva la foglia più piccola. Variabile è risultato anche il peso del frutto, compreso fra <40g ("Natalino nero" e "Menna di vacca") e circa 100 g ("Ficazzana nera"). Inoltre, la forma del frutto è risultato un descrittore chiave per l'identificazione di accessioni con peso di dimensioni simili. Infatti, il frutto di "Natalino nero" era ovoidale mentre nel caso di "Menna di vacca" era piriforme. L'analisi morfometrica applicata ai frutti ha comunque avuto un potere discriminatorio meno efficiente rispetto alle foglie. La *cluster analysis* applicata ai frutti ha messo in evidenza la presenza di quattro *cluster* ben distinti, mentre sulla base della forma delle foglie sono stati identificati 16 gruppi ben separati tra loro. In conclusione, il lavoro ha messo in evidenza la presenza di una notevole variabilità genetica della specie nell'areale esplorato ed ha consentito di censire con dettaglio anche la denominazione locale di alcune accessioni.

### Bibliografia

Baziar et al. 2018. *Hortscience*, 53, 613–619.  
Grassi e Parrillo 2002. Fico. In: Elvio Bellini, *I fruttiferi minori in Europa*. L'Informatore Agrario, Verona. 79-87.  
IPGRI and CIHEAM, 2003. *Descriptors for Fig. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy, and International Centre for Advanced Mediterranean Agronomic Studies, Paris, France.*

### Ringraziamenti

Lavoro finanziato nell'ambito del progetto "Frutti di Casa", PSR 2014-2020 della regione Basilicata, sottomisura 10.2. CUP C16C18000210008. Si ringraziano inoltre gli agricoltori, le associazioni Musei, Tradizioni, Territorio di San Mauro Forte, Borgo della Scienza di Ruoti, Cooperativa Agricola 200 di Tolve, l'Az. Introcaso di Chiaromonte, SEI sul Sinni di Rotondella.



## Aspetti produttivi del pecan (*Carya illinoensis* L.) coltivato in Puglia

Ferrara G.<sup>1\*</sup>, Tarantino A.<sup>2</sup>, Pacucci C.<sup>1</sup>, Mazzeo A.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti (DISSPA) – via Orabona, 4 – Università di Bari “Aldo Moro” – 70126 Bari

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, degli Alimenti e dell’Ambiente (SAFE) – via Napoli, 25 - Università di Foggia – 71122 Foggia

<sup>3</sup>Libero Professionista

\*Autore corrispondente: [giuseppe.ferrara@uniba.it](mailto:giuseppe.ferrara@uniba.it)

Parole chiave: Juglandaceae, sgusciato, gheriglio

Il pecan è una specie da frutto della famiglia delle Juglandaceae coltivato soprattutto nell’America del Nord ed in Messico per la raccolta dei frutti comunemente conosciuti come noci pecan. È una specie monoica con fiori unisessuati, l’impollinazione è anemofila e la proterandria e la proteroginia (dicogamia) rendono necessaria l’impollinazione incrociata. I frutti sono delle drupe con mallo cuoioso di colore verde e poco spesso, dotato di un caratteristico aroma, endocarpo con guscio liscio e sottile, il gheriglio presenta un sapore molto gradevole. È una specie a foglia caduca che presenta una notevole adattabilità pedoclimatica, resiste agli inverni rigidi ma è sensibile alle gelate tardive primaverili che possono ridurre, la sua fruttificazione. Tollera anche estati calde e siccitose grazie all’apparato radicale ampio e profondo e alle foglie coriacee. Il fabbisogno idrico non è elevato ma non tollera la siccità per periodi troppo prolungati Il pecan presenta numerose varietà che si distinguono in orientali (adatte ai climi caldo-umidi degli USA meridionali) o occidentali (resistono meglio alla siccità) e si propaga per innesto. Le noci pecan, raccolte tra ottobre e novembre, sono apprezzate per il guscio tenero e il gheriglio saporito, più gradevole della noce comune. Contengono tra il 65 e il 70% di olio, e di questo, il 73% è composto da acidi grassi monoinsaturi ed il resto da acidi grassi polinsaturi. La sezione di Arboricoltura del DiSSPA dell’Università di Bari ha un campo di collezione varietale di pecan dove sono state confrontate undici varietà: Pawnee, Wichita, Stuart, Shoshoni, Shawnee, Choctaw, Cheyenne, Green River, Kiowa, Mohawk e Peruque.

Alla raccolta sono state esaminate le caratteristiche morfo-pomologiche e biometriche dei frutti interi e smallati, dei gusci e dei semi, nonché la produzione/pianta, la produzione di seme sgusciato/pianta e la percentuale di semi vuoti. Al fine di determinare il peso secco, i campioni sono stati posti in stufa a 65 °C per 48 ore. I risultati ottenuti hanno evidenziato un’elevata variabilità tra le varietà in esame per i diversi parametri. In particolare, per quanto riguarda la biometria, la varietà con i frutti (frutto intero) di dimensioni maggiori per quanto riguarda la lunghezza è risultata essere la Shawnee con 56,7 mm rispetto a 38,6 mm della Cheyenne; per la larghezza i valori sono oscillati tra 35,1 mm di Shoshoni e 27,8 mm di Shawnee. Per il frutto smallato la lunghezza della noce è stata tra 43,9 mm (Wichita) e 28,9 mm (Peruque), e la larghezza tra 26,6 mm (Shoshoni) e 19,7 mm (Kiowa). Varietà con peso secco del seme maggiore di 4 g sono state: Mohawk, Choctaw e Shoshoni rispettivamente con 4,51, 4,19 e 4,14 g. Le varietà più produttive sono risultate la Pawnee, Shoshoni e Wichita con 31, 30 e 27 kg/pianta di frutto intero; produzioni inferiori a 10 kg/pianta sono state ottenute per le varietà Mohawk, Kiowa, Cheyenne e Peruque. La produzione di seme sgusciato è risultata più alta per le varietà Shoshoni e Pawnee (rispettivamente 5,0 e 4,2 kg/pianta); la meno produttiva è risultata la Peruque (circa 1 kg/pianta). La percentuale di frutti vuoti è variata tra 60,4% (Choctaw) e 1,7% (Green River). In conclusione, il presente studio ha indicato che Shoshoni e Pawnee sono state le varietà di pecan che hanno offerto i migliori risultati produttivi.

## Analisi della variabilità genetica in una collezione di *Ficus Carica* L. mediante SSR markers

Marcotuli I.<sup>1</sup>, Ferrara G.<sup>2\*</sup>, Gadaleta A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali, Università di Bari Aldo Moro, via G. Amendola 165/A, 70126 - Bari

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti, Università di Bari Aldo Moro, via G. Amendola 165/A, 70126 - Bari

**\*\*Autore corrispondente:** [giuseppe.ferrara@uniba.it](mailto:giuseppe.ferrara@uniba.it)

Parole chiave: fico, breba, SSRs, diversità genetica, struttura di popolazione

Negli ultimi anni vi è un continuo contributo al miglioramento genetico delle specie agrarie, grazie alle tecnologie moderne e alle accurate informazioni sulla diversità e struttura genetica delle collezioni naturali, in particolare per tutte le specie minori prive di dati. In questo contesto, una collezione di 139 genotipi di *Ficus carica* L. allevati in Italia e Croazia e caratterizzata da varietà unifere (solo coltura principale) e bifere (breba e coltura principale) è stata genotipizzata utilizzando 49 marcatori microsatelliti. Sono stati generati un totale di 70 alleli, di cui 64 (91,4%), prodotti da 22 coppie di primer, hanno mostrato un pattern polimorfico. La collezione di fichi ha conservato un alto livello di diversità genetica.

L'eterozigosi media sui 64 microsatelliti a singolo locus è risultata di 0,33, la varianza attesa di 16,50 e l'osservata di 184,08. Le 139 accessioni di fico hanno formato due cluster nell'analisi delle coordinate principali (PCoA), indicando una divisione tra genotipi italiani e croati. Inoltre, le accessioni di fichi sono risultate suddivise in due cluster principali sulla base dell'analisi della STRUTTURA secondo il tipo biologico, unifero o bifero. In conclusione, i nostri risultati sono risultati significativi e possono essere impiegati per la gestione delle raccolte di genotipi di fico, per programmi di miglioramento genetico e per l'identificazione unica delle cultivar di fico (omonimie e sinonimie).

## Centro regionale per la conservazione *ex situ* di fruttiferi, vite, olivo e agrumi autoctoni pugliesi

Venerito P.<sup>1\*</sup>, La Notte P.<sup>2</sup>, Montemurro C.<sup>3</sup>, Roseti V.<sup>3</sup>, Botalico G.<sup>3</sup>, Palmisano D.<sup>1</sup>, Savino V.N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro di Ricerca, Sperimentazione e Formazione in Agricoltura Basile-Caramia- Locorotondo (Ba)

<sup>2</sup>CNR Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante, Sez. Bari

<sup>3</sup>Università di Bari, Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti (Di.S.S.P.A.)

\*Autore corrispondente: [pasqualevenerito@crsfa.it](mailto:pasqualevenerito@crsfa.it)

Parole chiave: conservazione *ex situ*, germoplasma, selezione, museo diffuso

Presso il CRSFA “Basile Caramia” di Locorotondo (Ba) ha sede il Centro Regionale per la Conservazione *ex situ* di Fruttiferi, Vite, Olivo e Agrumi autoctoni pugliesi che rappresenta una delle più grandi collezioni di germoplasma del centro-sud Italia ed il risultato dell’attività di ricerca condotta da diversi enti da più di quaranta anni. La sua realizzazione prese il via con l’avvio del programma di miglioramento sanitario del mandorlo e della vite da vino, da tavola, e portinnesti da parte dell’allora Istituto di Patologia Vegetale dell’Università di Bari (ora confluito nel Dipartimento di Scienze del Suolo della Pianta e degli Alimenti, Università di Bari Aldo Moro). Successivamente il recupero di germoplasma di varietà a rischio di erosione genetica è stato esteso ad altre specie frutticole incluso l’olivo ed ha interessato, per la vite, anche altre Regioni Centro-Meridionali (Marche, Abruzzo, Campania, Basilicata e Calabria) con il coinvolgimento dapprima dell’Istituto di Coltivazioni Arboree e di Industrie Agrarie dell’ex Facoltà di Agraria dell’Università Bari, del Centro sulle Virosi delle Colture Mediterranee del Consiglio Nazionale delle Ricerche (ora Istituto Per la Protezione Sostenibile delle Piante, Sede di Bari.) e successivamente del Centro di Ricerca, Sperimentazione e Formazione in Agricoltura “Basile Caramia” e negli ultimi anni dello Spinoff Accademico Sinagri s.r.l. Un significativo impulso al recupero, conservazione e caratterizzazione del germoplasma di varietà a rischio di erosione delle colture arboree e arbustive di interesse agrario si è avuto in Puglia a partire dal 2012 con l’attuazione di tre progetti integrati: “Recupero del Germoplasma Frutticolo Pugliese” (Re.Ge.Fru.P.), “Recupero del Germoplasma Olivicolo Pugliese” (Re.Ger.O.P.), “Recupero del Germoplasma Viticolo Pugliese” (Re.GeVi.P.), finanziati dalla Regione Puglia con il Programma di Sviluppo Rurale Fears 2007-2013 Reg. (CE) 1968/2005 Misura 214 azione 4 sub

azione a) e successivo trascinarsi. Con i predetti progetti è stato possibile potenziare i laboratori funzionali alla conservazione, alla valutazione dello stato sanitario ed al risanamento del germoplasma recuperato nonché il recupero di antichi immobili quali ruderi di lamie, trulli ed una antichissima neviara che hanno permesso l’attivazione del “Museo diffuso della biodiversità”. Ogni immobile è dedicato a una o più specie arboree, a seconda dell’ubicazione all’interno dei campi di conservazione, ed è allestito con poster divulgativi, antiche fotografie e arredato con oggetti tipici della cultura contadina legati a una o più fasi dell’intera filiera della/e specie corrispondente. Il Centro Regionale per la Conservazione *ex situ* del Germoplasma di Fruttiferi, Olivo e Vite si estende su una superficie di circa 21 ettari e si articola nella Sezione operativa “Marangi-Caramia” in agro di Locorotondo (BA) e la Sezione operativa “Vivai Conca d’Oro” in agro di Palagianò (TA). In particolare, presso la Sezione operativa “Marangi-Caramia” si estende su una superficie di 16 ettari e sono in conservazione oltre 5.000 genotipi di vite, di uve da vino e da tavola, di circa 550 diversi vitigni; oltre 1.200 genotipi di fruttiferi (albicocco 36, ciliegio 67, fico 310, mandorlo 251, melo 32, pero 235, pesco 52, susino 63) e 92 genotipi di fruttiferi minori (azzurlo 5, carrubo 3, castagno 5, corniolo 2, corbezzolo 3, cotogno 6, fico d’India 3, gelso 6, giuggiolo 3, kaki 2, melograno 21, nespole europeo 7, nespole del Giappone 1, noce 7, nocciolo 4, pistacchio 1, sambuco 2 e sorbo 3). La Sezione operativa “Vivai Conca d’Oro” si estende su una superficie di 5 ettari di cui uno è dedicato alla conservazione di 75 genotipi di agrumi (arancio dolce 27, limone 14, mandarino 4, clementino 7, limetta 4, bergamotto, cedro e pompelmo 2, arancio amaro 6, altri portainnesti 7); e 4 per la conservazione di circa 350 genotipi appartenenti a 120 varietà di olivo da olio, da tavola ed a duplice attitudine.

## Azospirillum brasilense Sp245 migliora il radicamento in un'antica varietà di olive da tavola (*Olea europea* L., cv Santa Caterina)

Toffanin A.<sup>1\*</sup>, Caruso G.<sup>1</sup>, Bartolini S.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento Scienze Agrarie, Alimentari e Agro-ambientali, Via Borghetto 80, 56124 Pisa

<sup>2</sup>Istituto di Scienze della Vita, Scuola Superiore Sant'Anna, Piazza Martiri della Libertà 33, 56127 Pisa

\*Autore corrispondente: [annita.toffanin@unipi.it](mailto:annita.toffanin@unipi.it)

Parole chiave: olivo da tavola, cv Santa Caterina, propagazione, IBA, *Azospirillum brasilense* Sp245

La propagazione delle piante agrarie si avvale dell'impiego di composti che facilitino la radicazione e lo sviluppo degli apparati radicali. L'efficacia dei composti chimici di sintesi non è sempre confermata in cultivar recalcitranti e il loro utilizzo risulta in generale poco compatibile con l'attuale orientamento delle produzioni agrarie incentrato sulla sostenibilità. L'impiego di formulati a base di microrganismi promotori della crescita e induttori di resistenza a stress biotici e abiotici si è pertanto diffuso negli ultimi decenni e diversi microrganismi e/o consorzi microbici sono disponibili anche in contesti di agricoltura biologica. Tra questi *Azospirillum brasilense* Sp245, *plant-growth promoting bacteria* (PGPR) noto per la produzione di fitormoni e molecole ad attività antimicrobica, è stato dimostrato essere capace di esercitare attività biostimolante e antimicrobica, con effetti positivi sulla capacità rizogena e sull'architettura radicale in diverse specie agrarie, sia erbacee che arboree (Bartolini et al. 2017; Fukami et al. 2018). Inoltre, Kolega et al. (2020) hanno riferito che *Azospirillum brasilense* ha migliorato il valore nutraceutico di alcune piante alimentari, aprendo a nuove prospettive relative all'applicazione di questo microrganismo. È stata pertanto condotta una ricerca al fine di valutare gli effetti di *A. brasilense* Sp245 nello stimolare i processi di radicazione in cultivar di olivo caratterizzate da una scarsa capacità rizogena. In particolare, nella presente comunicazione si riportano i risultati ottenuti sulla cultivar Santa Caterina che manifesta una capacità rizogena tra le più basse riscontrate nell'ambito del germoplasma olivicolo (circa il 20%). L'olivo Santa Caterina è una vecchia varietà originaria del comprensorio lucchese ed è la

cultivar da tavola toscana più importante. La sua coltivazione si spinge oltre la Toscana, interessando alcuni areali dell'Italia centrale. Presenta una buona tolleranza agli stress biotici e abiotici, in particolare alle basse temperature e agli attacchi fungini da cicloconio. I frutti, molto grandi e con una elevata resa in polpa, vengono raccolti molto precocemente quando presentano un colore verde intenso e sono destinati alla preparazione come olive verdi da mensa. La propagazione per talea risulta difficoltosa anche con l'applicazione di ormoni ad azione fitoregolatrice come le auxine sintetiche, comunemente utilizzate nella pratica vivaistica. Considerando la sostenibilità dell'impiego di rizobatteri per la biofertilizzazione e bioprotezione delle piante, *A. brasilense* Sp245 è stato saggiato su talee semilegnose della cultivar Santa Caterina. Le prove hanno compreso trattamenti a base di *Azospirillum* a confronto con trattamenti a base di acido indolbutirrico (IBA). Gli esperimenti in vivaio hanno riguardato la valutazione di parametri quali le dimensioni del callo, il numero di talee radicate, il numero e la lunghezza delle radici. I risultati ottenuti evidenziano un'influenza positiva esercitata dai batteri con un notevole miglioramento del tasso di radicazione delle talee e della lunghezza delle radici, indicando le potenzialità di *A. brasilense* Sp245 nel migliorare le pratiche vivaistiche sostenibili anche in una specie diffusa a livello mondiale come l'olivo.

### Bibliografia

- Bartolini et al. 2017. *Open Life Sci.*, 12, 365–372.  
Fukami et al. 2018. *AMB Expr.*, 8, 73.  
Kolega et al. 2020 *Front. Plant Sci.*, 11, 596000.

## Diversità fenotipica e metabolica in cultivar di mirto (*Myrtus communis* L.) a frutto bianco e pigmentato

Medda S., Dessena L., Mulas M.\*

Dipartimento di Agraria dell'Università di Sassari, via E. De Nicola, 9, 07100, Sassari

\*Autore corrispondente: mmulas@uniss.it

Parole chiave: *Myrtus communis*, biosintesi antociani, variabilità fenotipica

L'interesse rivolto verso i prodotti alimentari contenenti antociani è legato ai loro molteplici effetti terapeutici per la salute umana. Gli antociani, presenti in elevate quantità nei frutti pigmentati del mirto (*Myrtus communis* L.), sono sintetizzati a partire dalla via biosintetica dei flavonoidi utilizzando come precursore la fenilalanina. Pertanto, studiando la biodiversità della specie, oltre a valutare gli aspetti fenotipici si è voluto approfondire il coinvolgimento di alcuni geni chiave nella via biosintetica dei flavonoidi, analizzando sia l'accumulo degli antociani nelle bacche di mirto durante i diversi stadi di maturazione, sia l'espressione dei geni che portano alla loro biosintesi. Dalle ricerche effettuate è emersa un'elevata variabilità intraspecifica; in particolare, sono risultate molto accentuate le diversità di alcuni aspetti fenotipici e chimici che caratterizzano varietà a bacca bianca e varietà a bacca pigmentata. Le piante a bacca bianca presentavano infatti un portamento più assurgente, una superficie fogliare maggiore, un numero di semi per bacca inferiore e conseguentemente una polpa più consistente in termini di peso. Inoltre, presentavano maturazione delle bacche più precoce rispetto alle varietà a bacca pigmentata. Per quanto riguarda i parametri chimici, il contenuto di polifenoli totali di queste ultime a maturazione non si discostava da quello rilevato nelle bacche a bacca bianca, tuttavia il contenuto di tannini era molto più elevato. Tutte queste caratteristiche rendono le varietà a bacca bianca particolarmente adatte all'utilizzo nel settore ornamentale come pianta da giardino, come prodotto reciso e come pianta in contenitore. Le varietà a bacca pigmentata presentavano bacche con un contenuto di antociani che aumentava con il progredire della maturazione sino a raggiungere i massimi valori al momento della raccolta, proprietà che le rende idonee per la produzione di bacche da destinare all'industria

alimentare, cosmetica e farmaceutica. Comprendere i meccanismi molecolari che portano alla formazione del colore sarebbe un importante contributo nello studio di questa specie e, secondo le nostre conoscenze, questo è il primo studio sulla biosintesi degli antociani a livello di espressione genica nel mirto utilizzando due cultivar rispettivamente con frutti pigmentati e albini. Il livello dell'espressione dei geni strutturali PAL, CHS, CHI, DFR, LDOX, UFGT, LAR, ANR e FLS è stato valutato in frutti pigmentati e non pigmentati durante 5 stadi di sviluppo (dallo sviluppo del frutto alla completa maturazione) utilizzando la real-time PCR. Inoltre, il livello di trascritto dei geni è stato messo in correlazione con l'accumulo di antociani, utilizzando il coefficiente di correlazione di Pearson. Il contenuto di antociani nella cultivar a frutti pigmentati 'Ilaria' è aumentato con la maturazione (nell'ultimo stadio di maturazione era 3,5 mg di cianidina/g di sostanza secca), mentre nella cultivar a frutti bianchi 'Grazia' gli antociani non sono stati rilevati. I risultati mostrano che nel frutto rosso i geni PAL, CHI, LDOX e UFGT erano sovra-regolati rispetto al frutto bianco nello stadio di maturazione e altamente correlati all'accumulo di antociani (rispettivamente 0,0843, 0,837, 0,800, 0,946 per  $p \leq 0,001$ ). In particolare, il livello di trascritto di UFGT ha mostrato il più alto livello comparato agli altri geni ed era rilevabile solo nella fase 4 e 5 del frutto di 'Ilaria', in concomitanza con l'accumulo di antociani, mentre in 'Grazia' era pressoché irrilevabile. Questi risultati suggeriscono che in mirto, così come riportato in altre specie (Salvatierra et al. 2010), UFGT potrebbe essere l'enzima chiave responsabile della pigmentazione dei frutti.

### Bibliografia

Salvatierra et al. 2010. *Phytochemistry*, 71(16), 1839-1847.

## Variabilità di patogeni tracheifili dell'olivo in Puglia

Lops F.

Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria – Università di Foggia Via Napoli, 25

Autore corrispondente: [francesco.lops@unifg.it](mailto:francesco.lops@unifg.it)

Parole chiave: olivo, patogeni, trachemicosi, funghi, patotipi

L'olivo è una pianta sempre più frequentemente interessata da patogeni tracheifili con differente grado di virulenza tanto da decretarne la morte in caso di infezioni molto gravi. Recenti studi hanno evidenziato che il 65% delle estinzioni a carico di specie animali e vegetali registrate negli ultimi due decenni è imputabile principalmente a organismi fungini. Negli ultimi anni si è assistito ad una crescente frequenza di isolamento di nuove specie fungine, nonché di nuovi patotipi dai tessuti xilematici dell'olivo in Puglia. Infatti, oltre alla ben nota verticillosi presente con patotipi defoglianti e non defoglianti di *Verticillium dahliae*, sono segnalati *Phaeoacremonium spp.*, *Phaeomoniella spp.* e *Pleurostomophora richardsiae*, patogeni fungini in espansione in diversi paesi del bacino del Mediterraneo, che determinano appassimenti e disseccamenti dell'apparato fogliare e possono portare la pianta anche alla morte. Le evidenze sperimentali che emergono dallo studio svolto prospettano uno scenario preoccupante, in quanto l'aumento della diffusione di queste infezioni è

particolarmente elevato nei giovani impianti. Infatti, l'impiego di materiale di propagazione infetto, l'utilizzo di tecniche intensive di coltivazione (irrigazione e concimazioni abbondanti, sesti d'impianto ridotti), unitamente alle condizioni di stress dovute all'intensificarsi degli estremi termici e all'effetto indiretto dell'aumento della temperatura sulla disponibilità d'acqua, possono indebolire le piante e renderle più suscettibili all'attacco dei patogeni. Inoltre, le nuove condizioni ambientali provocano un allungamento della stagione di sporulazione dei funghi fitopatogeni, e l'aumento del carico di spore fungine che comporterà un aggravamento dei fenomeni patologici oltre per la comparsa di nuovi genotipi aggressivi. Queste nuove minacce si vanno a sommare a quanto è in atto in Puglia a causa della *Xylella fastidiosa*, costituendo emergenze fitosanitarie che compromettono irrimediabilmente la vita di quella che è la pianta simbolo della Regione.

## Caratterizzazione chimica della componente volatile di bucce e succhi di *Citrus spp.* tramite SPME-GC/MS

Garzoli S.

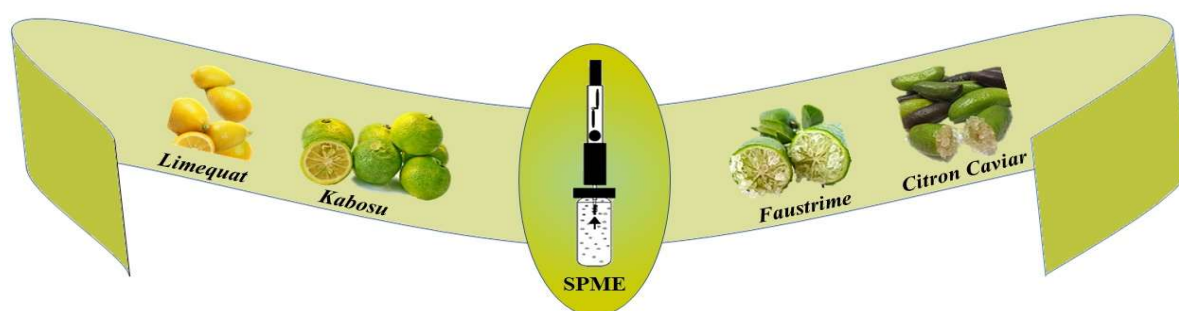
Dipartimento di Chimica e Tecnologie del Farmaco, Università di Roma Sapienza

Autore corrispondente: stefania.garzoli@uniroma1.it

Parole chiave: *Citrus*, SPME-GC/MS, composizione chimica volatile, VOC

I composti organici volatili (VOC), sono metaboliti intermedi o finali di diverse vie metaboliche appartenenti a più classi come mono- e sesquiterpeni, alcoli, chetoni, lattoni, esteri ed idrocarburi; sono estremamente importanti nella composizione degli agrumi perché responsabili delle proprietà aromatiche nonché di effetti biologici come l'attività antiossidante. Sono numerose le specie del genere *Citrus* (Rutaceae) presenti in natura; la loro composizione fitochimica varia notevolmente anche nell'ambito della stessa specie in quanto sensibilmente influenzata da molteplici fattori intrinseci e/o estrinseci come la fase di maturazione, le condizioni climatiche e l'area di coltivazione. Il presente lavoro descrive per la prima volta, la caratterizzazione chimica quali-quantitativa della componente volatile di succhi e bucce di quattro tipologie particolari di agrumi di cui due spontanee, citron caviar (*C. australasica*) e kabosu (*C. sphaerocarpa*) e due ottenute da nuovi ibridi, limequat (*C. fortunella* x *C. aurantifolia*) e faustrime (*C. latifolia* x *C. australasica*), coltivati e raccolti nella regione del Nyon, in Svizzera. A tal fine è stato ottimizzato il processo di estrazione dei VOC tramite la tecnica di campionamento *Solid Phase Micro Extraction* (SPME) e successiva analisi con Gas Cromatografo accoppiato allo Spettrometro di Massa (GC-FID/MS). Tale tecnica di campionamento è considerata il metodo analitico ideale per catturare la fase vapore da matrici solide o liquide senza ricorrere all'utilizzo di solventi evitando così eventuali perdite degli analiti e le problematiche connesse al processo preparativo ed estrattivo. Nella fase di campionamento, una determinata quantità di sostanza è posta in un *vial* sigillato con tappo forabile e riscaldato a 40 °C per 15 min per il raggiungimento di uno stato di equilibrio tra la fase liquida e quella

vapore. Successivamente l'ago dell'holder è inserito all'interno del tappo esponendo così la fibra allo spazio di testa del campione per 30 minuti alla stessa temperatura. È stata scelta una fibra a tre componenti (DVB/CAR/PDMS-divinylbenzene/carboxen/polydimethylsiloxane) in quanto capace di adsorbire un numero maggiore di componenti volatili. I VOC catturati vengono desorbiti dalla fibra esponendo quest'ultima all'iniettore del GC per circa 3 minuti consentendo così il desorbimento ed il passaggio dei composti nella colonna apolare del GC al fine di ottenere un'adeguata separazione e successiva identificazione degli stessi mediante l'utilizzo dello spettrometro come rivelatore. L'utilizzo dell'SPME-GC/MS ha permesso di effettuare uno studio comparativo sulla composizione volatile di succhi e bucce senza che la matrice venisse in qualche modo trattata precludendo così qualunque tipo di alterazione. I risultati delle analisi hanno evidenziato una miscela di composti bioattivi generalmente più ricca nelle bucce che nei rispettivi succhi; i terpeni sono i composti prevalenti e tra questi il limonene è in assoluto il componente più abbondante anche se con percentuali relative differenti sia nelle bucce che nei succhi di tutte le matrici analizzate. Sono stati altresì identificati numerosi composti minoritari tali da caratterizzare un diverso profilo volatile per ogni singola specie di *Citrus* esaminata. Tra l'altro, alcuni composti presenti in tracce, rilevabili mediante la SPME-GC/MS, si rivelano più importanti nel determinare il sapore dell'agrume rispetto a quelli presenti in concentrazioni più alte. Da qui l'importanza dell'utilizzo di una tecnica analitica estremamente sensibile tale da garantire una descrizione del profilo chimico volatile quanto più completo possibile.



## Caratteri qualitativi dei frutti di nuove selezioni di mirto

Dessena L., Medda S., Mulas M.\*

Dipartimento di Agraria dell'Università di Sassari, via E. De Nicola 9, 07100, Sassari

\*Autore corrispondente: [mmulas@uniss.it](mailto:mmulas@uniss.it)

Parole chiave: *Myrtus communis*, selezione varietale, liquore di mirto, polifenoli, antociani

Il mirto (*Myrtus communis* L.) è un arbusto sempreverde appartenente alla famiglia delle Myrtaceae originario del Sud Europa e del Nord Africa. È una specie a carattere termofilo tipica della macchia mediterranea, che si ritrova allo stato spontaneo nelle aree litoranee dell'Italia meridionale e della Sardegna, limitando il suo areale al di sotto degli 800 m di altitudine. Grazie alle proprietà chimiche ed organolettiche, le foglie e le bacche sono la parte della pianta economicamente più utile e per questo vengono utilizzate in vari ambiti (alimentare, medico, farmaceutico, cosmetico). In Sardegna le bacche vengono principalmente utilizzate per la produzione del liquore, uno dei prodotti tipici più esportati dalla regione, ottenuto dall'infusione idroalcolica delle bacche di mirto giunte a piena maturazione. La quantità e la qualità delle bacche utilizzate nell'infusione risulta fondamentale per l'ottenimento di un liquore di qualità che rispetti le caratteristiche chimiche e organolettiche indicate nel disciplinare di produzione del "Mirto di Sardegna". La quantità di bacche risulta inoltre fondamentale anche per la conservabilità del liquore, infatti i composti responsabili delle proprietà organolettiche del mirto sono scarsamente stabili, pertanto i liquori hanno un periodo di conservazione limitato. Cercando di rispettare le proporzioni minime tra bacche e alcool ammesse dal disciplinare di produzione del "Mirto di Sardegna", abbiamo voluto analizzare dal punto di vista chimico gli infusi idroalcolici ottenuti da bacche proveniente da 16 nuove selezioni varietali di mirto (14 a bacca pigmentata e 2 a bacca bianca) derivanti dalla propagazione agamica per talea di piante madri ottenute dalla libera impollinazione di un gruppo di cultivar collezionate in un campo sperimentale del Dipartimento di Agraria dell'Università di Sassari e derivanti da un programma di selezione che ha interessato tutto il territorio della Sardegna (Mulas e Cani, 1999; Mulas, 2012). Le bacche di ciascuna cultivar sono state analizzate dal punto di vista morfologico determinando: il peso, volume, lunghezza, larghezza e forma del frutto, colore, peso della polpa, numero di semi per frutto, il loro peso medio e il rapporto polpa/semi.

In base alle indicazioni del disciplinare, le bacche, subito dopo la raccolta, sono state poste in infusione

con una soluzione idroalcolica al 70%. Dopo 3 mesi di infusione al buio e a temperatura ambiente, gli infusi sono stati filtrati e analizzati. In particolare è stata determinata l'acidità totale degli infusi, il contenuto in polifenoli totali (tra 483,8 e 1.180,4 mg L<sup>-1</sup> di acido gallico), in antociani (tra 0,0 e 245 mg L<sup>-1</sup> di cianidina-3-glucoside) e in tannini (tra 0,2 e 18,9 mg L<sup>-1</sup> di acido gallico). Dai risultati è emersa l'elevata variabilità tra le cultivar, infatti tra le 16 cultivar analizzate alcune hanno mostrato un maggior contenuto di polifenoli e antociani e un più basso contenuto in tannini risultando tra le più idonee per la produzione del liquore "Mirto di Sardegna". Al contrario, l'acidità totale degli infusi è risultata pressoché costante in tutte le cultivar. Per quanto riguarda i risultati relativi alle analisi morfologiche delle bacche, la forma del frutto è risultata molto variabile. Tra le selezioni, infatti, si osservavano frutti ellittici, ovali, piriformi, allungati, piriformi-allungati e arrotondati. Il colore delle bacche era solitamente di color blu scuro ma alcune selezioni presentavano una colorazione verde-gialla e bianca-verde. Il peso delle bacche ha mostrato una bassa variabilità tra le cultivar. Il numero di semi per frutto variava da 2,3 a 8,7 e il peso dei semi non era statisticamente diverso tra le selezioni. Il rapporto polpa/semi variava da 2,98 a 6,87 e il peso della polpa variava da 0,16 g a 3,32 g. La caratterizzazione di nuove cultivar ha permesso di approfondire le conoscenze sulle proprietà e sulla variabilità della specie *Myrtus communis*, fornendo così una prima determinazione dei possibili usi delle diverse cultivar. Dalle analisi è stato possibile individuare le cultivar che più si prestano alla produzione di bacche da destinare alla produzione del liquore di mirto.

### Bibliografia

- Mulas e Cani 1999. *J. Herbs, Spices & Med. Plants*, 6(3), 31-49.  
Mulas 2012. *Acta Hort.*, 948, 235-242.

Lavoro pubblicato *in extenso* su *Sustainability*, nell'ambito dell'accordo tra il Convegno "Biodiversità 2021" e la rivista: Medda S., Mulas M. 2021. Fruit quality characters of myrtle (*Myrtus communis* L.) Selections: Review of a domestication process. *Sustainability*, 13(16), 8785; <https://doi.org/10.3390/su13168785>



## Resistenza alla bolla (*Taphrina deformans*) di vecchie varietà di pesco per lo sviluppo di una linea commerciale legata alla biodiversità e ai prodotti del territorio

Buscaroli C.<sup>1\*</sup>, Aldini A.<sup>2</sup>, Lama M.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Centro Ricerche Produzioni Vegetali (CRPV), Cesena (FC)

<sup>2</sup>Apofruit, Cesena

<sup>3</sup>Astra Innovazione e Sviluppo, Tebano, Faenza (Ra)

\*Autore corrispondente: [cbuscaroli@crpv.it](mailto:cbuscaroli@crpv.it)

Parole chiave: germoplasma, resistenza a malattie, frutticoltura biologica, pesco

L'impiego di varietà resistenti/tolleranti ai patogeni è una prerogativa indispensabile per l'agricoltura biologica. L'agricoltura intensiva moderna ha tralasciato questo aspetto a favore dell'uso indiscriminato della chimica nella difesa delle piante. È noto che le cultivar moderne tendono ad essere più suscettibili alle malattie delle varietà di un tempo (Buscaroli et al. 1996; Baroni et al. 2013), come conseguenza della ristretta base genetica utilizzata nella costituzione di nuove cultivar (Zeiser et al. 2020). Un caso esemplare è la bolla del pesco, un fungo patogeno che da sempre provoca ingenti danni sulla vegetazione e sui frutti. Generalmente vengono effettuati un paio di trattamenti all'anno, il primo alla caduta foglie, il secondo all'inizio del germogliamento. Si riscontra, però, sempre più frequentemente, la necessità di incrementare il numero degli interventi per evitare danni alla produzione. Più volte è stato evidenziato come alcune vecchie varietà, ormai abbandonate, erano poco suscettibili a questo patogeno (Branzanti e Sansavini, 1965; Bassi et al. 1980). Per questo motivo si sta tentando di rilanciarle e di utilizzarle sia per il vivaismo hobbistico, che per i frutteti biologici. In quest'ultimo caso infatti la riduzione dei limiti dell'utilizzo del rame per la difesa (attualmente 4 kg/ha/anno), sta contribuendo a ridestare interesse per le varietà resistenti o tolleranti. Si è già dato conto al X Convegno sulla Biodiversità (Buscaroli et al. 2014) del ricchissimo patrimonio di varietà antiche ancora presente in Emilia Romagna, principalmente conservato nelle collezioni di germoplasma ma che si sta cercando di reintrodurre nelle aree di origine attraverso una serie di progetti nell'ambito del PSR tra i quali i progetti Comprensoriali Integrati da cui sono scaturiti alcuni nuovi Presidi Slow Food come quello della pesca Buco incavato. Nella azienda sperimentale di Imola del CRPV è presente una collezione di antichi genotipi di pesco dell'Emilia Romagna impiegata non solo per l'attività di miglioramento genetico ma anche nell'ambito dei

progetti di biodiversità e salvaguardia delle risorse genetiche locali. Infatti è un punto riferimento per tutti gli "agricoltori custodi" che vogliono tornare a produrre varietà autoctone del proprio territorio. Nell'ambito del progetto "Sviluppo di una linea commerciale legata alla biodiversità e ai prodotti ortofrutticoli del territorio" sono stati valutati un centinaio di genotipi di pesco appartenenti al germoplasma locale e confrontati con varietà di recente costituzione. Per alcuni anni non sono stati effettuati trattamenti nella collezione per osservare meglio i sintomi della malattia e i potenziali danni sul prodotto. La maggior parte dei genotipi si è collocata nella classe di suscettibilità intermedia, mentre le cultivar moderne (testimoni) erano tutte nella classe di maggior suscettibilità. Le varietà più resistenti o molto tolleranti che hanno mostrato anche migliori caratteristiche qualitative sono state propagate e reintrodotte nelle aziende biologiche interessate a realizzare produzioni locali. I nuovi frutteti sono stati creati cercando di sfruttare il più possibile la biodiversità disponibile e quindi massimizzando la capacità di resilienza. Frutteti plurivarietali dove le resistenze sono poligeniche e dovute a più genotipi portatrici di geni diversi. Tra le varietà più resistenti e qualitativamente apprezzate dal mercato, sono state impiegate: Forli1, a polpa bianca, matura in agosto; Carota a polpa rossa, matura in agosto; Sanguinella a polpa rossa, matura ad inizio settembre; Virgilio a polpa bianca, matura in settembre.

### Bibliografia

- Buscaroli et al. 1996. *Atti III giornate scientifiche SOI*, Erice 10-14 marzo, 285-286.  
Baroni et al. 2013. *Informatore agrario*, 6, 66-69.  
Bassi et al. 1980. *Atti XV Convegno Peschicolo*, Ravenna.  
Branzanti e Sansavini 1965. *Le cultivar di pesco: importanza e diffusione*. Edizione Edagricole.  
Buscaroli et al. 2014. *Atti X Convegno Nazionale sulla Biodiversità*, Roma 3-5 settembre.  
Zeiser et al. 2020. *Proceeding 19<sup>th</sup> International Conference on Organic Fruit Growing*, 76-80.

## Prima caratterizzazione di olivastri spontanei selezionati in Sardegna

Piras F.\*, Pili G., Sedda P., Muntoni M.

Agris Sardegna, Servizio Ricerca nelle filiere olivicolo-olearia e viti-enologica. S.S. 196 Villasor-Villacidro, Km. 14,600, 09034 Villasor (CA)

\*Autore corrispondente: fpiras@agrisricerca.it

Parole chiave: *Olea europaea* L. var. *sylvestris* Brot., Sardegna, olivo selvatico

In Sardegna, l'olivo (*Olea europaea* L.), riveste un ruolo importante dal punto di vista produttivo e dal punto di vista naturalistico. È infatti presente sia nella forma coltivata (*Olea europaea* L. var. *europaea*) che nella forma spontanea selvatica (*Olea europaea* L. var. *sylvestris* Brot.). La coltivazione è praticata in tutti i territori comunali sebbene vi siano delle zone che si distinguono per maggiore intensità di coltivazione e maggiore specializzazione degli operatori. Sono coltivate quasi esclusivamente le varietà tipiche dell'Isola, circa venti, ma gran parte della superficie è occupata da poche varietà: Bosana, Tonda di Cagliari, Nera di Villacidro, Semidana. La forma selvatica spontanea rappresenta un contenitore di biodiversità eccezionale in quanto è diffusa in quasi tutto il territorio isolano, con numerosissimi individui caratterizzati da un elevato polimorfismo fenotipico e genetico. L'olivo selvatico spontaneo, infatti, si origina per via gamica attraverso autofecondazione, incrocio inter o intra varietale, incrocio tra individui selvatici o, per via della interfertilità, tra individui selvatici e varietà coltivate. Si rinviene con portamento cespuglioso o arboreo e, in questo caso, anche con esemplari millenari dalle dimensioni eccezionali, custodi di un antico genoma. La maggior parte degli alberi selvatici spontanei produce frutti di piccole o piccolissime dimensioni, ma è stato osservato che qualche individuo si distingue per produrre drupe con dimensioni assimilabili a

quelle delle varietà coltivate, dai cui semi, è più probabile si siano originati.

Pertanto, questo lavoro, avviato nel 2018, consiste nell'individuare e selezionare, direttamente sul territorio, olivi selvatici spontanei in età produttiva, con caratteristiche tali (dimensione delle drupe), da poterne ipotizzare una moltiplicazione ai fini produttivi (olive e olio). Da ogni albero individuato sono state prelevate 100 drupe nella fase fenologica di massimo sviluppo (invaatura/ maturazione) dalle quali sono stati rilevati dati biometrici, quali il peso medio e il rapporto polpa nocciolo. In figura 1 sono messi a confronto i pesi delle drupe di 15 accessioni selvatiche campionate nel 2018, con i pesi delle drupe di alcune varietà (valori centrali estrapolati dal sito oleadb.it). Come si può osservare sono stati rinvenuti anche individui che producono drupe il cui peso è paragonabile o anche superiore a quello di varietà diffusamente coltivate in Sardegna (Bosana), e in altre regioni (Leccino, Coratina, Frantoio). La Tonda di Cagliari, anche per via delle elevate dimensioni dei frutti, in Sardegna è la varietà di gran lunga più utilizzata per la produzione di olive da tavola. Le accessioni selvatiche spontanee più interessanti sono state moltiplicate in vivaio (innesto su olivastro), al fine di costituire un primo campo sperimentale, nel quale osservarne il comportamento vegeto produttivo in condizioni agronomiche ordinarie e, nelle fasi successive della ricerca, caratterizzarne anche gli aspetti genetici.

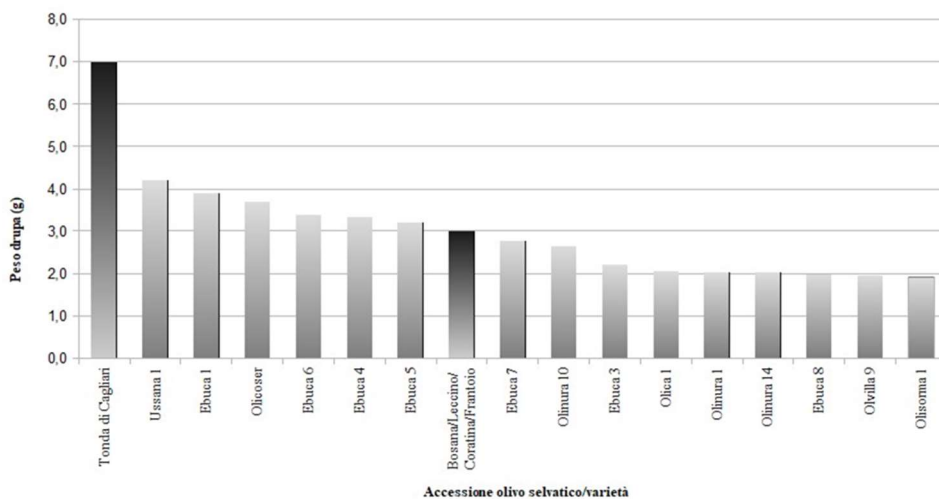


Figura 1 – Peso medio della drupa (calcolato per le accessioni selvatiche su 100 frutti).

## Caratterizzazione morfologica, genetica e metabolica della 'Pomella genovese' (*Malus x domestica* Borkh.) antica varietà di mela dell'Oltrepò pavese

Ughini V.<sup>1</sup>, Soffritti G.<sup>1</sup>, Martino M.<sup>1</sup>, Zambianchi S.<sup>1</sup>, Stagnati L.<sup>1\*</sup>, Busconi M.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze delle Produzioni Vegetali Sostenibili, Università Cattolica del Sacro Cuore, Via Emilia Parmense 84, 29122 Piacenza

<sup>2</sup>Centro di Ricerca BioDNA, Università Cattolica del Sacro Cuore, Via Emilia Parmense 84, 29122 Piacenza

\*Autore corrispondente: [lorenzo.stagnati@unicatt.it](mailto:lorenzo.stagnati@unicatt.it)

Parole chiave: Pomella genovese, agrobiodiversità, caratterizzazione genetica, caratterizzazione metabolica, conservazione *in situ* ed *ex situ*

La 'Pomella genovese' è una vecchia cultivar di mele che da secoli caratterizza il territorio della Valle Staffora nell'Oltrepò pavese. La presenza di questa varietà autoctona ha radici profonde nel territorio, essendo qui coltivata da secoli, come attestato da documenti storici, i quali la menzionano quale merce di scambio con i mercanti liguri (genovesi, da qui il nome della mela in oggetto, che non indica quindi la provenienza ma gli acquirenti della mela stessa) che portavano il sale, valicando l'Appennino per commerciare questo prezioso prodotto. Il frutto è medio-piccolo (114 g, in media), di forma tendenzialmente appiattita (rapporto H/D= 0,79) e molto resistente alle manipolazioni. Il colore della buccia è giallo verde, con sovraccolore rosso intenso sul 10-50% della superficie, che si presenta liscia, con lenticelle non evidenti, con frequente rugginosità peri peduncolare e mediamente estesa. La polpa è soda, croccante, di sapore dolce-acido equilibrato, abbastanza aromatica, di buone caratteristiche gustative. Alla raccolta, che avviene tra fine settembre–inizio ottobre, i frutti presentano in media valori 9 kg di durezza della polpa, 12,7 °Brix di zuccheri solubili e 12,7 g L<sup>-1</sup> di acidità titolabile. Dopo 4 mesi di frigoconservazione in atmosfera normale tali parametri fanno registrare valori di 6,7 kg per la durezza della polpa, 13 °Brix per gli zuccheri solubili e 1,23 g/L per l'acidità titolabile. Inoltre, il contenuto in polifenoli totali in media è di 101,5 mg acido gallico equivalente (GAE)/100 g di peso fresco alla raccolta e di 99,2 mg GAE 100 g<sup>-1</sup> di peso fresco dopo frigoconservazione. Nel confronto nello stesso ambiente con frutti di 'Golden delicious', quelli di 'Pomella genovese' presentano tendenzialmente un maggiore contenuto di polifenoli totali, sia alla raccolta che dopo conservazione. Tra le caratteristiche agronomiche interessanti la varietà presenta resistenza alla ticchiolatura, malattia portata da uno specifico fungo, che invece affligge molte altre varietà, per la cui produzione si pone perciò la scelta obbligata di procedere con numerosi trattamenti

fitosanitari. La 'Pomella genovese' è tutt'ora coltivata *in situ* presso aziende agricole e mantenuta *ex situ* in collezioni di germoplasma presenti sul territorio regionale. Indagini condotte sia sul territorio che presso le collezioni hanno permesso di recuperare 53 accessioni di 'Pomella genovese' e 14 accessioni della 'Rustajo' (da molti considerato sinonimo di 'Pomella genovese'). Per analizzare l'identità delle accessioni recuperate e chiarire la sinonimia con la 'Rustajo' ogni accessione è stata caratterizzata a livello genetico mediante 13 marcatori SSR. L'analisi dei profili ottenuti ha permesso di evidenziare che non tutti i campioni analizzati hanno lo stesso profilo genetico. All'interno dei campioni, 47 su 67 presentavano un profilo genetico identico con tutti i marcatori SSR utilizzati. Questo profilo, è stato considerato come quello di riferimento per la 'Pomella genovese'. L'analisi genetica evidenzia come la Pomella' abbia una costituzione genetica triploide: la maggior parte dei marcatori SSR identifica infatti tre alleli diversi. Questa situazione di triploidia è confermata da quanto ottenuto in altri studi. Alcuni campioni denominati come 'Rustajo' hanno mostrato profili genetici identici a 'Pomella genovese' confermando la sinonimia tra le due varietà. È importante sottolineare che i profili differenti che sono stati individuati non sono necessariamente associati alle due differenti denominazioni ('Pomella' e 'Rustajo') e possono essere una conseguenza di variazioni clonali, casi di omonimia o di errata attribuzione varietale. Definito il profilo genetico della 'Pomella genovese' si è potuto procedere alla scelta dei campioni per le analisi metaboliche. Le analisi sono state effettuate considerando campioni provenienti da due aziende poste a quote altimetriche differenti, e sul prodotto fresco e conservato, hanno evidenziato che il profilo metabolico cambia con: l'ambiente di coltivazione, essendo differente tra le aziende, e lo stato di conservazione, essendo differente tra prodotto fresco e conservato.

## Biodiversità delle drupaceae nella regione Basilicata: il progetto BioDruBa

Sonnante G.<sup>1\*</sup>, Blanco E.<sup>1</sup>, Zuluaga D.L.<sup>1</sup>, Sarli A.<sup>1</sup>, Morgese A.<sup>1</sup>, Zienna P.<sup>2</sup>, Cerbino D.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Istituto di Bioscienze e Biorisorse, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Via Amendola 165/A, 70126 Bari

<sup>2</sup>ALSIA Metaponto, SS. Jonica km 448.2, 75012 Metaponto (MT)

<sup>3</sup>ALSIA Pollino, C.da Piano Incoronata, 85048 Rotonda (PZ)

\*Autore corrispondente: [gabriella.sonnante@ibbr.cnr.it](mailto:gabriella.sonnante@ibbr.cnr.it)

Parole chiave: biodiversità, Drupaceae, marcatori molecolari, ciliegio, susino, valore nutrizionale

Nell'ambito del Piano di Sviluppo Rurale (PSR Regione Basilicata 2014-2020, mis. 10.2), il progetto BioDruBa (Biodiversità delle Drupacee della Basilicata) mira a raccogliere, conservare e caratterizzare il germoplasma regionale di alcune specie arboree da frutto appartenenti alle Drupaceae, soprattutto ciliegie e susine, ma anche alcune varietà di pesche, albicocche e mandorle. Oltre alla conservazione delle varietà autoctone disponibili nei campi del catalogo e *in situ*, sono state ricercate e preservate ulteriori varietà locali. Le esperienze sulla raccolta, conservazione, caratterizzazione e utilizzo delle Drupaceae vengono scambiate con organizzazioni nazionali e internazionali che si occupano della biodiversità delle colture. La maggior parte delle varietà locali di ciliegio considerate sono conservate nelle raccolte di campo ad ALSIA Pollino (PZ), mentre il germoplasma delle altre specie da frutto è distribuito nei campi dei contadini. Uno degli obiettivi principali del progetto è la caratterizzazione

del germoplasma. A tale scopo, sono state raccolte le foglie di ciascuna varietà autoctona ed è stato estratto il DNA. Mediante la tecnologia GBS (genotyping by sequencing) sono stati ottenuti marcatori SNP (single nucleotide polymorphism) utilizzati per valutare la diversità genetica e la struttura di popolazione nel germoplasma. La variabilità genetica delle altre specie di Drupaceae considerate nel presente progetto è stata valutata utilizzando marcatori microsatelliti. Un'ulteriore caratterizzazione sarà effettuata sulla qualità dei frutti. I frutti delle Drupaceae in considerazione sono stati raccolti e il loro valore nutraceutico sarà valutato mediante tecnologia HPLC e spettrometria di massa. Inoltre, il progetto BioDruBa, attraverso l'organizzazione di eventi di divulgazione per studenti, agricoltori e pubblico in generale, promuove la conservazione e la conoscenza del germoplasma locale nella regione Basilicata.

## Diversità molecolare in germoplasma di ciliegio

Sonnante G.<sup>1\*</sup>, D'agostino N.<sup>2</sup>, Blanco E.<sup>1</sup>, Zuluaga D.L.<sup>1</sup>, Sarli A.<sup>1</sup>, Morgese A.<sup>1</sup>, Todisco M.C.<sup>3</sup>, Logoluso V.<sup>3</sup>, Cerbino D.<sup>4</sup>, Palasciano M.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Istituto di Bioscienze e Biorisorse, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Via Amendola 165/A, 70126 Bari

<sup>2</sup>Dipartimento di Agraria - Sezione di Genetica e Biotecnologie Vegetali, Università di Napoli Federico II, Via Università 133, 80055 Portici (NA)

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti, Università di Bari, Via Amendola 165/A, 70126 Bari

<sup>4</sup>ALSIA Pollino, C.da Piano Incoronata, 85048 Rotonda (PZ)

\*Autore corrispondente: [gabriella.sonnante@ibbr.cnr.it](mailto:gabriella.sonnante@ibbr.cnr.it)

Parole chiave: diversità genetica, ciliegio, GBS, SNP, valore nutrizionale

Il ciliegio (*Prunus avium* L.) è una specie diploide ( $2n = 2x = 16$ ) appartenente alla famiglia delle Rosaceae che si sarebbe originato da due specie tetraploidi, *P. cerasus* e *P. pseudocerasus*. I frutti di ciliegio, apprezzati per la loro succosità e il sapore dolce, sono altamente ricchi di sostanze nutraceutiche che promuovono la salute (McCune et al. 2011). La disponibilità del genoma del ciliegio (Shirasawa et al. 2017; Pinosio et al. 2020) consente la mappatura di migliaia di SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) ottenuti mediante tecnologia GBS (*Genotyping-by-Sequencing*). Nell'ambito del progetto PSR Basilicata BioDruBa (Biodiversità delle Drupacee della Basilicata), varietà locali di ciliegio lucane conservate nella collezione dell'ALSIA (Rotonda, PZ) sono state genotipizzate mediante tecnologia GBS insieme ad altre varietà note provenienti dalla collezione dell'Università di Bari, con le quali sono state confrontate. Le analisi di struttura di popolazione e

delle componenti principali, nonché lo studio delle relazioni filogenetiche hanno evidenziato che la maggior parte delle varietà locali provenienti dalla Basilicata risulta geneticamente più vicina a varietà tradizionali campane, suggerendo una comune origine genetica. Gli altri materiali hanno mostrato raggruppamenti generalmente attribuibili a comuni origini genealogiche e/o condivisione di tratti morfologici. Sono stati inoltre rilevati alcuni caratteri fenotipici ad elevata ereditarietà al fine di associare marcatori SNP con caratteri specifici, tramite analisi GWAS (*Genome Wide Association Mapping*). I risultati evidenziano l'associazione di alcuni SNP a caratteri di importanza agronomica.

### Bibliografia

- McCune et al. 2011. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.*, 51, 1-12.  
Pinosio et al. 2020. *Plant J.*, 103, 1420-1432.  
Shirasawa et al. 2017. *DNA Res.*, 12, 60-8.

## Sviluppo di nuovi marcatori microsatelliti per la caratterizzazione di accessioni di melograno (*Punica granatum* L.) e costruzione di una banca dati

Akkak A.<sup>1\*</sup>, Petriccione M.<sup>2</sup>, Chaouch Khouan A.<sup>3</sup>, Cossio F.<sup>4</sup>, Venerito P.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia, via Napoli, 25 – 71121, Foggia

<sup>2</sup>CREA – Centro di ricerca Olivicoltura, Frutticoltura e Agrumicoltura, via Torrino, 3 – 81100, Caserta

<sup>3</sup>Centre de Recherche en Biotechnologie C.R.Bt Equipe de Génomique et amélioration des plantes, BP E73. UV N ° 03 Nouvelle Ville Ali Mendjelli, Constantine - Algérie

<sup>4</sup>Agronomo e Plant Breeder - Verona

<sup>5</sup>Centro di Ricerca, Sperimentazione e Formazione in Agricoltura “Basile Caramia”, Via Cisternino 281-70010, Locorotondo, Bari

\*Autore corrispondente: [aziz.akkak@unifg.it](mailto:aziz.akkak@unifg.it)

Parole chiave: marcatori genetici, microsatelliti, germoplasma, melograno, banca dati

Nuovi marcatori molecolari microsatelliti (SSR, *Simple Sequence Repeats*) di tipo GA/GT sono stati isolati da due genoteche arricchite per il melograno (*Punica granatum* L.). Dopo una fase di *screening* sono stati selezionati 14 *loci* microsatelliti da 42 totali al fine di caratterizzare e valutare la variabilità genetica di circa 140 accessioni del germoplasma raccolto. Sono state scelte 5 collezioni ubicate presso il Centro Regionale di Conservazione *ex situ* delle Colture Arboree Pugliesi (CRSFA Basile Caramia, Locorotondo), il Centro di Ricerca per Olivicoltura, Frutticoltura e Agrumicoltura (CREA-OFA, Caserta), Vivaio Exoticplant (Cisterna Latina, Roma), National

Plant Germplasm System (USA) e l'Institut d'Arboriculture Fruitière et de la vigne (ITAFV, Algeria). Dalla ricerca effettuata è emerso che tutte le coppie di primer hanno amplificato frammenti della dimensione attesa e hanno individuato un alto polimorfismo tra gli individui analizzati, tranne che per i *loci* UFPg1, UFPg16 e UFPg42. Questi nuovi marcatori SSR rappresentano un utile strumento per la caratterizzazione varietale, nonché per la costruzione di una banca dati genetica che racchiude tutti i profili genetici di accessioni di melograno presenti in Puglia e nel mondo.

## Risposta allo stress salino della cultivar italiana di Noce Sorrento per una sua valorizzazione in terreni salini

Gentile A.<sup>1,3,4\*</sup>, Nota P.<sup>1,2</sup>, Lucioli S.<sup>1</sup>, Urbinati G.<sup>1</sup>, Forni C.<sup>4</sup>, Caboni E.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria. Centro di ricerca olivicoltura, frutticoltura e agrumicoltura (CREA-OFA), Via di Fioranello, 52, 00134 Roma

<sup>2</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria. Centro di ricerca difesa e certificazione (CREA-DC), Via C.G. Bertero, 22, 00156 Roma

<sup>3</sup>Dottorato di Ricerca in Biologia Evoluzionistica ed Ecologia, Università di Roma "Tor Vergata", Via della Ricerca Scientifica, 1, 00133 Roma

<sup>4</sup>Dipartimento di Biologia, Università di Roma "Tor Vergata", Via della Ricerca Scientifica, 1, 00133 Roma

\*Autore corrispondente: [adele.gentile@crea.gov.it](mailto:adele.gentile@crea.gov.it)

Parole chiave: agrobiodiversità, colture in vitro, *Juglans regia*, stress salino, tolleranza

L'agrobiodiversità vegetale può rappresentare un efficace strumento per affrontare i cambiamenti climatici e offrire nuovi prodotti ai consumatori. Essa, inoltre, assume un ruolo economico strategico nei programmi di miglioramento genetico delle cultivar finalizzati ad ottenere varietà resistenti a stress biotici ed abiotici. L'accumulo di sali nei terreni rappresenta un serio problema sia per l'agricoltura, limitando la produttività delle colture, che per la conservazione dell'agrobiodiversità. Il noce da frutto (*Juglans regia* L.) è una coltura molto apprezzata per le pregevoli caratteristiche organolettiche e per le note proprietà nutraceutiche del suo gheriglio, particolarmente ricco in acidi grassi polinsaturi, polifenoli e vitamine. In Italia, uno dei maggiori importatori e consumatori a livello europeo di noci, questa coltura ha subito un forte rilancio negli ultimi anni, sia a livello produttivo sia commerciale. Tra le cultivar di noce italiane, la "Sorrento" è la varietà autoctona più importante. Originaria della penisola sorrentina, questa cultivar oggi è diffusa in tutta la regione Campania. Nel presente lavoro è stata studiata la risposta a condizioni di alta salinità da NaCl in "Sorrento", in comparazione con "Chandler", principale cultivar commerciale ottenuta da un programma di *breeding* californiano, al fine di comprendere alcuni dei meccanismi coinvolti nella risposta alla salinità in *J. regia*, particolarmente in vista di un ampliamento del suo utilizzo in condizioni pedoclimatiche subottimali. Germogli delle due cultivar propagati *in vitro* sono stati trattati con differenti concentrazioni di cloruro di sodio (0, 50, 100 o 200 mM NaCl) per 10 giorni. La risposta allo stress è stata valutata mediante l'analisi di alcuni parametri morfologici e fisiologici. La presenza di NaCl nel terreno di coltura alle 2 concentrazioni più elevate ha ridotto in "Chandler" la crescita dei germogli e, a 200 mM NaCl, anche il numero di foglie rispetto al controllo, mentre non è

stata osservata alcuna riduzione significativa di tali parametri in "Sorrento". L'intensità del danno, calcolata attraverso l'indice di McKinney, è risultata positivamente correlata alla concentrazione salina; tuttavia, in "Chandler" l'estensione delle aree necrotiche fogliari, l'abscissione fogliare e l'imbrunimento dell'apice sono risultati maggiori rispetto a "Sorrento". Inoltre, le concentrazioni di 100 e 200 mM NaCl hanno significativamente ridotto, solo nella cv. Chandler, il contenuto di clorofilla, rispetto al controllo, mentre i carotenoidi hanno subito un decremento significativo in entrambe le cultivar, ma con differenze meno marcate in "Sorrento". Infine, l'analisi dell'attività enzimatica della guaiacolo-perossidasi ha evidenziato solo in "Sorrento", alla concentrazione salina più elevata, un incremento del 50% rispetto al controllo, suggerendo, in questa varietà, il coinvolgimento di questo enzima antiossidante nella risposta allo stress salino. Questo studio preliminare mostra come la risposta alla salinità anche in *J. regia* sia strettamente genotipo-dipendente, indicando la cv. Sorrento come maggiormente tollerante rispetto alla cv. Chandler per quanto attiene l'attività vegetativa. I risultati ottenuti rappresentano un punto di partenza per l'ulteriore diffusione e valorizzazione di questa varietà autoctona, anche in condizioni subottimali di qualità dei suoli derivanti dai cambiamenti climatici e dal crescente uso in agricoltura di risorse idriche ad elevato contenuto di sale. Lo studio suggerisce, inoltre, come l'utilizzo delle colture *in vitro* possa rappresentare uno strumento per la rapida caratterizzazione della risposta allo stress salino nelle specie arboree, fornendo un modello sperimentale sul quale approfondire, in condizioni controllate, i meccanismi legati allo stress anche in funzione della valorizzazione dell'agrobiodiversità.

## Caratterizzazione e valorizzazione di ecotipi italiani di melograno (*Punica granatum* L.) attraverso la morfologia del tegmen e il profilo lipidico del tessuto di riserva del seme

Giordano C.<sup>1\*</sup>, Anichini M.<sup>1</sup>, Pizzo B.<sup>1</sup>, Beghè D.<sup>2</sup>, Bonzanini F.<sup>3</sup>, Lolli V.<sup>3</sup>, Rodolfi M.<sup>3</sup>, Petrucelli R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Istituto per la BioEconomia, CNR, via Madonna del Piano 10, Sesto Fiorentino, Firenze

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Economiche ed Aziendali, UNIPR, via Kennedy 6, Parma

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze degli Alimenti e del Farmaco, UNIPR, Parco Area delle Scienze 27/A, Parma

\*Autore corrispondente: [cristiana.giordano@ibe.cnr.it](mailto:cristiana.giordano@ibe.cnr.it)

Parole chiave: *Punica granatum* L., tegmen, ESEM, lignina, olio

Nell'ultimo decennio si è riscontrato un crescente interesse colturale, commerciale e scientifico per il melograno (*Punica granatum* L.) dovuto all'aumento della domanda da parte dei consumatori, sempre più attenti alla qualità intrinseca degli alimenti da un punto di vista nutrizionale. Infatti il melograno è annoverato tra i prodotti frutticoli con maggiori potenzialità nutrizionali (Holland et al. 2009). La produzione mondiale ha avuto un rapido incremento e anche in Italia le superfici dedicate a questa coltura e le produzioni sono in espansione. Tuttavia, una delle tendenze degli ultimi anni è stata quella di "importare" varietà di melograno straniere da utilizzare nei nuovi impianti. Se da un lato questa strategia ha aumentato la produzione e il reddito dei coltivatori, dall'altro non ha favorito la valorizzazione delle varietà italiane presenti da secoli sul territorio, ma non più commercializzate. L'Italia annovera diverse varietà autoctone che, tuttavia, sono ancora poco conosciute o diffuse sul territorio e lo studio del germoplasma nazionale è ancora limitato. Selezionare e caratterizzare genotipi autoctoni, adatti ai diversi territori, potrebbe incentivare una coltura di melograno tipica e di pregio, in grado di soddisfare il fabbisogno nazionale e competere con il commercio internazionale. Questo studio fa parte di una più ampia ricerca multidisciplinare volta a caratterizzare genotipi italiani di melograno con l'obiettivo di valorizzare e promuovere i prodotti locali (Beghè et al. 2021). In particolare, il presente lavoro ha caratterizzato il tegmen (la parte interna del seme) dal punto di vista morfo-anatomico, per il contenuto in lignina e per la composizione dell'olio estratto. Lo studio è stato condotto su 15 ecotipi di melograno provenienti da diverse regioni d'Italia (Emilia Romagna, Liguria, Toscana, Basilicata, Puglia e Sicilia). I tegmen dei diversi ecotipi, separati dal sarcotesta, parte polposa del seme (Melgarejo et al. 2020; Pujari e Rane, 2015), sono stati sottoposti ad una caratterizzazione morfo-anatomica, attraverso l'analisi di diversi descrittori (UPOV, 2013): lunghezza, larghezza, rapporto lunghezza/larghezza,

durezza e peso di 60 semi. Per la prima volta è stata inoltre eseguita sul tegmen, un'analisi morfologica al microscopio elettronico a scansione (ESEM) con particolare riferimento alla struttura e dimensioni dei fasci cribro-vascolari. Sia le analisi morfologiche sia quelle anatomiche hanno differenziato i 15 ecotipi studiati; in particolare l'analisi all'ESEM ha permesso di riconoscere differenti strutture dei fasci. Inoltre, sui tegmen sono state condotte analisi chimiche per la caratterizzazione degli oli e il contenuto di lignina. L'estrazione degli oli è stata condotta, mediante Soxlet, mentre la determinazione qualitativa e quantitativa della composizione lipidica (acidi grassi, steroli, tocoferoli, policosanoli) è stata eseguita mediante (GC-MS). La resa in olio dei campioni era compresa tra il 14,27% e il 22,66%. L'acido punico e il  $\beta$  sitosterolo sono risultati l'acido grasso e il fitosterolo presenti in maggior percentuale negli ecotipi valutati. Il  $\beta$  tocoferolo (Vitamina E) rappresentava il principale componente vitaminico, mentre tra i policosanoli, il C28 era il composto maggiormente presente in tutti i campioni. La lignina è stata estratta seguendo il protocollo di Pizzo et al. (2013). I risultati preliminari delle analisi della lignina, assieme al parametro "durezza" hanno permesso di distinguere ecotipi a tegmen duro e morbido. I risultati ottenuti hanno confermato che l'olio estratto dagli ecotipi italiani può rappresentare un'importante fonte alimentare con elevato valore nutraceutico e una potenziale risorsa di ingredienti funzionali. L'utilizzo di composti bioattivi dai prodotti di scarto recuperati dal processo di estrazione del succo di melograno rientra in un'ottica di sostenibilità e di economia circolare.

### Bibliografia

- Beghè et al. 2021. *Eur Food Res Tech*, 247, 211–220.  
Holland et al. 2009. *Hort. Rev.*, 35, 127-191.  
Melgarejo et al. 2020. *Trends Food Science & Technology*, 102, 232-236.  
Pizzo et al. 2013. *Applied spectroscopy*, 67, 553-562.  
Pujari e Rane 2015. *Acta Hort.*, 1089, 97-104.



## Il progetto Bionet e la caratterizzazione chimica delle vecchie varietà di melo

Zannoni J.<sup>1\*</sup>, Ronchi C.<sup>1</sup>, Cerantola L.<sup>1</sup>, Ducange M.<sup>2</sup>, Fellin A.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>ISIS "Alberto Parolini" Via San Bortolo 19, Bassano del Grappa (VI)

<sup>2</sup>I.I.S. "Stefani Bentegodi", Isola della Scala-Az.agr.Bovolino, Viale dell'Agricoltura 1, Buttapietra (VR)

<sup>3</sup>Agenzia veneta per l'innovazione nel settore primario, Viale dell'Università 14, Legnaro (PD)

\*Autore corrispondente: [j.zannoni@istitutoagrarioparolini.info](mailto:j.zannoni@istitutoagrarioparolini.info)

Parole chiave: Bionet, melo, caratterizzazione, chimica

Il progetto Bionet "Rete regionale per la biodiversità di interesse agrario e alimentare del Veneto" è finanziato dal PSR 2014-2020 e ha come obiettivo la conservazione delle risorse autoctone venete e la loro iscrizione all'anagrafe dopo raccolta di adeguata documentazione storica, caratterizzazione e descrizione come richiesto dalla legge 194 del 2015 "Disposizioni per la tutela e la valorizzazione della biodiversità di interesse agricolo e alimentare". Fanno parte del progetto 11 partner tra cui 7 Istituti agrari, ognuno dei quali impegnato nella conservazione di risorse vegetali e animali e nella loro caratterizzazione. Nel corso degli anni 2019 e 2020, presso i campi catalogo dell'Istituto "Alberto Parolini" di Bassano del Grappa (VI), sono stati raccolti, dopo controllo della maturazione, campioni di 56 varietà di melo, di cui 33 incluse nell'elenco Bionet e 23 in corso di valutazione di autoctonicità. I campioni sono stati sottoposti ad analisi per i seguenti parametri chimico-fisici con relativi metodi e campionamento: calibro (calibro da campo) e durezza polpa (penetrometro); i risultati sono una media dei valori misurati su 4/5 campioni per pianta (3 piante per accessione per un totale di 12/15 mele); sostanza secca (stufa a 105 °C) e ceneri (muffola a 550 °C); i campioni sono stati ottenuti da 6 mele raccolte da 3 piante; acidità (metodo titrimetrico), zuccheri (Fehling) e polifenoli (metodo spettrofotometrico al Folin-Ciocalteu), determinati su estratto ottenuto da 6 mele raccolte da 3 piante. Il calibro dei campioni ha un valore medio di 79 mm, con un andamento regolare tra i 57 e 97 mm oltre i quali la varietà Sant'Anna 2 rappresenta il valore massimo di 150

mm. Questa varietà presenta anche la minore durezza (4 kg cm<sup>-2</sup>), parametro con valore medio di 9 kg cm<sup>-2</sup> e massimo di 14 ('Belladonna'). Il contenuto di zuccheri medio è risultato di 9,88 g 100mL<sup>-1</sup> con valori minimi di 5,09 g 100 mL<sup>-1</sup> ('Rossat') e massimi tra 16 e 13 g 100 mL<sup>-1</sup> per 'Pom Ronnio Rosini', 'Pom Rigato Rosso', 'Brut e Bon', 'Pom dea Fragola', 'Rosa'. Il valore di pH medio è di 3,36; 'Canada Ruden', 'Pom dell'Acqua', 'Canada Bianco', 'Canada Ruzzene' hanno i valori di pH più bassi, risp. 2,98, 3,01, 3,03, 3,06, mentre le varietà meno acide sono risultate 'Bianco Selvatico' (4,51) 'Rosato Monfenera' (4,21), 'Madonna' (3,92), 'Pom dell'Oio' (3,80). L'acidità presenta una alta variabilità con valore medio di 6,48 g L<sup>-1</sup> ac.malico, minimo di 1,11 ('Bianco Selvatico') e massimo di 13,40 ('Pom dell'Acqua'). Il valore medio di sostanza secca è risultato pari a 16,40 g 100 g<sup>-1</sup> con valore minimo di 12,58 per la varietà San'Anna 2 e massimo di 21,00 per 'Rosso Montagna'. Il contenuto di ceneri medio è di 0,30 g/100 g con un range da 0,16 ('Morgenduff', 'Verde Rosato') a 0,84 ('Canada Ruzzene'). Il contenuto di polifenoli totali è risultato tra i parametri più variabili presentando un range di valori da 38 a 479 mg 100 mL<sup>-1</sup>, con una media di 248 mg 100 mL<sup>-1</sup>. Alcune tra le vecchie varietà autoctone più note hanno un contenuto di polifenoli più alto della media che le rende interessanti visto il riconosciuto valore nutrizionale di questi composti per la loro attività antiossidante: 'Dal Ferro Rosso' (479), 'Rosetta Bellunese' (468), 'Sonajo' (455), 'Canada Ruden' (410), 'Canada Ruzzene' (374).

## Uso di FTIR-PAS come tecnica non distruttiva per il riconoscimento di cultivar di *Olea europaea* L.

Di Lonardo S.<sup>1\*</sup>, Ridolfi M.<sup>2</sup>, Giordano C.<sup>3</sup>, Benelli C.<sup>3</sup>, D'Aqui L.<sup>1</sup>, Bonetti A.<sup>1</sup>, Ganino T.<sup>2</sup>, Beghè D.<sup>4</sup>, Petrucci R.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi Terrestri Consiglio Nazionale delle Ricerche Via Madonna del Piano, 10 50019 Sesto Fiorentino (FI)

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze degli Alimenti e del Farmaco, Università di Parma, Parco Area delle Scienze 27/A, 43124 Parma

<sup>3</sup>Istituto per la BioEconomia Consiglio Nazionale delle Ricerche Via Madonna del Piano, 10 50019 Sesto Fiorentino (FI)

<sup>4</sup>Dipartimento di Scienze Economiche ed Aziendali, Università di Parma, via Kennedy 6, Parma

\*Autore corrispondente: sara.dilonardo@cnr.it

Parole chiave: olivo, *Olea europaea*, foglie, FTIR-PAS, classificazione, cultivar, geotipo

L'olivo è la specie arborea che caratterizza il paesaggio mediterraneo, in cui svolge un sostanziale ruolo nell'economia agricola e nei consumi alimentari di molti suoi paesi. L'olivicoltura di queste regioni è caratterizzata dall'uso di un ampio germoplasma costituito da accessioni o popolazioni locali con evidenti differenze morfologiche che ne caratterizzano usi e, nel caso dell'olio, proprietà e sensoriali ed organolettiche diverse. Questa elevata diversità varietale olivicola richiede appropriati sistemi per una corretta distinzione delle cultivar. Fino a qualche anno fa, l'identificazione varietale veniva basata soprattutto sui caratteri morfologici e agronomici, che però era resa difficoltosa dai cambiamenti morfologici dovuti all'età degli alberi, allo stadio fenologico delle piante o anche alle specificità delle condizioni ambientali locali (Hannachi et al. 2008). Attualmente, l'impiego di marcatori molecolari, in particolare della tecnica basata sui microsatelliti (*Simple Sequence Repeats*, SSRs) è diventato l'approccio standard per discriminare le varietà d'olivo (Bracci et al. 2009; Doveri et al. 2008). Queste tecniche sono affidabili, tuttavia richiedono molto tempo, vari strumenti di laboratorio e reagenti, e sono quindi costose e non sempre applicabili come sistemi di *routine*. Recentemente, la spettroscopia infrarossa in trasformata di Fourier (FTIR) in riflettanza totale attenuata (ATR) è stata valutata come tecnica analitica alternativa nella discriminazione di alcune specie, come caffè (Mees et al. 2018) e ginseng (Kwon et al. 2014). Questa tecnica si è rivelata veloce, non distruttiva e con vantaggi in termini di costo di analisi. Tra le varie tecniche spettroscopiche nel medio infrarosso (MIR),

i recenti progressi nella sensibilità del microfono hanno notevolmente aumentato le prestazioni della spettroscopia infrarossa in trasformata di Fourier in fotoacustico (FTIR-PAS) e questa tecnica sembra essere sempre più promettente in quanto richiede un esiguo pretrattamento e più sensibile della FTIR-ATR. Gli obiettivi del presente studio sono stati quindi: 1) valutare le potenzialità della spettroscopia FTIR-PAS come metodo non distruttivo per la classificazione di diverse cultivar di olivo tramite l'analisi delle foglie; 2) comparare i risultati ottenuti dalle analisi chemiometriche effettuate su spettri FTIR-PAS con quelli ottenuti dall'analisi molecolare (analisi SSR) e dalle analisi morfometriche ed anatomiche delle foglie. Le foglie sono state prelevate da piante adulte di sei varietà (Frantoio, Leccio, Leccio del Corno, Maurino, Carolea, Coratina) nel mese di luglio 2020 presso un vivaio di Pescia (Pistoia, Italia). I sei genotipi sono stati classificati e identificati con successo attraverso *partial least square discriminant analysis* (PLS-DA) ottenendo un tasso di errore nella classificazione degli spettri soddisfacente (0,15). I risultati dimostrano i vantaggi dell'utilizzo di FTIR-PAS come rapido e non distruttivo strumento che potrebbe consentire di ottenere un'accurata identificazione dei genotipi di olivo.

### Bibliografia

- Bracci et al. 2009. *Sci. Hortic.*, 122, 209–215.  
Doveri et al. 2008. *Sci. Hortic.*, 116, 367–373.  
Hannachi et al. 2008. *Sci. Hortic.*, 116, 280–290.  
Kwon et al. 2014. *J. Ginseng Res.*, 38 (2014) 52-58.  
Mees et al. 2018. *Talanta*, 177, 4-11.

## Fruttiferi minori di Puglia

Venerito P.<sup>1\*</sup>, Montilon V.<sup>2</sup>, Bottalico G.<sup>2</sup>, Palmisano F.<sup>1</sup>, Silletti M.R.<sup>1</sup>, Saponari A.<sup>1</sup>, Palmisano D.<sup>1</sup>, Akkak A.<sup>3</sup>, Savino V.N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro di Ricerca, Sperimentazione e Formazione in Agricoltura “Basile Caramia”, Via Cisternino 281-70010- Locorotondo, Bari

<sup>2</sup>Università di Bari A. Moro, Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti (Di.S.S.P.A.), Via G. Amendola 165/a -70126-Bari

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia, via Napoli, 25 – 71121, Foggia

\*Autore corrispondente: [pasqualevenerito@crsfa.it](mailto:pasqualevenerito@crsfa.it)

Parole chiave: fruttiferi minori, selezione, caratterizzazione, conservazione *ex situ*

La ricerca sui frutti minori porta alla riscoperta di specie talvolta dimenticate ma che un tempo erano importanti per l'economia locale in determinati territori. Il carrubo, ad esempio era una specie importantissima diffusa sul Gargano, sulle coste adriatiche e nel Salento e rappresentava una importante fonte di reddito per gli agricoltori di una volta, con ben 11 varietà descritte in una pubblicazione degli anni '50 del secolo scorso del prof. G. Donno. Così anche il gelso, un tempo diffusissimo nel Salento e altre zone della Puglia dove era utilizzato soprattutto per la bachicoltura, era coltivato sin dalla seconda metà dell'700 fino agli anni '50 del secolo scorso. Per il cotogno la coltivazione specializzata era in passato, fino agli anni Settanta, soprattutto legata alle province di Lecce e Taranto. Le zone di maggiore diffusione erano le zone tra i territori di Gallipoli-Galatone-Casarano nella fascia jonica salentina e Guagnano-Campi Salentina-Novoli nella zona della Cintura leccese. Anche il giuggiolo è stato molto coltivato in Puglia, soprattutto nel Salento, come testimoniano alcuni esemplari secolari ritrovati. Gerolamo Marciano, nel '600 parla delle giuggiole di Leverano come “frutti eccellentissimi e tanto abbondanti in quel luogo che non solamente se ne mandano per il Regno, Italia e levante, ma per tutta Europa”. Importanti erano anche soprattutto in alcune zone il castagno, il noce e il fico d'India. Ci sono inoltre altre specie che avevano ed hanno ancor oggi una certa diffusione come il melograno o il nocciolo, che in realtà potrebbero essere delle colture alternative su cui si potrebbe puntare per un rilancio. Infine alcune specie come il nespolo, il sorbo, l'azzeruolo, hanno il fascino e i profumi legati all'autunno, mentre altre specie selvatiche in alcuni territori, come il sambuco e il corniolo sui monti dauni e il corbezzolo in molti boschi pugliesi rappresentano un tesoro di biodiversità naturalistica che si

accompagna a quella agraria. L'avvio di un programma organico e capillare del recupero del vasto patrimonio di varietà di fruttiferi minori della Regione Puglia è stato possibile con il Progetto “Recupero del Germoplasma Frutticolo Pugliese” (Re.Ge.Fru.P.) finanziato dalla Regione Puglia con il Programma di Sviluppo Rurale Fears 2007-2013 Reg. (CE) 1968/2005 Misura 214 azione 4 Sub azione a) e successivo trascinarsi. Il CRSFA Basile Caramia di Locorotondo (Ba) ha svolto le funzioni di soggetto capofila del progetto, che ha riguardato tutte le specie di fruttiferi presenti in Puglia, e ha visto la partecipazione di altre istituzioni scientifiche. Per i fruttiferi minori sono stati coinvolti ricercatori e tecnici delle Sezioni di Coltivazioni arboree, di Miglioramento genetico e di Patologia vegetale del Dipartimento di Scienze del Suolo e delle Piante dell'Università Bari Aldo Moro, del Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE) dell'Università di Foggia e del CRSFA. Sono stati recuperati in totale 92 genotipi di fruttiferi minori (azzeruolo 5, carrubo 3, castagno 5, corniolo 2, corbezzolo 3, cotogno 6, fico d'India 3, gelso 6, giuggiolo 3, kaki 2, melograno 21, nespolo europeo 7, nespolo del Giappone 1, noce 7, nocciolo 4, pistacchio 1, sambuco 2 e sorbo 3). Per ogni accessione sono stati eseguiti i diversi rilievi carpometrici e fotografici per la realizzazione delle schede pomologiche. È stato inoltre raccolto il materiale di propagazione per l'inserimento presso i campi collezione. La descrizione ed il confronto tra le differenti accessioni individuate ha consentito di verificare l'identità varietale. La caratterizzazione genetica ha permesso inoltre l'individuazione di casi di sinonimia e omonimia, nonché la costruzione di una banca dati con i profili di tutte le accessioni saggiate e l'ottenimento di diversi alberi filogenetici.

## Recupero, conservazione, caratterizzazione varietale e valutazione sanitaria del germoplasma di pomacee in Puglia

Montilon V.<sup>1\*</sup>, Bottalico G.<sup>1</sup>, Montemurro C.<sup>1</sup>, Venerito P.<sup>2</sup>, Silletti M-R.<sup>2</sup>, Saponari A.<sup>2</sup>, Palmisano F.<sup>2</sup>, Savino V.N.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Università di Bari A. Moro, Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti (Di.S.S.P.A.), Via G. Amendola 165/a -70126-Bari

<sup>2</sup>Centro di Ricerca, Sperimentazione e Formazione in Agricoltura "Basile Caramia", Via Cisternino 281-70010- Locorotondo, Bari

\*Autore corrispondente: [vito.montilon@uniba.it](mailto:vito.montilon@uniba.it)

Parole chiave: pero, melo, selezione, caratterizzazione, risanamento

L'avvio di un programma organico e capillare del recupero del vasto patrimonio di varietà di pomacee e nello specifico pero e melo della Regione Puglia è stato possibile con il Progetto "Recupero del Germoplasma Frutticolo Pugliese" (Re.Ge.Fru.P.) finanziato dalla Regione Puglia con il Programma di Sviluppo Rurale Fears 2007-2013 Reg. (CE) 1968/2005 Misura 214 azione 4 Sub azione a) e successivo trascinarsi. In particolare, la domesticazione delle forme selvatiche del pero, tradizionalmente innestato sul perastro, ha portato alla formazione di numerosissime varietà oggi presenti in Puglia, conosciute con i nomi più disperati e che coprono un calendario di maturazione ampissimo che va dagli inizi di giugno fino all'inverno. Durante il lavoro di ricerca del germoplasma sono state selezionate accessioni molto spesso conosciute con diversi nomi nelle diverse zone. Diversa anche la variabilità intravarietale soprattutto in alcune varietà molto diffuse e antiche tra cui il pero rosso, la recchia falsa, il terlizzese, e il pero cannella. I peri li ritroviamo molto spesso ai margini delle strade o all'interno dei seminativi arborati nelle masserie, o nei terreni consociati. Numerosi anche i casi di sinonimia e omonimia presenti nella Regione. La presenza del melo in Puglia invece, è concentrata soprattutto in alcune zone particolarmente vocate come la zona dei Monti Dauni, tuttavia ci sono delle varietà che sono presenti in tutta la Regione come la mela di San Giovanni detta anche maggiatica, Sant'Antonio o grasta, che presenta la particolarità di maturare agli inizi dell'estate. Il patrimonio varietale si presenta molto vario e ricco, ma legato soprattutto alla presenza della varietà Limoncella, che presenta

elevata variabilità clonale con diverse forme dei frutti, su cui stanno puntando alcune piccole realtà locali con percorsi di valorizzazione. Il lavoro di recupero del germoplasma di pero e melo ha riguardato l'individuazione degli ecotipi sul territorio, indagine avviata preliminarmente attraverso informazioni già disponibili, quali documentazioni storiche e fonti bibliografiche nonché con la ricerca di nuove informazioni presso agricoltori ed appassionati, collezioni varietali di enti, privati, organizzazioni di categoria, mercati generali, guardie campestri, ecc. Sulla base delle indicazioni reperite sono stati effettuati i sopralluoghi in campo per la verifica dell'identità varietale delle accessioni, il loro georeferenzamento e la raccolta della documentazione fotografica. La descrizione ed il confronto tra le differenti accessioni individuate ha consentito di verificare l'identità varietale, individuare casi di sinonimia/omonimia. Complessivamente sono state recuperate e analizzate e conservate 235 diverse accessioni di pero e 32 di melo. Le accessioni recuperate sono state caratterizzate morfologicamente e geneticamente. Di tutte ne è stata effettuata la valutazione dello stato sanitario, considerando sia gli agenti infettivi da quarantena sia quelli contemplati dalla normativa obbligatoria dal DM 14/4/1997 (Conformitas Agraria Comunitatis - CAC). Le accessioni di pregio e risultate infette sono state risanate mediante termoterapia o coltura in vitro di apici meristemati, da sole o in combinazione tra loro. Le accessioni recuperate e caratterizzate sono infine state conservate presso i diversi siti di conservazione *ex situ*.

## Recupero, conservazione, caratterizzazione varietale e valutazione sanitaria del germoplasma di fico in Puglia

Roseti V.<sup>1\*</sup>, Botalico G.<sup>1</sup>, Montilon V.<sup>1</sup>, Venerito P.<sup>2</sup>, Silletti M.R.<sup>2</sup>, Saponari A.<sup>2</sup>, Palmisano F.<sup>2</sup>, Savino V.N.<sup>2</sup>, Akkak A.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Università di Bari A. Moro, Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti (Di.S.S.P.A.), Via G. Amendola 165/a - 70126-Bari

<sup>2</sup>Centro di Ricerca, Sperimentazione e Formazione in Agricoltura “Basile Caramia”, Via Cisternino 281-70010- Locorotondo, Bari

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia, via Napoli, 25 – 71121, Foggia

\*Autore corrispondente: vr.plants@gmail.com

Parole chiave: fico, selezione, caratterizzazione, risanamento

Il fico presenta un numero incredibile di varietà in Puglia, come testimoniano anche le diverse fonti bibliografiche edite. Tra le specie arboree che hanno retto l'economia agricola regionale nella prima metà del secolo scorso si può dire che esso è stato, per importanza, al terzo posto dopo olivo e vite, una coltura di rapida entrata in produzione e di facile ed autonoma trasformazione dei frutti. Essendo specie rustica e dalla forte adattabilità, il fico costituiva una importantissima fonte alimentare per le famiglie numerosissime degli anni della «fame». Oggi un ritrovato interesse ha spinto alcuni imprenditori agricoli ad investimenti alternativi per la produzione di fico fresco e per la trasformazione in essiccato e composte, ad esempio per la produzione del fico mandorlato, prodotto antichissimo dalle importanti proprietà nutrizionali. Anche il settore agrituristico ha dato, negli ultimi anni, un contributo sostanziale sia alla conservazione sia alla promozione di questo patrimonio, con l'impianto di piccoli ficheti per il consumo interno alla propria ristorazione. La variabilità del fico è amplissima, con le attività del progetto Re.Ge.Fru.P., sono state recuperate oltre 300 accessioni diverse per la produzione di fioroni forniti, dal diverso colore della buccia, forma del frutto, epoca di maturazione, adattabilità

all'essicazione. Il calendario di maturazione delle diverse varietà è in grado di assicurare frutta fresca per periodi che vanno da inizi di giugno fino a dicembre, grazie al sapiente lavoro degli agricoltori che le hanno selezionate. Per ogni accessione recuperata sono stati eseguiti i diversi rilievi carpometrici e fotografici ai fini della redazione delle schede pomologiche. Le accessioni recuperate e caratterizzate sono infine state conservate presso i diversi siti di conservazione *ex situ*. Per individuare eventuali casi di sinonimia/omonimia, sono state effettuate le analisi di caratterizzazione molecolare, eseguite dall'Università di Foggia. Questo lavoro ha contribuito al riordino e alla classificazione del germoplasma esistente e costituisce le premesse indispensabili per lo studio, la tutela e la valorizzazione della biodiversità del fico. Di tutte ne è stata effettuata la valutazione dello stato sanitario, considerando sia gli agenti infettivi da quarantena sia quelli contemplati dalla normativa obbligatoria dal DM 14/4/1997 (Conformitas Agraria Comunitatis - CAC). Le accessioni di pregio e risultate infette sono state risanate mediante termoterapia o coltura in vitro di apici meristemati, da sole o in combinazione tra loro.

## Recupero, conservazione, caratterizzazione varietale e valutazione sanitaria del germoplasma di mandorlo in Puglia

Bottalico G.<sup>1\*</sup>, Montemurro C.<sup>1</sup>, Montilon V.<sup>1</sup>, Venerito P.<sup>2</sup>, Silletti M.R.<sup>2</sup>, Saponari A.<sup>2</sup>, Palmisano F.<sup>2</sup>, Savino V.N.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Università di Bari A. Moro, Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti (Di.S.S.P.A.), Via G. Amendola 165/a -70126-Bari

<sup>2</sup>Centro di Ricerca, Sperimentazione e Formazione in Agricoltura “Basile Caramia”, Via Cisternino 281-70010- Locorotondo, Bari

\*Autore corrispondente: [giovanna.bottalico@uniba.it](mailto:giovanna.bottalico@uniba.it)

Parole chiave: mandorlo, selezione, caratterizzazione, risanamento, conservazione

Il recupero, la caratterizzazione e il miglioramento sanitario del mandorlo in Puglia risale alla fine degli anni sessanta del secolo scorso con il risanamento delle prime varietà, ponendo le basi per l'avvio nelle principali aree di coltivazione del mandorlo, di un programma di selezione sanitaria e risanamento delle principali varietà locali, permettendo in tal modo l'avvio della certificazione delle produzioni vivaistiche nei primi anni novanta. L'avvio di un programma organico e capillare del recupero del vasto patrimonio di varietà di mandorlo della Regione Puglia è stato possibile con il Progetto “Recupero del Germoplasma Frutticolo Pugliese” (Re.Ge.Fru.P.) finanziato dalla Regione Puglia con il Programma di Sviluppo Rurale Fears 2007-2013 Reg. (CE) 1968/2005 Misura 214 AZIONE 4 Sub azione a) e successivo trascinarsi. Il CRSFA Basile Caramia di Locorotondo (Ba) ha svolto le funzioni di soggetto capofila del progetto, che ha riguardato tutte le specie di fruttiferi presenti in Puglia, e ha visto la partecipazione di altre istituzioni scientifiche. Per il mandorlo sono stati coinvolti ricercatori e tecnici delle Sezioni di Arboricoltura, di Miglioramento genetico e di Patologia vegetale del Dipartimento di Scienze del Suolo e delle Piante dell'Università Bari Aldo Moro, del CREA-AA Agricoltura e Ambiente sede di Bari e del CRSFA. In particolare, il CRSFA si è occupato delle attività di recupero e caratterizzazione varietale per le province di Brindisi, Lecce e Taranto e della valutazione dello stato sanitario, del risanamento e della conservazione del germoplasma anche delle altre province. Il lavoro di recupero del germoplasma ha riguardato l'individuazione degli ecotipi sul territorio, indagine avviata preliminarmente attraverso informazioni già disponibili, quali documentazioni storiche e fonti bibliografiche nonché con la ricerca di nuove informazioni presso agricoltori ed appassionati, collezioni varietali di enti, privati, organizzazioni di categoria, mercati generali, guardie campestri. Sulla base delle indicazioni reperite sono

stati effettuati i sopralluoghi in campo per la verifica dell'identità varietale delle accessioni, il loro georeferenzamento e la raccolta della documentazione fotografica. La descrizione ed il confronto tra le differenti accessioni individuate ha consentito di verificare l'identità varietale, individuare casi di sinonimia/omonimia. Complessivamente per il mandorlo sono state recuperate e analizzate oltre 300 accessioni appartenenti a 203 varietà o presunte tali. Le accessioni recuperate sono state caratterizzate morfologicamente e geneticamente. Di tutte ne è stata effettuata la valutazione dello stato sanitario, considerando sia gli agenti infettivi da quarantena sia quelli contemplati dalla normativa obbligatoria dal DM 14/4/1997 (Conformitas Agraria Comunitatis - CAC). Le accessioni di pregio e risultate infette sono state risanate mediante termoterapia o coltura in vitro di apici meristemati, da sole o in combinazione tra loro. Le accessioni recuperate e caratterizzate sono infine state conservate presso i diversi siti di conservazione *ex situ*. Il patrimonio mandorlicolo pugliese recuperato si presenta alquanto variegato e complesso. Esso ha rappresentato fonte di reddito soprattutto dagli anni '40-50 fino a tutti gli anni '80, quando è cominciata la crisi del mandorlo, oggi tuttavia è una coltura in piena crescita. La presenza del mandorlo è anche legata alle forti tradizioni dolciarie che vogliono legate tale frutto all'utilizzo in pasticcerie locali dove si produce ad esempio il “biscotto ceglie”, la “pasta reale e pasta secca di mandorla”, la “mandorla riccia”, l’“ostia ripiena”, l’“agnello di mandorle”, il “fico mandorlato”. Diverse varietà sono state ritrovate con nomi dialettali legati soprattutto ai soprannomi e cognomi degli agricoltori che un tempo le avevano diffuse sul territorio, come *Spappacarnale*, *Mingunna*, *Riviezzo*, *Sciacallo*, *Gianfreda*, *Caputo*, *Antonio Pizzolla*, *Antonio De Vito*, alcune dei quali presenti anche in fonti bibliografiche antiche.

## Recupero, conservazione, caratterizzazione varietale e valutazione sanitaria del germoplasma agrumicolo in Puglia

Palmisano F.<sup>1\*</sup>, Montemurro C.<sup>2</sup>, Venerito P.<sup>1</sup>, Altamura G.<sup>1</sup>, Silletti M.R.<sup>1</sup>, Saponari A.<sup>1</sup>, Montilon V.<sup>2</sup>, Bottalico G.<sup>2</sup>, Savino V.N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro di Ricerca, Sperimentazione e Formazione in Agricoltura “Basile Caramia”, Via Cisternino 281-70010- Locorotondo, Bari

<sup>2</sup>Università di Bari A. Moro, Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti (Di.S.S.P.A.), Via G. Amendola 165/a -70126-Bari

\*Autore corrispondente: francescopalmisano@crsfa.it

Parole chiave: agrumi, selezione, caratterizzazione, risanamento, conservazione

L'avvio di un programma organico e capillare del recupero del vasto patrimonio di varietà di agrumi della Regione Puglia è stato possibile con il Progetto “Recupero del Germoplasma Frutticolo Pugliese” (Re.Ge.Fru.P.) finanziato dalla Regione Puglia con il Programma di Sviluppo Rurale Fears 2007-2013 Reg. (CE) 1968/2005 Misura 214 azione 4 Sub azione a) e successivo trascinarsi. Il CRSFA Basile Caramia di Locorotondo (Ba) ha svolto le funzioni di soggetto capofila del progetto, che ha riguardato tutte le specie di fruttiferi presenti in Puglia, e ha visto la partecipazione di altre istituzioni scientifiche. Il patrimonio agrumicolo antico pugliese si presenta concentrato essenzialmente in alcune zone del territorio, ad esempio sulla fascia costiera del promontorio del Gargano in provincia di Foggia, tra i comuni di Rodi Garganico, Ischitella e Vico del Gargano, ove è presente una tradizione agrumicola antichissima, come documentato dalle fonti storiche che testimoniano il commercio di questi frutti già nell'Ottocento. Qui erano coltivate soprattutto il limone femmineo del Gargano, l'arancio biondo, durezza e durezza pigmentata. Sull'Arco Jonico la zona di Gallipoli-Alezio è stata un'altra oasi agrumaria con alcune specifiche varietà tipiche come l'arancio nostrale di Alezio e il piattello, o la limetta “verracetta di Gallipoli”. Le altre zone sono legate soprattutto alla presenza di residui di giardini-agrumeti nei comuni del litorale adriatico come ad esempio Molfetta, Bari, Mola, Polignano, Monopoli in provincia di Bari, Fasano e Ostuni in provincia di Brindisi, ma anche nella città di Lecce e altri paesi del Salento. In questi agrumeti spesso sono conservati anche i vecchi sistemi di irrigazione a scorrimento in canaline scavate nel tufo con vasche di accumulo e le murature di protezione. Le accessioni recuperate sono state caratterizzate morfologicamente e

geneticamente. La caratterizzazione pomologica è consistita nell'esecuzione di un programma di rilievi pomologici, e produttivi di campo, nonché la determinazione dei parametri qualitativi dei frutti, al fine di acquisire tutte le informazioni bio-morfologiche necessarie alla compilazione delle schede descrittive per ciascuna delle varietà autoctone recuperate sul territorio regionale. Di tutte le accessioni recuperate è stata effettuata la valutazione dello stato sanitario, considerando sia gli agenti infettivi da quarantena sia quelli contemplati dalla normativa obbligatoria dal DM 14/4/1997 (Conformitas Agraria Comunitatis - CAC). Per alcune accessioni delle specie in certificazione, nell'ambito del Servizio di Certificazione Volontaria Nazionale, di elevato pregio e per le quali c'è un interesse commerciale, l'accertamento dello stato sanitario è stato effettuato secondo i protocolli dei DDMM 20/11/2006. Per le specie non contemplate dal DM 14/4/1997 è stato comunque valutato lo stato sanitario considerando gli organismi infettivi che determinano danni economicamente rilevanti. Gli accertamenti sanitari sono stati eseguiti con le tecniche diagnostiche (immunoenzimatiche, molecolari e biologiche) previste per i singoli virus, viroidi e agenti virus-simili previsti dai protocolli ufficiali. Le accessioni di pregio e risultate infette sono state risanate mediante termoterapia o coltura in vitro di apici meristemati da sole o in combinazione tra loro. Le accessioni recuperate e caratterizzate sono infine state conservate presso i diversi siti di conservazione. Complessivamente sono state recuperate, caratterizzate e conservate 68 diverse accessioni di agrumi di cui 27 di arancio, 14 di limone, 4 di mandarino, 7 di clementino, 4 di limetta, 2 di bergamotto, 2 di cedro, 2 di pompelmo, 6 di arancio amaro.

## Recupero, conservazione, caratterizzazione varietale e valutazione sanitaria del germoplasma di drupacee in Puglia

Palmisano F.<sup>1\*</sup>, Venerito P.<sup>1</sup>, Silletti M.R.<sup>1</sup>, Saponari A.<sup>1</sup>, Montemurro C.<sup>2</sup>, Montilon V.<sup>2</sup>, Bottalico G.<sup>2</sup>, Savino V.N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro di Ricerca, Sperimentazione e Formazione in Agricoltura “Basile Caramia”, Via Cisternino 281-70010- Locorotondo, Bari

<sup>2</sup>Università di Bari A. Moro, Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti (Di.S.S.P.A.), Via G. Amendola 165/a -70126-Bari

\*Autore corrispondente: francescopalmisano@crsfa.it

Parole chiave: drupacee, selezione, caratterizzazione, risanamento, conservazione

L'attività di recupero del germoplasma delle specie albicocco, ciliegio, pesco e susino, il cui impulso è stato dato dal Progetto “Recupero del Germoplasma Frutticolo Pugliese” (Re.Ge.Fru.P.) finanziato dalla Regione Puglia con il Programma di Sviluppo Rurale Fears 2007-2013 Reg. (CE) 1968/2005 Misura 214 azione 4 Sub azione a) e successivo trascinarsi, ha interessato tutto il territorio regionale con la riscoperta di una serie di accessioni a rischio di erosione genetica. Per la specie ciliegio sono stati recuperati un totale di 67 accessioni diverse, alcune delle quali considerate scomparse tra cui la ciliegia pisciacchiara di Laterza, le diverse maiatiche del Sub Appennino Dauno, i cirasoni, mascialore e le “cirase a cupeta” del brindisino. Per quanto riguarda l'albicocco 36 i genotipi individuati, particolarmente intensa è stata tuttavia l'attività nel Nord Barese (Bisceglie, Barletta, Andria, Trinitapoli) antica zona di esportazione di albicocche con il recupero delle vecchie varietà citate in bibliografia come l'ananassa, il cibo del paradiso, la tabacchiera e le diverse a mandorla dolce. Nel Salento invece, è stato recuperato su tutti l'albicocco di Galatone, varietà meritevole di valorizzazione. Per il Pesco si sono recuperate ben 52 genotipi tra cui la poppa di Venere, la Santa Maria Maddalena e il guardiaboschi. Per il Susino si sono recuperate 63 diverse accessioni tra susino europeo, susino cino-

giapponesi, siriaci e diverse selezioni di mirabolani (le prunedde) i cui frutti maturano precocemente. Il lavoro di recupero del germoplasma ha riguardato l'individuazione degli ecotipi sul territorio, avviata preliminarmente attraverso informazioni già disponibili, quali documentazioni storiche e fonti bibliografiche nonché con la ricerca di informazioni presso agricoltori, appassionati, ecc. Sulla base delle indicazioni reperite sono stati effettuati i sopralluoghi in campo per la verifica dell'identità varietale delle accessioni, il loro georeferenzamento e la raccolta della documentazione fotografica. La descrizione ed il confronto tra le differenti accessioni individuate ha consentito di verificare l'identità varietale, individuare casi di sinonimia/omonimia. Le accessioni recuperate sono state caratterizzate morfologicamente e geneticamente. Di tutte ne è stata effettuata la valutazione dello stato sanitario, considerando sia gli agenti infettivi da quarantena sia quelli contemplati dalla normativa obbligatoria dal DM 14/4/1997 (Conformitas Agraria Comunitatis - CAC). Le accessioni di pregio e risultate infette sono state risanate mediante termoterapia o coltura in vitro di apici meristemati, da sole o in combinazione tra loro. I genotipi recuperati e caratterizzati sono infine stati conservati presso i diversi siti di conservazione *ex situ*.



## Applicazione della crioconservazione mediante il metodo della vetrificazione a goccia alla cultivar italiana 'Tonda Gentile Romana' (*Corylus avellana* L.)

Sgueglia A.<sup>1,2</sup>, Gentile A.<sup>1\*</sup>, Frattarelli A.<sup>1</sup>, Luciola S.<sup>1</sup>, Urbinati G.<sup>1</sup>, Germanà M.A.<sup>2</sup>, Caboni E.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria. Centro di ricerca olivicoltura, frutticoltura e agrumicoltura (CREA-OFA), Via di Fioranello, 52, 00134 Roma

<sup>2</sup>Dipartimento Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali (SAAF), Università di Palermo, Viale delle Scienze, Ed. 4, 90128, Palermo

\*Autore corrispondente: [adele.gentile@crea.gov.it](mailto:adele.gentile@crea.gov.it)

Parole chiave: agrobiodiversità, colture in vitro, gemme ascellari, soluzioni vetrificanti

La conservazione delle collezioni *ex situ* di varietà coltivate e dei loro parentali selvatici e specie affini è considerata una componente fondamentale della sicurezza alimentare e ambientale in tutto il mondo. In Italia la conservazione e l'utilizzo sostenibile di varietà autoctone, anche in programmi di miglioramento genetico, hanno acquisito importanza nazionale e strategica. Dal 2004 il MIPAAF finanzia un programma nazionale (RGV-FAO) per la conservazione, caratterizzazione, uso e valorizzazione delle risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura. Nell'ambito di questo programma il CREA-OFA di Roma si occupa del mantenimento, sia *in vivo* che *in vitro*, delle risorse genetiche vegetali (RGV) di specie frutticole, della loro caratterizzazione morfo-fenologica, biochimico-nutrizionale e genetica, della loro valorizzazione e del reperimento di nuove accessioni. L'applicazione della conservazione *in vitro* del germoplasma si è rapidamente diffusa negli ultimi anni in quanto permette di ridurre, rispetto alla conservazione delle collezioni in campo, i costi di mantenimento e i rischi di perdita di accessioni a causa di stress abiotici e biotici legati anche ai notevoli cambiamenti climatici in corso. Numerosi studi condotti sulla conservazione *in vitro* mediante crioconservazione hanno messo in evidenza come questo approccio possa essere applicato con successo anche in alcune specie frutticole. In questo lavoro è stata valutata l'applicabilità della crioconservazione, mediante il metodo della vetrificazione a goccia, per la conservazione del germoplasma di cultivar italiane di nocciolo (*Corylus avellana* L.). A tal fine gemme ascellari della cultivar italiana 'Tonda Gentile

Romana' sono state prelevate da germogli coltivati *in vitro* presso il laboratorio di micropropagazione e conservazione del germoplasma di fruttiferi del CREA-OFA di Roma e, applicando il protocollo di Condello et al. (2011), immerse per 60 o 90 minuti nella soluzione vetrificante 2 (PVS2), contenente 30% glicerolo, 15% glicole etilenico, 15% DMSO e 14% saccarosio (Sakai et al. 1990), o PVS3 contenente 50% glicerolo e 50% saccarosio (Nishizawa et al. 1993). Gli espianti, contenuti all'interno di gocce della soluzione vetrificante, sono stati trasferiti su strisce di alluminio (2 x 3 cm circa) e immersi in azoto liquido per 1 ora. La ricrescita più elevata (56,7%) è stata ottenuta applicando alle gemme, prima dell'immersione in azoto liquido, la PVS3 per 60 minuti, mentre l'applicazione per lo stesso periodo della PVS2 ha ridotto la ricrescita al 41,5%. L'aumento del tempo di applicazione delle PVS a 90 minuti ha ridotto la% di ricrescita al 43,3% con PVS3 e al 35,6% usando PVS2. Questi risultati preliminari mettono in evidenza la potenzialità dell'utilizzo di questa tecnica per la conservazione di cultivar autoctone italiane di nocciolo e confermano anche in questa specie l'importanza della scelta della più idonea soluzione vetrificante e dei tempi di applicazione della stessa, come precedentemente osservato in altre specie frutticole.

### Bibliografia

- Condello et al. 2011. *Cryo-Lett.*, 32, 175-185.  
Nishizawa et al. 1993. *Plant Sci.*, 91, 67-73.  
Sakai et al. 1990. *Plant Cell Rep.*, 9, 30-33.

## Postharvest characterization and metabolic behavior of aronia berry (*Aronia melanocarpa*) during ripening

Fatchurrahman D.\*, Amodio M.L., De Chiara M.L.V., Mastrandrea L., Colelli G.

Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia, Via Napoli 25, 71121, Foggia (FG)

\*Autore corrispondente: [daniel.fatchurrahman@unifg.it](mailto:daniel.fatchurrahman@unifg.it)

Parole chiave: Aronia berry, respiration rate, ethylene production, maturity index, physicochemical

Chokeberry fruits or aronia are commonly used in the food industry for the production of juices, preserves, tinctures, fruit teas, and dietary supplements. Fresh fruits however are rarely consumed because of their bitter and astringent taste, resulting from the presence of a high amount of polyphenols and tannins. The present study aimed to characterize the aronia berry fruit (*Aronia melanocarpa* Elliot) across 4 stages of maturity, from the early immature (green) to the mature stage (black). Dimensions, weight, color, firmness, soluble solid content (SSC), pH, total acidity (TA) vitamin C, total phenol, total antioxidant, and anthocyanin content as well as their degree of astringency, indicated by the level of total condensed tannin content, were measured. Additionally, respiration rate and ethylene production were monitored over time. Fruit showed a climacteric behavior indicated by the climacteric peak on the mature stages (i.e. stages 3 and 4). From stage 1 to 4, dimensions increased from  $7.268 \pm 0.49$  mm to  $9.827 \pm 0.44$  mm of length, from  $8.128 \pm 0.809$  mm to

$10.709 \pm 0.76$  mm of width, from  $0.241 \pm 0.092$  to  $0.588 \pm 0.14$  g of weight, whereas color (Hue) changed from  $57.7 \pm 2^{\circ}$  to  $173.5 \pm 10^{\circ}$ , and firmness from  $4.001 \pm 1.65$  N to  $3.657 \pm 0.606$  N. SSC and TA for stage 1 started from  $16.3 \pm 0.23\%$ , and  $1.37 \pm 0.12$  g  $100$  g $^{-1}$  respectively, reaching up  $19.6 \pm 0.26\%$  and  $1.04 \pm 0.01$  g  $100$  g $^{-1}$  for stage 4. Additionally, as for phytochemical content, aronia fruit confirmed a good content of vitamin C not varying much from stage 1 to 4 (from  $4.154 \pm 1.27$  to  $4.716 \pm 0.26$  mg  $100$  g $^{-1}$  FW) a very high phenolic content decreasing from stage 1 to 4 (from  $383.94 \pm 26$  mg  $100$  g $^{-1}$  to  $280.39 \pm 28.9$  mg  $100$  g $^{-1}$ ) and with condensed tannins increasing from  $13.52 \pm 0.7$  to  $16.6 \pm 0.4$  mg Catechine Equivalent mL $^{-1}$ . Thus, gained information helped to characterize metabolic behavior and compositional changes of aronia fruit, which should be harvest fully ripe either for its late climacteric peak, and also for the highest development of sugar content.

## Effect of modified atmosphere packaging on the sensorial and nutritional quality of goji berry (*Lycium barbarum* L.)

Fatchurrahman D.\*, Amodio M.L., De Chiara M.L.V., Mastrandrea L., Colelli G.

Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia, Via Napoli 25, 71121, Foggia (FG)

\*Autore corrispondente: [daniel.fatchurrahman@unifg.it](mailto:daniel.fatchurrahman@unifg.it)

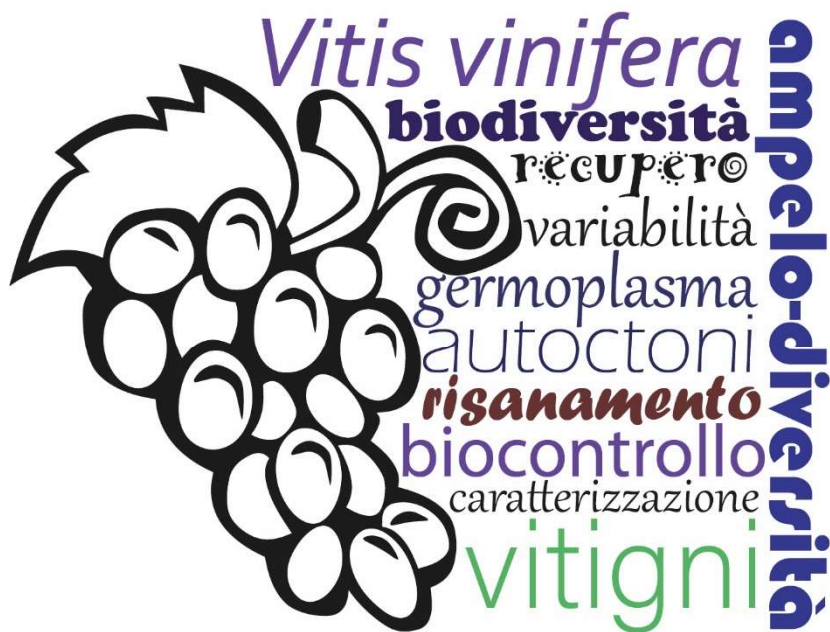
Parole chiave: goji berry, modified atmosphere packaging, quality, sensory, plastic films

Goji berries are known for their excellent antioxidant content. This fruit is usually distributed into the market as dried fruit or consumed as a juice due to its short shelf-life and the lack of information on its postharvest characteristics. This study was aimed to assess the effect of modified atmosphere packaging (MAP) on the shelf-life of goji berry based on sensory evaluation, weight loss, the assessment of common defects on the incident of mold and visual damage, and soluble solid content (SSC), pH and total acidity (TA). A total of three replicate samples, each containing 80 g goji berry were stored under 5 °C and packed under 2 different conditions of MAP and compared against control which is unpacked and left open. The first MAP was set by using a container made from PET-PE and sealed by PP-PE plastic films ( $O_2$  permeability at 97 cc m<sup>-2</sup> 24 h bar) and the

second MAP was done by using the container and plastic films both made from PET-PE ( $O_2$  plastic film permeability at 500 cc m<sup>-2</sup> 24 h bar). The results indicated that goji berry fruits were best stored by using the MAP sealed by PP-PE plastic film allowing the shelf-life of goji berry up to 15 days, limited by the occurrence of some molds and visual damage (2.5% and 19% of fruits sample respectively). Despite the high accumulation of CO<sub>2</sub> (35% with oxygen around 2%) sensory quality was above the marketability limit up to the end of storage (score 3). Packaging conditions with PP-PE led to a higher accumulation of CO<sub>2</sub> and a higher mold infection. Gained information is very important to improve the distribution of fresh goji berries with a high level of quality.



# Bio div ers ità vegetale vite



## Recupero e caratterizzazione della biodiversità viticola del Veneto: il caso dei vitigni “Benedina” e “Mattarella”

Gardiman M.<sup>1\*</sup>, Carraro R.<sup>1</sup>, Niero M.<sup>1</sup>, Soligo S.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>CREA Centro di ricerca Viticoltura ed Enologia – viale XXVIII Aprile, 26 – 31015 Conegliano (TV)

<sup>2</sup>Veneto Agricoltura - CeRVEG – via Zamboni - 31015 Conegliano (TV)

\*Autore corrispondente: massimo.gardiman@crea.gov.it

Parole chiave: germoplasma, vite, vino

L'interesse per i vitigni autoctoni minori e in via di scomparsa è in continuo aumento. Per contrastare questo fenomeno sono da tempo iniziate attività di ricerca con l'intento di preservare questa agrobiodiversità, finalizzate anche allo sviluppo di prodotti originali e fortemente legati al territorio. Nel Veneto da decenni sono in corso attività per la salvaguardia della biodiversità viticola che riguardano sia il recupero di “vecchi” vitigni ancora presenti nel territorio, sia la ricerca della massima variabilità intravarietale delle varietà più diffuse nella Regione. In questo quadro si riportano i risultati sull'approfondimento delle potenzialità viticole ed enologiche dei vitigni “Benedina” e “Mattarella” svolte nell'ambito del progetto della Rete regionale per la biodiversità di interesse agrario e alimentare del Veneto (BIONET), iniziativa finanziata dal Programma di Sviluppo Rurale per il Veneto 2014-2020. Queste due varietà sono storicamente citate tra quelle coltivate in molti comuni della provincia di Rovigo, (Rubini, 1884) e sono state elencate tra “*i vitigni nostri che avevano una onorata storia*” nel Polesine (Petrobelli, 1913). Ai nostri giorni risultano presenti marginalmente in pochi vecchi vigneti ed in alcuni impianti di piccole dimensioni costituiti presso aziende private del Polesine nell'ambito dei programmi di recupero di germoplasma viticolo promossi dalla Regione del Veneto, e recentemente stanno avendo un crescente interesse da parte di viticoltori locali. Il comportamento dei due vitigni è stato seguito per tre annate in due località diverse dal punto di vista pedo-climatico, al fine di verificare la stabilità delle principali caratteristiche distintive anche rispetto all'ambiente. Sono stati rilevati i caratteri contemplati dalla legislazione in vigore per accertare le caratteristiche di distinguibilità, stabilità ed omogeneità necessarie per l'iscrizione dei vitigni al Registro Nazionale delle Varietà di Vite (RNVV): principali caratteri fenotipici (descrittori morfologici e principali epoche fenologiche di germogliamento, fioritura, invaiatura e maturazione), produttivi (fertilità delle gemme, peso del legno di potatura per ceppo, produzione di uva per ceppo, peso medio dell'acino e

del grappolo) e qualitativi del mosto (zuccheri, acidità totale, acidità malica e tartarica, pH, antociani totali ed estraibili). È stato inoltre valutato l'interesse tecnologico attraverso l'esecuzione di microvinificazioni sperimentali, l'analisi chimico-fisica dei principali parametri enologici e l'analisi sensoriale dei vini ottenuti mediante degustazione svolta da panel di assaggiatori. Il vino ottenuto dalle uve di “Benedina” è caratterizzato da un colore rosso intenso dai vivaci riflessi rubino. All'olfatto ricorda la piccola frutta rossa (lampone, ribes) accompagnata da dolci sfumature di confettura di susina, ciliegia ed amarena. Al palato si presenta molto avvolgente, dai morbidi tannini, di media persistenza e con un finale retrotattile che ricorda la frutta sotto spirito e le spezie orientali (chiodi di garofano, cannella). Il vino ottenuto dalle uve di “Mattarella” è un vino bianco caratterizzato da note fruttate molto fresche quali, pesca, mela verde, pera e soprattutto albicocca fresca. Al palato si presenta snello, vivace, con acidità malica ben percepibile e di buona persistenza. Si presta molto bene alla rifermentazione per la produzione di interessanti vini spumanti molto fruttati (con sentori di mela verde, albicocca, frutta tropicale), freschi e giovanili. Questi vitigni, legati alla storia enologica del Veneto, si sono rivelati moderni ed attuali in quanto atti a produrre interessanti vini di qualità, legati al territorio in cui sono storicamente presenti. L'iscrizione al RNVV e la loro successiva classificazione in ambito regionale ne permetterà coltivazione, commercializzazione e diffusione, contribuendo alla diversificazione della piattaforma ampelografica ed alla tipicizzazione delle produzioni enologiche del basso Veneto, e consentirà il recupero di una tradizione.

### Bibliografia

Petrobelli 1913. *Il coltivatore: giornale di agricoltura pratica*, vol. 2, 35, 522-523.

Rubini 1884. Nome dei vitigni che si coltivano nella provincia di Rovigo. In *Bollettino Ampelografico*, fasc. XVII, pag. 13.

## Biodiversità ecofisiologica ed efficienza d'uso dell'acqua di antiche accessioni viticole coltivate in Capitanata

de Palma L.<sup>1\*</sup>, Novello V.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Università di Foggia, Dip. DAFNE, Via Napoli 25, 71122 Foggia

<sup>2</sup>Università degli Studi di Torino, DiSAFA, Largo Braccini 2, Grugliasco (TO)

\*Autore corrispondente: [laura.depalma@unifg.it](mailto:laura.depalma@unifg.it)

Parole chiave: *Vitis vinifera*, assimilazione carbonica netta, traspirazione, stato idrico, efficienza fotosintetica dell'uso dell'acqua

La vite (*Vitis vinifera* L. subsp. *sativa* (DC.) Hegi), oggi tra le specie agrarie economicamente più importanti, ha avuto molteplici centri di domesticazione. La diffusione in tutte le regioni colonizzate dall'uomo, l'antica propagazione sessuale e vegetativa e le mutazioni avvenute sotto pressioni selettive di ambienti ecologicamente molto diversi tra loro hanno prodotto un alto grado di diversificazione genetica (Forni, 2012). Il germoplasma viticolo italiano è particolarmente ricco e quasi 600 nomi varietali sono stati iscritti nel Registro Nazionale delle Varietà di Vite. Numerose sono le sinonimie e le omonimie, indagate con metodi ampelografici e biomolecolari, ma numerosi sono anche le accessioni locali non ancora ufficialmente censite. Nell'attuale contesto agro-ambientale segnato dal riscaldamento globale e dalla necessità d'incrementare la sostenibilità dei sistemi colturali, la conoscenza della risposta ecofisiologica dei genotipi a condizioni climatiche semi-aride assume rinnovato interesse. Nell'ambito del progetto AGER "An Italian Vitis database with multidisciplinary approach, for exploitation and valorization of the regional genotypes" sono stati studiati i caratteri ampelografici, genetici, vegeto-produttivi e tecnologici di numerosi genotipi pugliesi e, per un gruppo di accessioni a bacca bianca di antica coltivazione nell'ambiente caldo-arido dell'Alto Tavoliere Dauno, sono stati indagati anche i comportamenti ecofisiologici in termini di stato idrico, temperatura fogliare, tassi di conduttanza stomatica, traspirazione e fotosintesi netta per unità di superficie fogliare a luce saturante. Sulle accessioni 'Malvasia bastarda', 'Palomba', 'Selvaggio', 'Squaccianosa', 'Tuccanese moscio', 'Uvarilla', nonché su un'antica accessione di 'Bombino bianco', vitigno identitario dell'area colturale, sono stati condotti rilievi pluriennali presso un campo collezione allestito nell'azienda Agricola Cooperativa Fortore (Torremaggiore, FG), supportato da irrigazioni di soccorso. I rilievi sono stati effettuati, nelle ore centrali del giorno, in periodi caldi e secchi dei mesi di luglio e agosto e sono stati corredati da misure di temperatura e umidità dell'aria e umidità del suolo. In tutte le giornate di misura, con VPD dell'aria sino a 3,4 kPa, sono state riscontrate differenze significative nei comportamenti delle accessioni. Come media generale, sono osservati due livelli di

potenziale idrico del fusto corrispondenti, rispettivamente, a un deficit idrico moderato-severo in quattro genotipi (da 1,1 a -1,4 MPa) e severo negli altri (< -1,4 MPa) (van Leeuwen et al. 2009); valori significativamente meno negativi si sono avuti in 'Malvasia bastarda' e 'Bombino bianco'. La conduttanza stomatica di tutti i vitigni ha assunto valori medi inferiori a 0,150 mol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>, indicando la presenza di limitazioni di tipo non stomatico a carico della capacità fotosintetica (Medrano et al. 2007). 'Malvasia bastarda' è risultata in grado di mantenere un tasso medio di conduttanza stomatica significativamente maggiore di quello di tutte le altre accessioni; ad esso è corrisposto un maggior tasso di traspirazione ma anche di assimilazione carbonica netta. Gli altri genotipi a deficit idrico moderato-severo hanno invece mostrato maggiore 'sensibilità stomatica', riducendo di circa 50-60% la conduttanza, del 40% la traspirazione e di circa 40-50% il tasso fotosintetico rispetto a 'Malvasia bastarda'. Tra le accessioni che hanno mediamente riportato deficit idrico severo, 'Palomba' e 'Squaccianosa' hanno invece mostrato minore 'sensibilità stomatica' riducendo, in media, "solo" di circa 45% e 50% il tasso di conduttanza, del 30% e 40% la traspirazione e del 30% la capacità fotosintetica. In conclusione, nell'ambiente caldo-arido dell'Alto Tavoliere Dauno, le accessioni 'Malvasia Bastarda', 'Squaccianosa' e 'Palomba', al crescere della traspirazione, sono risultate in grado di conseguire maggior guadagno fotosintetico rispetto alle altre accessioni a confronto, risultando più efficienti nell'uso fogliare dell'acqua. Lo screening delle dinamiche di risposta dei genotipi all'ambiente può consentire l'individuazione di varietà potenzialmente atte ad aumentare la resilienza degli agro-ecosistemi nei riguardi degli effetti del riscaldamento globale.

### Bibliografia

- Forni 2012. In *Caucasus and Northern Black Sea Region Ampelography*, eds. Maghradze et al. Quedlinburg: JKI-Julius Kühn-Institut, pp. 27-38.
- van Leeuwen et al. 2009. *J. Int. Sci. Vigne Vin*, 43(63), 121-134.
- Medrano et al. 2007. In *Riego en la Vid*, eds Baeza Trujillo et al. Edit. Agricola Española, pp. 13-34.

## Il germoplasma viticolo dell'Enotria nel Mezzogiorno d'Italia

Caputo A.R.<sup>1\*</sup>, Gasparro M.<sup>1</sup>, Bergamini C.<sup>1</sup>, Alba V.<sup>1</sup>, Migliaro D.<sup>2</sup>, Roccotelli S.<sup>1</sup>, Cirigliano P.<sup>3</sup>, Del Lungo S.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria - Centro di ricerca Viticoltura ed Enologia (CREA-VE), via Casamassima 148 - 70010 Turi (BA)

<sup>2</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria - Centro di ricerca Viticoltura ed Enologia (CREA-VE), via XXVIII Aprile, 26 - 31015 Conegliano Veneto (TV)

<sup>3</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria - Centro di ricerca Viticoltura ed Enologia (CREA-VE), viale Santa Margherita, 80 - 52100 Arezzo

<sup>4</sup>Consiglio Nazionale delle Ricerche - Istituto di Scienze del Patrimonio Culturale (CNR-ISPC), C.da S. Loja - 85050 Tito Scalo (PZ)

\*Autore corrispondente: [angeloraffaele.caputo@crea.gov.it](mailto:angeloraffaele.caputo@crea.gov.it)

Parole chiave: ampelo-diversità, accessioni, *Simple Sequence Repeats*, identificazione, profili molecolari

Le varietà di vite da cui si ottengono le uve da tavola e da vino appartengono essenzialmente alla specie *Vitis vinifera* L., caratterizzata da un'elevata variabilità varietale; nel mondo si stimano oltre 10.000 varietà esistenti. In Europa, l'Italia è forse il paese più ricco di ampelo-diversità, con oltre 500 varietà ad uva da vino e da più di un centinaio di varietà da tavola tradizionalmente coltivate. Nell'ambito della agrobiodiversità italiana, il patrimonio viticolo autoctono, per la sua lunga storia dalla prima domesticazione alla moderna coltivazione, rappresenta uno degli elementi a più forte rinomanza per i territori in cui si è insediato. Nelle culture italiche dell'età del Bronzo, con testimonianze di una consapevolezza diffusa della potenzialità della vite ereditata dal Neolitico, la viticoltura prende avvio e si evolve in Italia meridionale. Le altre parti della penisola, costiere e interne, toccate dalle vie commerciali dell'ossidiana, dei metalli e dell'ambra sono presto raggiunte anche dalla coltivazione di alcune varietà incrociate e selezionate nella terra riconosciuta dai Greci come Enotria, la terra della 'vite legata al palo', e poi 'del vino', in relazione diretta con la costa magnogreca dallo Stretto alle vallate del Basento e del Tanagro. Molta della diversità viticola tuttora circolante, con nomi acquisiti spesso in età medievale, risale a quel periodo e ha diversi punti di origine, distribuiti fra le regioni che in antico hanno composto questa realtà etnico-culturale. Un'ampia parte rimane ancora da conoscere, prima che sia troppo tardi. La viticoltura italiana, nella seconda metà del secolo scorso è stata interessata da una drastica erosione, dovuta, in primo luogo, alla selezione come causa naturale; in particolare, dalla introduzione della metodica 'clonale', che - pur offrendo piante virus esenti - ha di fatto impedito di preservare la grande variabilità genetica del nostro Paese. A partire dall'anno 2004, nello stesso anno in cui l'Italia ratificava l'adesione al Trattato Internazionale della FAO sulle Risorse fitogenetiche per l'alimentazione e l'agricoltura (ITPGRFA), il CREA-VE ha intrapreso diversi programmi di ricerca per salvaguardare la biodiversità viticola nel Mezzogiorno d'Italia. In questo lavoro si riportano i risultati dell'identificazione

molecolare effettuata mediante l'estrazione del DNA e l'amplificazione mediante PCR di marcatori molecolari SSR (VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, VrZAG62, VrZAG79, VVMD25, VVMD28 e VVMD32), selezionati per la possibilità di essere confrontati con i profili genetici presenti nel Registro nazionale del MiPAAF, nell'altro catalogo nazionale *Italian Vitis Database*, in quello europeo *Vitis International Variety Catalogue*, oltre naturalmente al database del CREA-VE, quest'ultimo costituito da circa 3.500 profili unici di provenienza internazionale, nazionale e - quindi - del meridione d'Italia. Dei profili molecolari identificati si riporteranno le distanze genetiche per raggruppamento. I vitigni analizzati provengono dalle regioni Calabria, Basilicata, Campania, Puglia e Sicilia. In Calabria, le attività hanno visto l'esplorazione di quasi tutto il territorio regionale, dal comprensorio del Pollino a quello della Locride. Nel complesso, ad oggi sono state raccolte e analizzate ben 415 accessioni di vite, riconducibili a 131 diversi profili molecolari unici. Grazie a diversi progetti nazionali, regionali e a livello locale, la ricerca del germoplasma viticolo in Basilicata è stata svolta su tutto il territorio regionale, dal massiccio del Pollino a confine con il versante calabrese, fino al comprensorio del Vulture, passando attraverso la Val d'Agri e l'areale della DOC Grottino di Roccanova, ritrovando ben 627 accessioni per 139 profili molecolari. In Campania, dalla punta estrema a sud del Cilento fino alle coste della Penisola Sorrentina, con un passaggio nell'entroterra fra le colline beneventane, approfondendo infine l'indagine all'interno della provincia salernitana, e a macchia di leopardo nelle altre province, sono state recuperate 549 accessioni appartenenti a 153 profili molecolari. Altri areali esplorati, a sud e a nord dell'antica Enotria, sono stati la zona etnea in Sicilia con 226 accessioni per 16 profili molecolari e i tre bacini vitivinicoli in Puglia, Salento, Murgia centrale e Capitanata, con 541 accessioni per 91 genotipi individuati, di cui il 50% rappresentati da nuovi ritrovati. Il lavoro di recupero e identificazione continua.



## Utilizzo dei batteri PGP come stimolanti e agenti di biocontrollo in *Vitis vinifera* per una gestione sostenibile del vigneto biologico

Pellegrini M.\*, Djebaili R., Spera D.M., Ercole C., Del Gallo M.

Dipartimento di Medicina clinica, sanità pubblica, scienze della vita e dell'ambiente Università dell'Aquila, Via Vetoio, 1, Coppito, 67100 L'Aquila

\*Autore corrispondente: [marika.pellegrini@univaq.it](mailto:marika.pellegrini@univaq.it)

Parole chiave: batteri promotori della crescita, biostimolanti, biocontrollo, *Vitis vinifera*

Le specie vegetali sono, in ogni habitat, continuamente oggetto dell'attacco di un gran numero di potenziali predatori e patogeni a causa del loro ruolo di produttori primari e per la loro dimensione prettamente sessile. Il mantenimento delle produzioni colturali viene sempre più spesso accompagnato da un uso intensivo di agenti chimici di sintesi e tecniche colturali che esercitano una forte pressione selettiva sulla microflora del terreno e possono determinare un incremento sensibile della carica di inoculo dei patogeni, con danni considerevoli alle colture e ripercussioni sulle produzioni sia sotto il profilo quantitativo che qualitativo. Una delle tecnologie sviluppate negli ultimi decenni utile nella prospettiva di limitare o eliminare l'uso dei prodotti chimici di sintesi in agricoltura, prevede l'utilizzo dei batteri promotori della crescita delle piante (PGPB). I PGPB sono microrganismi che vivono in associazione con le piante, colonizzandone diversi distretti e promuovendo la loro crescita e lo sviluppo attraverso diversi meccanismi. Questi meccanismi sono molteplici e possono essere sia diretti (ad es. la produzione di auxine o la solubilizzazione dei nutrienti minerali del suolo) che indiretti (ad es. la produzione di molecole che contrastano l'azione di fitopatogeni). I PGPB hanno ricevuto una crescente attenzione negli ultimi decenni e il loro uso è fortemente regolato dal Parlamento europeo e dal Regolamento UE 2019/1009. Nel presente lavoro è stata testata l'efficacia dell'applicazione PGPB su nuovi impianti di Primitivo e impianti già esistenti di Montepulciano e Trebbiano. Per i nuovi impianti è stato testata l'efficacia del trattamento radicale con il consorzio formato da *Azospirillum brasilense*, *Burkholderia ambifaria*, *Gluconacetobacter diazotrophicus* e *Herbaspirillum seropedicae* per il miglioramento dello stato fisiologico delle piante. Mentre, negli impianti già esistenti, è stata testata

l'efficacia del trattamento fogliare con *Streptomyces spp.* per il miglioramento dello stato fitosanitario delle piante. Entrambe le sperimentazioni sono state monitorate e le condizioni sperimentali con trattamento batterico sono state messe a confronto con le rispettive condizioni di controllo (assenza di applicazione di batteri). Nei nuovi impianti di vitigno Primitivo è stata osservata una netta differenza tra le condizioni sperimentali con la presenza di batteri biostimolanti e quella di controllo. L'altezza media delle piante e il contenuto di clorofille sono risultati statisticamente superiori rispetto alla condizione di controllo, con incrementi dell'altezza pari a + 28% e delle clorofille pari a + 6%. Negli impianti già esistenti le condizioni sperimentali con trattamento PGPB, hanno registrato un incremento di clorofille significativo rispetto alla condizione di controllo (senza applicazione di PGPB) sia nel vigneto di Montepulciano che in quello di Trebbiano. È stato registrato anche un aumento della resa in grappoli: essendo più sani e con sviluppo migliore, il peso relativo e la resa per ettaro è risultata migliore nelle condizioni sperimentali con la presenza di batteri biostimolanti. In entrambi i vigneti, inoltre, è stata registrata una maggiore presenza di patogeni nella condizione sperimentale di controllo: lo sviluppo di botrite, peronospora e oidio è stato riscontrato maggiormente nei filari di controllo mentre, in presenza di PGPB si è ottenuto uno sviluppo normale dei grappoli e patogenesi limitata. Questi risultati rappresentano una buona base di partenza scientifica per ulteriori studi futuri. La ricerca e lo sviluppo di questi prodotti dovrebbe essere incoraggiato per contrastare il crescente problema delle malattie batteriche e fungine delle piante che ad oggi vengono controllate quasi esclusivamente mediante prodotti agrochimici, con gravi conseguenze per la salute dell'uomo e degli ecosistemi.

## Specie di Botryosphaeriaceae associate alle malattie del legno della vite in Puglia

Carlucci A.

Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia, via Napoli, 25, Foggia

Autore corrispondente: antonia.carlucci@unifg.it

Parole chiave: Botryosphaeriaceae, vite, filogenesi, patogenicità

Le specie appartenenti alla famiglia delle Botryosphaeriaceae sono patogeni fungini che mostrano una distribuzione cosmopolita e un'ampia gamma di piante ospiti. Negli ultimi 20 anni, in tutto il mondo, 21 specie di questa famiglia sono state associate a malattie del tronco della vite che causano cancro e deperimento. In questo lavoro sono stati monitorati numerosi vigneti di uva da vino delle varietà Lambrusco, Sangiovese e Montepulciano in tre agri della provincia di Foggia (Cerignola, Foggia, San Severo) nel sud Italia. Campioni di legno di piante di vite che mostravano sintomi di deperimento, decolorazione fogliare, cancri ed imbrunimenti del legno, analizzati in laboratorio hanno prodotto 344 isolati fungini identificati come specie appartenenti alla Fam. Botryosphaeriaceae. Uno studio filogenetico, che combina sequenze ITS ed EF1- $\alpha$  di 60 isolati rappresentativi, ha permesso di identificare

nove specie fungine appartenenti alla predetta Famiglia, quali *Botryosphaeria dothidea*, *Diplodia corticola*, *D. seriata*, *D. mutila*, *Dothiorella iberica*, *Do. sarmentorum*, *Lasiodiplodia theobromae*, *L. citricola* e *Neofusicoccum parvum*. I saggi di patogenicità, condotti su due cultivar di vite e volti ad appurare il ruolo patogenetico e la virulenza dei predetti funghi isolati, hanno confermato che tutte le nove specie sono in grado di causare cancri corticali e deperimento delle piante, sebbene con diverso grado di virulenza. *L. citricola*, segnalata per la prima volta su vite a livello internazionale nel 2015, è risultata la specie più aggressiva, rilevandosi un severo agente causale di cancro del legno e deperimento della vite. Pertanto, il presente lavoro annovera il numero di specie di Botryosphaeriaceae responsabili di gravi malattie del legno della vite a 25 a livello internazionale e a 12 a livello nazionale.

## Impatto delle condizioni ambientali e della gestione del suolo sugli artropodi edafici dell'ecosistema vigneto

Ghiglieno I.<sup>1\*</sup>, Simonetto A.<sup>1</sup>, Sperandio G.<sup>1</sup>, Ventura M.<sup>1</sup>, Gatti F.<sup>1</sup>, Donna P.<sup>2</sup>, Tonni M.<sup>2</sup>, Valenti L.<sup>3</sup>, Gilioli G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Università di Brescia - Dipartimento di medicina molecolare e traslazionale – Agrofood Lab, viale Europa, 11, 25121 Brescia

<sup>2</sup>Sata Studio Agronomico S.r.l. - S.t.p., Piazza della Loggia 5, 25121, Brescia

<sup>3</sup>Università di Milano – Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali, via Celoria 2, 20133, Milano

\*Autore corrispondente: [i.ghiglieno@unibs.it](mailto:i.ghiglieno@unibs.it)

Parole chiave: suolo, artropodi, vigneto, gestione

La biodiversità edafica è l'attore principale di importanti servizi ecosistemici che influenzano la regolazione dei processi ecologici del suolo (Doran e Zeiss, 2000). L'85% della ricchezza di specie della fauna del terreno è rappresentata da artropodi edafici (Bagyaraj et al. 2016), la cui presenza viene quindi considerata come bioindicatore della qualità del suolo (Buchs, 2003). Molte risorse sono state dedicate allo studio del comportamento degli artropodi dell'ecosistema vigneto, che rappresenta uno dei settori agricoli più importanti coprendo circa 7,4 milioni di ettari nel mondo (OIV, 2019). L'analisi delle risposte degli artropodi edafici alla gestione del suolo vitato rappresenta un elemento chiave nella promozione di una viticoltura ecologicamente ed economicamente sostenibile (Karimi et al. 2020) con importanti ricadute sull'intero comparto. Ciò ha ispirato ricerche passate e presenti sulla relazione esistente tra fattori abiotici del suolo, la sua gestione e le risposte degli artropodi edafici in viticoltura (Gonçalves et al. 2020; Simoni et al. 2018). Il presente lavoro ha quindi l'obiettivo di indagare la risposta degli artropodi edafici attraverso un'indagine condotta in diversi importanti areali viticoli a livello nazionale. In dettaglio si è indagato come il popolamento di artropodi del suolo risponde a: i) variabili fisiche quali la temperatura e l'umidità del suolo; ii) la composizione chimica del suolo; iii) le pratiche di gestione del suolo (inerbimento) e della concimazione organica. Durante il periodo 2014-2019, sono stati raccolti campioni di terreno in diversi contesti viticoli del nord, centro e sud Italia per un totale di più di 200 siti monitorati. Per ogni sito incluso nello studio sono state reperite informazioni riguardo all'età del vigneto, la modalità di gestione dell'inerbimento (inerbimento spontaneo o semina artificiale) e della concimazione organica. Ogni sito è stato caratterizzato per le principali variabili chimico

fisiche dei suoli. In corrispondenza di ciascun sito sono stati raccolti campioni di terreno ad una profondità di circa 0-15 cm (escludendo il cotico erboso), secondo la modalità riportata da Menta et al. (2018). Su questi campioni è poi stato applicato l'indice QBS-ar (Qualità biologica dei suoli riferita agli artropodi) proposto da Parisi et al. (2001). All'elaborazione complessiva dei dati è stata applicato un modello a variabili latenti attraverso l'utilizzo del software R. Il modello ha consentito di discriminare il ruolo delle tre principali categorie di fattori che condizionano la biodiversità edafica: variabili fisiche del suolo, variabili chimiche e processi di gestione. All'interno di ciascuna categoria è stato possibile indagare il contributo relativo delle variabili monitorate. Di particolare interesse è risultato il ruolo giocato dall'inerbimento sia spontaneo che artificiale nel contribuire alla qualità dei suoli.

### Bibliografia

- Doran e Zeiss 2000. *Appl. Soil Ecol.*, 15, 3–11.  
Bagyaraj et al. 2016. In *Economic and Ecological Significance of Arthropods in Diversified Ecosystems*, Springer: Singapore, 17–51.  
Buchs 2003. *Agric. Ecosyst. Environ.*, 98, 99–123.  
Organisation Internationale de la Vigne et du Vin 2019.  
Karimi et al. 2020. *Environ. Chem. Lett.*, 18, 1947–1966.  
Gonçalves et al. 2020. *Agric. Ecosyst. Environ.*, 294, 106863.  
Simoni et al. 2018 *EQA*, 31, 27-32.  
Menta et al. 2018. *Ecol. Indic.*, 85, 773–780.  
Parisi 2001. *Acta Naturalia de l'Ateneo Parmense* 37, 87-106.

### Riconoscimenti

Lavoro classificato al primo posto (*ex-aequo*) al concorso "Premio Dottorandi - Convegno Biodiversità 2021".

## Le varietà autoctone italiane nel capestro della normativa fitosanitaria. Il caso della vite

Di Giovannantonio C.

ARSIAL – Agenzia Regionale per lo Sviluppo e l'Innovazione dell'Agricoltura del Lazio – via Rodolfo Lanciani, 38 00162 ROMA

Autore corrispondente: [c.digiovannantonio@arsial.it](mailto:c.digiovannantonio@arsial.it)

Parole chiave: normativa fitosanitaria, conservazione biodiversità vegetale, materiale standard, risanamento da ORNQ, selezione clonale

In Italia la sottovalutazione delle nuove norme fitosanitarie UE minaccia di bloccare sia l'emersione delle risorse a rischio di erosione genetica, vanificando la loro transizione ad una dimensione di mercato, sia le migliaia di risorse vegetali autoctone, già iscritte ai Registri varietali e pertanto soggette a nuove normative fitosanitarie, incompatibili con la conservazione della loro variabilità genetica. Il 14 dicembre 2019, a tre anni dalla sua adozione, è entrato in vigore il Reg 2016/2031 UE che innova radicalmente la normativa fitosanitaria; il 10 dicembre 2019, con la pubblicazione del relativo Reg. 2019/2072 di esecuzione (1), è stato completato il quadro delle norme fitosanitarie che, nel dettare le misure contro gli organismi nocivi, innovano radicalmente le condizioni per l'immissione in commercio delle risorse vegetali iscritte ai Registri varietali. Di particolare importanza, tra le recenti modifiche, le previsioni recate dall'allegato IV, in virtù delle profonde implicazioni che avranno sulle risorse genetiche autoctone: ai fini della commercializzazione del seme e del materiale di propagazione "standard" viene introdotta una soglia di tolleranza pari a zero per numerosi organismi nocivi non soggetti a misure di quarantena (ORNQ), soglia in precedenza vigente per il solo materiale certificato, derivante da selezione varietale. L'elemento di assoluta criticità recato dalla nuova normativa è insito nel fatto che l'obbligo del risanamento fitosanitario, in particolare da batteriosi e virosi, presuppone necessariamente un lungo processo di selezione, che dovrebbe essere attivato per oltre il 90% delle migliaia di risorse genetiche vegetali italiane, varietà finora commercializzate come materiale standard, con la più ampia base genetica anche se mai risanate. Di fatto viene immolata la variabilità genetica sull'altare della sicurezza fitosanitaria, non nei confronti dei patogeni da quarantena, ma di quelli che hanno avuto un millenario processo di coevoluzione con la pianta ospite. Tale circostanza interdice, di fatto, ogni possibile ipotesi di commercializzazione del seme e del materiale di propagazione di varietà/popolazioni significativamente coltivate su scala regionale e, in molti casi, nazionale (si stima prudenzialmente che l'Italia vanti da sola circa 1/3 di tutta la biodiversità

agraria della UE). In base ai dati pubblicati dal MiPAAF, il numero di varietà attualmente iscritte a Registri Nazionali è di oltre 7.440 per i fruttiferi, 6.146 quelle a Registro Sementi (di cui 4.638 per le agrarie e 1.508 per le ortive), 535 i Vitigni, di cui 289, quasi tutti autoctoni, sono privi di cloni e vengono commercializzati come materiale standard. Se isoliamo l'universo delle varietà autoctone italiane (2), ci troviamo di fronte ad almeno 7-8.000 risorse presenti nei diversi Registri al solo scopo di poter essere commercializzate come standard e mai risanate: per i fruttiferi, ad esempio, il risanamento interessa ad oggi meno del 5% di tutte le varietà. Di fatto con l'entrata in vigore della nuova normativa verrebbe interdetta la commercializzazione di qualsiasi materiale di propagazione per il 54% delle varietà di vite iscritte al Registro Nazionale della Vite da Vino. Per le numerose DO/IG aventi come base ampelografica vitigni privi di selezione clonale, si determina l'impossibilità di rinnovare o realizzare nuovi impianti per almeno un decennio, ammesso che le varietà siano di interesse per la selezione; se non lo fossero (e abbiamo evidenza che gran parte non sono di interesse per la selezione), si determina di fatto una riduzione del potenziale delle tante DO fondate su autoctoni, ed uno spostamento verso vitigni internazionali ed inevitabile appiattimento dell'offerta.

(1) *Regolamento di esecuzione (UE) 2019/2072 della Commissione del 28 novembre 2019 che stabilisce condizioni uniformi per l'attuazione del regolamento (UE) 2016/2031 del Parlamento europeo e del Consiglio per quanto riguarda le misure di protezione contro gli organismi nocivi per le piante e che abroga il regolamento (CE) n. 690/2008 della Commissione e modifica il regolamento di esecuzione (UE) 2018/2019 della Commissione.*

(2) *il numero delle varietà autoctone italiane, per le risorse già iscritte ai Registri, non è immediatamente desumibile in virtù del fatto che all'autoctonia non è associato un profilo giuridico espresso, per i fruttiferi (grazie al lavoro enciclopedico durato dal prof. Carlo Fideghelli del CREA con l'Atlante dei Fruttiferi Autoctoni Italiani) gli autoctoni sono stimati in almeno 5022, i vitigni in almeno 350, 400 le cv. per l'olivo, qualche migliaio le risorse a Registro sementi.*

## Conservazione, caratterizzazione e valorizzazione delle risorse genetiche vitivinicole del Lazio presso il Centro di ricerca Viticoltura e Enologia (CREA – VE) di Velletri (Roma)

Favale S., Cecchini F., Serra M.C., Morassut M., Pietromarchi P., Tiberi D., Palombi M.A.\*

CREA-Centro di Ricerca Viticoltura ed Enologia Via Cantina Sperimentale, 1 00049 Velletri (RM)

\*Autore corrispondente: mariaantonietta.palombi@crea.gov.it

Parole chiave: legislazione biodiversità, vitigni autoctoni, analisi chimico-fisica, analisi sensoriale, *fingerprinting*

Il Lazio, con la legge n. 15/2000 (Tutela delle risorse genetiche autoctone di interesse agrario), ha affidato all'Agenzia Regionale per lo Sviluppo e l'Innovazione dell'Agricoltura del Lazio (ARSIAL) l'applicazione della legge stessa e il coordinamento di tutte le attività ad essa collegate. In questo ambito si inserisce la collaborazione, ormai ventennale, tra ARSIAL e CREA (Consiglio per la Ricerca e l'Analisi dell'economia Agraria), per le attività di recupero, conservazione e valorizzazione della biodiversità agraria. Tra le specie di interesse agrario la vite è, forse, la specie più intimamente legata ai diversi territori, tanto che i vitigni locali rivestono un'importanza molteplice all'interno della piattaforma ampelografica italiana, anche grazie alla capacità di rendere disponibili caratteri agronomici utili, nonché di evocare valori storici e culturali di uno specifico territorio. Negli ultimi 20 anni la coltivazione della vite nel Lazio ha visto una contrazione delle superfici del 43% (Carbone et al. 2017) a cui si è associata una riduzione della base ampelografica. Questo quadro ha determinato un interessante lavoro di riscoperta dei vitigni autoctoni della regione, che vede impegnate l'ARSIAL e, per il CREA, il Centro di Ricerca Viticoltura ed Enologia di Velletri (RM). Presso tale Centro è presente una collezione di 93 vitigni autoctoni, recuperati in zone a diversa vocazione viticola della regione: zona dei Castelli Romani (Malvasia del Lazio, Bellone, Bombino, Trebbiano); zona del Cesanese e aree del Frusinate (Cesanese, Cesanese di Affile, Lecinaro, Pampanaro, Capolongo, Maturano); provincia di Latina (Moscato di Terracina, Abbuoto, San Giuseppe) alto Lazio (Aleatico, Bianco Dritto, Grechetto). Nella collezione *ex situ* per ognuno dei vitigni sono presenti da 5 a 10 piante innestate su SO4 e allevate a cordone speronato e *guyot*, con sesto di impianto di 3m x 0,5m. Le piante sono

caratterizzate e valutate sulla base di caratteristiche morfologiche, fisiologiche, biochimiche, agronomiche e genetiche, oltre che per diversi aspetti legati alla resistenza e/o suscettibilità alle principali patologie della specie. Le analisi genetiche e ampelografiche sono state svolte in collaborazione con il Centro CREA - VE di Conegliano Veneto (TV) ed hanno evidenziato e/o confermato la presenza di sinonimie, omonimie o errori di nomenclatura tra le accessioni conservate (ARSIAL, dati non pubblicati). La caratterizzazione biochimica (Favale et al. 2007; Morassut et al. 1999) svolta presso il CREA-VE di Velletri, ha permesso di ottenere profili metabolici peculiari dei diversi vitigni, mentre prove di microvinificazione in purezza e analisi sensoriali dei vini ottenuti, hanno consentito di stabilire la migliore tecnologia enologica per quel particolare vitigno (Moretti et al. 2007). La collezione di germoplasma presso il CREA-VE di Velletri rappresenta quindi un'importante fonte di variabilità genetica nel panorama vitivinicolo non solo regionale ma anche nazionale e merita di essere incrementata attraverso la raccolta di accessioni sia in ambito regionale che nelle regioni limitrofe, con lo scopo di contribuire non solo alla conservazione del germoplasma viticolo ma anche al miglioramento tecnologico dei prodotti vinicoli, secondo le esigenze poste dallo sviluppo delle produzioni vitivinicole nel contesto dei mercati interni ed internazionali.

### Bibliografia

- Carbone et al. 2017. [http://www.arsial.it/arsial/wp-content/uploads/page/EvoluzioneCompetitivit%C3%A00\\_VitivinicolturaLaziale\\_ReportFinale.compressa.pdf](http://www.arsial.it/arsial/wp-content/uploads/page/EvoluzioneCompetitivit%C3%A00_VitivinicolturaLaziale_ReportFinale.compressa.pdf)
- Morassut et al. 1999. *L'Enotecnico*, 5, 73-80.
- Moretti et al. 2007. *Riv. Vitic. Enol.*, 4, 57-102.
- Favale et al. 2007. *Riv. Vitic. Enol.*, 4, 103-1.

## Analisi della biodiversità sottocorticale in vigneti a diversa gestione

Najar O.<sup>1</sup>, Lamaj F.<sup>1</sup>, Baldacchino F.<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>CIHEAM-IAMB Istituto Agronomico Mediterraneo di Bari, 70010 Valenzano (BA)

<sup>2</sup>ENEA (Agenzia Nazionale Italiana per le Nuove Tecnologie, Energia e lo Sviluppo Economico Sostenibile) – C. R. Trisaia- Dip.to SSPT-BIOAG-PROBIO - 75026 Rotondella (MT)

\*Autore corrispondente: [ferdinando.baldacchino@enea.it](mailto:ferdinando.baldacchino@enea.it)

Parole chiave: artropodi sottocorticali, gruppi funzionali, complessità, agricoltura biologica, agricoltura integrata

La resilienza, quale capacità di un agroecosistema di superare le perturbazioni, è positivamente influenzata dal livello di complessità della sua biodiversità. Osservazioni sulla biodiversità dell'artropodofauna nel vigneto sono scarse e spesso limitate a taxa specifici. Alcuni autori hanno analizzato la biodiversità di alcuni taxa per valutare gli effetti della gestione del suolo sui fitofagi della vite (Serra et al. 2006). L'influenza della gestione biologica e convenzionale è stata valutata sulla composizione in specie di formiche (Masoni et al. 2017) e su tre livelli trofici (flora-cavallette-ragni) in vigneti svizzeri (Brussinger et al. 2010). Sono assenti lavori che analizzano l'influenza della diversa gestione sull'artropodofauna svernante. Il nostro studio è stato finalizzato a comparare la complessità della biodiversità di artropodi svernanti sotto la corteccia in vigneti condotti con il metodo biologico ed integrato. Le osservazioni sono state condotte in 30 vigneti pugliesi (16 biologici e 14 integrati), applicando una procedura già utilizzata in osservazioni preliminari (Baldacchino et al. 2017). I viticoltori sono stati intervistati per acquisire informazioni relative alle pratiche agricole adottate e successivamente è stata effettuata la raccolta di artropodi sotto la corteccia delle viti, nel periodo Febbraio-Aprile 2019. Gli artropodi sono stati identificati, classificati in tre gruppi funzionali (erbivori, nemici naturali e detritivori) ed organizzati in un dataset. I dati sono stati analizzati applicando: Indice di Shannon, General Linear Model (GLM), Test di Ryan-Einot-Gabriel-Welsch per la separazione delle medie, Analisi delle Componenti Principali (PCA) e *Indicator Species Analysis* (ISA). La densità complessiva di artropodi svernanti è risultata leggermente più alta nel gruppo di vigneti biologici, sebbene non siano emerse differenze significative comparando l'Indice di Shannon tra le due diverse modalità di gestione.

L'analisi a livello trofico ha evidenziato che la densità dei gruppi funzionali "erbivori" e "nemici naturali" è stata significativamente più alta ( $p \leq 0,05$ ) in vigneti gestiti con il metodo biologico. I risultati della PCA hanno suggerito che la densità degli artropodi svernanti non è stata influenzata dalla cultivar e dal sistema di allevamento, ma dalla diversa modalità di gestione e dal livello di presenza di erba. Sulla base degli "*indicator value*" derivanti da ISA, quattro taxa sono risultati associati alla gestione biologica ed appartenenti ai due gruppi funzionali "erbivori" e "detritivori"; un solo taxon è risultato associato alla gestione integrata. La presenza di erbe infestanti ha invece avuto un'influenza positiva sulla complessità della rete trofica. Pertanto, la potenziale resilienza è stata più influenzata dalla gestione delle infestanti rispetto al tipo di agricoltura adottata (biologica o integrata).

### Bibliografia

- Baldacchino et al. 2017. *Book of abstract conference "Future IPM 3.0: towards a sustainable agriculture"* – IOBC-WPRS – Meeting WG "Integrated protection in viticulture" – Workshop on "Novel tools and new challenges for IPM in viticulture". Riva del Garda (Italy), 16-20 Oct. 2017.
- Bruggisser et al. 2010. *Biological Conservation*, 143(6), 1521-1528.
- Masoni et al. 2017. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 246, 175-183.
- Serra et al. 2006. *IOBC/wprs Bulletin* Vol. 29(11), 2006, pp. 209-214.

### Ringraziamenti

Divulgazione parzialmente supportata da: Progetto PRO.S.IT. (PROduttività e Sostenibilità in vITi-vinicoltura). PSR Basilicata 2014-2020. Misura 16 – Cooperazione. Sottomisura 16.1- Sostegno per la costituzione e la gestione dei Gruppi Operativi del PEI in materia di produttività e sostenibilità dell'agricoltura.

## Riscoperta e valorizzazione dei vitigni del Parco Nazionale del Cilento, Vallo di Diano e Alburni (Ri.Vi.Parco)

Caputo A.R.<sup>1\*</sup>, Cecchini F.<sup>2</sup>, Morassut M.<sup>2</sup>, Gasparro M.<sup>1</sup>, Alba V.<sup>1</sup>, Bergamini C.<sup>1</sup>, Tarricone L.<sup>1</sup>, Masi G.<sup>1</sup>, Milella R.A.<sup>1</sup>, Crupi P.<sup>1</sup>, Roccotelli S.<sup>1</sup>, Mazzone F.<sup>1</sup>, Del Lungo S.<sup>3</sup>, De Riso L.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria - Centro di ricerca Viticoltura ed Enologia (CREA-VE), via Casamassima 148 - 70010 Turi (BA)

<sup>2</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria - Centro di ricerca Viticoltura ed Enologia (CREA-VE), via Cantina Sperimentale n. 1 - 00049 Velletri (RM)

<sup>3</sup>Consiglio Nazionale delle Ricerche - Istituto di Scienze del Patrimonio Culturale (CNR-ISPC), C.da S. Loja - 85050 Tito Scalo (PZ)

<sup>4</sup>Ente Parco Nazionale del Cilento, Vallo di Diano e Alburni - Ufficio Conservazione Natura, via F. Palumbo, 18 - 84078 Vallo della Lucania (SA)

\*Autore corrispondente: [angeloraffaele.caputo@crea.gov.it](mailto:angeloraffaele.caputo@crea.gov.it)

Parole chiave: nuovi ritrovati vegetali, *Simple Sequence Repeats*, profili molecolari, monitoraggio sanitario

Nel corso del 2018, l'Ente "Parco Nazionale del Cilento, Vallo di Diano e Alburni" (PNCVDA) di Vallo della Lucania (SA) ha conferito al Centro di ricerca Viticoltura ed Enologia di Turi (BA) del Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria (CREA-VE) l'incarico di identificare il profilo genetico dei vitigni presenti nel campo collezione, sito in località Pattano del Comune di Vallo della Lucania. Dallo studio molecolare delle 49 accessioni (analisi del DNA, effettuato tramite marcatori molecolari SSRs - *Simple Sequence Repeats*) sono stati identificati 26 profili molecolari unici. Alcuni di questi sono riconducibili a varietà già iscritte ufficialmente al Registro Nazionale delle Varietà di Vite (RNVV, art. 10, Decreto ministeriale 8 febbraio 2005); altri vitigni, non ancora riconosciuti ufficialmente, risultano presenti in cataloghi internazionali come il "*Vitis International Variety Catalogue*"; altri, ancora, sono stati già recuperati e presenti nella collezione ampelografica del CREA-VE con denominazioni in vernacolo. In particolare, sono stati individuati ben 8 nuovi profili molecolari, del tutto anonimi, ovverosia non riscontrabili in nessun catalogo nazionale o europeo. Altre accessioni presenti nel campo erano riconducibili a 3 profili molecolari di nuovi ritrovati vegetali, già presenti nella collezione del CREA-VE, ma non ancora iscritti nel RNVV: IT-Olivella (Caggiano) n., IT-Uva Paradiso B. e IT-Rurata R., quest'ultima, presumibilmente a duplice attitudine, da vino e da tavola, nota anche con i sinonimi IT-Perlina d'Inverno N. e GR-Achaldi R. Per completare il percorso sperimentale già avviato e consentire, in tempi relativamente brevi, il trasferimento delle innovazioni varietali (vitigni autoctoni) e di prodotto (vino), è stato attivato nel 2019 un accordo di collaborazione tra l'Ente PNCVDA e il CREA-VE di Turi (BA) denominato "Riscoperta e valorizzazione

dei vitigni del Parco Nazionale del Cilento, Vallo di Diano e Alburni" (Ri.Vi.Parco), perseguendo l'obiettivo generale di valorizzare i nuovi ritrovati vegetali identificati in collezione. Gli obiettivi realizzativi previsti riguardano: il riconoscimento tecnico-giuridico dei ritrovati vegetali; il monitoraggio sanitario dei ritrovati vegetali; il trasferimento agli operatori locali delle innovazioni varietali, per la realizzazione di campi di confronto per la classificazione regionale; l'accreditamento storico-culturale dei ritrovati vegetali. Un primo importante risultato raggiunto con la collaborazione dell'Ente PNCVDA è stato l'inserimento del vitigno 898 - Santa Sofia nel RNVV (Decreto ministeriale del 23 maggio 2019) tra quelli idonei alla coltivazione nella provincia di Salerno (Decreto Dirigenziale Regionale n. 109 del 27 giugno 2019). Attualmente, la collaborazione prosegue sui seguenti obiettivi:

-Caratterizzazione morfologica e fisiologica di 10 nuovi ritrovati vegetali: IT-Olivella (Caggiano) N., IT-Uva Paradiso B., IT-Rurata R. e 7 Nuovi Profili Molecolari, di cui cinque a bacca nera e due a bacca bianca;

-Monitoraggio sanitario dei ritrovati vegetali, per migliorare l'offerta qualitativa dei materiali di moltiplicazione nel processo di certificazione;

Trasferimento agli operatori locali delle innovazioni varietali, per la realizzazione di campi di confronto per la classificazione regionale;

-Accreditamento storico-culturale dei ritrovati vegetali, che prevede un ulteriore approfondimento di caratterizzazione molecolare a 50 microsatelliti SSR dei vitigni indagati, per una possibile ricostruzione della trama filogenetica e per una definizione del sostrato viticolo culturale di pertinenza degli stessi, in corso di elaborazione e in collaborazione con il CNR-ISPC.

## Monitoraggio sanitario dei vitigni minori del Parco Nazionale del Cilento, Vallo di Diano e Alburni

Gasparro M.<sup>1\*</sup>, Milella R.A.<sup>1</sup>, Giannandrea M.A.<sup>1</sup>, Roccotelli S.<sup>1</sup>, De Riso L.<sup>2</sup>, Caputo A.R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria - Centro di ricerca Viticoltura ed Enologia (CREA-VE), via Casamassima, 148 - 70010 Turi (BA)

<sup>2</sup>Ente Parco Nazionale del Cilento, Vallo di Diano e Alburni - Ufficio Conservazione Natura, via F. Palumbo, 18 - 84078 Vallo della Lucania (SA)

\*Autore corrispondente: [marica.gasparro@crea.gov.it](mailto:marica.gasparro@crea.gov.it)

Parole chiave: biodiversità, virusi, RT-PCR, selezione clonale, biotipo

Nell'ambito della tematica della salvaguardia e della valorizzazione della "biodiversità" della vite, proprie dell'azione istituzionale dell'Ente "Parco Nazionale del Cilento, Vallo di Diano e Alburni", con sede in Vallo della Lucania (SA), è stato attivato nel 2019 un accordo di collaborazione tra l'Ente e il Centro di Ricerca Viticoltura ed Enologia di Turi (BA) del Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria (CREA-VE), denominato "Riscoperta e valorizzazione dei vitigni del Parco Nazionale del Cilento, Vallo di Diano e Alburni", con l'ambizione di contribuire a qualificare le produzioni agricole e agroalimentari di qualità della Campania, e quindi di apportare miglioramenti nella competitività del settore viti-vinicolo e nelle performances ambientali e culturali, creando nuove opportunità di sviluppo economico del settore. Contestualmente all'iscrizione di nuovi ritrovati vegetali al Registro Nazionale delle Varietà di Vite (RNVV), per migliorare l'offerta qualitativa dei materiali di moltiplicazione nel processo di certificazione della vite, si rende necessario - dal punto di vista normativo - valutare le condizioni sanitarie relativamente alle eventuali infezioni virali. L'esenzione da virusi rappresenterebbe una buona base di partenza per impostare nuovi programmi di selezione clonale per individuare presunti nuovi biotipi, al fine di ampliare la variabilità genetica e valorizzare la tipicità della produzione vitivinicola locale, innalzandone la competitività. Successivamente all'affidamento del servizio da parte dell'Ente Parco per la coltivazione del campo collezione, sito in località Pattano, e contestualmente - quindi - alla possibilità di effettuare le operazioni di potatura invernale, a fine febbraio 2020 si è proceduto al prelievo di n. 110 campioni che sono stati sottoposti ad analisi virali di laboratorio mediante test RT-PCR per l'identificazione di 9 virus della vite *Grapevine leafroll associated virus 1, 2 e 3* (GLRaV-1, -2 e -3), *Grapevine fanleaf virus* (GFLV), *Arabis mosaic virus* (ArMV), *Grapevine virus A e B* (GVA e GVB),

*Grapevine rupestris stem pitting associated virus* (GRSPaV), *Grapevine fleck virus* (GFkV), con riferimento alle disposizioni di natura fitosanitaria relative alla produzione dei materiali di moltiplicazione vegetativa della vite (DD.MM. 8 febbraio 2005 e 7 luglio 2006) e dal protocollo ufficiale di selezione clonale (Decreto 24 giugno 2008). Per l'esecuzione di questa attività sperimentale, sia per quanto riguarda il metodo di campionamento sia per la diagnosi degli agenti virali su matrice di tessuto floematico ottenuto dal materiale legnoso raccolto, si è fatto riferimento al protocollo diagnostico, riportato nel Decreto Ministeriale 13.12.2011, che fornisce le relative linee guida. Da tener presente che, a fronte dei tre campioni/vitigno previsti nel piano di lavoro, ne sono stati effettuati circa il quadruplo. Dei 110 campioni analizzati, purtroppo, solo uno è risultato non infetto per tutti i virus analizzati tranne GRSPaV, che comunque non è richiesto ad oggi dalla normativa. Per quanto riguarda la distribuzione virale, il virus più diffuso è risultato essere GLRaV-3 (82%), seguito da GVA (73%) e da GFLV (55%). Anche GRSPaV è risultato essere abbastanza diffuso (41%), mentre GLRaV-1, GLRaV-2 e GFkV (richiesto dalla normativa solo per i portinnesti) sono risultati molto meno diffusi con rispettivamente il 19%, il 4% e il 7%. Completamente assenti nei campioni analizzati sono stati GVB e ArMV. In conclusione, la malattia virale più presente nei campioni analizzati è l'Accartocciamento fogliare associata a *Grapevine leafroll associated virus 1, 2 e 3*, seguita dal Complesso del legno riccio (GVA) e dalla Degenerazione infettiva (GFLV). In seguito al monitoraggio sanitario dei ritrovati vegetali, si procederà con la pianificazione della produzione viti-vivaistica, per l'eventuale produzione di materiale di moltiplicazione per la costituzione di un vigneto di confronto, secondo il protocollo tecnico di selezione clonale.



## Caratterizzazione ampelometrica di germoplasma viticolo del Veneto

Carraro R.\*, Arsuffi F., Gardiman M.

CREA Centro di ricerca Viticoltura ed Enologia – viale XXVIII Aprile, 26 – 31015 Conegliano (TV)

\*Autore corrispondente: roberto.carraro@crea.gov.it

Parole chiave: vitigni, caratterizzazione, identificazione, fillometria

La biodiversità viticola italiana, costituita da migliaia di biotipi sparsi in tutto il territorio, è indubbiamente una importante risorsa da salvaguardare e valorizzare. La caratterizzazione di queste risorse genetiche, spesso relegate ai margini di una viticoltura di soli appassionati, o conservate in apposite collezioni di germoplasma viticolo, viene svolta utilizzando varie metodologie: ampelografiche, fillometriche, genetiche e metabolomiche. Spesso lo studio dei caratteri morfologici viene oggi sottovalutato, prestando maggior attenzione a metodiche molecolari (es. SSR), molto performanti e rapide. Bisogna comunque sottolineare che solo attraverso un'analisi integrata è possibile ottenere i risultati migliori e affidabili e che la descrizione ampelografica è ancora oggi fondamentale per delineare i tratti fenotipici dei vitigni, ed è richiesta per l'iscrizione di un vitigno al Registro Nazionale delle Varietà di Vite, la descrizione del germoplasma viticolo secondo le *"Linee guida nazionali per la conservazione in situ, on farm ed ex situ della biodiversità vegetale, animale e microbica di interesse agrario"*, la concessione di privative (es. UPOV/CPVO). Un'indagine fillometrica è stata condotta su 10 biotipi reperiti in diverse province del Veneto denominate Dall'oro, Mattozzo, Moschina, N.N. Bianca, Rabiosa, Verduzzo Casagrande, Pomella Piovene, Rossara, Rossona, Sciavetta Doretta con l'intento di valutare eventuali similitudini a livello fogliare tra questi ed altri vitigni noti a livello regionale. Per ogni cultivar sono state raccolte 25-30 foglie adulte con modalità previste dall'OIV e l'analisi ampelometrica è stata condotta con l'applicativo *Ampelograph* messo a punto dal CREA-VE. Le analisi statistiche sono state successivamente condotte su 18 descrittori fillometrici specificati dall'OIV utilizzando il programma statistico R, e i package "FactoMineR" e "factoextra". Da tali analisi è emerso che vi sono forti correlazioni tra alcuni descrittori, il che ha consentito di valutare la ricerca di eventuali variabili latenti che possono meglio delineare le differenze tra gli individui mediante analisi PCA. Malgrado quest'analisi non sia stata in grado di distinguere nettamente tutte le diverse

accessioni allo studio tra loro, ha comunque messo in luce che questo gruppo di vitigni è fortemente caratterizzato soprattutto da alcune misure legate alla lunghezza delle principali nervature (prima componente, 41% variabilità spiegata) e alla forma del seno peziolare, quali l'apertura e l'angolo che forma con la N4 (seconda componente, 18% di variabilità spiegata). Minore è risultato invece il contributo delle misure associate ai denti (lunghezza, larghezza) e all'apertura angolare tra le nervature (angolo alfa, beta e gamma). Le nervature principali laterali (N2, N3, N4) e la nervatura mediana (N1), anche se in minor misura, permettono di distinguere nettamente cultivar come Rossona e Rossara, caratterizzate da un maggiore sviluppo sia in lunghezza che in larghezza della lamina fogliare, da altre cultivar di taglia inferiore (Moschina e Verduzzo Casagrande). La seconda dimensione invece ha sottolineato come il biotipo Rabiosa 11 si caratterizzi invece per la spiccata apertura del seno peziolare (distanza e angolo al seno), tale da non essere condivisa da nessun'altra varietà. Una cluster analysis di tipo gerarchico è stata poi implementata sugli scores della PCA con l'intento di meglio evidenziare le maggiori similitudini tra gli individui. Il metodo fillometrico, teorizzato per la prima volta già sul finire del XIX secolo, e sviluppatosi largamente negli ultimi decenni grazie alla diffusione su larga scala di software dedicati, è una tecnica che pur presentando caratteristiche interessanti nello studio delle varietà presenta ancora alcuni dubbi sulla sua reale efficacia. È una metodica invasiva (rimozione delle foglie dalla pianta) e non in grado, almeno con il tipo di misure indagate, di evidenziare tutte le differenze insite nella forma e nelle caratteristiche di una foglia (si pensi al colore, tomento, forma dei denti); inoltre, rimangono difficoltà di interpretazione dei risultati nel caso di analisi su di un elevato numero di varietà (centinaia, migliaia). Perciò può essere una tecnica di identificazione varietale da non utilizzare come unica fonte dati, ma da affiancare ad altre metodiche al fine di ottenere una più corretta validazione dei risultati.

## Identificazione e salvaguardia dei vitigni minori del Lazio: Raspato nero N. e Reale bianca B.

Pietromarchi P.<sup>1\*</sup>, Pica G.<sup>2</sup>, Iacoponi V.<sup>2</sup>, Casadei G.<sup>2</sup>, Colatosti G.<sup>2</sup>, Tiberi D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>CREA Viticoltura Enologia lab. Velletri

<sup>2</sup>ARSIAL Agenzia Regionale per lo Sviluppo e l'Innovazione dell'Agricoltura del Lazio

\*Autore corrispondente: [paolo.pietromarchi@crea.gov.it](mailto:paolo.pietromarchi@crea.gov.it)

Parole chiave: autoctono, viticoltura, enologia, biodiversità viticola, vino

La specializzazione della viticoltura e le scelte del mercato vitivinicolo hanno purtroppo portato nel corso degli anni del secolo scorso ad una generale riduzione del patrimonio ampelografico del Lazio, così come in altre regioni italiane. Ciò è conseguenza di diversi fattori che si sono succeduti a partire dall'epidemia della fillossera di fine '800 e delle conseguenze che questa produsse a tutta la viticoltura europea, tali da portare ad una scomparsa di molti vitigni. Aspetto fondamentale per l'abbandono di molte varietà viticole fu l'affermarsi di una viticoltura specializzata intorno alla metà del 1900 che incentivò la coltivazione di varietà più produttive e maggiormente resistenti alle principali crittogame della vite. L'impovertimento del patrimonio varietale, oltre a contribuire alla perdita della memoria storica e delle tradizioni culturali del territorio porta, a medio ed a lungo termine, gravi rischi di erosione della variabilità, fattore importante per lo stesso miglioramento genetico. Inoltre, nel caso della vite, non dobbiamo dimenticare l'importanza dei vitigni minori per valorizzare la specificità dei diversi territori. Il presente lavoro si integra in un discorso congiuntamente avviato da anni dal CREA Viticoltura Enologia e dall'ARSIAL (Agenzia Regionale per lo Sviluppo e l'Innovazione dell'Agricoltura del Lazio) attraverso il quale si cerca di recuperare, caratterizzare e valorizzare i vitigni autoctoni, servendosi anche di strumenti come la Legge Reg. 15/2000, in grado di tutelare le specie vegetali e animali a rischio di erosione genetica. Le varietà autoctone, Raspato nero e Reale Bianca, sono due cultivar storicamente coltivate in quella che una volta veniva chiamata "Terra di Lavoro", areale esteso che comprendeva la parte inferiore del Lazio e quella superiore della Campania, particolarmente nei comuni di Esperia e Pontecorvo, in provincia di Frosinone. Lo studio si è concretizzato grazie alla disponibilità di anziani viticoltori i quali hanno messo a disposizione, oltre al proprio patrimonio varietale, da loro anacronisticamente conservato, specifiche conoscenze tecniche e storico-popolari fornendo un

fattivo contributo alla riqualificazione di questi vitigni e dei loro usi. Partendo dalle analisi genetiche dei microsatelliti (SSR), la ricerca ha preso in esame le osservazioni ampelografiche ed agronomiche, oltre alla caratterizzazione enologica e sensoriale dei vini ottenuti nel corso del triennio di studio e che hanno permesso l'iscrizione delle due cultivar al Registro Nazionale delle uve da Vino (RNVV). Il Raspato nero, conosciuto anche come Olivella di Esperia, è citato in due importanti documenti del tardo Ottocento: il *Bullettino Ampelografico* del 1877 e gli atti dell'Inchiesta Agraria e sulle condizioni della classe agricola del 1884. Storicamente chiamato nell'areale di origine Olivello o Olivella, sinonimi spesso attribuiti a diverse varietà in funzione della somiglianza dell'acino, per il colore e forma, ad un'oliva matura, è una varietà a bacca rossa che si presenta a maturazione con un grappolo mediamente compatto e acini sferici, leggermente allungati di colore rosso scuro. Dal punto di vista enologico, le uve mediamente raggiungono un grado di maturazione che permette di ottenere vini di buon contenuto alcolico, buona acidità e struttura. Le caratteristiche sensoriali e organolettiche del vino mostrano un prodotto con sentori fruttati e speziati con buona persistenza retroolfattiva. Dell'uva Reale Bianca non sono documentate le origini, ma dalle ricognizioni effettuate sul territorio, è emerso che il vitigno è coltivato in zona da oltre un secolo. Il nome Reale bianca deriva dalla memoria storica dei viticoltori più anziani, che hanno caratterizzato il vitigno col termine "bianca", per distinguerlo dal Capolongo b. che in zona è conosciuto come Reale gialla. Il grappolo, di forma conica, privo di ali, si presenta con acini sferici di color giallo verdolino con debole presenza di pruina; il vino ottenuto si caratterizza per una buona struttura generale e un bouquet sensoriali di aromi ampio e articolato. Grazie alla recente riscoperta di questi 2 vitigni autoctoni, la Regione Lazio ha incrementato la propria piattaforma ampelografica, che oggi conta su 82 vitigni, 35 dei quali autoctoni.

## Caratterizzazione e valorizzazione dei vitigni autoctoni del Lazio: Cimiciara b. e Uva Greca puntinata b.

Tiberi D.<sup>1\*</sup>, Casadei G.<sup>2</sup>, Colatosti G.<sup>2</sup>, Pica G.<sup>2</sup>, Iacoponi V.<sup>2</sup>, Pietromarchi P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>CREA Viticoltura Enologia lab. Velletri

<sup>2</sup>ARSIAL Agenzia Regionale per lo Sviluppo e l'Innovazione dell'Agricoltura del Lazio

\*Autore corrispondente: [domenico.tiberi@crea.gov.it](mailto:domenico.tiberi@crea.gov.it)

Parole chiave: biodiversità viticola, biotipo, autoctono, cimiciara, empibotte

Il recupero e la valorizzazione dei vitigni minori, oltre a salvaguardare un patrimonio genetico spesso a rischio di erosione, consentono di differenziare l'offerta enologica e di caratterizzarla con conseguente opportunità da parte delle aziende di potersi affermare sui mercati nazionali ed internazionali con nuovi prodotti. Inoltre, valorizzare le produzioni autoctone, permette di esaltare l'integrazione tra vitigno ed ambiente al fine di tipicizzare i vini e esaltare il legame con il territorio di origine. In questo contesto, la Regione Lazio, al fine di tutelare le risorse genetiche d'interesse agrario e zootecnico a rischio di erosione ed autoctone (Legge Reg. n.15/2000), ha delegato all'ARSIAL la gestione del Registro Volontario Regionale (RVR) quale strumento volto alla tutela e conservazione, delle specie vegetali e delle razze animali, in possesso dei requisiti necessari al loro inserimento. Le indagini genetiche molecolari effettuate dal Servizio di Identificazione delle Varietà di Vite del CREA-Viticoltura Enologia, hanno permesso di stabilire che sia il vitigno Cimiciara b. che il vitigno Uva Greca Puntinata risultano essere "autonomi" e di conseguenza non riconducibili a nessun altro vitigno attualmente censito nella banca dati dei vitigni iscritti al RNVV. A cura dell'ARSIAL su entrambe le varietà sono state condotte, e sono tuttora in corso di svolgimento, le osservazioni ampelografiche ed ampelometriche come previsto nel "Codice internazionale dei caratteri descrittivi delle varietà e specie di vite" dell'OIV. Negli anni, sono state effettuati i rilievi e le osservazioni di carattere agronomico ed enologico. Tutte le prove di vinificazione e le analisi chimico-fisiche e sensoriali richieste per la valutazione dell'attitudine enologica sono in corso di svolgimento presso il CREA Viticoltura Enologia lab. Velletri. Inoltre, sono in corso

alcune sperimentazioni su potenzialità ed impiego enologico delle due cultivar. Sebbene i due areali di origine siano assai differenti per tradizioni, paesaggi e tecniche colturali, li accomuna il grande interesse mostrato dal territorio, inteso come potenziali viticoltori e istituzioni locali. Il vitigno Cimiciara b. è originario della provincia di Frosinone ed in particolare nel territorio del comune di Castro dei Volsci. In passato, la coltivazione di questo vitigno permetteva di avere un'uva che veniva utilizzata per produzioni locali, quasi sempre in uvaggio con le altre varietà locali. Le origini del nome sono ancora incerte. Ipotesi, avvalorate da testimonianze orali tramandate nel tempo, sembrano ricondurre l'origine del nome di questa cultivar al fatto che a maturazione l'uva richiamasse un insetto dal colore verde brillante (a volte verde giallastro), la cimice verde (*Nezara viridula* L.), molto diffuso nel territorio italiano. Il vino ottenuto dalla sperimentazione ha mostrato un colore giallo paglierino intenso, con profumi floreali che ricordano il biancospino e la rosa, oltre a profumi fruttati di mela e frutta esotica. Al gusto una moderata acidità e sapidità bilancia le sensazioni calde dovute ad un buon contenuto alcolico effetto di una vendemmia effettuata in condizioni di piena maturità dell'uva. Il vitigno Uva Greca Puntinata b. (localmente chiamato Empibotte), è coltivato nel comune di Acquapendente, in provincia di Viterbo. Dalle indagini condotte nell'areale di origine, è emerso che questa varietà veniva coltivata già nel 1920, chiamata allora Greco di Acquapendente'. Il vino ottenuto nelle diverse annate della sperimentazione si è caratterizzato a livello organolettico e sensoriale da sentori floreali e fruttati, con nette percezioni al gusto di buona acidità e sapidità con una buona attitudine per la produzione di vini spumanti.

## Lieviti bioattivi come alternativa ai fungicidi sintetici per il controllo di *Botrytis* nelle uve

Comitini F.\*, Galli E., Agarbati A., Canonico L., Ciani M.

Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente, Università Politecnica delle Marche, Via Brecce Bianche, 60131 Ancona

\*Autore corrispondente: f.comitini@univpm.it

Parole chiave: lieviti bioattivi, biocontrollo, infezione dell'uva, *M. pulcherrima*, *A. pullulans*

*Botrytis cinerea* (Keller et al. 2003) è un fungo della famiglia Sclerotiniaceae, parassita che attacca molte varietà di piante, anche se fra i diversi ospiti quello economicamente più rilevante è la vite. In viticoltura è comunemente nota come marciume grigio o muffa grigia. Attualmente è tra le malattie che provoca i danni più ingenti nei vigneti di tutto il mondo e per contrastarla si ricorre all'uso di antibiotritici di sintesi come dicarbosimici o ftalmidici (Rosslénbroich e Stuebler, 2000). Tuttavia, l'esteso utilizzo di questi pesticidi ha fortemente incrementato nel tempo varie resistenze del fungo, nuocendo, inoltre, all'indispensabile microbioma autoctono. Si è reso, quindi, necessario sviluppare delle alternative naturali ai fungicidi sintetici, che permettano il controllo biologico di *B. cinerea*, senza provocare danni alla coltivazione e all'ecosistema nel quale questa si sviluppa. Numerose sono le ricerche attualmente in studio per lo sviluppo di antifungini a base di molecole organiche e/o prodotti contenenti microrganismi antagonisti di *B. cinerea*. I più promettenti sono i lieviti bioattivi, che ne inibiscono la crescita tramite molteplici meccanismi, tra cui la competizione per spazio e nutrienti, la produzione di sostanze antifungine e l'induzione dei meccanismi di difesa contro il patogeno nella pianta (Troilo et al. 2021). Con questo lavoro sperimentale sono state indagate le capacità inibenti di alcuni lieviti non-*Saccharomyces* verso *B. cinerea*, per limitarne i danni in pre- e post- raccolta. Sono stati valutati inizialmente, in vitro ed in vivo, 20 ceppi di lieviti già presenti nella collezione DiSVA, confrontati con un antibiotritico organico in commercio, Botector®, e caratterizzati dal punto di vista enzimatico. Dallo screening iniziale dei 20 lieviti è stato possibile selezionarne 2 appartenenti ai generi *Aureobasidium* e *Metschnikowia* che mostravano la più alta capacità di controllo sulla crescita di *B. cinerea* in test in vitro. Successivamente i ceppi sono stati utilizzati

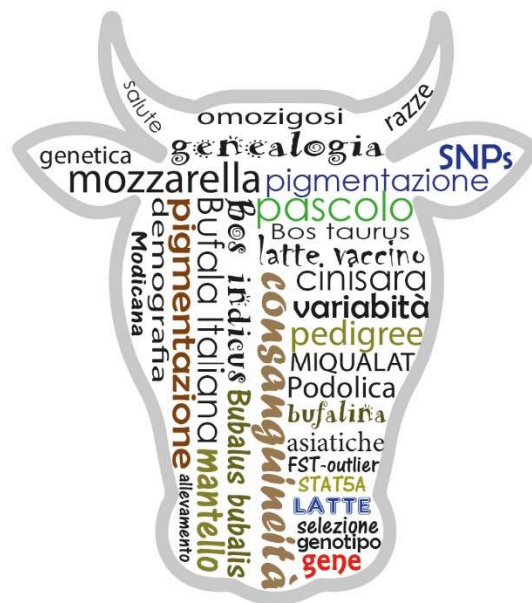
singolarmente (tesi Ap, tesi Mp) e in mix (tesi ApMp) per trattamenti in campo, per valutarne l'efficacia reale sulla varietà di uva Montepulciano, utilizzando Botector® come controllo (tesi C+). L'applicazione delle sospensioni cellulari mediante motopompe è stata eseguita all'invasatura e 5 giorni prima della raccolta. È stato quindi effettuato un continuo monitoraggio visivo dei grappoli, contemporaneamente testati in laboratorio per la composizione della popolazione epifitica, prima e dopo i trattamenti, valutando anche la crescita di *B. cinerea* sulle bacche campionate in tempi successivi l'applicazione (fino a 5 giorni). Nella valutazione in laboratorio la tesi ApMp, costituita da una miscela in rapporto 1:1 dei due lieviti, si è dimostrata essere la più efficace, controllando bene la diffusione e l'incidenza del danno sugli acini. In campo il risultato migliore è stato attribuito all'*Aureobasidium pullulans*, con la tesi Ap, che ha evidenziato un controllo che, seppure inferiore in fatto di incidenza del danno, rimaneva costante nel tempo, a dimostrazione di una stabile colonizzazione delle bacche. Si è quindi ipotizzato un meccanismo d'azione di tipo competitivo con *B. cinerea*, ipotesi avvalorata anche dall'effetto analogo dell'antibiotritico organico Botector®, costituito da due ceppi differenti di *A. pullulans*. Diversamente, *Metschnikowia pulcherrima*, testato con la tesi Mp, probabilmente svolge un'azione di controllo mediata da un meccanismo d'azione più complesso che agisce in tempi più lunghi, dimostrato da una colonizzazione lenta delle bacche, ma da un'efficacia notevole seppure evidente in un numero minore di grappoli che colonizza stabilmente.

### Bibliografia

- Keller et al. 2003. *Phytopathology*, 93(3), 316-322.  
Rosslénbroich e Stuebler 2000. *Crop protection*, 19(8-10), 557-561.  
Troilo et al. 2021. *Foods*, 10(2), 342.

# Bio div ers ità zootecnica

# 1



## Regioni di omozigosi e diversità genetica dei bovini italiani

Falchi L.<sup>1\*</sup>, Cesarani A.<sup>1</sup>, Macciotta N.P.P.<sup>1</sup>, Vicario D.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Agraria, Università di Sassari, Viale Italia 39, Sassari, 07100

<sup>2</sup>Associazione Nazionale Allevatori Razza Pezzata Rossa Italiana, Via Ippolito Nievo, 19 - 33100 Udine

\*Autore corrispondente: [lfalchi1@uniss.it](mailto:lfalchi1@uniss.it)

Parole chiave: omozigosi, consanguineità, bovini

Le regioni di omozigosi (ROH) sono tratti del genoma costituiti da una sequenza ininterrotta di genotipi omozigoti a mutazioni al singolo nucleotide (SNP), di solito ereditati da antenati comuni. L'accoppiamento tra individui parenti porta all'aumento della consanguineità (*inbreeding*) e un maggior numero di ROH che, pertanto, rappresentano un valido strumento per lo studio della consanguineità delle popolazioni animali. A tal fine, una delle caratteristiche più importanti della ROH è la loro lunghezza, che indica la distanza temporale dell'accoppiamento tra parenti: ROH corte indicano un *inbreeding* remoto, ROH lunghe uno recente *inbreeding* recente. Inoltre, le ROH possono originarsi per effetto della selezione. Obiettivo della ricerca è lo studio delle regioni di omozigosi in 17 razze bovine a duplice attitudine allevate in Italia (Tabella 1). Gli animali sono stati genotipizzati con diversi BeadChip ad alta densità. Gli SNPs in comune tra i vari panel sono stati sottoposti a controllo di qualità, che ha portato alla selezione di 3070 animali con 101805 SNPs. Tramite il pacchetto di R "detectRuns" sono state calcolate le ROH con i seguenti parametri: lunghezza minima di 1Mb, almeno 50 omozigoti, massimo 2 marcatori missing. Per l'analisi dei risultati sono stati presi in considerazione solo gli animali con almeno 10 ROH (2785 animali). Per ciascun animale sono stati calcolati il numero di ROH, la lunghezza media delle

ROH, e il coefficiente di *inbreeding* (rapporto tra lunghezza totale delle ROH dell'animale e lunghezza totale del genoma). Le regioni di omozigosi sono state classificate in 5 diverse classi di lunghezza (1-2 Mb, 2-4 Mb, 4-8 Mb, 8-16 Mb, > 16 Mb) e i relativi coefficienti di *inbreeding* sono stati calcolati considerando solo le ROH di ciascuna classe. Il numero più elevato di ROH/animale è stato trovato per la razza Garfagnina (64±20), mentre quello più basso per la razza Cinisara (24±13). Le ROH più corte sono state individuate nella razza Pezzata Rossa Italiana (2,85±2,29 Mb), mentre quelle più lunghe nella razza Varzese (8,13±8,51). Razze geneticamente vicine tra loro hanno mostrato parametri delle ROH molto simili, come ad esempio la lunghezza media delle ROH nelle tre razze Valdostane. Per quanto riguarda i valori di *inbreeding*, i valori più elevati sono stati riscontrati, come atteso, quando si sono considerate tutte le ROH. All'aumentare della lunghezza minima considerata diminuivano il numero di ROH identificate e, quindi, i valori di *inbreeding*. Il valore più elevato nella prima di lunghezza è stato riscontrato nella razza Garfagnina (18,39±8,5), mentre quello più basso nella Cinisara (4,99±5,37). Guardando, invece, alla classe di lunghezza superiore (>16 Mb) il valore di *inbreeding* più elevato è stato calcolato sempre per la razza Garfagnina (8,32±5,03), mentre quello più basso per la Valdostana Castana (1,38±1,11).

**Tabella 1.** Numero di animali, numero di ROH trovate e loro lunghezza media

Razza	Animali	Totale ROH	ROH / animale	Lunghezza, Mb
Agerolese	19	516	27±12	5,58±6,55
Burlina	89	2600	29±10	4,84±5,67
Cabannina	48	1308	27±14	5,98±7,32
Cinisara	206	4877	24±13	5,30±6,53
Grigio Alpina	181	5717	32±6	4,48±4,64
Garfagnina	27	1723	64±20	7,26±7,72
Modicana	205	7985	39±16	4,47±5,08
Modenese	93	3221	35±12	6,32±6,66
Pezzata Rossa Italiana	372	18240	49±18	2,85±2,29
Pustertaler	184	5540	30±14	4,93±6,41
Pinzgauer	82	2281	28±8	5,16±5,67
Reggiana	187	5420	29±9	5,46±5,52
Rendena	282	14171	50±10	5,02±5,26
Varzese	30	855	28±15	8,13±8,51
Valdostana Castana	325	15478	48±8	3,02±2,99
Valdostana Pezzata Nera	144	6203	43±7	3,10±3,73
Valdostana Pezzata Rossa	311	15036	48±8	3,44±3,78

## Validazione di segnali di selezione per il colore del mantello nella razza Podolica italiana

Rovelli G.<sup>1\*</sup>, Landi V.<sup>2</sup>, Sbarra F.<sup>3</sup>, Quaglia A.<sup>3</sup>, Pilla F.<sup>4</sup>, Lasagna E.<sup>1</sup>, Ciani E.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università di Perugia, Borgo XX Giugno, 74, 06121, Perugia

<sup>2</sup>Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università di Bari "Aldo Moro", SP per Casamassima, km 3 70010, Bari

<sup>3</sup>Associazione Nazionale Allevatori Bovini Italiani da Carne (ANABIC), Strada del Vio Visciolo, 21, 06132, San Martino in Colle, Perugia

<sup>4</sup>Dipartimento di Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Università del Molise, Via Francesco De Sanctis 1, 86100, Campobasso

<sup>5</sup>Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica, Università di Bari "Aldo Moro", Via Amendola 165/a, 70126, Bari

\*Autore corrispondente: [giacomo.rovelli@studenti.unipg.it](mailto:giacomo.rovelli@studenti.unipg.it)

Parole chiave: *Bos taurus*, grigio, SNP, selezione,  $F_{ST}$ -outlier, pigmentazione

Numerose razze bovine asiatiche ed europee condividono un fenotipo peculiare, di seguito denominato "grigio". In considerazione della loro derivazione dal ceppo Podolico, sono caratterizzate dal colore rosso fromentino del mantello del vitello alla nascita. Successivamente, dopo i primi mesi di vita, vira al grigio più o meno chiaro, per connotarsi, nella fase più matura, per la presenza di caratteristiche aree a pigmentazione eumelanica, in genere maggiormente evidenti nei soggetti di sesso maschile (Di Lorenzo et al. 2018). La disponibilità di dati genotipici a loci SNPs (Polimorfismi a Singolo Nucleotide) per tali razze ha permesso, in un precedente lavoro (Senczuk et al. 2020), di far luce sui principali geni candidati per il determinismo del fenotipo in esame. In particolare, in tale studio è stato adottato un robusto approccio basato sulla identificazione di segnali di selezione differenziale ( $F_{ST}$ -outlier) in coppie di razze, ciascuna costituita da una razza a fenotipo "grigio" (per un totale di 15 razze a fenotipo "grigio": Chianina, Corsa, Croatian Podolian, Garfagnina, Gascon, Guelmoise, Hungarian Grey, Podolica Italiana, Marchigiana, Maremmana, Piemontese, Romagnola, Turkish Grey, Tyrolean Grey, Ukrainian Grey) confrontata con una razza a fenotipo "non-grigio" (per un totale di quattro razze a fenotipo "non-grigio": Angus, Limousine, Charolaise, Frisona). Dall'analisi dei risultati dei 60 confronti a coppie complessivi, erano emersi come maggiormente rilevanti segnali di selezione a carico dei cromosomi bovini (BTA, *Bos taurus*) 2, 4, 14, 26, per un totale di oltre 50 geni candidati noti per essere direttamente o indirettamente coinvolti in uno o più degli step alla base della pigmentazione del mantello nei mammiferi (sviluppo dei melanociti, melanogenesi, trafficking intra-cellulare e trasferimento intercellulare dei pigmenti). Nello studio attualmente in corso, utilizzando dataset di razze italiane a fenotipo "grigio" distinti dai precedenti,

affrontiamo, utilizzando lo stesso approccio metodologico, la fase di validazione dei segnali sopra citati. Riportiamo, in questa sede, i principali risultati relativi a giovani tori di razza Podolica Italiana, selezionati mediante performance test presso la stazione genetica ANABIC di Laurenzana (Potenza) dal 1995 al 2019. A tal fine, da un dataset più ampio di genotipi SNP, sono stati campionati tre gruppi di animali nati in anni differenti (1995-1997, 2009 e 2019), ciascuno costituito da 30 soggetti, in modo da poter valutare la robustezza dei risultati di validazione. Ciascuno dei tre gruppi di Podolica Italiana è stato confrontato con un campione costituito da 33 soggetti di razza Charolaise (Senczuk et al. 2020). Il dataset includeva, dopo le procedure di controllo qualità, un totale di 23027 loci. I tre gruppi di Podolica Italiana condividono la maggior parte dei segnali di selezione; questi si trovano sui cromosomi 2, 3, 4, 5, 7, 13, 14, 18, 26, 28. In particolare, i segnali sui cromosomi 2, 4, 14, 26 si collocano in regioni sovrapponibili a quelle identificate nel lavoro di Senczuk et al. (2020), che risultano, quindi, validati. È in corso l'analisi dei geni annotati nelle nuove regioni identificate come potenzialmente sotto pressione selettiva nei cromosomi 3, 5, 7, 13, 18. Lo studio permetterà di fornire solide evidenze circa la base genetica di un carattere dal rilevante significato adattativo, in quanto è noto che, nelle razze considerate, la parziale assenza di pigmentazione nel mantello, accompagnata da pigmentazione della cute, garantisce la combinazione ottimale per proteggere dagli effetti deleteri della radiazione solare, permettendo, al contempo, una migliore termoregolazione per un'aumentata capacità di riflessione della stessa.

### Bibliografia

Di Lorenzo et al. 2018. *PLoSOne*, 13(2), e0192567.

Senczuk et al. 2020. *Genes*, 11(8), 932.

## Il progetto MIQUALAT e lo studio sulle qualità funzionali del latte analizzate in alcune razze bovine ai fini del miglioramento genetico animale e della salute umana

Crisà A.<sup>1\*</sup>, Contò M.<sup>1</sup>, Lovallo C.<sup>2</sup>, Marmo P.<sup>1</sup>, Milanese M.<sup>3</sup>, Napolitano F.<sup>1</sup>, Pietrucci D.<sup>3</sup>, Renzi G.<sup>1</sup>, Rinaldi G.<sup>1</sup>, Chillemi G.<sup>3</sup>, Claps S.<sup>2</sup>, Failla S.<sup>1</sup>, Marchitelli C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria (CREA) - Centro di ricerca Zootecnia e Acquacoltura, Via Salaria 31, Monterotondo (RM)

<sup>2</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria (CREA) - Centro di ricerca Zootecnia e Acquacoltura, SS7 Via Appia, 85051 Bella Muro (PZ), Italia

<sup>3</sup>Dipartimento per la Innovazione nei sistemi Biologici, Agroalimentari e Forestali - DIBAF - Università della Tuscia, Via S. Camillo de Lellis, snc, 01100 Viterbo (VT)

\*Autore corrispondente: [alessandra.crisa@crea.gov.it](mailto:alessandra.crisa@crea.gov.it)

Parole chiave: latte vaccino, qualità, miglioramento genetico, salute umana

La salubrità degli alimenti di origine animale è un argomento sempre più discusso. Ai giorni nostri, alcune nuove tendenze alimentari non solo invitano ad escludere latticini, carne e uova dalla dieta, ma talvolta li condannano etichettandoli come elementi nocivi per la salute umana. Attualmente non c'è una vera evidenza che il consumo di latte vaccino, nelle dosi raccomandate dalle linee guida nazionali e internazionali, possa rappresentare un rischio per la salute, anzi, la letteratura più recente sembra sostenere il ruolo del latte quale alimento salutare. D'altronde da qualche anno a questa parte, si è assistito in Italia ad un progressivo aumento da parte delle famiglie dei consumi di lattini vitaminizzati-salutistici, a detrimento del latte fresco pastorizzato. Nel progetto MIQUALAT il latte bovino di alcune razze bovine è stato caratterizzato per alcune sue componenti bioattive e protettive con effetti positivi sulla salute umana. Il concetto di qualità nutrizionale degli alimenti in grado di garantire benessere e riduzione del rischio di malattie è ormai infatti individuato come il fattore con maggiore incidenza sulla qualità della vita dell'uomo. In questo contesto lo sviluppo della valenza funzionale e nutraceutica del latte bovino è diventata una priorità e la ricaduta finale dei risultati del progetto consisterà nel migliorare la percezione dell'alimento da parte del consumatore routinario, ma attento alle emergenti problematiche legate all'alimentazione, favorendo il consumo del latte e dei suoi derivati. L'obiettivo principale del progetto è quello di individuare animali che producano latte naturalmente arricchito in composti prebiotici bioattivi e principi protettivi ai fini di un miglioramento genetico per la valorizzazione di nuovi prodotti in sintonia con l'esigenza dei consumatori. Il miglioramento genetico animale presuppone la presenza (e la conservazione) della variabilità genetica che tende normalmente a diminuire con lo sviluppo degli schemi di selezione,

specie delle piccole popolazioni autoctone. Nell'ambito del progetto MIQUALAT sono in corso di svolgimento le valutazioni della variabilità genetica tra le razze bovine studiate sia a livello genetico, genomico che trascrittomico e le analisi di associazione (GWAS) tra differenze genetiche ed i fenotipi funzionali scelti [oligosaccaridi (3'-sialil-lattosio (3'-SL), 6'-sialil-lattosio (6'-SL), disialil-lattosio (DSL)), acidi sialici (N-Acetilneuraminico (Neu5Ac) e N-Glicolilneuraminico (Neu5Gc)), antiossidanti di origine endogena (glutazione, acido-  $\alpha$ -lipoico, tioli). Sono stati valutati anche i parametri standard per la qualità del latte (% grasso e proteine, lattosio, conta delle cellule somatiche) e gli acidi grassi. Nelle attività di ricerca è stata utilizzata la mandria sperimentale di bovini da latte basata sull'incrocio a rotazione delle razze Frisona e Pezzata Rossa presente al CREA Zootecnia e Acquacoltura sede di Monterotondo. Nel progetto sono stati effettuati campionamenti del latte a 60 e 120 giorni dal parto in circa 25/30 animali per ogni gruppo [Frisone in purezza (HO), Pezzate Rosse in purezza (SM), Incroci F1 (SMxHO)]. Oltre ai confronti tra i tre gruppi genetici sono stati utilizzati come "outgroup" 25 animali della Podolica (POD), razza bovina autoctona allevata al pascolo dalle grandi capacità adattative che unisce ad una grande rusticità e frugalità, la spiccata attitudine materna che si esprime attraverso la facilità di parto e la capacità di provvedere alla cura ed all'allattamento e difesa del vitello. Le analisi sul latte hanno mostrato una significativa biodiversità fenotipica sia tra le razze che nei momenti della lattazione considerati. Le preliminari analisi di GWAS hanno indicato "segnali" in alcuni geni interessanti potenzialmente associati con i fenotipi di interesse.

### Ringraziamenti

Il progetto MIQUALAT è stato finanziato dal MIPAAF con D.M. 16844/7100/2019.



## Analisi del pedigree nella bufala mediterranea italiana (*Bubalus bubalis*)

Gómez M.M.<sup>1\*</sup>, Cimmino R.<sup>1</sup>, Rossi D.<sup>1</sup>, Zullo G.<sup>1</sup>, Altieri D.<sup>1</sup>, Gombia Y.<sup>1</sup>, Biffani S.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Associazione Nazionale Allevatori Specie Bufalina, Via Petrarca, 42-44, 81100, Caserta, Italia

<sup>2</sup>Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria, National Research Council, Milano, Italy

\*Autore corrispondente: [m.gomezcarpio@anasb.it](mailto:m.gomezcarpio@anasb.it)

Parole chiave: Specie bufalina, demografia, analisi genealogica, variabilità genetica

Lo scopo del presente lavoro è stato quello di studiare la variabilità genetica e la struttura demografica della Bufala di razza Mediterranea Italiana (BMI), utilizzando le informazioni anagrafiche disponibili nella base dati dell'Associazione Nazionale Allevatori della Specie Bufalina (ANASB). A partire da un dataset comprendente 1018327 soggetti nati tra il 1935 ed il 2020 è stata identificata una popolazione di riferimenti composta da 19145 individui con genitori DNA compatibili e per questi sono stati calcolati i principali parametri demografici, di variabilità genetica e di completezza del pedigree al fine utilizzando il software ENDOG. L'intervallo generazionale medio nella popolazione di riferimento è risultato di  $5,9 \pm 3,1$  e  $6,2 \pm 2,9$  anni rispettivamente per i padri e le madri. I genitori noti conosciuti in prima, seconda e terza generazione sono risultati rispettivamente il 100%, 83% e 67%. Il numero massimo di generazioni conosciute è risultato di 7,3 e le generazioni equivalenti pari a 3,61. La consanguineità media nella popolazione di

riferimento è risultata di 0,97% mentre, la parentela media tra individui di 0,26%, con un tasso di consanguineità per generazione pari a 0,34%. La piramide dell'età nell'attuale popolazione contemporanea indica che la BMI è una specie longeva, infatti, gli animali tra 1 e 20 anni rappresentano il 94% della popolazione attuale. Allo stesso modo, è stato osservato che il numero di femmine di età compresa tra 1 e 10 anni è maggiore di quello dei maschi nella stessa fascia di età, mentre un comportamento opposto si verifica a partire dagli 11 anni, con un censimento più elevato di maschi. Il rapporto tra i sessi è risultato essere 1/1 mentre il tasso di rimonta femminile del 6%. In conclusione, dai risultati ottenuti è stato possibile verificare la longevità e la variabilità genetica della specie. Tali caratteristiche possono essere mantenute e migliorate nel tempo attraverso piani di accoppiamento aziendali ed utilizzando soggetti con genealogia certa.

## Nuove strategie di selezione per il bufalo mediterraneo italiano (*Bubalus bubalis*)

Zullo G.<sup>1\*</sup>, Cimmino R.<sup>1</sup>, Gómez M.<sup>1</sup>, Rossi D.<sup>1</sup>, Altieri D.<sup>1</sup>, Gombia Y.<sup>1</sup>, Biffani S.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Associazione Nazionale Allevatori Specie Bufalina, Via Petrarca, 42-44, 81100, Caserta

<sup>2</sup>Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Milano

\*Autore corrispondente: g.zullo@anasb.it

Parole chiave: Bufala Italiana, indici genetici, parametri del latte, mozzarella

Negli ultimi vent'anni la popolazione bufalina mediterranea italiana ha registrato un importante aumento (+ 121,5%; Database Anagrafe Nazionale Zootecnica, dicembre 2019), superando i sistemi di allevamento più consolidati (es. bovini da latte). L'allevamento di bufale in Italia, infatti, ha raggiunto livelli produttivi e qualitativi notevoli soprattutto grazie ad un'intensa e duratura attività di ricerca e sviluppo. L'alto contenuto di grassi del latte di bufala e le sue favorevoli proprietà di coagulazione hanno dato impulso alla produzione della mozzarella di bufala Campana DOP che nel 2019 ha raggiunto più di 50 tonnellate

([https://www.clal.it/en/?section=mozzarella\\_bufala\\_campana](https://www.clal.it/en/?section=mozzarella_bufala_campana)). Il miglioramento genetico implica la selezione di individui eccezionali dalla popolazione disponibile al fine di aumentare i rendimenti nelle generazioni future. Un modo per valutare i risultati di qualsiasi programma genetico è calcolare l'andamento genetico di una popolazione nel tempo. Lo scopo di questo studio è stato quello di indagare l'andamento genetico della produzione di latte, del contenuto di grassi e proteine e della resa in mozzarella di bufale nate nel periodo compreso dal 1988 al 2017, con controlli sul latte ufficialmente registrati e iscritte al Libro Genealogico dell'Associazione Nazionale Allevatori Specie Bufalina (ANASB). Il periodo trentennale è stato suddiviso in tre parti al fine di tracciare le tappe fondamentali della selezione nella Bufala Mediterranea italiana. Sono stati identificati tre decenni, vale a dire '88-'97, '98-'07 e '08-'17. I valori genetici predittivi sono stati stimati utilizzando la metodologia BLUP, adattando un modello animale

con osservazioni ripetute. Sono state utilizzate informazioni sulla produttività da 204.576 animali e 748.453 lattazioni. Le differenze tra i decenni sono state confrontate con il test ANOVA per ogni tratto analizzato. L'ultimo decennio ('08-'17) ha mostrato una differenza significativa (favorevole) per la produzione di latte, mentre per grassi, proteine e resa in mozzarella è stato ottenuto un risultato opposto ( $P < 0,01$ ). Non sono state osservate differenze tra i primi due decenni. I risultati osservati suggeriscono che l'attività di selezione, soprattutto dall'anno 2000 in poi, si è concentrata principalmente sulla produzione di latte, con una minore enfasi sulla qualità e sulla resa della mozzarella. Se un obiettivo di selezione incentrato principalmente sui livelli di produzione, ovvero i kg di latte, era la scelta ottimale per aumentare rapidamente il potenziale genetico della popolazione bufalina mediterranea italiana, è ora necessario un obiettivo di selezione più completo. Alla fine del 2018 ANASB ha infatti introdotto l'IBMI, un nuovo Indice di selezione aggregata per la Bufala Mediterranea Italiana. L'obiettivo di selezione dell'IBMI mira ad enfatizzare l'attitudine casearia, la produzione di latte e la morfologia funzionale degli animali. L'IBMI, infatti, vuole rappresentare un indice di selezione più completo ed equilibrato rispetto al passato, tenendo conto anche delle caratteristiche morfologiche legate al benessere degli animali, come i tratti degli arti, dei piedi e della mammella. L'applicazione di piani di accoppiamento ben orientati e basati sul nuovo indice di selezione può portare a un progresso genetico più elevato, con un andamento più equilibrato tra i diversi tratti produttivi.

## Sette sfumature di grigio: ricerca di segnali di selezione per caratteri di pigmentazione in razze zebuine

Senczuk G.<sup>1\*</sup>, Landi V.<sup>2</sup>, Mastrangelo <sup>3</sup>, Pilla F.<sup>1</sup>, Ciani E.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Università del Molise, Via Francesco De Sanctis 1, 86100, Campobasso

<sup>2</sup>Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università di Bari "Aldo Moro", SP per Casamassima, km 3 70010, Bari

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali, Università di Palermo, Viale delle Scienze 90128, Palermo

<sup>4</sup>Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica, Università di Bari "Aldo Moro", Via Amendola 165/a, 70126, Bari

\*Autore corrispondente: g.senczuk@unimol.it

Parole chiave: *Bos indicus*, grigio, SNP, selezione,  $F_{ST}$ -outlier, pigmentazione

Un fenotipo peculiare, di seguito denominato per brevità "grigio", che può essere osservato in svariate razze bovine nazionali ed estere, è caratterizzato dal colore fromentino del mantello del vitello alla nascita, colore che successivamente, dopo i primi mesi di vita, vira al grigio più o meno chiaro, per connotarsi, nella fase più matura, per la presenza di caratteristiche aree a pigmentazione eumelanica, in genere più evidenti nei soggetti di sesso maschile. Tale fenotipo si osserva sia in razze di origine zebuina che in razze di origine taurina e, al momento, non è noto se esso fosse presente già nel progenitore selvatico, se si sia originato in una delle due sottospecie e trasferito successivamente nell'altra per eventi di flusso genico o se sia frutto di eventi mutazionali, abbinati a fenomeni di selezione naturale e/o antropica, indipendenti. In un precedente studio (Senczuk et al. 2020), adottando un robusto approccio  $F_{ST}$ -outlier con marcatori *genome-wide Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), abbiamo identificato un set di segnali fortemente supportati di selezione differenziale tra razze a fenotipo "grigio" di origine taurina e razze a fenotipo non grigio, anche esse di origine taurina. Nel presente lavoro abbiamo adottato l'approccio già descritto, dapprima nel confronto a coppie tra razze a fenotipo grigio di origine zebuina (Bhagnari, Dajal, Guzerat, Hariana, Hissar, Kankrej, Tharparkar) e le quattro razze di origine taurina già impiegate in Senczuk et al. (2020) come razze di confronto, a fenotipo non grigio (Angus, Holstein, Charolais, Limousin). Sorprendentemente, nessun segnale significativo ( $q\text{-val}<0,05$ ) è emerso da questa analisi. Ipotizzando che ciò fosse ascrivibile al ridotto numero di campioni delle razze zebuine (circa 9-12 animali per razza), abbiamo ripetuto l'analisi confrontando ciascuna delle

4 razze taurine non grigie con una singola meta-popolazione (N = 52) di soggetti zebuini grigi. Come ipotizzato, in questo caso, una serie di loci con significativa evidenza di selezione differenziale sono emersi, confermando che la taglia della popolazione può influire, al di sotto di certi valori, nella capacità di indagine. Al fine di testare se, tuttavia, l'assenza di segnali significativi nel confronto tra singole razze zebuine grigie e singole razze taurine non grigie potesse essere, almeno in parte, riconducibile ad una eccessiva differenziazione genetica tra le due tipologie di razze a confronto (taurine vs. zebuine), abbiamo confrontato le singole razze zebuine grigie con la razza zebuina Saiwal, ottenendo, come ipotizzato, una serie di segnali significativi, di cui uno, riconducibile a due SNPs consecutivi sul cromosoma 6, condiviso dalla maggior parte delle razze zebuine grigie. Infine, abbiamo ripetuto l'analisi di confronto tra le singole razze zebuine grigie e le singole razze taurine non grigie trattenendo, tuttavia, come significativi i loci che cadevano nel miglior 1% dopo essere stati ordinati per valori di  $F_{ST}$ . In questo modo, una serie di segnali significativi è emersa e, in particolare, il segnale sul cromosoma 14 già precedentemente identificato come tra quelli maggiormente supportati nel confronto tra taurine grigie e taurine non grigie (Senczuk et al. 2020). Sebbene siano necessari ulteriori approfondimenti, l'evidenza di segnali condivisi sia per le razze grigie di origine taurina che per quelle di origine zebuina sembrerebbe deporre a sfavore dell'ipotesi che tale fenotipo possa essersi originato in maniera indipendente all'interno delle due sottospecie.

### Bibliografia

Senczuk et al. 2020. *Genes*, 11(8), 932.

## Polimorfismo *STAT5A* V686A in bovine di razza Modicana: effetti sulla produzione del latte in sistema estensivo e semi-intensivo

Tumino S.<sup>1\*</sup>, Moltisanti V.<sup>1</sup>, Valenti B.<sup>2</sup>, Bordonaro S.<sup>1</sup>, Marletta D.<sup>1</sup>, Avondo M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente, Università di Catania. Via Valdisavoia 5, 95123 Catania

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università di Perugia, Borgo XX Giugno 74, 06121 Perugia

\*Autore corrispondente: serena.tumino@unict.it

Parole chiave: latte, gene *STAT5A*, SNP, pascolo

Il gene *STAT5A*, che codifica per una proteina appartenente alla famiglia dei fattori di trascrizione intracellulare STATs, viene considerato un gene candidato per la produzione quali-quantitativa del latte in quanto regola la risposta cellulare alla prolattina attivando la trascrizione dei geni coinvolti nella sintesi delle proteine del latte. Tra i numerosi polimorfismi identificati nel gene bovino *STAT5A*, lo SNP g.12743T>C (Acc. Num. AJ237937), localizzato nell'esone 16, causa la sostituzione amminoacidica p.686Val>Ala (V686A) ed è risultato associato con produzione e qualità del latte nella Frisona polacca (Flisikowski et al. 2004). In questa indagine è stato caratterizzato il polimorfismo *STAT5A* V686A nella razza Modicana. In una successiva prova sperimentale gli effetti di tale polimorfismo sulla produzione del latte sono stati valutati in vacche allevate in sistema estensivo e in sistema semi-intensivo. Un campione di 187 bovine di razza Modicana è stato analizzato per il polimorfismo *STAT5A* V686A mediante PCR-RFLP secondo Flisikowski et al. (2004). Nella popolazione in esame l'allele V è risultato essere il più frequente (0,68 vs 0,32), in accordo con quanto riportato in diverse razze bovine (Flisikowski et al. 2003; Selvaggi et al. 2013; Selvaggi et al. 2017). La distribuzione dei genotipi non ha rispettato l'equilibrio genetico ( $\chi^2 = 13,01$   $P \leq 0,001$ ) il genotipo VV è più frequente (52%) seguito da VA (32%) e AA (16%). Per la prova sperimentale sono state selezionate 38 e 36 vacche omogenee per ordine e fase di lattazione allevate in 2 aziende dell'altipiano Ibleo, rispettivamente secondo il sistema estensivo e semi-intensivo. Nel sistema estensivo le vacche venivano mantenute al pascolo per circa 8 ore al giorno e in stalla ricevevano solo fieno, mentre nel sistema semi-intensivo le vacche erano mantenute al pascolo solo per 2 ore al giorno e la dieta comprendeva fieno e un'integrazione con mangime concentrato somministrato in stalla. Per la durata della prova, mensilmente, sul campione di 74

vacche è stata registrata la produzione giornaliera; la composizione del latte in termini di grasso, proteine, lattosio, caseina e urea è stata analizzata utilizzando uno spettrofotometro ad assorbimento infrarosso in trasformata di Fourier (Combi-foss 6000, Foss Electric, Hillerød, Danimarca). Nei campioni di latte individuale il profilo degli acidi grassi è stato ottenuto tramite gas-cromatografia come riportato da Valenti et al. (2019). Nel nostro campione, il polimorfismo *STAT5A* V686A non è risultato associato alla produzione e composizione del latte. Considerando la composizione degli acidi grassi del latte, il genotipo ha influenzato significativamente il contenuto di C17:iso, C18:1t11, C18:1c9, C24:0, C22:4 e trans ( $P < 0,05$ ). In particolare, il genotipo VV ha mostrato valori più elevati per il contenuto di C18:1t11, C18:1c9, C:18 e trans rispetto al genotipo AA, mentre situazione opposta è stata osservata per il contenuto di C22:4 e C:24. Nelle nostre condizioni sperimentali il sistema di alimentazione ha influenzato la produzione di latte, il contenuto in proteine è risultato significativamente più elevato nelle vacche allevate nel sistema semi-intensivo, mentre il lattosio è risultato più alto nel sistema estensivo. In riferimento alla composizione degli acidi grassi, gli animali alimentati esclusivamente al pascolo hanno mostrato un minor contenuto di SFA e una maggiore frazione di MUFA, PUFA e acidi grassi trans. Nessuna interazione è stata osservata quando il polimorfismo *STAT5A* V686A è stato considerato in relazione al sistema di allevamento.

### Bibliografia

- Flisikowski et al. 2003. *Cell Mol Biol Lett*, 8, 831–840.  
Flisikowski et al. 2004. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 22, 515–522.  
Selvaggi et al. 2013. *Intl J Biosci Biochem Bioinform*, 4, 341–344.  
Selvaggi et al. 2017. *Biochem. Genet.*, 55, 158–167.  
Valenti et al. 2019. *Animal.*, 13, 1332–1340.

## Valorizzazione e tutela della biodiversità zootecnica siciliana: ricerche su geni che influenzano la qualità del latte della razza bovina Cinisara

Tumino S.<sup>1\*</sup>, Bonanno A.<sup>2</sup>, Avondo M.<sup>1</sup>, Marletta D.<sup>1</sup>, Bordonaro S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente, Università di Catania. Via Valdisavoia 5, 95123 Catania

<sup>2</sup>Dipartimento Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali, Università di Palermo. Viale delle Scienze, Ed. 4, 90128. Palermo

\*Autore corrispondente: serena.tumino@unict.it

Parole chiave: Cinisara, latte, genetica, SNPs

La Sicilia presenta un ricco patrimonio di biodiversità zootecnica. Le razze e popolazioni autoctone sono legate ai prodotti lattiero-caseari tipici, legati a loro volta ai tradizionali sistemi di allevamento e tecniche di caseificazione. La razza Cinisara è una razza bovina autoctona siciliana a duplice attitudine, allevata principalmente nella provincia di Palermo e nota per la produzione del caciocavallo Palermitano P.A.T. (Prodotto Agroalimentare Tradizionale). Essa rappresenta una grande risorsa per la Sicilia Occidentale grazie alla sua estrema rusticità e adattabilità a pascolare nei territori più impervi. Protagonista, in passato di una prolungata e radiosa stagione produttiva, negli ultimi anni ha subito una notevole riduzione nel numero di capi, infatti nel 2011 il numero totale di femmine riproduttrici era pari a 4547 ridottosi a 2391 capi nel 2019 (DAD-IS, 2020). Nel presente studio sono stati analizzati, nella razza Cinisara, i polimorfismi genetici di alcuni geni coinvolti nel metabolismo dei lipidi e nella composizione del latte. Un campione di 58 vacche Cinisare allevate in 13 allevamenti della provincia di Palermo, sono state caratterizzate mediante PCR-RFLP per i polimorfismi ai seguenti loci lipogenici: *ABCG2-Y581S*, *GH-L127V*, *DGAT1-K232A* e *SCD1-A293V* (Komisarek et al. 2009; Komisarek et al. 2011). Il gene *DGAT1* codifica per un enzima chiave nella sintesi dei trigliceridi (CoA:diacylglycerol acyltransferase 1), *ABCG2* sembra essere coinvolto nel trasporto del colesterolo nel latte, mentre la *SCD1* codifica per  $\Delta 9$  desaturasi, enzima chiave nella desaturazione in posizione cis- $\Delta 9$  di alcuni acidi grassi; infine, l'ormone della crescita codificato dal gene *GH* svolge un ruolo importante nella lattazione e produzione di latte (Komisarek et al. 2009; Komisarek et al. 2011). I loci *SCD1-A293V*, *DGAT1-K232A* e *GH-L127V* sono

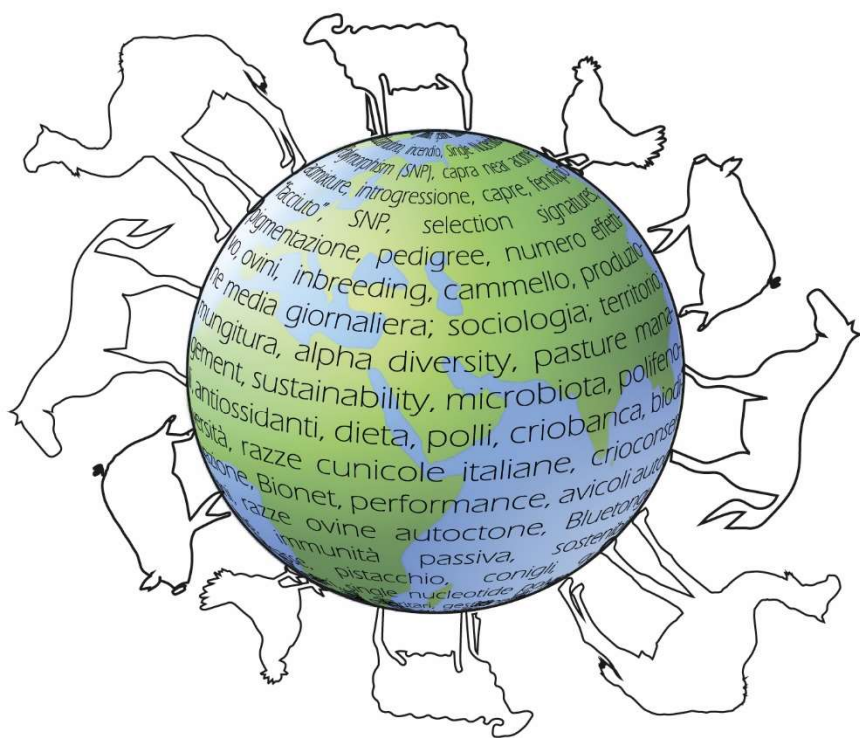
risultati polimorfi nel campione testato, mentre il locus *ABCG2-Y581S* è risultato monomorfo per l'allele 581Y. Al locus *GH* sono stati individuati 3 genotipi: LL (34%), LV (57%) e VV (9%), l'allele L è risultato essere il più frequente (63% vs 37%), in accordo secondo quanto riportato in letteratura in diverse razze bovine italiane tra cui Podolica e Modicana (Dario et al. 2008; Bordonaro et al. 2020). Al locus *DGAT1* sono stati identificati solo due genotipi: AA (78%) e AK (22%), la bassa frequenza dell'allele 232K (11%) è in accordo con i valori riportati per diverse razze italiane da latte e a duplice attitudine (Scotti et al. 2010; Valenti et al. 2019). Al locus *SCD1* sono stati identificati 3 genotipi: VV (40%), VA (41%) e AA (22%), con una frequenza del 60% l'allele V è risultato essere il più frequente come nelle razze Modicana e Podolica (Milanesi et al. 2008; Valenti et al. 2019). Il polimorfismo osservato a tutti i loci analizzati rispetta l'equilibrio genetico secondo la legge di Hardy-Weinberg. La caratterizzazione genetica della razza autoctona Cinisara riportata per la prima volta in questo studio conferma che tale razza rappresenta un importante serbatoio di biodiversità da tutelare e salvaguardare in relazione alla valorizzazione del territorio di allevamento e dei prodotti tipici di alta qualità che ne derivano.

### Bibliografia

- Bordonaro et al. 2020. *Animals*, 10, 1651.  
Dario et al. 2008. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 21, 1-5.  
Komisarek et al. 2009. *J. Appl. Genet.*, 50, 125-132.  
Komisarek et al. 2011. *Anim. Sci. Pap.*, 29, 29-36.  
Milanesi et al. 2008. *J. Anim. Breed. Genet.*, 125, 63-67.  
Scotti et al. 2010. *Ital. J. Anim. Sci.*, 2010, 9:e16.  
Valenti et al. 2019. *Animal*, 13, 1332-1340.



# Bio div ers ità zootechnica 2



## LIFE XERO-GRAZING: il pascolamento ovino per la conservazione della biodiversità in praterie aride delle Alpi Piemontesi

Nota G.<sup>1\*</sup>, Enri S.R.<sup>1</sup>, Pittarello M.<sup>1</sup>, Gorlier A.<sup>2</sup>, Lombardi G.<sup>1</sup>, Lonati M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari, Università di Torino. Largo Paolo Braccini 2, 10095 Grugliasco, TO

<sup>2</sup>School of Natural Resources and the Environment, University of Arizona. Tucson, AZ 85721, USA

\*Autore corrispondente: nota.ginevra@gmail.com

Parole chiave: biodiversità vegetale, habitat prioritari, gestione sostenibile, abbandono, incendio

L'abbandono delle pratiche agro-pastorali rappresenta una delle principali minacce per la conservazione delle praterie aride semi-naturali europee (classe *Festuco-Brometea*), tradizionalmente gestite a pascolo e/o sfalcio (Calaciura e Spinelli, 2008). Questi habitat sono caratterizzati da una biodiversità vegetale fra le più elevate al mondo (Wilson et al. 2012) e ospitano comunità animali altrettanto diversificate. L'abbandono delle aree marginali a cui si è assistito a partire dagli anni '50 del secolo scorso ha causato la degradazione, la frammentazione e la perdita di questi habitat, con conseguente diminuzione di biodiversità e funzionalità ecosistemiche. Infatti, l'assenza di prelievo di biomassa vegetale e l'accumulo di lettiera al suolo portano ad una modificazione della composizione vegetazionale, sfavorendo in particolare le specie eliofile di piccola taglia. Inoltre, le praterie abbandonate sono soggette a invasione da parte di specie legnose, con conseguente evoluzione delle stesse in arbusteti e poi boschi. Grazie al supporto del programma europeo LIFE (progetto LIFE12 NAT/IT/000818 'Xero-grazing'), nella primavera del 2015 il pascolamento ovino è stato reintrodotta, dopo circa 50 anni di abbandono, all'interno dei confini della ZSC IT1110030 'Oasi xerothermiche della Valle di Susa – Orrido di Chianocco' (45°08' N, 7°06' E, Piemonte) al fine di gestire 80 ha di praterie aride. Le praterie sono riferibili agli Habitat prioritari 6210(\*) e 6240\* (Direttiva 92/43/CEE), a dominanza rispettivamente di *Bromus erectus* e *Stipa pennata*, e ospitano, tra le altre, 23 specie di orchidee e molte specie ad areale mediterraneo di elevato interesse conservazionistico. Nell'autunno 2017, due anni dopo la ripresa del pascolamento, un incendio ha interessato la ZSC. Mediante rilievi vegetazionali su transetti lineari permanenti (Daget e Poissonet, 1971) effettuati nell'arco di quattro anni (2014, pre-pascolamento; 2016, un anno post-pascolamento; 2017, due anni post-pascolamento; 2018, un anno post-incendio), sono stati studiati gli effetti i) del pascolamento, applicando tre trattamenti lungo un gradiente di crescente intensità di disturbo: non pascolato, pascolato, aree di pernottamento del gregge, e ii) dell'incendio sulla vegetazione. In particolare, sono stati analizzati gli indici di

biodiversità (numero di specie totali e indice di Shannon) e il numero di specie e l'abbondanza di tre gruppi di specie target: (Calaciura e Spinelli, 2008) le specie delle praterie aride (classe *Festuco-Brometea*), la cui abbondanza denota un buono stato di conservazione degli habitat; (Wilson et al. 2012) le specie pioniere eliofile (classi *Koelerio-Corynephoretea* e *Thero-Brachypodietae*), che includono molte specie rare ad areale mediterraneo; e (Daget e Poissonet, 1971) le specie ruderali (classi *Agropyreteae intermedi-repentis*, *Artemisietae vulgaris* e *Stellarietae mediae*), connotate negativamente ai fini della valutazione dello stato di conservazione degli habitat. I dati raccolti sono stati analizzati con modelli misti generalizzati (fattori fissi: trattamento, anno, trattamento x anno; fattore random: transetto). Dopo due anni di pascolamento è stato osservato un aumento significativo delle specie pioniere eliofile nelle aree di pernottamento (in media, dal 2,1% al 9,6%), molto probabilmente a causa dell'azione meccanica del calpestamento che ha aperto la struttura vegetazionale favorendo la germinazione di queste specie. Anche l'incendio ha causato un aumento di questo gruppo di specie (dal 6,0% al 14,6%), parallelamente ad un aumento delle specie ruderali (dal 1,2% al 5,1%) e una diminuzione delle specie di praterie aride (dall'89,7% al 75,3%). Le specie pioniere e ruderali sono state probabilmente favorite dalla combustione di lettiera e biomassa verde, che ha creato microhabitat di suolo nudo. Gli indici di biodiversità non sono cambiati in seguito al pascolamento, mentre l'indice di Shannon è aumentato nelle praterie a dominanza di *B. erectus* dopo il passaggio del fuoco. I risultati del progetto LIFE Xero-grazing hanno evidenziato come il pascolamento possa favorire la creazione di un habitat diversificato, idoneo a supportare le specie eliofile minacciate dall'abbandono. Inoltre, la vegetazione delle praterie ha mostrato una buona resilienza nei confronti dell'incendio.

### Bibliografia

Calaciura e Spinelli 2008. *European Commission*: Brussels, Belgium.

Wilson et al. 2012. *J. Veg. Sci.*, 23, 796-802.

Daget e Poissonet 1971. *Ann. Agronom.*, 22, 5-41.



## Geni e storia: il caso della “Murciunara” e relazioni genetiche tra popolazioni caprine dell’Italia Meridionale

Tarricone S.<sup>1</sup>, Landi V.<sup>2</sup>, Ragni M.<sup>1\*</sup>, Giannico F.<sup>2</sup>, Rillo L.<sup>3</sup>, Matassino D.<sup>3</sup>, Crepaldi P.<sup>4</sup>, Marsico G.<sup>1</sup>, Ciani E.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali, Università di Bari “Aldo Moro”, Via Amendola 165/a, 70126, Bari

<sup>2</sup>Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università di Bari “Aldo Moro”, SP per Casamassima, km 3 70010, Bari

<sup>3</sup>ConSDABI, Località Piano Cappelle, Benevento

<sup>4</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali - Produzione, Territorio, Agroenergia, Università di Milano, Via Celoria, 2 20133 Milano

<sup>5</sup>Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica, Università di Bari “Aldo Moro”, Via Amendola 165/a, 70126, Bari

\*Autore corrispondente: marco.ragni@uniba.it

Parole chiave: *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), capra Nera Acorne, *admixture*, introgressione

Il nostro paese rappresenta da sempre un crocevia di diverse culture che hanno lasciato la loro traccia nelle nostre tradizioni e nel variegato panorama genetico zootecnico. Nel Tacco d'Italia è nota e anche molto discussa l'influenza di materiale genetico ovino di tipo Merino importato dalla Spagna e ritenuta alla base del processo di formazione della attuale razza Gentile di Puglia. Quanto alla specie caprina, sulla base di testimonianze orali, in Basilicata, l'introduzione di materiale genetico spagnolo potrebbe aver giocato un ruolo nella formazione di una popolazione locale, la capra Nera Acorne. Questa viene localmente definita come capra “murciunara”, una definizione dialettale che sembra echeggiare il termine “murciano” evocando quella che attualmente è definita in Spagna come razza Murciano-Granadina. Quest'ultima è allevata nel sud della penisola Iberica e condivide con la popolazione lucana, l'assenza di corna e il colore del mantello, a tinta unita e tendente al nero o marrone mogano. Negli ultimi 10 anni le importazioni di animali di questa razza nel nostro paese sono aumentate in quanto caratterizzata da spiccata attitudine lattifera. Tuttavia, il termine “murciunara” sembra essere di più antica origine e suggerirebbe, quindi, fenomeni di introduzione anteriori in Basilicata. Nell'ambito del progetto ValBiOviCap (PSR Regione Basilicata) si è proceduto quindi allo studio delle relazioni genetiche, mediante marcatori *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), tra razze caprine allevate in Puglia (Garganica e Jonica), Basilicata (Nera Acorne, Nera dalle Corna a Sciabola, Grigia di Potenza, Garganica Lucana e Facciuta Lucana) e Campania (Valfortorina), razze caprine del sud della penisola Iberica (Malaguena e Murciano-Granadina), e la razza Saanen. L'analisi NeighborNet, sia usando la distanza di Reynolds che quella di Nei, evidenzia una topologia che raggruppa “Garganica Lucana”, “Nera dalle Corna a Sciabola” e “Nera acorne”, quest'ultima la più prossima al resto delle popolazioni caprine, in particolare alla “Capra Grigia di Potenza”. La lunghezza del ramo di connessione della “Facciuta Lucana” sembra essere in relazione con l'elevato livello di *inbreeding* osservato in questa popolazione. L'analisi Netview ha

evidenziato, a bassi valori di  $k$  (5), clusters che per lo più raggruppano animali appartenenti a una singola popolazione, con l'eccezione di alcuni soggetti appartenenti a Garganica Lucana, Nera dalle Corna a Sciabola e Nera acorne che si collocano in un singolo gruppo. I soggetti di Valfortorina, sebbene raggruppati in un unico cluster, mostrano connessioni, mediate da un singolo animale di Garganica, con un piccolo cluster di composizione mista che include alcuni individui di Garganica, Capra Grigia di Potenza, Nera dalle Corna a Sciabola, Facciuta Lucana e Jonica. A  $k=15$ , tutte le popolazioni italiane si raggruppano, ad eccezione di Jonica e Facciuta Lucana, mentre, come atteso, le tre razze estere cadono in altrettanti gruppi separati. A  $k=60$ , gli animali di tutte le popolazioni cadono in un unico gruppo, ad eccezione dei soggetti di Facciuta Lucana che cadono in un gruppo distinto. L'analisi di clustering bayesiano conferma una elevata prossimità tra Garganica Lucana, Nera dalle Corna a Sciabola e Nera Acorne. Inoltre, una rilevante componente genomica, assegnata a priori alla Nera Acorne, è anche osservata in Grigia di Potenza e Jonica e, in minor grado, in Valfortorina. Interessante notare che Facciuta Lucana presenta una rilevante componente genomica, assegnata a priori a Malaguena, e che, in minor grado, questa componente è presente anche in Nera Acorne. Complessivamente, i risultati suggeriscono un significativo livello di prossimità genetica tra Garganica Lucana, Nera dalle Corna a Sciabola, Nera acorne e Capra Grigia di Potenza, mentre l'introgressione di materiale da altre razze (per Jonica e Facciuta Lucana), unitamente a fenomeni di consanguineità (per Facciuta Lucana), potrebbero spiegarne la maggiore differenziazione. I risultati forniscono evidenze di introgressione da razze spagnole in popolazioni lucane che potrebbero confermare l'ipotesi circa l'origine del nome “murciunara”; tuttavia, il fatto che l'influenza fosse mediata, nel nostro studio, da Malaguegna e non da Murciano-Granadina e fosse più marcata in Facciuta Lucana che in Nera Acorne, impongono ulteriori approfondimenti.

## Segnali di selezione per il fenotipo facciuto in alcune razze caprine italiane

Landi V.<sup>1\*</sup>, Tarricone S.<sup>2</sup>, Ragni M.<sup>2</sup>, Giannico F.<sup>1</sup>, Marsico G.<sup>2</sup>, Sarti F.M.<sup>3</sup>, Lasagna E.<sup>3</sup>, Ceccobelli S.<sup>4</sup>, Crepaldi P.<sup>5</sup>, Pilla F.<sup>6</sup>, Ciani E.<sup>7</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università di Bari "Aldo Moro"

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali, Università di Bari "Aldo Moro"

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università di Perugia

<sup>4</sup>Dipartimento Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università Politecnica delle Marche

<sup>5</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali - Produzione, Territorio, Agroenergia, Università di Milano

<sup>6</sup>Dipartimento di Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Università del Molise

<sup>7</sup>Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica, Università di Bari "Aldo Moro"

\*Autore corrispondente: vincenzo.land@uniba.it

Parole chiave: capre, fenotipo "facciuto", SNP, *selection signatures*, pigmentazione

La presenza di fasce a pigmentazione chiara, con decorso parallelo, in entrambi i lati della regione craniale è una caratteristica abbastanza diffusa in varie razze di origine europea e non solo. In Italia, tale fenotipo è relativamente diffuso da nord a sud della penisola. La disponibilità di dati genotipici a loci di Polimorfismi a Singolo Nucleotide (SNP) per razze caratterizzate da tale peculiarità nella pigmentazione del mantello ci ha permesso di affrontare lo studio delle regioni genomiche potenzialmente correlate con tale fenotipo, di seguito, per semplicità, definito "facciuto". Allo scopo, abbiamo adottato un robusto approccio basato sulla identificazione di segnali di selezione differenziale (*F<sub>ST</sub>-outlier*) in coppie di popolazioni caprine, ciascuna costituita da una popolazione a fenotipo "facciuto" (per un totale di 6 popolazioni: Facciuta lucana, Facciuta della Valnerina, Valfortorina, Teramana, Capestrina e Roccaverano) confrontata con una popolazione a fenotipo "non-facciuto" (per un totale di tre popolazioni a fenotipo "non-facciuto", Rossa Mediterranea, Saanen e Malaguena, scelte come rappresentative, rispettivamente, di fenotipo del mantello a colore unito bruno chiaro, bianco e mogano). Dall'analisi preliminare dei risultati è possibile riportare, per il confronto tra le sei razze a fenotipo "facciuto" e la Malaguena, la presenza di un segnale maggiormente supportato in corrispondenza del cromosoma 13 (circa 63 Mbp). L'analisi della regione  $\pm 100$  kbp a monte e a valle di tale regione ha permesso di identificare, tra i geni annotati, ASIP (*Agouti Signaling Protein*), AHCY (*Adenosylhomocysteine*) e ITCH (*Itchy E3 Ubiquitin Protein Ligase*). ASIP è noto per essere coinvolto nella regolazione della melanogenesi. Il legame della proteina a MC1R preclude il signalling avviato da alpha-MSH, bloccando la produzione di AMP ciclico e portando a down-regolazione della sintesi di eumelanine scure a favore della sintesi di feomelanine più chiare. Un precedente studio (Henkel et al. 2019) suggerisce il coinvolgimento di *Copy Number Variations* a livello o in prossimità del gene ASIP nel determinismo del pattern "facciuto" in

razze caprine svizzere. Il nostro risultato sembrerebbe, quindi, confermare, quanto precedentemente osservato in letteratura. Tuttavia, a nostro avviso, i risultati del presente studio meritano un ulteriore approfondimento in quanto non ci sembra trascurabile la presenza, nell'intervallo sopra citato, né del gene AHCY né del gene ITCH. Il primo, infatti, sebbene non direttamente correlato con la pigmentazione ma comunque associato a vitiligine (depigmentazione), è riportato anche come coinvolto in fenomeni di sviluppo embrionale anomalo a livello craniale. Analogamente, ITCH è riportato come coinvolto in fenomeni di dimorfismo facciale ma, in maniera ancora più interessante, il gene codifica per un membro della famiglia Nedd4 delle *HECT domain E3 ubiquitin ligases* coinvolte nei processi di turnover delle proteine cellulari attraverso il sistema ubiquitina-proteasoma-autofagia. Infatti, in un nostro precedente lavoro (Senczuk et al. 2020) condotto nella specie bovina alla ricerca di segnali potenzialmente coinvolti nel determinismo del fenotipo "grigio" (caratterizzato da peli con ridotta o assente pigmentazione), molti dei segnali identificati cadevano proprio in regioni genomiche dove risultavano localizzati geni responsabili o per la produzione di membri delle HECT domain *E3 ubiquitin ligases* (*HECW1*) o componenti dei complessi del sistema ubiquitina-proteasoma-autofagia. L'insieme di tali evidenze suggerisce che, anche nella specie caprina, l'assenza o la ridotta pigmentazione a livello delle fasce chiare ai lati della regione craniale potrebbe essere influenzata dall'azione, a livello embrionale, di alterati meccanismi di turnover cellulare mediati dal sistema ubiquitina-proteasoma-autofagia, associati ai fenomeni di migrazione dal tubo neurale delle cellule progenitrici dei melanosomi, a dare il tipico pattern "facciuto". Tale ipotesi necessita di ulteriori approfondimenti al fine di poter essere verificata.

### Bibliografia

Henkel et al. 2019. *PLoS Genet* 15(12), e1008536.

Senczuk et al. 2020. *Genes*, 11(8), 932.

## Indagine conoscitiva della diversità della razza asinina Martina Franca nell'ambito del territorio regionale pugliese

Landi V.<sup>1\*</sup>, Ciani E.<sup>2</sup>, De Palo P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università di Bari "Aldo Moro", SP per Casamassima, km 3 70010, Bari

<sup>2</sup>Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica, Università di Bari "Aldo Moro", Via Amendola 165/a, 70126, Bari

\*Autore corrispondente: vincenzo.land@uniba.it

Parole chiave: pedigree, numero effettivo, *inbreeding*

L'asino di Martina Franca (MF) è forse la razza asinina più emblematica del nostro paese ed è sicuramente quella che ha visto un crescente interesse nel suo allevamento negli ultimi anni. Il suo areale di allevamento è la valle d'Itria, per quanto oggi sia diffuso in tutta la Puglia. Il Libro Genealogico (LG) risale al 1943. Il suo utilizzo fino agli anni 60-70 era principalmente il lavoro ed in particolare l'utilizzo per le produzioni di muli per l'esercito. Con il declino di questi usi tradizionali, la popolazione ha visto una drastica riduzione del numero di individui allevati fino al principio degli anni '80 quando la tendenza si è nettamente invertita, grazie alle politiche di tutela delle razze autoctone, ma anche alle opportunità di produzione di latte come alimento neonatale e come materia prima per la cosmesi, oltre che all'uso di questa razza in onoterapia. La razza MF presenta estrema docilità, associata a grande rusticità, che permette di allevarla anche in aree marginali. Nel 2008 il numero totale di capi MF era di poco inferiore a 400. L'asino MF è stato classificato dalla FAO come "a rischio di estinzione" nel 2007 (Rischkowsky, 2007). Al giorno d'oggi si contano 1265 animali vivi iscritti al LG. Il declino della popolazione e il successivo espandersi hanno messo in evidenza il problema dell'incremento della consanguineità, con conseguente declino della salute genetica degli animali. Infatti, se pur il numero attuale di individui colloca la razza fuori del limite del rischio di estinzione grave, le strette relazioni genetiche tra le differenti linee di animali rende difficile gestire gli accoppiamenti e mantenere sotto una soglia di normalità la consanguineità. Uno studio del 2011 su dati di pedigree aveva già messo in evidenza questo problema (Rizzi, 2011). Oggi, anche alla luce delle nuove prospettive di utilizzo si vede necessario un monitoraggio più approfondito della variabilità genetica. Il presente studio è inserito nell'ambito del progetto di ricerca finanziato dalla regione Puglia – Gestione delle Risorse Forestali e Naturali "Attività di monitoraggio dell'*inbreeding* per la gestione dell'allevamento di asini di MF (DGR 1214 del 31/07/2020)". I dati utilizzati consistevano nel

pedigree storico della razza dall'anno 1929 al 2020 ed includeva 2211 animali (790 maschi e 1421 femmine) di cui 1413 soggetti vivi. Nel corso degli anni, 390 aziende sono state iscritte nel registro storico e attualmente 322 detengono soggetti vivi con un valore mediano di 1 soggetto per allevamento (media e deviazione standard  $5,68 \pm 24,34$  e minimo 1 e massimo 245). Dall'analisi del pedigree si evince che il numero di generazioni complete osservabili è di  $2,52 \pm 1,52$  (nella popolazione totale) e la percentuale di completezza della stessa è di 89%, 80%, 75%, e 58% dalla prima alla quinta generazione rispettivamente. Il numero effettivo di fondatori e il numero effettivo di antenati risulta, rispettivamente, di 12 e 15 nella popolazione totale e di 10 e 12 negli individui attualmente in vita. Dei fondatori, 4 nella popolazione totale e 5 nella popolazione in vita spiegano il 50% della variabilità. Focalizzando lo studio sugli allevamenti, si è osservato che 74 di questi sono risultati come fondatori ma il numero effettivo di aziende fondatrici è risultato solo di 1,7. Rispetto alla percentuale del tasso di evoluzione della popolazione, due aziende, entrambe pubbliche, spiegano 86,03% e 4,56%. A livello individuale si è osservato un livello di *inbreeding* dello 7,67% nella popolazione attuale (8,25% intera popolazione). Dai dati ottenuti si evince che la razza asinina MF, pur registrando un elevato numero di riproduttori e di aziende, richiede un alto livello di attenzione per tenere sotto controllo la consanguineità e distribuire in maniera più omogenea la variabilità genetica, per esempio, con un piano di accoppiamenti globale. In futuro, in base alle informazioni del presente studio, abbinate a strumenti molecolari, si potrà valutare con maggiore precisione l'*inbreeding* effettivo, basandosi sullo studio diretto del genoma, soprattutto in quelle linee genetiche dove i dati genealogici sono più incompleti.

### Bibliografia

Rischkowsky 2007. FAO. Rome. ISBN 9789251057629.  
Rizzi 2011. *Journal of Animal Science*, 89(5),1304-11.

## Analisi preliminare dei fattori di condizione della resa media giornaliera di latte nei cammelli Algeri

Navas González F.J.<sup>1,2</sup>, Derradji H.<sup>3</sup>; Iglesias Pastrana C.<sup>1</sup>, Ciani E.<sup>4\*</sup>, Landi V.<sup>5</sup>, Marin Navas C.<sup>1</sup>, Barba Capote C.J.<sup>6</sup>, Gaouar S.B.S.<sup>7</sup>, Delgado Bermejo J.V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, Córdoba, 14071 Spain

<sup>2</sup>The Andalusian Institute of Agricultural and Fisheries Research and Training (IFAPA), Alameda del Obispo, Córdoba, 14014 Spain

<sup>3</sup>Institut national de recherche agronomique algérien, Mahdi Boualam, Alger

<sup>4</sup>Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica, Università di Bari "Aldo Moro", Via Amendola 165/a, 70126, Bari

<sup>5</sup>Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università di Bari "Aldo Moro", SP per Casamassima, km 3 70010, Bari

<sup>6</sup>Department of Animal Production, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, Córdoba, 14071 Spain

<sup>7</sup>Laboratoire de physiopathologie et biochimie de la nutrition, Département de biologie, Université de Tlemcen

\*Autore corrispondente: [elena.ciani@uniba.it](mailto:elena.ciani@uniba.it)

Parole chiave: cammello, produzione media giornaliera, sociologia, territorio, mungitura

Lo scopo del presente studio era quello di eseguire un'analisi preliminare sui fattori di condizionamento della produzione di latte delle cammelle algerine. Lo studio è stato condotto da marzo 2018 a giugno 2019 per un totale di quindici mesi durante i quali sono stati effettuati controlli giornalieri della resa lattiera mattutina e pomeridiana su un totale di 276 cammelle. Il database comprendeva un numero di 221278 osservazioni. La produzione media giornaliera di latte era di  $3,96 \pm 1,49$  litri. L'inferenza bayesiana per ANOVA è stata utilizzata per testare gli effetti dell'agricoltore, l'ubicazione dell'azienda agricola, la tribù/frazione dell'agricoltore, il carattere della tribù dell'agricoltore, l'origine della mandria, le razze e gli ecotipi, la pratica di ingrasso, le preferenze di vegetazione, la stagione riproduttiva, il metodo di qualificazione AT4, il numero di controllo, momento di controllo, mese, stagione e anno sulla produzione media giornaliera di latte. Inoltre, l'inferenza bayesiana per la correlazione di Pearson è stata utilizzata per determinare la relazione tra la produzione di latte e l'età dell'allevatore, il numero di mandrie, il numero di maschi che si accoppiano, il numero di femmine che si accoppiano, il numero di femmine in gestazione, la durata della lattazione (mesi), il numero di femmine sotto controllo e il

numero di giorni dalla consegna al primo controllo. Bayesian ANOVA ha riportato evidenze degli effetti condizionanti di tutti i fattori testati sulla resa del latte nelle cammelle. Tuttavia, l'analisi dell'inferenza bayesiana per la correlazione di Pearson ha suggerito che più anziano è l'allevatore, minore è il numero di animali sotto la sua responsabilità (numero inferiore di mandrie, numero di maschi che si accoppiano, numero di femmine che si accoppiano, numero di femmine in gestazione, durata della lattazione (mesi), numero di femmine sotto controllo), tuttavia, si è verificata anche una produzione leggermente superiore e un prolungamento del periodo dal parto al controllo della prima mungitura. Maggiore è il numero di mandrie, maggiore è il numero di femmine e minore è il numero di maschi con una produzione di latte leggermente inferiore. Con l'aumentare del numero di femmine riproduttrici e gestanti, la produzione media giornaliera di latte mostra leggermente una tendenza al ribasso. I nostri risultati suggeriscono che fattori sociologici e territoriali e di manipolazione possono svolgere un ruolo decisivo nella produzione del latte di cammella, mentre altri fattori come quelli relativi al numero di animali e alla composizione e dimensione delle mandrie possono condizionarlo solo leggermente.

## Alpha diversity in animal production, an alternative model for small scale farming

Odintsov-Vaintrub M.

*Università di Teramo, Facoltà di Medicina Veterinaria. Località Piano D'accio, Teramo (TE), 64100*

*Autore corrispondente: [modintsovvaintrub@unite.it](mailto:modintsovvaintrub@unite.it)*

Parole chiave: alpha diversity, pasture management, sustainability

Alpha diversity is a measure that refers to the number of species in a local land unit and regarding wildlife and farmland alike. The modern farm specialization process simplified farm diversity, increasing its production efficiency and input dependency. This dependency is a risk in the farm business model (60% of production costs are on animal feed) and a weak point under the growing impact of climate change. The lack of resilience impacts the most small and medium-scale farmers. In their case, an alternative farm management model may prove more viable. The current work explores one of such models of alternative pasture management based on increasing alpha diversity on pasture for long-term economic sustainability. More specifically, the work focuses on using perineal pastures as a multi-layer habitat with several biological niches capable of carrying a variety of domestic animals. Therefore, a single area could be used as a feed source for several production chains when rotated using High-Intensity Short Durational Grazing (HISDG) pasture management protocol. The experimental site included an area of 3 ha with an average precipitation of 650 mm/year, average humidity of 70%, clay soil (ph. 5.5.), and a slope angle of 10-15° used as a pasture. Animal density was measured by animal unit (AU) per square meter per day of staying on the grazing area (AU m<sup>-2</sup> per day). Animals: 1) Poultry- Commercial hybrid (4 AU m<sup>-2</sup> per day). 2) Sheep- mixed breed lambs (1 AU m<sup>-2</sup> per day). Donkeys- yearlings (1 AU m<sup>-2</sup> per day). The production cycle lasted for 60 days, four days of successive pasture, and 56 recovery days. Animals were then sold locally for revenue analysis. Assessment protocols involved:

Animal welfare assessment; Welfare Quality® protocols for poultry, and AWIN protocol for sheep and equines. Sustainability assessment: A multi-factor sustainability assessment adapted from S.R Gliessman. Economic feasibility assessment: Was calculated per ha and overall gross and net revenue. Welfare assessment resulted in high scores for ethological parameters, natural behavior, and management-related stress while having low to medium scores regarding environmental management, weather impact, and security from predators. The overall score was similar to traditional high-quality outdoor production systems. Sustainability evaluation resulted highly positive for; Water management, Biodiversity, Soil health, Product diversity, Food security, and Personal satisfaction. While Pest equilibrium, Market Access, and Labor management were similar or slightly inferior to conventional production systems. The economic analysis resulted in gross revenue of 5,000 € and net 2,000 € per ha, covering investment costs (ROI) within the first production season. In conclusion, alpha diversity coupled with planned pasture management could provide a low-input and low-risk production method suitable for small-medium scale farmers (3-15 ha). Net income per ha was significantly higher than mono-crop systems while maintaining high sustainability and animal welfare levels. The production could be further expanded with the addition of other species (productive equines, pigs, pollinators, etc.), and economic feasibility further increased by coupling the production with short-chain distribution systems (farm to table services).

## Effetto di diete antiossidanti sulla biodiversità del microbiota fecale e di lettiera di polli da allevamento

Casagrande Pierantoni D.\*, Conti A., Roscini L., Corte L., Cardinali G.

<sup>1</sup>Università di Perugia, Dipartimento di Scienze Farmaceutiche, Borgo XX Giugno 74, Perugia

\*Autore corrispondente: [deboracasagrandepierantoni@gmail.com](mailto:deboracasagrandepierantoni@gmail.com)

Parole chiave: microbiota, polifenoli, antiossidanti, dieta, polli

La carne di pollame è una delle fonti proteiche animali più efficienti in termini di tasso di conversione mangime impiegato/incremento di peso corporeo dell'animale, questo, insieme ad altre caratteristiche, rende il pollame una delle principali fonti proteiche di origine animale nella dieta umana (Borda-Molina et al. 2016). La comunità microbica intestinale svolge un ruolo cruciale per la salute e per il corretto sviluppo dell'animale (Banerjee et al. 2018), ed è ormai assodato che una comunità microbica in salute partecipi allo sviluppo degli organi e al metabolismo dell'ospite, nonché al mantenimento della normale omeostasi fisiologica e della modulazione del sistema immunitario. Questa complessa comunità può essere facilmente manipolata da interventi xenobiotici, come ad esempio gli antibiotici, infezioni di patogeni, o dalla dieta (Kogut et al. 2019). Questo può portare a numerose malattie dell'animale e allo stesso tempo può fungere da fonte di infezioni per l'uomo (ad es. *Salmonella* e *Campylobacter*) nonché da serbatoio di patogeni resistenti a numerosi antibiotici. La corretta gestione della alimentazione degli animali e dell'ambiente in cui questi vengono allevati, è pertanto di fondamentale importanza per l'ottenimento di carni di buona qualità e microbiologicamente sicure. Al fine di mantenere bassi i rischi di contaminazione è importante che sia il pollame che l'allevamento stesso, siano privi di agenti patogeni. Una delle principali strategie di prevenzione e contenimento dei patogeni è la somministrazione di antibiotici agli animali il quale abuso però, negli anni, ha portato alla selezione di patogeni multiresistenti (Sapkota et al. 2014). Tra le strategie ultime per il

contenimento di microrganismi indesiderati si trova l'utilizzo di antiossidanti la cui somministrazione attraverso la dieta sembra essere una delle più promettenti (Karre et al. 2013). Il presente contributo vuole porre a confronto l'effetto di diversi antiossidanti come la vitamina E e due diverse miscele polifenoliche, sul microbiota intestinale di polli da carne. A questo fine, un totale di 150 pulcini di pollo da allevamento sono stati alimentati fino al 21 giorno con lo stesso mangime, per poi essere smistati in 4 gruppi alimentati con quattro alimentazioni diverse: una con mangime classico, una con mangime addizionato con vitamina E, e due con mangime addizionato con due diverse miscele polifenoliche. Abbiamo pertanto confrontato il microbioma fecale e di lettiera degli animali alimentati con le 4 diverse diete potendone osservare l'effetto sulla biodiversità e sull'eventuale presenza di potenziali patogeni. Insieme ai classici indici di alpha e beta diversità sono stati calcolati i rapporti tra le abbondanze di *phylum* target come i *Firmicutes* ed i *Bacteroides*, e di famiglie come le Lactobacillaceae ed entero batteri come Enterococcaceae ed Enterobacteriaceae.

### Bibliografia

- Borda-Molina et al. 2016. *Front. in microb.*, Dec 19, 7, 2033.  
Banerjee et al. 2018. *Microbiology*, 164(2), 142-153.  
Kogut et al. 2019. *Anim. Feed sci. and Tech.*, 250, 32-40.  
Sapkota et al. 2014. *Sci. of the tot. Env.*, 476, 387-392.  
Karre et al. 2013. *Meat Science*, 94.2, 220-227.

## Tutela delle razze cunicole italiane mediante l'implementazione della prima criobanca del seme a livello nazionale

Di Iorio M.<sup>1</sup>, Rusco G.<sup>1</sup>, Antenucci E.<sup>1</sup>, Schiavitto M.<sup>2</sup>, Marsia M.<sup>2</sup>, Iaffaldano N.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Università del Molise, Via F. De Sanctis 86100 Campobasso (CB)

<sup>2</sup>Associazione Nazionale Coniglicoltori Italiani (ANCI-AIA), Volturara Appula (Foggia)

\*Autore corrispondente: nicolaia@unimol.it

Parole chiave: criobanca, biodiversità, razze cunicole italiane, crioconservazione

In Italia, negli ultimi decenni, l'impiego delle razze di coniglio utilizzate per la produzione di carne si è progressivamente ridotto, questo è dovuto principalmente al fatto che gli allevamenti intensivi del coniglio da carne si basano esclusivamente sull'utilizzo di pochi ibridi commerciali. Pertanto, sono necessarie azioni mirate alla tutela e alla salvaguardia delle razze cunicole italiane al fine di contrastare la perdita di biodiversità. La crioconservazione del seme rappresenta una biotecnologia sicura ed efficace per la salvaguardia *ex situ* della biodiversità. La possibilità, infatti, di stoccare materiale seminale all'interno di vere e proprie banche del germoplasma facilita l'applicazione di programmi di conservazione delle specie animali minacciate o a rischio estinzione. A tal proposito, per quanto riguarda le razze cunicole italiane è stato finanziato un progetto nazionale dal titolo "La Coniglicoltura del futuro: benessere e sostenibilità degli allevamenti cunicoli italiani" (Cun-Fu) che prevede la realizzazione della prima criobanca nazionale del seme delle razze cunicole italiane. Le operazioni di raccolta delle dosi di seme da avviare alla criobanca sono state effettuate attraverso la partecipazione a fiere/manifestazioni a livello nazionale o locale. Queste attività hanno visto il coinvolgimento dello staff di Zooculture dell'Università del Molise, coadiuvato dal personale tecnico dell'ANCI (deputato alla raccolta del seme), nel congelamento delle dosi di seme dai donatori presenti negli eventi dove è stato possibile trovare allevatori custodi di razze cunicole autoctone. Ad ogni evento si è allestito, presso un locale pulito, un laboratorio mobile dove sono state effettuate le varie operazioni di valutazione e crioconservazione del seme. Il prelievo del seme è stato effettuato da parte degli operatori dell'ANCI mediante l'utilizzo di una vagina artificiale. I campioni di seme ritenuti idonei sono stati poi avviati alla successiva fase di crioconservazione che è avvenuta seguendo la procedura messa a punto presso il laboratorio di Zooculture. Il seme dapprima è stato raffreddato a 5° C per 90 minuti, successivamente è stato diluito nel rapporto 1:1 (v:v) con un extender costituito da TCG (Tris-Acido Citrico-Glucosio) contenente il 16% di

Dimetilsolfossido (DMSO) e lo 0,1 M di saccarosio. Il seme diluito è stato aspirato in straws da 0,25 mL ed equilibrato a 5° C per 45 minuti. Infine, le dosi di seme sono state esposte ai vapori di azoto per 10 minuti mediante una griglia flottante alta 5 cm prima di essere immerse completamente in azoto liquido (-196) e trasferite all'interno di un contenitore criogenico. Per una corretta costituzione e successiva gestione della criobanca ogni dose di seme (straw) è stata identificata mediante un codice alfa-numerico, dove erano riportate le informazioni relative alla razza e al soggetto donatore. Le dosi di seme raccolte durante questi eventi costituiscono attualmente la prima criobanca del seme di razze cunicole italiane. Nell'arco dei tre anni del progetto sono state stoccate 1180 dosi di seme provenienti da 321 soggetti appartenenti a 33 razze. Attualmente la criobanca del seme è ubicata presso il centro genetico di Volturara Appula (Foggia) sotto il diretto controllo dello staff dell'ANCI che è responsabile del mantenimento e monitoraggio delle dosi di seme. Le dosi di seme presenti nella criobanca potranno essere impiegate: 1) per la ricostruzione di linee genetiche rare in caso di estinzione o drastica riduzione della popolazione, 2) per consentire il *backup* di popolazioni conservate *in vivo* in caso di problemi genetici come a esempio la consanguineità e problemi di deriva genetica. Alla luce dei risultati raggiunti durante il progetto, risulta auspicabile continuare le attività di stoccaggio di dosi di seme all'interno della criobanca. La priorità deve essere, comunque data a quelle razze che secondo la classificazione della FAO (2003) si trovano nella categoria di rischio critica o minacciata. Al fine di rafforzare l'utilità della criobanca del seme di razze cunicole, sarebbe opportuno proseguire con le attività di ricerca per standardizzare ulteriormente il protocollo di crioconservazione utilizzato nel corso del progetto al fine di individuare la concentrazione spermatica ottimale per ogni dose di seme stoccata.

### Ringraziamenti

Lavoro finanziato dal progetto "La Coniglicoltura del futuro: benessere e sostenibilità degli allevamenti cunicoli italiani" (Cun-Fu).

## Confronto delle performance riproduttive di razze di *Gallus gallus* del progetto Bionet

Sartori A.<sup>1\*</sup>, Baruchello M.<sup>1</sup>, Carnio D.<sup>2</sup>, Venuda M.<sup>3</sup>, Fontanive L.<sup>3</sup>, Corso G.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Veneto Agricoltura, Agenzia Veneta per l'innovazione nel settore primario, Viale dell'Università 14 Legnaro (PD)

<sup>2</sup>I.S.I.S.S Domenico Sartor, via Postioma di Salvarosa 28 Caltelfranco Veneto (TV)

<sup>3</sup>I.I.S. Della Lucia, via Vellai Feltre (BL)

<sup>4</sup>I.I.S Duca degli Abruzzi, via M. Merlin 1 Padova (PD)

\*Autore corrispondente: [sartori.alberto@virgilio.it](mailto:sartori.alberto@virgilio.it)

Parole chiave: Bionet, performance, avicoli autoctoni veneti

Con il programma Bionet, Rete regionale per la biodiversità di interesse agrario e alimentare del Veneto, la Regione Veneto ha finanziato la conservazione delle risorse animali autoctone locali a rischio di estinzione o di erosione genetica. Tra queste 15 sono le razze avicole autoctone attualmente allevate presso 4 centri pubblici: Azienda Pilota e dimostrativa di Ceregnano (Rovigo) dell'Agenzia veneta per l'innovazione nel settore primario, azienda agraria dell'Istituto Agrario "Duca degli Abruzzi" di Padova, azienda agraria dell'Istituto Agrario "Domenico Sartor" di Castelfranco Veneto (Treviso) ed azienda agraria dell'Istituto Agrario "A. Della Lucia" di Feltre (Belluno). L'attività di conservazione prevede l'applicazione di schemi di riproduzione finalizzati a garantire il mantenimento della più ampia variabilità genetica delle risorse, attraverso la suddivisione degli animali di ciascuna razza in gruppi o famiglie di riproduzione (2 famiglie per razza) con precisi rapporti tra maschio e femmina in funzione anche delle *Ne* (*Ne*: numerosità effettiva, ovvero rapporto tra maschi e femmine in età riproduttiva disponibili), determinante il grado di consanguineità. Solitamente l'entrata in ovideposizione parte attraverso la forzatura luminosa dal mese di gennaio (in alcune razze può essere anticipata a novembre-dicembre) e prosegue sino al mese di aprile-maggio, dopo di che l'attività viene bloccata per favorire un rapido allontanamento dei riproduttori finalizzato a ridurre i rischi di trasmissione di patologie, come le micoplasmosi, al giovane novellame, oltre che garantire maggiori spazi di allevamento allo stesso. Tra le 15 razze, oltre ad

anatidi, oche, tacchini e faraone, 9 sono le razze di pollo (sp. *Gallus gallus*) in conservazione: pollo Robusta Lionata (PRL), pollo Robusta Maculata (PRM), pollo Ermellinata di Rovigo (PER), pollo Padovana nei mantelli camosciato (PPC), dorato (PPD), argentato (PPA), pollo Polverara nei mantelli bianco (PPB) e nero (PPN), pollo Millefiori di Lonigo (PMF) e pollo Pepoi (PPP). Mettendo a confronto l'ovideposizione delle nove razze dei 4 centri si è riscontrato che la PER è la razza più produttiva in termini di numero di uova prodotte, con una percentuale media di deposizione del 52% per ciclo produttivo. Il dato conferma l'indirizzo produttivo della razza che era stata selezionata negli anni 50 come linea femminile da incrocio per la produzione di uova. Tutte le altre razze si sono attestate a valori medi compresi tra il 47 e 41%, con interessanti produttività delle razze ciuffate, in particolare PPA e PPN. La razza meno produttiva è risultata essere la PRL, confermando il suo indirizzo più per la produzione della carne; infatti la razza era stata selezionata come linea maschile per gli incroci da carne. Valutando la percentuale di schiusa sulle uova feconde è risultata essere più elevata nelle PPD, PER e PMF, con valori medi anche oltre il 90% mentre in tutte le altre razze la percentuale è risultata compresa tra il 77 e 84%, ad eccezione delle razze robuste PRL e PRM con valori tra il 60 e 70%, a conferma della più scarsa prolificità delle razze robuste (es. PRL) già sottoposte in passato ad interventi di rinsanguamento per migliorarne la prolificità.



## Conservazione delle razze ovine venete: performance riproduttive ed immunità passiva nei giovani riproduttori del progetto Bionet

Schiavon E.<sup>1\*</sup>, Bondesan V.<sup>2</sup>, Sachet G.<sup>2</sup>, Sartori A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Viale dell'Università, 10 Legnaro (PD)

<sup>2</sup>Veneto Agricoltura, Agenzia Veneta per l'innovazione nel settore primario, Viale dell'Università, 14 Legnaro (PD)

\*Autore corrispondente: [eschiavon@izsvenezie.it](mailto:eschiavon@izsvenezie.it)

Parole chiave: razze ovine autoctone, *Bluetongue virus*, immunità passiva

Con il programma Bionet, Rete regionale per la biodiversità di interesse agrario e alimentare del Veneto, la Regione Veneto ha finanziato la conservazione delle risorse animali e vegetali autoctone locali a rischio di estinzione o di erosione genetica. Tra le risorse animali sono conservate 4 razze ovine: Alpagota, Brogna, Lamon e Foza o Vicentina, presso 2 centri di conservazione. In particolare presso l'azienda pilota e dimostrativa di Villiagio, Sedico (BL) di Veneto Agricoltura sono allevate tutte e quattro le razze mentre presso l'azienda agraria dell'Istituto della Lucia a Vellai, Feltre (BL), è allevata esclusivamente la razza Lamon. Il progetto prevede azioni di conservazioni ed azioni di caratterizzazione in particolare sanitaria, funzionali alla conservazione. Tra le azioni di conservazione vi sono la gestione della riproduzione con turnazione di maschi, per cercare di controllare la consanguineità, l'andamento delle gravidanze con ripetute analisi strumentali per tenere sotto controllo la prolificità delle razze e la gestione dei parti e relativi accrescimenti degli agnelli, per garantire la rimonta futura. Le azioni di caratterizzazione sanitaria sono seguite dall'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie. Presso l'azienda di Villiagio inserita in un'area con importante rischio Blue Tongue si è andati ad evidenziare il trasferimento anticorpale dei giovani agnelli autoctoni. A tale scopo è stata effettuata una valutazione della copertura anticorpale nei riproduttori vaccinati e negli agnelli tramite l'osservazione degli incrementi/decrementi anticorpali nell'arco di un periodo di tempo di circa 5 mesi. Questo è stato possibile attraverso lo screening sierologico su alcuni riproduttori femmine e sui loro agnelli nel periodo dai 15 ai 135 giorni d'età. La ricerca sierologica nei confronti di *Bluetongue virus* è stata effettuata mediante kit commerciale ELISA in 48 agnelli delle 4 razze autoctone. Il fine ultimo di tale attività è stato quello di individuare il picco di decremento degli anticorpi materni, identificato come momento ideale per la vaccinazione degli agnelli. Per ogni razza e per ognuno dei 10 prelievi è stata eseguita la media delle rilevazioni di tutti i 12 soggetti campionati allo scopo di poter ottenere per ogni

prelievo un valore puntuale che potesse fungere da termine di confronto tra un campionamento e l'altro e che potesse dare un'idea dell'andamento della copertura anticorpale nella singola razza. Grazie al confronto tra le curve di decremento degli anticorpi è stato inoltre possibile evidenziare le eventuali differenze di razza. Per quanto riguarda la razza Lamon non si riscontra una variazione della copertura anticorpale fino ai 45 giorni. Successivamente si osserva un costante seppur modesto calo fino ai tre mesi. Dall'analisi dei risultati emerge come la perdita totale della copertura anticorpale avvenga a circa 120 gg, momento a partire dal quale i test sierologici riportano la sieronegativizzazione dei campioni analizzati. Nella razza Brogna la copertura anticorpale media di partenza è pari all'81%. Tale valore cala progressivamente nei primi tre mesi con un andamento pressoché costante, per annullarsi dai 150 gg in poi. L'andamento dei titoli anticorpali medi nella razza Alpagota si discosta leggermente da quello riportato nelle altre razze. In questa razza il calo della curva anticorpale è repentino già a partire dal secondo mese di vita per annullarsi completamente al terzo mese. La razza Foza presenta delle differenze sul decremento dell'immunità materna. Nella razza avviene infatti un picco di protezione al terzo mese, poi il titolo anticorpale declina, fino alla completa negativizzazione che avviene al quarto mese. Dall'analisi complessiva dei risultati è emerso che per Lamon, Brogna e Foza la sieronegativizzazione avviene dai tre mesi d'età degli agnelli fino al quarto mese, mentre per Alpagota invece già dal secondo mese i soggetti risultano mediamente non coperti e si verifica la sieronegativizzazione al terzo mese. Pertanto l'approccio operativo ottimale per evitare l'interferenza dell'immunità materna col vaccino risulta essere quello di effettuare generalmente la vaccinazione degli agnelli a distanza di circa 90 giorni dall'assunzione del colostro, ad eccezione della razza Alpagota, la quale richiede una vaccinazione più precoce (a circa 40 giorni dall'assunzione del colostro) in modo da avere un significativo calo della copertura anticorpale materna.

## Efficienza di un set ridotto di marcatori SNPs come strumento per il controllo genealogico e per l'identificazione individuale nella specie *Camelus dromedarius*

Ciani E.<sup>1\*</sup>, Senczuk G.<sup>2</sup>, Mastrangelo S.<sup>3</sup>, Pilla F.<sup>2</sup>, Landi V.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica, Università di Bari "Aldo Moro"

<sup>2</sup>Dipartimento di Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Università del Molise, Campobasso

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali, Università di Palermo

<sup>4</sup>Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università di Bari "Aldo Moro", SP per Casamassima, Bari

\*Autore corrispondente: elena.ciani@uniba.it

Parole chiave: dromedari, *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), test di paternità, rintracciabilità

Il dromedario rappresenta in molti paesi una risorsa fondamentale in grado di garantire produzione di latte, carne, pelle, lana e forza-lavoro anche in condizioni pedo-climatiche difficili. Inoltre, il dromedario trova utilizzo nell'ambito dello sport e nell'ambito dei concorsi di bellezza. Alla luce di ciò, la disponibilità di sistemi basati sull'uso di marcatori genetici per assegnazione popolazionistica, controllo genealogico e identificazione individuale è fondamentale per: (i) comprendere la struttura genetica delle popolazioni e le implicazioni in termini di conservazione della diversità genetica; (ii) accompagnare i processi di selezione finalizzati a intensivizzazione produttiva, miglioramento di performance sportive o attributi morfologici-estetici, attraverso la verifica delle informazioni genealogiche; (iii) assicurare l'appartenenza di materiale seminale ad un determinato riproduttore di particolare pregio, per accertare le informazioni anagrafiche ai fini del monitoraggio epidemiologico-sanitario, per garantire la rintracciabilità delle carcasse lungo i canali distributivi. A tale scopo panel di marcatori microsatelliti sono stati implementati con successo nella verifica delle genealogie di soggetti destinati a competizioni sportive. Tuttavia, l'aumentata disponibilità di marcatori *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) permette di immaginare per i prossimi anni una transizione in loro favore in quanto caratterizzati da un'altissima riproducibilità intra- e inter-laboratorio. Inoltre, una transizione verso la genotipizzazione di loci SNP potrebbe fare da apripista, dal punto di vista tecnologico, alla produzione di genotipi utili anche per studi di associazione fenotipica e conseguente comprensione delle basi molecolari di caratteri di adattamento, morfo-funzionali e produttivi di una specie ancora poco esplorata da questo punto di vista. Nel presente lavoro, riportiamo i parametri qualitativi di quattro set di marcatori SNP (N=12, 24, 48 e 96) potenzialmente implementabili in schemi di controllo delle genealogie e/o identificazione individuale. Partendo da un dataset precedentemente generato (Lado et al. 2020) di 95 dromedari campionati in 19 paesi, genotipizzati a 19480 loci, si è proceduto a definire attraverso il

software Tres i sopra citati pannelli di loci, selezionati in base al loro potere discriminante ( $F_{ST}$ ). Dapprima, confrontando le matrici dei coefficienti di assegnazione popolazionistica ottenute per ciascuno dei quattro set di loci con quelli del set complessivo, abbiamo stimato i coefficienti di similarità (Jakobsson e Rosenberg, 2007) che erano pari a 0,69, 0,71, 0,74 e 0,80, rispettivamente, indicando la necessità di utilizzare un numero di SNPs altamente informativi almeno superiore al centinaio per studi di assegnazione popolazionistica in questa specie, in ragione della sua peculiare storia evolutiva. Quindi, abbiamo valutato l'efficacia dei quattro set come strumento per il controllo genealogico attraverso la stima delle probabilità di non-esclusione (PNE). In particolare, nel caso di un solo genitore putativo (e l'altro ignoto) PNE era pari a 0,54, 0,34, 0,15 e 0,029 per il set di 12, 24, 48 e 96, rispettivamente. Nel caso di un genitore putativo (e l'altro noto) PNE era pari a 0,22, 0,06, 0,007 e 0,000099, rispettivamente. Nel caso di entrambi i genitori putativi PNE era pari a 0,079, 0,0099, 0,0002 e 0,00000014, rispettivamente. I risultati sono in linea con studi analoghi (Heaton et al. 2014; Talenti et al. 2016) in altre specie e suggeriscono il set di 96 loci come sufficientemente efficace per controllo genealogico. Infine, la probabilità di non-identità era pari a 0,00100841,  $0,00000411$ ,  $1,696 \times 10^{-10}$  e  $6,011 \times 10^{-16}$  rispettivamente, suggerendo che sia il set di 96 loci che quelli a minore numerosità potrebbero trovare immediata applicazione pratica ai fini della identificazione individuale. In particolare, l'uso del set con 12 loci potrebbe trovare applicazione anche in laboratori non particolarmente sofisticati mediante uso di strumenti per elettroforesi capillare o end-point quantitative PCR.

### Bibliografia

Lado 2020. *Communications Biology*, volume 3, Article number: 387.

Jakobsson e Rosenberg 2007. *Bioinformatics*, Jul 15 2007, 23(14).

Heaton 2014. *PLoS One*, 9(4), e94851.

Talenti 2016. *J. Dairy Sci.*, 99, 3646–3653.

## Il cavallo di razza murgese: aggiornamento demografico e della struttura di popolazione

Bramante G.<sup>1\*</sup>, Carchedi G.<sup>2</sup>, Ciani E.<sup>3</sup>, Pieragostini E.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>ANAMF-Associazione Nazionale Allevatori del Cavallo delle Murge e dell'Asino di Martina Franca, C/da Ortolini Zona L, 14, 74015 Martina Franca, Taranto

<sup>2</sup>AIA-Associazione Italiana Allevatori, Via Tomassetti 9, 00161 Roma

<sup>3</sup>Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica, Università di Bari, Via Orabona 4, 70125 Bari

<sup>4</sup>Già Dipartimento di Emergenza e dei Trapianti di Organo, Sezione di Cliniche Veterinarie e Produzioni Animali, Università di Bari, Strada Provinciale per Casamassima, km 3 - 70010 Valenzano Bari

\*Autore corrispondente: knowout@gmail.com

Parole chiave: cavallo Murgese, dati genealogici, consanguineità

La popolazione equina autoctona delle Murge, identificata nella razza Murgese, è caratterizzata da cavalli con mantello nero o raramente roano, allevati principalmente in Puglia. Tale razza gode di caratteristiche conformazionali e comportamentali estremamente versatili, così da avere la possibilità di individuare, nella popolazione, linee mesodolicomorfe in grado di associare ai larghi diametri trasversali un portamento elegante, rendendo la razza estremamente interessante dal punto di vista sportivo. Fino alla fine degli anni '60 era considerata esclusivamente una razza da lavoro, successivamente, negli anni '70 ed '80, la sua destinazione era stata riconvertita principalmente verso la produzione di carne. Dagli anni '90 in poi si è assistito ad un sempre crescente interesse del mondo sportivo e del mondo dell'equitazione da tempo libero. Il primo registro ufficiale del cavallo Murgese fu stabilito nel 1926. Tutti i cavalli Murgesi attuali risalgono a un ridotto numero di fondatori (46 fattrici e 9 stalloni). Gli anni '70 hanno visto la razza in forte declino demografico tanto da individuare un collo di bottiglia, attraversato dalla popolazione. Nel 1990 il Ministero delle risorse agricole e forestali istituisce il Registro Anagrafico delle popolazioni equine identificate come gruppi etnici locali (Gandini e Rognoni, 1997) fra i quali viene incluso il Cavallo Murgese. Nel 2008, l'Associazione Italiana Allevatori (AIA) istituisce il Libro Genealogico della popolazione equina delle murge. Un ruolo fondamentale nella conservazione e gestione genetica della razza è da attribuire all'Istituto di Incremento Ippico di Foggia (IIP, Foggia), fondato nel 1926 a Foggia, ed all'Associazione Nazionale Allevatori dell'Asino di Martina Franca e del Cavallo Murgese (ANAMF), istituita nel 1948 a Martina Franca, in provincia di Taranto. Il presente studio ha l'obiettivo di aggiornare le informazioni disponibili circa la struttura genetica della razza equina delle Murge, utilizzando i dati genealogici aggiornati disponibili, con particolare riferimento al livello di consanguineità esistente nella popolazione. L'indagine genealogica è stata effettuata con il software ENDOG48, il dataset

anagrafico utilizzato per l'analisi era composto di 6160 animali nati nel periodo che va dalla istituzione del primo registro anagrafico per la razza Murgese al 2019. I risultati hanno evidenziato i seguenti parametri: popolazione base (individui con uno o entrambi i genitori sconosciuti) pari a 364 individui, numero effettivo di popolazione riferito ai fondatori pari a 39,62, coefficiente di consanguineità medio degli individui (F) pari a 5,02%, relazione additiva media (AR) tra gli individui pari a 9,46, numero massimo di generazioni individuate pari a 9,73, numero di generazioni complete individuate pari a 3,64, numero di generazioni equivalenti pari a 5,65, numero di ascendenti che spiegano il 50% della variabilità nella popolazione pari a 7. Nell'intero data set sono stati individuati lo 0,03% di accoppiamenti tra fratelli pieni, l'1,8% di accoppiamenti tra mezzi fratelli e lo 0,41% di accoppiamenti tra genitori-figli. Analoghi studi sono stati condotti nel 2005 (Pieragostini et al. 2005), nel 2017 (Bramante et al. 2017) e nel 2019 (Bramante et al. 2019), riportando rispettivamente valori di F pari a 1,016, 4,46 e 4,82 e valori di AR pari a 8,51 e 9,14, rispettivamente per il 2017 ed il 2019. I valori riferiti al numero di generazioni individuate nel data set genealogico descrivono un pedigree profondo. L'evidente trend in salita dei parametri F ed AR impone una riflessione sullo stato in cui versa la struttura genetica della razza Murgese. Al fine di ridurre gli effetti indesiderati della consanguineità, è necessaria una razionale gestione genetica della razza, con un uso più bilanciato di tutto il germoplasma attualmente disponibile.

### Bibliografia

Gandini e Rognoni 1997. *Atlante etnografico delle popolazioni equine e asinine italiane per la salvaguardia delle risorse genetiche*. Ed Cittàstudiedizioni, Torino.  
Pieragostini et al. 2005. *Ital J Anim Sci*, 4, 197-202.  
Bramante et al. 2017. *Ital J Anim Sci*, 16, p 167.  
Bramante et al. 2019. *Book of Abstracts of the 70<sup>th</sup> Annual Meeting of the European Federation of Animal Science*.



# Bio div ers ità in ambiente

acquatico



## Tratti ecosistemici investigati con un modello di rete trofica nel Golfo di Taranto (Mar Ionio Settentrionale, Mediterraneo Centrale)

Ricci P.<sup>1,2\*</sup>, Cascione D.<sup>1,2</sup>, Cipriano G.<sup>1,2</sup>, Ingrosso M.<sup>1,2</sup>, Tursi A.<sup>1,2</sup>, Carlucci R.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Biologia, Università di Bari Aldo Moro Campus Universitario Via Edoardo Orabona, 4 70125 Bari

<sup>2</sup>CoNISMa, Piazzale Flaminio, 9 00196 Roma

\*Autore corrispondente: pasquale.ricci@uniba.it

Parole chiave: maturità ecosistema, *Ecopath with Ecosim*, *System Omnivory Index* (SOI), Efficienza di Trasferimento (TE)

L'*Ecosystem-based management* è un approccio di gestione del territorio che mira a preservarne funzionalità e resilienza di un ecosistema, garantendo al contempo i servizi necessari all'uomo (Cormier et al. 2017). In questo contributo sono state valutate le caratteristiche ecosistemiche della rete trofica del Golfo di Taranto (GoT, Mar Ionio Settentrionale) tramite indicatori ecologici, stimati attraverso l'approccio modellistico a bilancio di massa (*Ecopath with Ecosim*), in grado di misurare la complessità e la maturità del sistema (Christensen et al. 2004). Il modello realizzato per il GoT comprende il periodo 2010-2014 e copre un'area di 7745 km<sup>2</sup> in un intervallo di profondità tra 10 e 800 m (Carlucci et al. 2020). Il sistema è descritto tramite 51 gruppi funzionali (GF), che rappresentano i consumatori, i produttori e la materia non vivente. I GF insieme alla loro Biomassa (t km<sup>-2</sup>), ai tassi di Produzione e Consumo (anno<sup>-1</sup>), alla Dieta (peso%), allo Sbarcato e allo Scarto (t km<sup>-2</sup>) permettono di modellizzare i flussi di energia e materia nella rete. Un set di descrittori basati sulla teoria dello sviluppo dell'ecosistema (Christensen, 1995) è stato ottenuto dal suddetto modello trofodinamico e i risultati sono stati confrontati con altre aree del Mediterraneo. Il *Total System Throughput* (TST, t km<sup>-2</sup> per anno) rappresenta la dimensione dei flussi dell'ecosistema, come somma di consumi, export, respirazione totale e flusso al detrito. Il rapporto tra produzione primaria totale e respirazione totale (Pp/R) è un indicatore di maturità del sistema, dove i sistemi maturi sono prossimi a 1. Analogamente il rapporto Pp/B (produzione primaria totale su biomassa) decresce al maturare del sistema. L'indice di onnivoria del sistema (SOI) misura la distribuzione delle interazioni di predazione tra i livelli trofici (TLs), riflettendo la complessità del sistema. L'efficienza media di trasferimento (TE%) è definita come la frazione dei flussi totali di ogni livello trofico che viene esportata dal sistema o consumata dai livelli trofici superiori. Il livello trofico medio delle catture (mTLc) indica la media ponderata dei TLs delle specie pescate. Infine, l'efficienza lorda della pesca (GE) è calcolata come la somma di tutte le catture della pesca rispetto alla produzione primaria totale, ed è maggiore per sistemi

che sfruttano TLs basali. Tali indicatori ecologici sono stati confrontati con quanto stimato nel Mar Mediterraneo NW (NWM, Corrales et al. 2015), nello Stretto di Sicilia (SoS, Agnetta et al. 2019), nel Mar Ionio greco (GIS, Moutopoulos et al. 2013). Il TST del GoT è risultato il più alto (4504 t km<sup>-2</sup> per anno), mentre il valore più basso è stato rilevato nel GIS (1033 t/km<sup>2</sup>anno). Il rapporto Pp/R del GoT ha evidenziato un valore di 1,62, simile al SoS (1,30), mentre il NWM mostra il valore più alto (4,89). Il rapporto Pp/B è di 27,81, il terzo valore più basso dopo SoS (15,00) e GIS (23,25). Il SOI ha mostrato un valore di 0,26 nel GoT compreso tra il valore più alto 0,36 (GIS) e il più basso 0,19 (NWM). Il TE nel modello GoT è del 19%, pari al modello del SoS e superiore ai modelli di NWM e GIS (14% e 13%, rispettivamente). Quanto agli indicatori di pesca, il mTLc nel Golfo di Taranto è risultato poco più alto (3,54) degli altri modelli. La GE della pesca si è mostrata in linea con gli altri modelli (0,002), ad eccezione del SoS, di un ordine di grandezza inferiore. Un elevato volume di flussi e una complessa struttura a rete descrivono l'ecosistema GoT, risultando più affine all'area dello Stretto di Sicilia che a quella dello Mar Ionio Orientale. I rapporti Pp/R e Pp/B indicano un sistema prossimo alla maturità. L'alta efficienza di trasferimento di energia è probabilmente legata al consumo quasi completo della produzione nel sistema e allo sfruttamento della pesca (Coll et al. 2009). Rispetto agli altri modelli, la pesca sfrutta meno risorse basali nel GoT. Pertanto, l'ecosistema sembra in fase di raggiungimento di uno stato di maturità e la pesca non sembra essere una forte perturbazione alla sua stabilità.

### Bibliografia

- Agnetta et al. 2019. *PLoS ONE*, 14(1), e0210659.  
Carlucci et al. 2020. *Rev. Fish Biol. Fish.*, 1-22.  
Christensen 1995. *Ecol. Model.* 77, 3-32.  
Christensen et al. 2004. *Ecol. Model.*, 172(2-4), 109-139.  
Coll et al. 2009. *Ecol. Model.*, 220, 2088-2102.  
Cormier et al. 2017. *ICES J. Mar. Sci.*, 74(1), 406-413.  
Corrales et al. 2015. *J. Mar. Syst.*, 148, 183-199.  
Moutopoulos et al. 2013. *J. Mar. Syst.*, 113, 13-28.

## Pesca sostenibile e protezione di ecosistemi marini vulnerabili: un modo operativo per la conservazione della biodiversità marina

Maiorano P.<sup>1,2\*</sup>, Capezzuto F.<sup>1,2</sup>, Carluccio A.<sup>1,2</sup>, Sion L.<sup>1,2</sup>, D'Onghia G.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Biologia, Università di Bari Aldo Moro Campus Universitario Via Edoardo Orabona, 4 70125 Bari

<sup>2</sup>CoNISMa, Piazzale Flaminio, 9 00196 Roma

\*Autore corrispondente: [porzia.maiorano@uniba.it](mailto:porzia.maiorano@uniba.it)

Parole chiave: risorse alieutiche, biodiversità, ecosistemi marini vulnerabili, sostenibilità, conservazione

La maggior parte delle risorse alieutiche mediterranee continuano ad essere pescate oltre limiti sostenibili con effetti negativi della pesca non soltanto sulle singole risorse ma anche su Ecosistemi Marini Vulnerabili (D'Onghia et al. 2017). Le risorse biologiche demersali del Mar Ionio, studiate negli ultimi trent'anni, nell'ambito di progetti di ricerca nazionali e internazionali, sono soprattutto caratterizzate da pesci teleostei (circa 53%), seguiti da crostacei (circa 27%), cefalopodi (circa 12%) e pesci cartilaginei (circa 8%). Su un totale di oltre 350 specie, oltre 80 sono di interesse commerciale. Gli studi effettuati hanno evidenziato una struttura ben diversificata in termini di specie delle comunità demersali, anche a profondità elevate (D'Onghia et al. 2003; Maiorano et al. 2010), probabilmente legata alla variabilità geomorfologica dei fondali e degli habitat presenti nel bacino ionico. Tra questi ultimi, nell'ultimo ventennio, lungo le coste pugliesi tra l'Adriatico meridionale e lo Ionio settentrionale, sono stati individuati Ecosistemi Marini Vulnerabili (VME) (4) e ne è stato documentato il loro ruolo di potenziale rifugio e di Essential Fish Habitat per alcune risorse sfruttate dall'attività di pesca nelle aree limitrofe (D'Onghia et al. 2016; Capezzuto et al. 2018, Chimienti et al. 2019; Carbonara et al. 2020). Nel lungo arco temporale analizzato (1994-2018), non sono state rilevate variazioni significative dell'indice di ricchezza in specie, ma un aumento significativo dell'indice di dominanza e una riduzione significativa sia dell'indice di equitabilità sia dell'indice di diversità di Shannon-Wiener. Nel gradiente batimetrico investigato (10-800 m), l'indice di ricchezza in specie ha mostrato un andamento "dome-shaped", con i valori più alti intorno ai 300 m di profondità. L'indice di dominanza e di equitabilità hanno mostrato significative variazioni con la profondità, rispettivamente in riduzione e in aumento. Per l'indice di diversità di Shannon-Wiener non è stato evidenziata alcuna tendenza rispetto alla profondità. Tra le risorse di maggiore interesse, alcune hanno evidenziato un incremento significativo delle abbondanze, come il gambero bianco (*Parapenaeus longirostris*), il gambero rosso (*Aristaeomorpha*

*foliacea*), la triglia di fango (*Mullus barbatus*) e il totano (*Illex coindetii*). Per altre specie di elevato valore commerciale, come il gambero viola (*Aristeus antennatus*) e il nasello (*Merluccius merluccius*), non sono state osservate variazioni significative delle abbondanze, pur con ampie fluttuazioni delle catture. Un progressivo e significativo decremento delle abbondanze è stato rilevato per lo scampo (*Nephrops norvegicus*). A fronte di alcuni risultati positivi sullo stato delle risorse demersali, altri riscontri hanno confermato che gli stock ittici distribuiti sui fondali strascicabili del Mar Ionio sono caratterizzati da basse percentuali di individui di grossa taglia con prevalenza di forme giovanili. Inoltre, alcune specie non commerciali e di piccola taglia, hanno rappresentato una componente rilevante delle catture negli ultimi anni, determinando un significativo incremento della dominanza. Al contrario, le indagini condotte in VME, i cui habitat hanno una maggiore complessità, hanno evidenziato la presenza di individui di specie ittiche di grossa taglia e in fase riproduttiva, con un probabile ruolo di rinnovo degli stock sfruttati sui fondali fangosi strascicabili. Pertanto, la sostenibilità della pesca secondo un approccio ecosistemico, con l'adozione integrata di differenti misure (divieto di pesca entro e oltre determinati limiti batimetrici, misura della maglia della rete, periodi di fermo di pesca, Zone di Tutela Biologica,) e la protezione dei VME (con istituzioni di Fishery Restricted Area, FRA), si possono combinare obiettivi di gestione delle risorse alieutiche e di conservazione della biodiversità marina.

### Bibliografia

- D'Onghia et al. 2017. *Deep Sea Res.*, *II*, 145, 87-101.  
 D'Onghia et al. 2003. *J. Northwest Atl. Fish. Sci.*, 31, 263-273.  
 Maiorano et al. 2010. *Chem. Ecol.*, 26 1, 219-240.  
 FAO, 2009.  
<http://www.fao.org/docrep/011/i0816t/i0816t00.htm>.  
 D'Onghia et al. 2016. *Mar. Ecol.*, 37(6), 1398-1422.  
 Capezzuto et al. 2018. *Ecological Questions*, 29(2), 9-23.  
 Chimienti et al. 2019. *IntechOpen*, DOI: 10.5772/intechopen.90024.  
 Carbonara et al. 2020. *Deep Sea Res. I*, 166, 103406.

## Evoluzione della cogestione della piccola pesca professionale nell'Area Marina Protetta Porto Cesareo (LE)

D'Ambrosio P.<sup>1</sup>, Muscogiuri L.<sup>2\*</sup>, Fai S.<sup>3</sup>, Terlizzi A.<sup>4,1</sup>

<sup>1</sup>Stazione Zoologica Anton Dohrn, Villa Comunale, 80121 Napoli (NA)

<sup>2</sup>Area Marina Protetta Porto Cesareo, Via A. Manzoni, 30, 73010 Porto Cesareo (LE)

<sup>3</sup>Comune di Nardò - piazza C. Battisti - 73048 Nardò (LE)

<sup>4</sup>Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Trieste, Via Giorgeri, 10, 34127 Trieste

\*Autore corrispondente: [luciana.muscogiuri@gmail.com](mailto: luciana.muscogiuri@gmail.com)

Parole chiave: Aree Marine Protette, Piccola Pesca professionale, sostenibilità ambientale, *governance*

Le Aree Marine Protette (AMP) rappresentano l'ambito privilegiato per sperimentare forme di gestione sostenibile delle risorse naturali. La piccola pesca è fonte di occupazione e di rifornimento alimentare e rappresenta un'attività legata alle tradizioni e alle identità territoriali di molte aree. La Politica Comune per la Pesca pone la concertazione tra gli attori coinvolti nei processi decisionali in primo piano per la promozione del processo sostenibile della pesca. Si aggiunge l'urgenza italiana di definire le misure di conservazione/piani di gestione per i Siti di Importanza Comunitaria (SIC) della rete Natura 2000 secondo la Direttiva 92/43/CEE "Habitat". Molti SIC si trovano in aree importanti per la piccola pesca costiera ed è fondamentale che le Misure di Conservazione siano definite in un'ottica di condivisione con i pescatori. L'AMP Porto Cesareo (AMPPC) nasce attorno ad un antico borgo di pescatori. La piccola pesca costiera rappresenta perciò, con circa 100 imbarcazioni e 200 pescatori, una delle principali forme di economia locale. Nello specchio acqueo dell'AMP ricadono 3 Zone Speciali di Conservazione (ZSC), entro cui sono vigenti le Misure di Conservazione di cui alle Direttive 2009/147/CEE e 92/43/CEE nonché al DPR 57/97, approvate dalla Regione Puglia con RR n. 6/2016. Lo strumento gestionale a disposizione dell'AMP è il Regolamento di Esecuzione ed Organizzazione (REO), che viene redatto sulla base di linee guida generali fornite dal Ministero dell'Ambiente e della Tutela del Territorio e del Mare (MATTM) e che deve essere adeguato al contesto ambientale e socioeconomico locale. Il REO definisce i divieti e le eventuali deroghe in funzione del grado di protezione necessario per la tutela degli ecosistemi di pregio. Il processo di redazione ed approvazione del REO, proposto dal Soggetto Gestore passa attraverso il parere della Commissione di Riserva ed è approvato dal MATTM. La regolamentazione dell'attività di fruizione riguarda i centri d'immersione, la didattica, le visite guidate e il diportismo, ma anche la pesca sportiva e professionale. Tra tutte, le attività di prelievo, sono di più difficile disciplina. Per quanto riguarda la pesca professionale, il disciplinare riguarda esclusivamente la piccola pesca costiera,

esercitata entro la batimetria dei 50 m, con piccole imbarcazioni che operano con attrezzi fissi (reti da posta, palangari, nasse). La regolamentazione degli attrezzi e modalità di pesca professionale si basa principalmente sull'obbligo di utilizzo di sistemi di pesca più selettivi, non solo rispetto alle locali tradizioni marinaresche, ma anche in riferimento alla normativa nazionale ed europea in materia. Il presente lavoro descrive il processo di coinvolgimento compiuto dall'AMPPC sin dall'avvio della gestione (2005), mostrando concretamente come il coinvolgimento dei pescatori in tutti i processi decisionali, a partire dagli studi scientifici sulle risorse ittiche, determini un progressivo cambiamento dell'approccio, consentendo al soggetto gestore di attuare, con l'approvazione ed il supporto della comunità locale, restrizioni regolamentari a salvaguardia della sostenibilità delle attività di pesca. Il grado di coinvolgimento degli operatori della pesca è cresciuto nel tempo in funzione dell'accresciuta responsabilità ambientale e consapevolezza. I passaggi salienti di tale processo hanno previsto fondamentalmente la Redazione condivisa del Primo REO (2010); l'attuazione del Progetto Pilota SAMPEI (2012), che attraverso 210 pescherecci aderenti, ha reso manifesto ai pescatori gli effetti economici positivi della maggiore selettività degli attrezzi ed ha permesso di introdurre agevolmente nel REO reti con maglie più selettive rispetto alla normativa nazionale; Istituzione del Tavolo di Cogestione della Piccola Pesca nell'AMP Porto Cesareo (2019), cui partecipano enti locali, associazioni ambientaliste, cooperative di pesca, enti di ricerca, ASL e Capitaneria di Porto, con l'obiettivo di proporre ed attuare studi e misure di gestione per l'attività di pesca, sostenibili dal punto di vista ecologico e socioeconomico. Obiettivo futuro è la predisposizione di un Piano di Gestione Locale della piccola pesca costiera dell'AMPPC, redatto dal tavolo di Cogestione sulla base delle esigenze socio economiche e delle risultanze dei monitoraggi della pesca e della fauna ittica attuati dall'AMP, Coerentemente con i DM 2010/2016, 210/2019 e 405/2019.



## Valutazione comparativa della sovrapposizione della nicchia trofica tra i cetacei e la pesca nel Mar Mediterraneo

Carlucci R.<sup>1,2\*</sup>, Cipriano G.<sup>1,2</sup>, Ingrosso M.<sup>1,2</sup>, Cascione D.<sup>1,2</sup>, Fanizza C.<sup>3</sup>, Maglietta L.<sup>4</sup>, Tursi A.<sup>1,2</sup>, Ricci P.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Biologia, Università di Bari Aldo Moro Campus Universitario Via Edoardo Orabona, 4 70125 Bari

<sup>2</sup>CoNISMa, Piazzale Flaminio, 9 00196 Roma

<sup>3</sup>Jonian Dolphin Conservation, Viale Virgilio, 102-74121 Taranto

<sup>4</sup>Istituto di Sistemi e Tecnologie Industriali Intelligenti per il Manifatturiero Avanzato, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Via Amendola, 122 D/O, 70126 Bari

\*Autore corrispondente: roberto.carlucci@uniba.it

Parole chiave: competizione cetacei-pesca, *Fishery Overlap Index* (FOI), modello trofodinamico, *Ecopath*, *T. truncatus*

Valutare la competizione cetacei-pesca è un obiettivo cruciale nelle strategie di gestione per la conservazione degli ecosistemi marini (Carlucci et al. 2020). Infatti, diversi organismi internazionali hanno raccomandato di quantificare in che misura l'attività di pesca si sovrapponga alle specie di cetacei (ACCOBAMS-ECS-WK Threats 2017). Tuttavia, studi che possano fornire indicatori standardizzati di tale sovrapposizione su scala Mediterranea sono scarsi. In questo contributo, è stata valutata la sovrapposizione tra cetacei e pesca nel Mar Mediterraneo adottando un approccio comparativo. Sono stati confrontati dati provenienti da 9 modelli di rete trofica, realizzati attraverso modelli a bilancio di massa (*Ecopath with Ecosim*, EwE, Christensen et al. 2004). I modelli descrivono la struttura trofica di differenti aree del Mediterraneo: Mar Mediterraneo nord-occidentale (MMNO), Mar Catalano meridionale (MCM), Golfo del Leone (GdL), Golfo di Gabès (GdG), Stretto di Sicilia (SdS), Golfo di Taranto (GdT), Mar Adriatico centro-settentrionale (MACS), Mar Ionio nord-orientale (MINO) e Mar Egeo settentrionale (MES). Le specie predate o pescate con caratteristiche ecologiche simili sono aggregate in gruppi funzionali (GF). La dieta dei cetacei (peso%), la composizione delle catture e dello sbarcato di pesca (t km<sup>-2</sup>) dei GF di ogni modello sono state usate per calcolare la sovrapposizione della nicchia trofica tra cetacei e pesca attraverso il *Fishery Overlap Index* (FOI), un indicatore basato sull'approccio di Pianka (Carlucci et al. 2020). Il FOI è calcolato attraverso le proporzioni ( $P_{ji}$  e  $C_{ki}$ ) della risorsa  $i$  sfruttata rispettivamente dai cetacei  $j$  e dalla flotta di pesca  $k$ . Quindi, le catture e lo sbarcato dei GF sono stati trasformati in proporzione ai loro totali per il calcolo del FOI. La più alta sovrapposizione di risorse stimata per le catture è rilevata per il GF Dolphins (*Delphinus delphis*, *Phocoena phocoena*, *Stenella coeruleoalba*, *Tursiops truncatus*) nel MES, con un valore percentuale dell'80%. Altri alti valori di

sovrapposizione sulle catture (FOI >55%) sono stati stimati per *T. truncatus* nel MACS e nel MINO e per il GF Dolphins (*Globicephala melas*, *Grampus griseus*, *Physeter macrocephalus*, *S. coeruleoalba*, *T. truncatus*) nel MMNO. Il valore più alto di sovrapposizione delle risorse con lo sbarcato è stato stimato per il GF Dolphins del modello del MES, con un valore percentuale dell'83%. Altri alti valori di sovrapposizione con lo sbarcato (FOI >55%) sono stati stimati per *T. truncatus* nel GdG, nel MACS e nel MINO e per il GF Dolphins del MMNO. Bassi valori di sovrapposizione sia sulle catture che sullo sbarcato (FOI <20%), sono stati stimati per *G. griseus* (rispettivamente 4% e 1%) e *P. macrocephalus* (rispettivamente 12% e 1%) nel GdT e per il GF Marine Mammals (*Baloptera physalus*, *D. delphis*, *G. melas*, *G. griseus*, *P. macrocephalus*, *S. coeruleoalba*, *T. truncatus*, *Ziphius cavirostris*) nello SdS (rispettivamente 8% e 10%). Altre basse sovrapposizioni con lo sbarcato sono state stimate per *S. coeruleoalba* nel MCM e nel GdT (rispettivamente 19% e 12%) e *T. truncatus* nel GdL (7%). La sovrapposizione tra cetacei e pesca è superiore al 55% in 5 aree, suggerendo un'alta competizione. Escludendo le aree GdL, SdS e GdT, questa condizione sembra verificarsi (per catture e sbarcato) con la presenza di *T. truncatus*. Tuttavia, una valutazione con la disaggregazione in specie dei GF dei cetacei potrebbe chiarire meglio questo aspetto. Il FOI si è rivelato uno strumento utile per valutare la sovrapposizione delle nicchie da un punto di vista qualitativo. Ulteriori analisi, focalizzate sull'effettiva rimozione di biomassa esercitata dai cetacei, fornirebbero ulteriori informazioni gestionali.

### Bibliografia

Carlucci et al. 2020. *Rev Fish Biol Fisheries*.  
Christensen et al. 2004. *Ecol Model*, 172 (2–4), 109–139.  
ACCOBAMS-ECS-WK 2017 *Threats*. ECS Conf. 2017.

## La crioconservazione del seme come strategia per la salvaguardia della biodiversità: la prima criobanca in Europa per la conservazione della trota mediterranea nativa dei fiumi molisani (Life Nat.Sal.Mo project – Regione Molise)

Rusco G.<sup>1</sup>, Di Iorio M.<sup>1</sup>, Antenucci E.<sup>1</sup>, Esposito S.<sup>2</sup>, Iaffaldano N.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Università del Molise, Via F. De Sanctis 86100, Campobasso

<sup>2</sup>Mediterranean Trout Research Group "MTRG", 42037 Collagna (RE)

\*Autore corrispondente: nicolaia.unimol.it

Parole chiave: crioconservazione del seme, criobanche, tutela della biodiversità, trota Mediterranea

Le tecniche di crioconservazione unitamente allo stoccaggio del germoplasma in apposite criobanche rappresentano una preziosa strategia di conservazione *ex situ* finalizzata alla salvaguardia delle risorse genetiche animali di specie minacciate o a rischio di estinzione. Attualmente, nell'ambito delle specie acquatiche la crioconservazione del seme risulta la tecnica più utilizzata, poiché, grazie alle ridotte dimensioni della cellula spermatica e alla maggiore resistenza della membrana alle basse temperature, gli spermatozoi sembrano rispondere meglio alle procedure di congelamento a differenza di quanto riportato per ovociti ed embrioni. Tuttavia, la messa a punto di protocolli standardizzati di crioconservazione del seme specie-specifici rappresenta ancora oggi una delle principali sfide, che spinge numerosi ricercatori di tutto il mondo a lavorare per l'ottenimento di procedure efficaci che portino al raggiungimento di risultati soddisfacenti e ripetibili. Il nostro progetto Life Nat.Sal.Mo, recentemente finanziato dall'UE, si colloca perfettamente nella cornice appena descritta, infatti, l'azione mirata all'identificazione di un protocollo efficace di crioconservazione del seme della trota Mediterranea (*Salmo macrostigma*) ha rappresentato un importante *milestone*. Questo progetto è nato allo scopo di assicurare il recupero e la conservazione delle popolazioni di trota Mediterranea (*S. macrostigma*) native dei fiumi Molisani (Biferno e Volturno). Di fatto, la specie oggetto di studio è un salmonide endemico dell'area mediterranea, presente nell'Allegato II della Direttiva Habitat, classificato come vulnerabile in Europa e in pericolo di estinzione in Italia sotto il taxon *S. cettii*. Durante le prime due stagioni riproduttive (2019-20, 2020/21), tra lo svolgimento delle diverse attività del progetto, quelle mirate all'avvio della prima criobanca del seme in Europa di questa importante trota nativa a rischio di estinzione hanno portato all'ottenimento di risultati considerevoli, con il congelamento e lo stoccaggio di circa 1600 dosi di seme provenienti da 95 donatori geneticamente puri. Presupposto fondamentale per l'ottenimento di questi importanti risultati è stato appunto ottenere un protocollo di crioconservazione ef-

ficace al fine di stoccare dosi di seme congelate di buona qualità per il raggiungimento di alti tassi di fecondazione. A tal riguardo, diverse sperimentazioni sono state condotte dal nostro gruppo di ricerca, le quali hanno portato recentemente all'individuazione di un eccellente protocollo di congelamento, che ci ha consentito di registrare *in vitro* una motilità post congelamento > 50% ed un tasso di embrionatura *in vivo* > 70%. Questa semplice procedura prevede una diluizione iniziale del seme utilizzando una *stock solution* costituita da 0,35 M di glucosio e 17,8% di metanolo, al fine di raggiungere una concentrazione finale di  $3 \times 10^9$  spermatozoi/ml, 0,15 M di glucosio e 7,5% di metanolo. Il seme così diluito è caricato in *straws* da 0,25 ml, successivamente equilibrate per 15 min mediante raffreddamento su una griglia a 3 cm dalla superficie del ghiaccio. Le dosi di seme sono poi congelate, inizialmente mediante esposizione sui vapori d'azoto liquido (LN<sub>2</sub>) per 5 min, utilizzando una griglia flottante alta 3 cm posta sul livello di LN<sub>2</sub>, a cui segue la totale immersione delle stesse. Lo stoccaggio nella criobanca di queste prime dosi di seme di trota Mediterranea (*S. macrostigma*), costituiscono una risorsa genetica preziosa nell'ambito del programma di conservazione *ex situ* del progetto, le cui attività proseguiranno anche nel prossimo anno. Inoltre, grazie all'ausilio delle tecniche di riproduzione artificiale, parte delle dosi di seme congelate in questi due anni, unitamente all'uso di appropriati schemi di fecondazione incrociata, sono state impiegate per fecondare oltre 100.000 uova provenienti da femmine native. Queste uova sono state inizialmente incubate presso appropriate strutture di incubazione sino allo stadio di embrionatura e successivamente posizionate in appositi nidi semi-artificiali, scavati nella ghiaia dei due bacini idrografici, per la schiusa, al fine di incrementare la variabilità genetica della prole ed ampliare così le dimensioni delle popolazioni native di *S. macrostigma* nell'area del progetto.

### Ringraziamenti

Lavoro finanziato grazie al progetto LIFE Nat.Sal.Mo. (LIFE17 NAT/IT/000547).



## Un oceano nel nostro piatto: approccio *metabarcoding* per la tracciabilità in prodotti ittici multispecie

Piredda R.<sup>1\*</sup>, Mottola A.<sup>1</sup>, Giorelli F.<sup>2</sup>, Ciccarese G.<sup>2</sup>, Cagnazzo G.<sup>2</sup>, Di Pinto A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università di Bari Aldo Moro Prov. le Casamassima, km 3, 70010 Valenzano (Bari)

<sup>2</sup>Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Puglia e della Basilicata, S.S. 7 ter, km 73, Zona Industriale, 73012 Campi Salentina (LE)

\*Autore corrispondente: [roberta.piredda@uniba.it](mailto:roberta.piredda@uniba.it)

Parole chiave: prodotti ittici, metabarcoding, surimi, frodi

Nell'ambito degli alimenti di origine animale, il settore ittico figura tra quelli maggiormente soggetti a frodi legate a sostituzione di specie (Di Pinto et al. 2016; European Commission Annual Report 2020). La crescente richiesta ha aumentato la produzione e il commercio internazionale di prodotti ittici su scala globale, con conseguente aumento del rischio di frodi. In particolare, i prodotti ittici preparati e trasformati, privi dei caratteri morfologici necessari per l'identificazione, sono frequentemente soggetti a errore di classificazione e di etichettatura. L'approccio molecolare del DNA *barcoding*, particolarmente efficace nell'analisi di prodotti della pesca fresche, preparati e trasformati composti da una singola specie (Marchetti et al. 2020), risultano non applicabili a matrici complesse di alimenti processati e potenzialmente composti da più specie (Paracchini et al. 2019). Obiettivo del presente lavoro è applicare il sequenziamento avanzato (*Next-generation sequencing – metabarcoding*) del frammento del gene mitocondriale 16S (Giusti et al. 2017) per evidenziare la presenza di frodi da sostituzione di specie in diverse tipologie di prodotti ittici trasformati

(fish burger, impanati di pesce e surimi), venduti nei supermercati italiani. I risultati hanno evidenziato la presenza di numerose specie ittiche non attese nelle diverse preparazioni, in particolare nei surimi, con oltre 40 diverse componenti rilevate in un singolo campione. Alcune specie e generi non sono incluse nell'Allegato 1 del Decreto Ministeriale Mipaaf n. 19105 del 22 settembre 2017 ed è stata inoltre rilevata la presenza di DNA appartenente a specie ittiche potenzialmente pericolose e DNA di suino e bovino. Lo studio evidenzia anche l'utilizzo di specie a rischio di estinzione e in pericolo critico di estinzione, fornendo ulteriore prova della necessità di implementare efficaci sistemi di tracciabilità a garanzia dell'autenticità, della sicurezza e della sostenibilità dei prodotti della pesca.

### Bibliografia

Giusti et al. 2017. *PLoS ONE*, 12(10).

Marchetti et al. 2020. *Foods*, 9(9), 1194.

Paracchini et al 2019. *Food Additives and Contaminants - Part A Chemistry*.

## Nuovi metodi per l'analisi genomica e il monitoraggio della biodiversità negli ecosistemi acquatici

D'Agaro E.\*, Mattiussi S., Favaro A.

Dipartimento di Scienze Agroalimentari, Ambientali e Animali, Università of Udine, Via delle Scienze 206, 33100 Udine

\*Autore corrispondente: edo.dagaro@uniud.it

Parole chiave: NGS, RAD-sequencing, e-DNA, multi OMICS

Nell'ambito dell'analisi genetica e genomica della biodiversità animale, le nuove tecnologie NGS (*Next Generation Sequencing*) vengono ampiamente utilizzate per genotipizzare, a prezzi contenuti, una grande quantità di SNPs dell'intero genoma. I dati ottenuti (SNPs) sono rappresentativi della variazione dell'intero genoma e consentono una maggiore precisione nella stima dei parametri genetici delle popolazioni, nell'analisi della struttura genetica, del flusso genico e nel rilevamento dell'ibridazione e dell'introggressione. Questi nuovi metodi hanno trasformato il campo della filogenetica molecolare in filogenomica con la produzione di dati su scala genomica per diversi campioni contemporaneamente. Alcuni esempi delle tecniche NGS sono il *RAD sequencing* (Magris et al. 2021) o il *genotyping-by-sequencing* (GBS) che consentono di identificare migliaia di marcatori SNP polimorfici in organismi non modello, di cui non si dispone di un genoma di riferimento. Nelle banche dati internazionali sono ora disponibili un ampio e crescente numero di genomi di alta qualità e ad alta copertura. Anche i genomi a bassa copertura (a volte indicati come genomi 'landing pad' o 'skim') oppure i genomi di alta qualità e copertura di specie simili, possono essere utilizzati

per l'assemblaggio, l'annotazione e la caratterizzazione genetica degli SNPs in alcuni taxa. Sono inoltre disponibili diversi metodi per studiare la variazione adattativa, inclusi gli approcci di mappatura genica (ovvero studi di associazione a livello di genoma o GWAS e mappatura dei loci dei caratteri quantitativi o QTL), analisi dei locus anomali e mappatura selettiva degli *sweeps*. Il metodo del DNA ambientale (eDNA) è un approccio relativamente nuovo utilizzato per monitorare la presenza e distribuzione delle specie in ambito naturale (D'Agaro et al. 2019). Utilizzando questo metodo è possibile rilevare le specie senza effettivamente vederle o catturarle. Il metodo utilizza l'identificazione basata sul DNA ambientale per rilevare le tracce di DNA che le specie lasciano nell'ambiente. La pipeline bioinformatica può essere molto complessa, presentando una vasta gamma di metodologie disponibili per l'acquisizione, manipolazione, analisi e interpretazione del complesso set di dati.

### Bibliografia

D'Agaro et al. 2019. *Ital. J. Anim. Sci.*, 18 (1), 129-130.

Magris et al. 2021. *Genet. Sel. Evol.*, (submitted).

## Le popolazioni ittiche dell'Umbria: due risorse autoctone per la valorizzazione delle economie locali. Il caso della Trota Fario dell'Appennino Umbro-Marchigiano (*Salmo cettii* Rafinesque) e del Luccio del Trasimeno (*Esox flaviae*)

Caffarelli M.<sup>1\*</sup>, Concezzi L.<sup>1</sup>, Lorenzoni M.<sup>2</sup>, Carosi A.<sup>2</sup>, Lucentini L.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>3A Parco tecnologico Agroalimentare dell'Umbria, Fraz. Pantalla di Todi, 06059, Todi (PG)

<sup>2</sup>Dipartimento di Chimica, Biologia e Biotecnologie, Università di Perugia, Via Elce di Sotto, 060123, Perugia

\*Autore corrispondente: [marcocaffarelli@tiscali.it](mailto:marcocaffarelli@tiscali.it)

Parole chiave: Umbria, trota fario, luccio Trasimeno, ittiofauna, valorizzazione

L'Umbria è tra le regioni che si sono dotate di una Legge per la tutela della Agrobiodiversità. Perno di questa Legge è il Registro Regionale, uno strumento per censire le risorse genetiche autoctone di interesse agrario della Regione. Le risorse animali e vegetali iscritte sono oggetto di tutela e valorizzazione sia per preservarne il patrimonio genetico a forte rischio di erosione sia per favorire percorsi di sviluppo socioeconomico a livello locale. Seguendo tale obiettivo, oltre alle razze animali *consuete* (ovini, equini) si è tentato di iscrivere anche alcune popolazioni ittiche per le quali fosse certa la loro autoctonia in ambito regionale. Questo in base all'assunto che le popolazioni ittiche autoctone dell'Umbria rappresentino un importante segmento dell'Agrobiodiversità regionale inserendosi in un piano di conservazione e valorizzazione in specifiche aree del territorio. La prima specie ad essere iscritta nel dicembre 2019 è stata la Trota Mediterranea (*Salmo cettii* Rafinesque). In data 16 dicembre 2020 è stato iscritto anche il Luccio del Trasimeno (*Esox flaviae*) descritto su base genetica nel bacino Umbro. Il Luccio *E. flaviae* a livello nazionale viene considerato sinonimo del cisalpino (*E. cisalpinus*). La Trota Mediterranea (*S. cettii* Rafinesque) presente nella sinistra idrografica del bacino del fiume Tevere, con particolare riferimento ai bacini del Nera e del Chiascio e il Luccio (*E. flaviae*), caratteristico del Lago Trasimeno e del Lago di Piediluco, ritraggono un serbatoio di biodiversità in grado sostenere e potenziare le economie locali dei luoghi di diffusione. Un attento allevamento di queste due risorse rappresenta il volano per una serie di attività commerciali e ricreative fondamentali per la Regione che vanno di pari passo con la tutela dell'ambiente. Il comparto ristorazione, l'attività di ripopolamento, la pesca sportiva e le attività di ricerca e studio sulla Trota Mediterranea e sul Luccio sono un esempio della rilevanza che queste popolazioni rivestono per il territorio. Riguardo alla Trota Mediterranea (*S. cettii* Rafinesque) studi morfometrici e geometrici

(Lorenzoni et al. 2019) condotti su esemplari provenienti da corsi d'acqua appenninici, preventivamente caratterizzati da un punto di vista genetico, hanno permesso di evidenziare alcune caratteristiche che consentono di discriminare le trote autoctone Mediterranee da quelle alloctone Atlantiche. Dal punto di vista genetico sono noti numerosi marcatori molecolari in grado di permettere il riconoscimento degli esemplari autoctoni, sia al livello di DNA nucleare (LDH, microsatelliti), sia di DNA mitocondriale (regione di controllo). In Umbria attualmente la trota Mediterranea viene allevata presso il Centro Ittiogenico Regionale di Borgo Cerreto (PG), dove è in atto un progetto di recupero della specie. Il Luccio del Trasimeno (*E. flaviae*) è una specie ittica delle acque interne molto importante e utile per la catena alimentare e per il mantenimento della stabilità degli ecosistemi naturali. Al Luccio viene infatti attribuito il ruolo di "regolatore" nei confronti di altre specie, impedendo tra l'altro un'eccessiva espansione di alcune popolazioni ed eliminando i soggetti più deboli e malati. Il Luccio del Trasimeno presenta delle caratteristiche genetiche e fenotipiche differenti dal Luccio d'oltralpe (Lucentini et al. 2011). L'unica popolazione integra dal punto di vista genetico di *Esox flaviae* per ora individuata in Italia è quella del Lago Trasimeno. Questa popolazione deve la sua purezza alla particolare natura del Lago ma anche all'assidua e costante attività del Centro Ittiogenico del Trasimeno che, impiegando solamente riproduttori pescati in loco, ha garantito la sopravvivenza di un patrimonio genetico unico al mondo (<https://saperefood.it/8ripopolamento-del-luccio-italico-nel-trasimeno-ottima-stagione19/>; <http://www.spoletonline.com/?page=articolo&id=139142>).

### Bibliografia

Lorenzoni et al. 2019. *Manag. Aquat. Ecosyst.*, 420, 48.  
Lucentini et al. 2011. *PlosOne*, 6-12.

## Caratterizzazione fenotipica e dello stato sanitario di una popolazione selvatica di tilapia (*Oreochromis niloticus*) in Mauritania

Landi V.<sup>1</sup>, Lekweiry K.M.<sup>2</sup>, Boukhary A.O.M.S.<sup>3</sup>, Ciani E.<sup>4\*</sup>, Ahmed M.O.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università di Bari Aldo Moro, SP per Casamassima, km 3 70010, Bari

<sup>2</sup>Institut Supérieur d'Enseignement Technologique (ISET) de Rosso, Département de Production et Santé Animales (DPSA), Unité de Recherche Ressources Génétiques et Environnement (RGE), Mauritanie

<sup>3</sup>Université de Nouakchott Al-Aasriya, Facultés des Sciences et Techniques, Département de Biologie, Unité de Recherche Génomes et Milieux (GEM), Mauritanie

<sup>4</sup>Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica, Università di Bari "Aldo Moro", Via Amendola 165/a, 70126, Bari

\*Autore corrispondente: elena.ciani@uniba.it

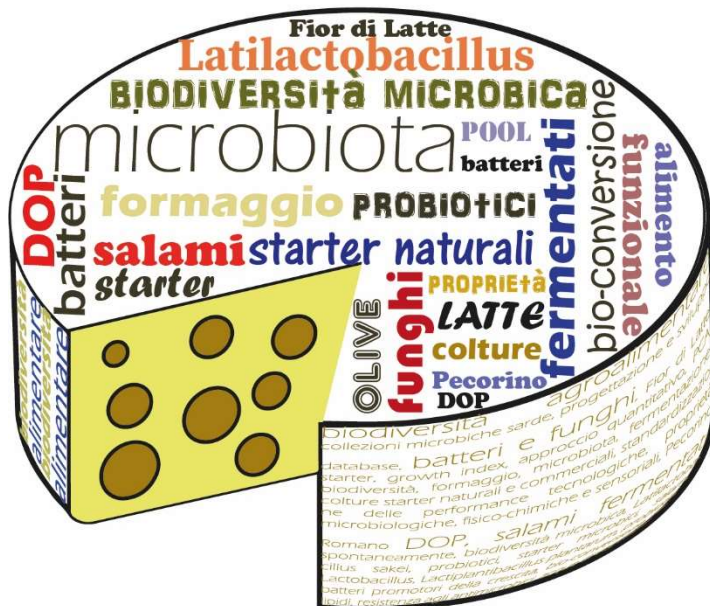
Parole chiave: tilapia, morfometria, Mauritania

Negli ultimi anni si assiste ad una crescente domanda di proteine di origine animale per l'alimentazione della popolazione umana in costante espansione demografica. In un tale scenario e, a fronte di una crescente domanda da parte della società di alimenti prodotti nel rispetto dell'ambiente, sforzi sono stati fatti per tentare di diversificare la natura delle fonti proteiche, senza trascurare la ricerca di una sostenibilità di processo. A questo riguardo, l'acquacoltura ha un enorme potenziale; infatti, secondo la FAO, entro il 2030 la pesca d'allevamento produrrà circa i due terzi dell'intera produzione ittica mondiale e, in zone ad alti tassi di insicurezza alimentare, l'acquacoltura, se responsabilmente sviluppata e praticata, potrà dare un contributo significativo alla sicurezza alimentare globale e alla crescita economica. La tilapia è una specie ampiamente utilizzata nella produzione ittica d'allevamento e si è diffusa ampiamente in molti paesi, soprattutto con clima tropicale in quanto ben si adatta ai climi caldi e il suo allevamento non richiede pesanti investimenti in infrastrutture. Con l'aumento della domanda di questa specie da parte degli operatori di acquacoltura, è di vitale importanza ricercare nuove linee nelle popolazioni selvatiche con l'obiettivo di ampliare e diversificare la base genetica delle popolazioni allevate, oltre a poter offrire alternative locali di allevamento. In questo studio abbiamo caratterizzato una popolazione selvatica di tilapia del Nilo (*Oreochromis niloticus*), utilizzando misure morfologiche, resa della carcassa e alcuni indicatori fenotipici (colore delle squame) e sanitari (presenza di parassiti in corrispondenza delle branchie). Il dataset comprendeva una popolazione di 1.000 individui campionati per un periodo di un anno

nel bacino del fiume Rosso in Mauritania. Il peso corporeo totale era di  $105,80 \pm 51$  g,  $169,80 \pm 109,60$  g e  $263,20 \pm 176,40$  g, rispettivamente, all'età di 1, 2 e 3 anni (con la stima dell'età effettuata utilizzando l'analisi microscopica delle squame), mostrando una grande variabilità entro classe di età. Nella popolazione complessiva, la differenza tra i sessi era poco marcata ( $109,33 \pm 91$  g per i maschi e  $97,19 \pm 60$  g per le femmine) mentre la differenza era più evidente per gli animali di 3 anni, con i maschi che risultavano pesare 97 g in più rispetto alle femmine (contro un delta di 6 g e 47 g, rispettivamente, all'età di 1 e 2 anni), suggerendo una differenza nella precocità per i due sessi. La proporzione del peso della testa sul peso corporeo totale era del 14% mentre la proporzione di ossa, intestino (escluso il fegato) e massa muscolare era rispettivamente del 16%, 18% e 42%. I parassiti maggiormente rappresentati appartengono ai generi *Lamproglena* ed *Ergasilus* e nel nostro campione risulta infetto il 58,9% dei pesci. I colori predominanti in entrambi i sessi sono il grigio e il giallo, con il rosa e il rosso più rappresentati nei soggetti di sesso maschile. Questo studio fornisce una iniziale fotografia delle caratteristiche fenotipiche e sanitarie di una popolazione selvatica di Tilapia del Nilo in Mauritania, da porre in termini comparativi con i dati disponibili in letteratura per popolazioni selvatiche e/o allevate di altri contesti geografici. La notevole variabilità fenotipica riscontrata suggerisce l'esistenza di un significativo potenziale selettivo che, se validato, potrebbe trovare applicazione pratica sia in sistemi di acquacoltura industriali su larga scala che su scala territoriale locale (*village-level aquaculture*).

# Bio div ers ità microbica

alimentare



## Collezione CNR-ITEM: risorse microbiche di interesse agro-alimentare a supporto della bioeconomia

Perrone G.\*, Moretti A., Susca A., Logrieco A.F.

Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Via Amendola 122/O, 70126 Bari

\*Autore corrispondente: [giancarlo.perrone@ispa.cnr.it](mailto:giancarlo.perrone@ispa.cnr.it)

Parole chiave: biodiversità, funghi, lieviti, batteri

Negli ultimi anni, è crescente l'interesse verso la biodiversità microbica, la cui preservazione sta assumendo sempre più maggiore importanza per il miglioramento della qualità e sicurezza degli alimenti, per lo sviluppo di biotecnologie verdi e della bioeconomia agro-alimentare. Infatti, i microrganismi di interesse agro-alimentare svolgono un ruolo chiave in molti aspetti della produzione agraria quali fertilità del suolo, nutrizione delle colture, controllo biologico e fertilizzanti biologici. Inoltre, i microrganismi possono svolgere un ruolo importante anche nella produzione di alimenti trasformati, quali latte, formaggio, vino, olio, pane, carne; ed durante la loro conservazione, in quanto ne possono causare alterazione, possono produrre metaboliti tossici, ed alcuni possono rivelarsi microrganismi patogeni. L'esistenza e la biodiversità dei microrganismi sono funzionali al mantenimento degli organismi viventi sulla terra, ed alla sostenibilità dei diversi cicli biologici. La conservazione delle risorse genetiche microbiche e la loro custodia svolgono, dunque, un ruolo significativo sia per migliorare le conoscenze, sia per sfruttamenti e sviluppi futuri nelle produzioni agrarie ed alimentari. La Collezione ITEM di microrganismi di interesse agro alimentare del CNR-ISPA, comprende più di 13.500 ceppi microbici, di cui 7.600 pubblici. Per queste accessioni pubbliche, le informazioni relative sono consultabili sul database: <http://www.ispa.cnr.it/Collection>. La Collezione ITEM è stata riconosciuta a livello internazionale nell'ambito della European Culture Collection Organization (ECCO) e della World Federation of Culture Collection (WFCC). Inoltre, dal 2018, è certificata ISO 9001: 2015 (Cert. N 35674/17/S). Tutti i ceppi sono conservati in purezza e in duplicato mediante due sistemi di conservazione: crioconservazione a - 150 °C e colture fresche a 4 °C. La biodiversità microbica (funghi, lieviti e batteri) rappresentata in collezione è molto ampia e ricopre i principali sistemi agroalimentari del Mediterraneo. Tra i microrganismi conservati, si ritrovano miceti dei generi *Aspergillus*, *Alternaria*, *Beauveria*, *Fusarium*, *Penicillium*, *Trichoderma*, lieviti dei generi *Saccharomyces*, *Hanseniaspora*, batteri dei generi *Acetobacter*, *Lactobacillus*, *Oenococcus*, *Pseudomonas*,

*Staphylococcus*, tutti di rilevante importanza patologica, tossicologica e agroalimentare. Alcuni di loro sono coinvolti in malattie vegetali e animali, altri sono responsabili della contaminazione da micotossine di colture e prodotti alimentari, nonché della produzione di vari metaboliti secondari con diverse attività biologiche (es. antibiotici, entomo, fito e zoo-tossine). Altri, ed in particolare lieviti e batteri autoctoni (compresi i probiotici), sono stati preservati e caratterizzati per la loro applicazione nei settori dell'industria alimentare e delle bevande (es. alimenti funzionali, vini tipici pugliesi, olive da tavola e latticini). La collezione ITEM garantisce una fonte genetica originale, unica per la salvaguardia della biodiversità microbica, per il miglioramento delle conoscenze sui microrganismi tossigeni, patogeni ed alterativi, e per le possibili applicazioni biotecnologiche. Gli approcci multidisciplinari utilizzati hanno permesso di ottenere di recente una caratterizzazione biologica, molecolare e tossigena di miceti dei generi *Fusarium*, *Aspergillus*, *Penicillium* e *Alternaria*, e l'identificazione di nuove specie tossigene (Moretti e Susca 2017). Peraltro, sono stati ottenuti risultati importanti per microrganismi di interesse agroalimentare e agroindustriale quali: batteri lattici usati come starter nella produzione di pane senza lievito (De Bellis et al. 2019) e di vini con aroma migliorato (Cappello et al. 2017); funghi filamentosi utili per la stagionatura delle carni (Magistà et al. 2016); ceppi batterici e lieviti per la fermentazione delle olive, brevettati per sfruttamento industriale (Bleve et al. 2015), così come è stato brevettato un ceppo probiotico afferente al genere *Lacticaseibacillus* (Valerio et al. 2015), pronto per l'impiego nell'industria alimentare.

### Bibliografia

- Moretti e Susca 2017. *Mycotoxigenic Fungi Methods and Protocols*, 1542 (pp. 383).  
De Bellis et al. 2019. *Foods*, 8(2), 70.  
Cappello et al. 2017. *Int. J. Food Microbiol.*, 243, 16-27.  
Magistà et al. 2016. *Int. J. Food Microb.*, 231, 33-41.  
Bleve et al. 2015. *Food Microbiology*, 46, 368-382.  
Valerio et al. 2015. *J Funct. Foods*, 17, 468-475.



## Il progetto MicroBiodiverSar: indagine sulla biodiversità microbica nelle collezioni *ex situ* della Sardegna

Daga E.<sup>1</sup>, Budroni M.<sup>2</sup>, Mannazzu I.<sup>2</sup>, Cosentino S.<sup>3</sup>, Deplano M.<sup>3</sup>, Romano P.<sup>4</sup>, Comunian R.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Agris Sardegna, Agenzia per la ricerca in agricoltura, Loc. Bonassai, SS291 km 18.600, 07100 Sassari

<sup>2</sup>Dipartimento di Agraria, Università di Sassari, Viale Italia, 39, 07100 Sassari

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze Mediche e Sanità Pubblica, Università di Cagliari, Cittadella Universitaria di Monserrato, SS554 Bivio Sestu, 09042 Monserrato (CA)

<sup>4</sup>Proteomica e Spettrometria di Massa, IRCCS Ospedale Policlinico San Martino, Largo Rosanna Benzi 10, 16132 Genova

\*Autore corrispondente: rcomunian@agrisricerca.it

Parole chiave: biodiversità agroalimentare, collezioni microbiche sarde, progettazione e sviluppo database, batteri e funghi

Negli ultimi decenni, la conservazione della biodiversità ha ricevuto sempre più attenzione a livello globale e molte strategie, leggi e regolamenti sono stati adottati a questo fine da governi e organizzazioni internazionali e regionali. MicroBiodiverSar (Biodiversità Microbica della Sardegna) è stato il primo progetto riguardante le risorse microbiche finanziato con i fondi della legge 194/2015 per il sostegno alla tutela e alla valorizzazione della biodiversità delle risorse genetiche di interesse agricolo e alimentare. Il progetto, attualmente in corso, ha lo scopo di censire e catalogare le risorse microbiche presenti in tre collezioni sarde (Agris Sardegna, Università di Sassari e Università di Cagliari), attraverso la progettazione e realizzazione di un database, accessibile anche via web, la cui attuazione è affidata al laboratorio di bioinformatica dell'Ospedale Policlinico San Martino (Genova). Questi quattro istituti sono anche membri associati o partner della Joint Research Unit (JRU) MIRRI-IT (<http://www.mirri.it/>), che sta sviluppando la rete italiana delle collezioni microbiche, con l'obiettivo di superare l'attuale frammentazione nella disponibilità di risorse e servizi e valorizzare il sistema di gestione della qualità delle collezioni, concentrandosi sulle esigenze dei soggetti interessati al trasferimento biotecnologico delle risorse. Il progetto MicroBiodiverSar costituisce anche un'occasione di confronto tra le collezioni sarde e quelle italiane che adottano sistemi più avanzati di gestione e conservazione dei microrganismi, utile per una loro riqualificazione e adeguamento a standard internazionali più recenti. Per raggiungere questi obiettivi, in un primo momento, è stata effettuata un'indagine per raccogliere tutte le informazioni disponibili sul numero di accessioni, tipo di microrganismi, loro origine, anno e luogo di raccolta e forma di conservazione. Questa fase ha richiesto un'approfondita ricerca documentale negli archivi cartacei degli enti ospitanti le collezioni, poiché le informazioni sugli isolati raccolti per diversi decenni, a partire dagli anni '60, non erano disponibili in forma elettronica, mentre i dati relativi agli isolati

più recenti erano stati riportati in tabulati su fogli Excel, spesso non omogenei per struttura. Inoltre, talvolta, informazioni sullo stesso isolato si trovavano frammentate in file diversi. Il passo successivo è stato quello di creare per ciascun partner un unico file Excel contenente le informazioni su tutti gli isolati della propria collezione, seguendo sia le regole internazionali che le specifiche esigenze interne di ciascun laboratorio. Parallelamente, le risorse microbiche sono state riordinate fisicamente e inventariate, codificando e registrando la loro posizione. L'obiettivo finale del progetto verrà raggiunto con la realizzazione di un database relazionale standardizzato, contenente i dati di tutte e tre le collezioni. Il lavoro svolto finora ha evidenziato la presenza nelle collezioni sarde di una grande ricchezza di risorse microbiche. Infatti, sono state incluse nel database circa 70 specie di batteri, lieviti e muffe, isolati, nel corso di oltre 50 anni da diverse matrici (latte e prodotti lattiero-caseari di vacca, capra e pecora; colture starter naturali; caglio in pasta; tratto digerente di agnello; olive da tavola e salamoie, olio d'oliva; uva, mosto d'uva, vini; birra, grano, orzo, frumento, malto; salsicce di maiale tradizionali, budello e carne; intestino di pesci, mitili). A lavoro concluso sarà nota la consistenza e la composizione di gran parte del patrimonio delle collezioni microbiche sarde, il database verrà pubblicato su un sito web dedicato e le risorse rese accessibili alla comunità scientifica e agli stakeholder per l'applicazione nelle produzioni agroalimentari.

### Bibliografia

LEGGE 1 dicembre 2015, n. 194. Disposizioni per la tutela e la valorizzazione della biodiversità di interesse agricolo e alimentare. G.U. Serie Generale n.288 del 11-12-2015.

Lavoro pubblicato *in extenso* su *Sustainability*, nell'ambito dell'accordo tra il Convegno "Biodiversità 2021" e la rivista: Daga E., Budroni M., Multineddu C., Cosentino S., Deplano M., Romano P., Comunian R. 2021. The MicroBioDiverSar Project: Exploring the microbial biodiversity in *ex situ* collections of Sardinia. *Sustainability*, 13(15), 8494; <https://doi.org/10.3390/su13158494>.

## Starter microbici del biota naturale del fior di latte

Speranza B.\*, Campaniello D., Altieri C., Petruzzi L., Bevilacqua A., Sinigaglia M., Corbo M.R.

Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia, Via Napoli 25, 71122 Foggia

\*Autore corrispondente: [barbara.speranza@unifg.it](mailto:barbara.speranza@unifg.it)

Parole chiave: Fior di Latte, starter, *growth index*, approccio quantitativo, PCA

Il Fior di Latte è un formaggio fresco non stagionato a pasta filata, a base di latte intero vaccino, tipico del sud dell'Italia; è molto simile alla Mozzarella, conosciuta in tutto il mondo, ma con alcune differenze nel processo di lavorazione, che lo rendono un prodotto altamente deperibile con una *shelf life* limitata. Le caratteristiche principali per la sua produzione includono l'uso di latte crudo, colture di siero di latte naturale, filatura in acqua calda a 90 °C (con una temperatura della cagliata pari a 58-65 °C) e conservazione a 0-4 °C per 4 giorni prima del consumo. In particolare, il latte crudo è portato a una temperatura di 38 °C e addizionato di un siero che deriva dal latte di vaccino crudo precedentemente lavorato; dopo l'aggiunta di caglio liquido di vitello, lo si lascia coagulare per 20-40 minuti. Quindi, si ottengono piccoli granuli di dimensioni di una nocciola, attraverso la rottura della cagliata. In seguito avviene la fase di maturazione attraverso un processo di fermentazione naturale che ha luogo nel giro di 3-5 ore dall'aggiunta del caglio. Nonostante l'applicazione di un *flow-sheet* di produzione tradizionale, la variabilità nella composizione qualitativa/quantitativa della microflora naturale del siero di latte può causare un'ampia variabilità dei parametri microbiologici di questo formaggio. Una possibilità per migliorare e standardizzare i tratti microbiologici del Fior di Latte potrebbe consistere nell'uso di colture starter in grado di controllare e rendere prevedibile il processo fermentativo. Come generalmente riconosciuto, la funzione primaria degli starter lattici è la produzione di acido lattico dal lattosio (acidificazione del latte), ma ci sono altri aspetti importanti, tra cui il conferimento di sapore e aroma caratteristici, miglioramento della *texture* grazie ad attività proteolitiche e lipolitiche, inibizione di organismi indesiderabili e miglioramento della qualità di conservazione del formaggio. A causa delle loro prestazioni imprevedibili, gli innesti artigianali sono spesso sostituiti da starter commerciali o da acidificazione diretta con acido lattico o acido citrico. Questa tendenza, però, può avere importanti ripercussioni per diverse caratteristiche del Fior di Latte, traducendosi in un sapore meno caratteristico

del prodotto. Pertanto, la selezione di starter autoctoni con proprietà desiderabili potrebbe essere il primo strumento per ottenere una produzione riproducibile e migliorare i tratti qualitativi del Fior di Latte, garantendo al contempo elevate *performances* durante la sua produzione. In tale ottica, l'obiettivo principale di questo studio è stato quello di selezionare ceppi autoctoni dal biota naturale del Fior di Latte da utilizzare come potenziali colture starter per la sua produzione. La ricerca è stata suddivisa in 3 fasi successive: 1) valutazione di alcune caratteristiche tecnologiche importanti (crescita a diverse temperature, in presenza di sale, a pH 4,4 e capacità di acidificare il substrato); 2) selezione dei ceppi più promettenti attraverso un approccio di selezione multivariata e identificazione genotipica; 3) validazione a livello di laboratorio con prove in vivo di acidificazione in latte vaccino. La ricerca ha consentito di isolare 95 ceppi autoctoni; dopo una iniziale caratterizzazione basata su test di *routine* (colorazione di Gram, catalasi, produzione di CO<sub>2</sub> da glucosio e da citrato), i ceppi sono stati studiati sulla base delle *performances* di crescita a tre diverse temperature (10, 15 e 45 °C), in presenza di diverse concentrazioni saline (20, 40 e 65 g L<sup>-1</sup>) e a pH 4,4, oltre che sulla capacità di acidificare il mezzo colturale dopo 6 e 24 ore. I dati ottenuti sono stati modellati come Growth Index (Bevilacqua et al. 2010) e usati come input per una *cluster analysis* e una PCA (Analisi delle Componenti Principali), in modo da individuare i 9 ceppi più promettenti. I 9 ceppi selezionati sono stati identificati genotipicamente come *Lactiplantibacillus plantarum*, *Lacticaseibacillus casei*, *Pediococcus acidilactici* e *Streptococcus thermophilus* e usati, singolarmente o in combinazione, per prove di acidificazione in latte vaccino. I risultati di questa ultima fase hanno consentito di individuare una miscela di starter autoctoni promettenti da proporre con successo nella standardizzazione del processo di produzione del Fior di Latte tipico pugliese.

### Bibliografia

Bevilacqua et al. 2010. *J. Food Sci.*, 75, M536-M544.

## Colture naturali autoctone: un'opportunità per preservare la biodiversità e la qualità del Pecorino Romano DOP

Chessa L.\*, Paba A., Daga E., Dupré I., Piga C., Di Salvo R., Mura M., Addis M., Comunian R.

Agris Sardegna, Loc. Bonassai, S.S. 291 km 18.600, 07100 Sassari

\*Autore corrispondente: [Ichessa@agrisricerca.it](mailto:Ichessa@agrisricerca.it)

Parole chiave: colture starter naturali e commerciali, standardizzazione delle performance tecnologiche, proprietà microbiologiche, fisico-chimiche e sensoriali, Pecorino Romano DOP

Negli ultimi anni gli starter commerciali, costituiti da un numero limitato di specie e ceppi, sono stati sempre più utilizzati nell'industria casearia, soppiantando le colture starter naturali, per assicurare una maggiore stabilità e costanza nelle *performance* tecnologiche durante il processo fermentativo e per compensare la riduzione della carica microbica naturale, dovuta al miglioramento delle condizioni igieniche degli ambienti di produzione. Tuttavia l'uso di starter selezionati può comportare una diminuzione della biodiversità microbica sia nel prodotto finale che nell'ambiente e, complessivamente, una riduzione della variabilità delle caratteristiche sensoriali tra prodotti di diversa origine geografica, come i formaggi tradizionali e DOP. Le colture starter naturali, contrariamente a quelle commerciali, sono costituite da un numero indefinito di specie e ceppi in equilibrio dinamico tra loro, sono più resistenti agli attacchi fagici, possibile causa di blocchi della fermentazione, sono maggiormente adattati alla matrice da trasformare e possono conferire maggiore ricchezza sensoriale al prodotto. D'altra parte, il principale inconveniente derivante dall'utilizzo delle colture naturali è dovuto alla loro incostanza nelle *performance* tecnologiche che può essere attribuita alla loro variabilità sia nella carica microbica totale che nella composizione. Per questi motivi, i produttori di Pecorino Romano DOP hanno espresso l'esigenza di poter disporre, per la preparazione dello *scotta-innesto*, di colture starter efficaci tecnologicamente ma capaci di mantenere le caratteristiche di autoctonia e biodiversità, come richiesto dal disciplinare di produzione. Poiché le colture commerciali liofilizzate utilizzate finora ad integrazione dello *scotta-innesto* sono costituite da pochi ceppi, sarebbe auspicabile poter disporre di una coltura naturale complessa, in forma liofilizzata, con peculiari caratteristiche microbiologiche e tecnologiche, da utilizzare per l'inoculo indiretto della *scotta*. Lo scopo di questo studio era quello di valutare la stabilità nelle prestazioni tecnologiche e nella qualità microbica, di due colture naturali liofilizzate, conservate nei laboratori dell'Agris Sardegna fin dagli anni '60, nella produzione di Pecorino Romano, confrontandole con colture starter commerciali. In tre caseifici industriali sardi, in tre periodi della campagna casearia (gennaio, marzo e maggio), sono state effettuate produzioni sperimentali di Pecorino Romano. Lo sviluppo delle colture starter, sia naturali che commerciali utilizzate per la

preparazione dello *scotta-innesto*, è stato studiato con metodiche classiche e molecolari. Inoltre è stata effettuata una comparazione delle *performance* tecnologiche e microbiologiche delle due tipologie di colture utilizzate in produzione e delle proprietà microbiologiche, fisico-chimiche e sensoriali del formaggio a sei mesi di stagionatura. Durante la preparazione dello *scotta-innesto* con le colture naturali Agris, è stata osservata una concentrazione costante della microflora starter (lattobacilli e cocchi termofili ed enterococchi), simile a quella delle colture commerciali. Inoltre, lo sviluppo delle principali specie starter (*S. thermophilus*, *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus*, e subsp. *lactis*), osservato mediante quantificazione molecolare, non ha evidenziato differenze attribuibili agli starter utilizzati, ma solo dipendenti dal periodo produttivo. Nei formaggi a sei mesi di stagionatura non è stato osservato alcun effetto dello starter sulla macro-composizione, ad eccezione dell'umidità, più bassa nei formaggi prodotti con lo starter commerciale. Rispetto allo starter commerciale, gli starter naturali hanno indotto minime e non significative differenze nel processo di proteolisi e lipolisi del formaggio. La caratterizzazione microbiologica dei formaggi ottenuti con le due tipologie di starter non ha evidenziato differenze significative nel confronto tra i profili microbici. L'unica differenza rilevata nella composizione microbica (in particolare enterococchi e batteri citrato fermentanti), era legata al periodo di produzione, mentre lo starter utilizzato non ha influenzato la concentrazione dei lattobacilli termofili e mesofili, e dei cocchi termofili. L'analisi sensoriale non ha rilevato differenze significative nei parametri gustativi, olfattivi e di struttura tra i formaggi prodotti con gli starter naturali o commerciali. Si può concludere che le colture starter naturali possono essere utilizzate anche in produzione su scala industriale mantenendo una elevata stabilità nelle *performance* tecnologiche, preservando le caratteristiche microbiologiche fisico-chimiche e sensoriali del formaggio Pecorino Romano DOP.

Lavoro pubblicato *in extenso* su *Sustainability*, nell'ambito dell'accordo tra il Convegno "Biodiversità 2021" e la rivista: Chessa L., Paba A., Daga E., Dupré I., Piga C., Di Salvo R., Mura M., Addis M., Comunian R. 2021. Autochthonous natural starter cultures: A chance to preserve biodiversity and quality of Pecorino Romano PDO cheese. *Sustainability*, 13(15), 8214; <https://doi.org/10.3390/su13158214>

## Caratterizzazione della biodiversità microbica associata a salami europei fermentati spontaneamente

Barbieri F.<sup>1</sup>, Bassi D.<sup>2</sup>, Fontana C.A.<sup>2</sup>, Cocconcelli P.<sup>2</sup>, Dall'Osso N.<sup>1</sup>, Montanari C.<sup>2</sup>, Gardini F.<sup>1</sup>, Tabanelli G.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-alimentari, Università di Bologna, viale Fanin 44, Bologna

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Alimentari per una filiera agro-alimentare Sostenibile, Università Cattolica del Sacro Cuore, Piacenza

\*Autore corrispondente: [giulia.tabanelli2@unibo.it](mailto:giulia.tabanelli2@unibo.it)

Parole chiave: salami fermentati spontaneamente, biodiversità microbica, *Latilactobacillus sakei*

I prodotti carnei fermentati spontaneamente, oltre ad essere parte di importanti settori produttivi tradizionali, costituiscono un inestimabile patrimonio culturale fortemente legato all'identità di una determinata popolazione e zona di produzione. Infatti, sia il profilo sensoriale che le caratteristiche microbiologiche di questi prodotti sono estremamente influenzati dall'origine geografica, a causa della specificità del processo di produzione, delle diverse materie prime e delle formulazioni, che variano a seconda dei saperi tradizionali (Leroy et al. 2015; Van Reckem et al. 2019). Anche se a livello industriale l'uso degli starter sta diventando sempre più diffuso, nelle diverse aree dei Paesi del Mediterraneo la presenza di numerose produzioni locali ancora ottenute attraverso fermentazioni spontanee può rappresentare un'importante riserva di biodiversità microbica ancora poco caratterizzata. Per questo, lo studio di questi prodotti tradizionali e del loro microbiota può essere considerato una strategia sia per l'individuazione di nuovi ceppi microbici con attività antimicrobiche o proprietà tecnologiche specifiche, sia per la valorizzazione e lo sviluppo di produzioni locali legate a determinate aree rurali, anche nella prospettiva dell'applicazione del protocollo di Nagoya. Lo scopo di questo lavoro è stato quindi studiare la biodiversità microbica associata a prodotti carnei fermentati spontaneamente e reperiti in quattro diversi Paesi Europei (Italia, Croazia, Spagna e Slovenia). I campioni, che differivano per il processo di produzione, gli ingredienti, le materie prime e la durata di maturazione, sono stati analizzati per le loro caratteristiche chimico-fisiche, i profili in molecole d'aroma e il contenuto in ammine biogene. Inoltre, le loro popolazioni microbiche sono state studiate sia con tecniche coltura-dipendenti che con tecniche metagenomiche al fine di evidenziare la ricchezza della biodiversità microbica presente. I risultati hanno mostrato come le peculiarità dei processi e delle

materie prime influenzino la composizione del microbiota, i rapporti tra le popolazioni e il loro impatto sulle caratteristiche dei prodotti. Infatti, il contenuto in ammine biogene variava, a seconda della provenienza dei salami, da pochi mg/kg a svariate centinaia (nel caso di alcuni prodotti croati). Anche il volatiloma, riflettendo il metabolismo microbico, si può configurare come una caratteristica distintiva della provenienza dei prodotti. Inoltre, l'analisi genetica delle comunità microbiche associate a questi prodotti ha evidenziato un'elevata variabilità nella composizione qualitativa e quantitativa del microbiota coinvolto in queste fermentazioni naturali, anche per prodotti reperiti nelle stesse aree geografiche e con caratteristiche simili. Infatti, in alcuni campioni vi era una prevalenza di lattobacilli facoltativamente eterofermentanti rappresentati principalmente da *Latilactobacillus sakei* e *Latilactobacillus curvatus*, mentre in altri campioni prevalevano stafilococchi come *Staphylococcus xylosum*. È interessante sottolineare come alcuni generi o specie sono stati riscontrati solo in alcuni campioni provenienti da una determinata area geografica: è il caso di una predominanza di specie di lattobacilli appartenenti al genere *Companilactobacillus* in alcuni prodotti spagnoli, presenza che è stata confermata anche dalle identificazioni di isolati ottenuti da questi prodotti. I risultati di questo studio, che è parte del progetto BioProMedFood (finanziato nell'ambito PRIMA 2019-section 2), possono rappresentare un primo passo verso la valorizzazione del patrimonio genetico batterico presente in prodotti tradizionali mediterranei al fine di selezionare ceppi legati al territorio e alle produzioni locali, dotati di peculiari proprietà o caratteristiche tecnologiche.

### Bibliografia

Leroy et al. 2015. *Int. J. Food Sci.*, 212, 2–8.

Van Reckem et al. 2019. *Front. Microbiol.*, 10, 2302.

## Biodiversità microbica e starter funzionali: selezione di una coltura starter probiotica dal biota naturale di salami italiani

Campaniello D.\*, Speranza B., Altieri C., Petrucci L., Corbo M.R., Bevilacqua A., Sinigaglia M.

Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia, Via Napoli, 25 – 71122 Foggia

\*Autore corrispondente: [daniela.campaniello@unifg.it](mailto:daniela.campaniello@unifg.it)

Parole chiave: probiotici, starter microbici, salami, *Lactobacillus*, *Lactiplantibacillus plantarum*

I salami sono preparazioni derivanti dall'attività fermentativa di microrganismi starter a partire da carne (generalmente suina). I principali microrganismi coinvolti nel processo sono batteri lattici (LAB, principalmente *Latilactobacillus sakei*, *Latilactobacillus curvatus* e *Lactiplantibacillus plantarum*) e stafilococchi. Tuttavia, alcuni ricercatori hanno proposto l'impiego di microrganismi capaci non solo di iniziare e controllare il processo fermentativo così da ottenere un prodotto dalle caratteristiche specifiche, ma altresì capaci di apportare benefici alla salute del consumatore. Nel presente lavoro, la ricerca di microrganismi con caratteristiche funzionali che rispondessero a tali caratteristiche è stata inizialmente condotta a partire dalla materia prima (carne suina), considerata la necessità di isolare microrganismi capaci di adattarsi e di svilupparsi alle condizioni riscontrate nella carne fermentata (in presenza di sale, bassa concentrazione di zucchero, ricca microflora, ecc.). È stata quindi selezionata una coltura starter funzionale dai microrganismi autoctoni con lo scopo di validarla, successivamente, direttamente su salami italiani. 174 isolati sono stati testati al fine di valutarne le proprietà tecnologiche (sviluppo a differenti temperature, pH, nitriti e nitrati, e valutazione della capacità acidificante) mediante letture spettrofotometriche. I dati sono stati utilizzati come variabili di input per eseguire Analisi dei Cluster e dei Componenti Principali (PCA), da cui sono stati selezionati 53 isolati considerati più promettenti attraverso il calcolo del Growth Index in presenza di sale, nitriti, a basse temperature o acidificazione. Di questi isolati sono

state studiate alcune proprietà funzionali (sopravvivenza a pH 2,0/2,5, e in presenza di sali biliari, idrofobicità, autoaggregazione, resistenza agli antibiotici, attività antimicrobica nei confronti di alcuni alimenti, agenti patogeni) quindi, sono stati selezionati i 4 migliori candidati identificati come *L. plantarum*. I 4 isolati sono stati valutati in funzione della capacità di inibire patogeni di origine alimentare e di co-esistere con *Staphylococcus xylosus*, uno starter commerciale dei salami italiani. Uno dei 4 ceppi di *L. plantarum* (ceppo 178) è stato poi utilizzato per una validazione industriale: in primo luogo, sono stati valutati l'acidificazione in sistema modello e la bioattività nei confronti dello *Staphylococcus aureus*, *Salmonella* sp., *Listeria monocytogenes* ed *Escherichia coli*; le performances di *L. plantarum* 178 sono state confrontate con quelle di un ceppo commerciale, *Lactobacillus sakei* e un probiotico *Lacticaseibacillus casei*. *L. plantarum* 178 ha mostrato la capacità di inibire i patogeni e la più alta capacità acidificante a 15 °C. I dati ottenuti su sistema modello sono risultati incoraggianti, per cui il ceppo target e *L. casei* sono stati utilizzati come starter per una fermentazione industriale di insaccati tradizionali italiani. La presenza degli starter ha assicurato il corretto corso della fermentazione e inibito agenti patogeni ed enterobatteri. Questo lavoro ha permesso di studiare, caratterizzare e convalidare un ceppo promettente a livello industriale e mostra la possibilità di effettuare la fermentazione di salami tradizionali italiani mediante colture starter funzionali, combinando il beneficio di una fermentazione controllata ai possibili benefici per la salute.

## Biodiversità e potenzialità biotecnologiche di batteri isolati da oli extravergine di oliva

Fancello F., Multineddu C., Santona M., Deiana P., Zara G., Mannazzu I., Budroni M., Dettori S., Zara S.\*

Dipartimento di Agraria, Viale Italia 39, Università di Sassari, 07100 Sassari

\*Autore corrispondente: [szara@uniss.it](mailto:szara@uniss.it)

Parole chiave: probiotici, batteri promotori della crescita, bio-conversione dei lipidi, resistenza agli antimicrobici

In questo lavoro sono stati analizzati 15 oli extra vergine di oliva appartenenti a varietà italiane tra cui Frantoio, Coratina, Bosana e Semidana. Gli oli sono stati ottenuti da olive raccolte nel campo sperimentale dell'Università di Sassari, situato ad Oristano (Sardegna, Italia). Sono stati isolati e genotipizzati 57 ceppi batterici utilizzando metodi RAPD e REP-PCR. L'analisi dei profili ottenuti ha permesso di raggruppare i batteri isolati in 40 diversi cluster, evidenziando un'elevata biodiversità. Gli isolati rappresentativi di ciascun cluster sono stati successivamente sottoposti a sequenziamento del rDNA16s, permettendo così l'identificazione di specie batteriche appartenenti ai generi *Bacillus spp.*, *Brevibacillus spp.*, *Micrococcus spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Pantoea spp.*, *Kocuria spp.*, *Lysinbacillus spp.* e *Lactobacillus spp.* Gli isolati sono stati inoltre caratterizzati per diverse attività enzimatiche, potenzialità probiotiche e resistenza agli antibiotici (Fancello et al. 2020). I risultati ottenuti in questo lavoro dimostrano che la microflora dell'olio d'oliva è ricca di specie batteriche che possono essere selezionate per scopi biotecnologici, di biocontrollo, di biorisanamento e come potenziali probiotici.

Infatti, la maggior parte delle specie trovate appartiene ai generi *Bacillus* e *Brevibacillus* spp. Queste specie oltre ad essere ampiamente riconosciute come importanti promotori della crescita delle piante, sono note anche per la loro capacità di detossificare sottoprodotti industriali o agroindustriali e per la bio-conversione industriale di lipidi, grassi e oli in prodotti ad alto valore aggiunto. Ancora, l'isolamento di un ceppo di *L. rhamnosus* apre nuove strade per il potenziale utilizzo probiotico di alcuni oli extravergine di oliva, sempre ponendo particolare attenzione alla resistenza agli antibiotici. Infatti, in questo lavoro è stato chiaramente dimostrato che anche nelle produzioni alimentari come gli oli di oliva, è facile trovare batteri con diverse resistenze agli antibiotici (es. isolati di *Pantoea spp.* e *S. hominis*). Questo lavoro dimostra che nell'olio d'oliva vi è una ricca biodiversità batterica, e il suo ruolo, così come quello dei lieviti (Santona et al. 2018), può influenzarne le caratteristiche chimiche e sensoriali.

### Bibliografia

Fancello et al. 2020, *Microorganisms*, 8, 97.  
Santona et al. 2018. *Food Microbiol*, 70, 65-75.

## Valorizzazione di acque di vegetazione olearie attraverso fermentazioni guidate

Foti P.<sup>1\*</sup>, Occhipinti P.<sup>1</sup>, Flora V.R.<sup>2</sup>, Russo N.<sup>1</sup>, Finocchiaro M.<sup>1</sup>, Randazzo C.<sup>1</sup>, Caggia C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Università di Catania, Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente, Via Santa Sofia, 98-100, 95123 Catania (CT)

<sup>2</sup>Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria, Centro di ricerca Olivicoltura, Frutticoltura e Agrumicoltura, Corso Savoia, 190, 95024 Acireale (CT)

\*Autore corrispondente: [paola.foti@phd.unict.it](mailto:paola.foti@phd.unict.it)

Parole chiave: acque di vegetazione olearie, pool microbici, fermentazione, polifenoli, alimento funzionale

La produzione dell'olio d'oliva rappresenta un'attività agro-industriale di vitale importanza per i paesi del bacino del Mediterraneo, ed è associata alla generazione di grandi quantità di sottoprodotti. Nel contesto della sostenibilità delle attività agricole, il recupero e la valorizzazione dei sottoprodotti della trasformazione delle olive è una delle priorità. Nonostante l'elevata concentrazione di composti fenolici nel frutto dell'olivo, solo il 2% si ritrova nell'olio d'oliva vergine, mentre la restante parte si concentra nei sottoprodotti, ovvero il 53% nelle acque di vegetazione olearie e il 45% nella sansa d'oliva. Le acque di vegetazione olearie costituiscono una quantità significativa del processo di produzione dell'olio di oliva e un problema gestionale per l'industria, pur rappresentando una risorsa importante di polifenoli, composti ad attività biostatica. Molti studi confermano gli effetti protettivi dei polifenoli contro arteriosclerosi, diabete, obesità e altre patologie degenerative. Inoltre, l'effetto benefico dei polifenoli dell'olio d'oliva è stato riconosciuto dall'European Food Safety Authority con l'attestazione che: *i polifenoli dell'olio di oliva contribuiscono alla protezione dei lipidi del sangue dallo stress ossidativo*. Il presente lavoro ha lo scopo di valorizzare le acque di vegetazione olearie attraverso fermentazioni guidate al fine di formulare un nuovo alimento funzionale. L'avvio del processo fermentativo è stato effettuato attraverso l'inoculo di *pool* microbici, costituiti da ceppi, sia di lieviti sia di batteri lattici, isolati da olive in fermentazione naturale. In dettaglio, ceppi appartenenti alle specie *Candida boidinii*, *Wickerhamomyces anomalus* e *Lactiplantibacillus plantarum* sono stati inoculati ad una densità cellulare iniziale pari a  $10^7$  UFC/mL per i lieviti e a  $10^8$  UFC/mL per *L. plantarum*, in campioni di: acque di vegetazione fresche, acque di vegetazione fresche filtrate e acque di vegetazione sterilizzate. Per le acque fresche sono state disposte sette tesi: tre inoculate con le singole culture, tre inoculate con i ceppi combinati e una inoculata con la

miscela dei tre ceppi. Per le acque sterilizzate sono state disposte tre tesi con ceppi in coltura singola, al fine di studiare l'attitudine biotecnologica dei ceppi durante il processo fermentativo. Tutte le prove sono state condotte in triplo in 1,5 L di acqua di vegetazione olearia. Il processo fermentativo è stato monitorato a intervalli di tempo regolari: a T0 (primo giorno dell'inoculo); T1 (dopo 8 giorni di fermentazione); T2 (dopo 30 giorni di fermentazione), attraverso lo studio del dinamismo della popolazione microbica e il monitoraggio dei diversi parametri di processo. Nelle acque fresche, i dati ottenuti evidenziano che i ceppi di lievito mostrano una migliore performance durante il processo fermentativo. In dettaglio, le concentrazioni più elevate di idrossitirosolo e tirosolo sono state rilevate nei campioni di acque di vegetazione fresche inoculate con *C. boidinii* e *W. anomalus*, in coltura singola. Nelle acque di vegetazione sterili le concentrazioni di idrossitirosolo e di tirosolo hanno mostrato un incremento significativo nei campioni inoculati con *W. anomalus*, raggiungendo rispettivamente i valori di 3057,90 mg/L e 1036,83 mg/L. Tali concentrazioni risultano più elevate sia rispetto a quelle riscontrate nel controllo, sia rispetto a quelle riscontrate nei campioni inoculati con *L. plantarum*. Le analisi microbiologiche hanno evidenziato che nelle acque fresche la densità dei microrganismi inoculati si mantiene pressoché costante, i coliformi totali si riducono di sei unità logaritmiche, mentre invariata rimane la conta della carica mesofila aerobia totale. Nei campioni di acque di vegetazione sterilizzate, inoculati con i ceppi di *L. plantarum*, *C. boidinii* e *W. anomalus*, si evidenzia una densità cellulare costante dei gruppi microbici ricercati. In conclusione, i risultati confermano che le fermentazioni guidate rappresentano una valida e promettente strategia per la valorizzazione delle acque di vegetazione olearie e per la formulazione di una nuova bevanda funzionale ad elevato valore aggiunto.

## Selezione di ceppi $\beta$ -glucosidasi positivi da impiegare nella fermentazione naturale di olive da tavola siciliane

Vaccalluzzo A.<sup>1\*</sup>, Pino A.<sup>1</sup>, Nicosia F.<sup>1</sup>, De Angelis M.<sup>2</sup>, Caggia C.<sup>1</sup>, Randazzo C.L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente (Di3A), Università di Catania, via Santa Sofia 98-100, 95123 Catania

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta e degli Alimenti (DiSSPA), Università di Bari, Via G. Amendola, 165/a, 70126 Bari

\*Autore corrispondente: amanda.vaccalluzzo@unict.it

Parole chiave: olive da tavola, *Lactiplantibacillus plantarum*, oleuropeina,  $\beta$ -glucosidasi

L'impiego di ceppi starter  $\beta$ -glucosidasi positivi rappresenta un'innovazione biotecnologica utile per accelerare, controllare e condurre al meglio il processo fermentativo delle olive da tavola. Tali ceppi contribuiscono, inoltre, allo sviluppo delle caratteristiche sensoriali e all'incremento della sicurezza del prodotto finito. Ai fini dell'applicazione tecnologica, la scelta di colture starter, è basata sulla ricerca di criteri di selezione che mirano a valutare la sopravvivenza nelle condizioni stressanti di processo (temperatura, pH, pressione osmotica, ecc.). La specie *Lactiplantibacillus plantarum* è considerata una coltura starter d'eccellenza, per l'elevata versatilità e adattamento in diversi ambienti e matrici alimentari. In aggiunta, svolge un ruolo chiave nella fermentazione delle olive da tavola, principalmente per l'attività  $\beta$ -glucosidasica, necessaria per la deamarizzazione dell'oleuropeina, la cui presenza, in elevate concentrazioni, rende le olive non edibili. L'obiettivo principale del presente lavoro è stato quello di valutare la crescita di ceppi ascritti alla specie *L. plantarum*, in diverse condizioni di pH, sale e temperature, al fine di stabilire le migliori condizioni di degradazione dell'oleuropeina, considerando i principali fattori di stress che caratterizzano il processo di produzione delle olive da tavola. In dettaglio, nove ceppi di *L. plantarum* sono stati precedentemente isolati da olive da tavola siciliane, fermentate naturalmente, e identificati a livello di specie, mediante il gene *recA* PCR multiplex. Le performance di crescita dei ceppi sono state valutate nelle condizioni singole e combinate, a diverse concentrazioni di pH (4,5, 5,5 e 6,0), NaCl (5,0% e 6,0%) e temperature (32 °C e 16 °C), dopo 72 ore di incubazione. Inoltre, sulla base dei risultati conseguiti, è stata valutata la capacità di degradare

l'oleuropeina, impiegando il terreno di coltura MRS modificato a pH 6,0 al 5,0% e 6,0% di NaCl e addizionato con oleuropeina pura (1g/L). La capacità degradativa è stata testata dopo 48 e 96 ore di incubazione, nelle rispettive temperature di 32 e 16 °C. In aggiunta, per i ceppi in studio, è stata valutata la presenza del gene che codifica per l'enzima  $\beta$ -glucosidasi. I risultati hanno evidenziato ottime performance di crescita nelle condizioni di stress singolo e multiplo, a 32 °C, con un interessante incremento nella condizione combinata, MRS a pH 6.0 e NaCl 6,0%. Tuttavia, la diminuzione della temperatura di incubazione (16 °C) ha influito in modo evidente sulle performance di crescita, evidenziando prestazioni significativamente inferiori da parte dei ceppi testati. Complessivamente la temperatura di 16 °C sembra ostacolare le performance di crescita dei ceppi nelle condizioni combinate, con un tasso di crescita inferiore a 0,4 unità log nella condizione pH 5,5 e NaCl 6,0%. Inoltre, tutti i ceppi sono stati in grado di degradare l'oleuropeina nelle condizioni testate, a 32 °C. In aggiunta, i ceppi F1.16, F3.2 e C11C8 hanno mostrato ottime performance degradative a 16 °C, con capacità di riduzione del contenuto totale del 96, 95 rispettivamente, nella condizione di NaCl 6,0% a pH 6,0. Inoltre, il gene che codifica per l'enzima  $\beta$ -glucosidasi è stato identificato nei ceppi F1.8M, F3.2, F3.3, F3.8 e C11C8. In conclusione, sulla base dei risultati ottenuti, i ceppi  $\beta$ -glucosidasi positivi F3.2 e C11C8, per i quali le performance di crescita e di degradazione dell'oleuropeina hanno dato esito positivo, nelle condizioni e temperature sopra citate, possono essere considerati ceppi promettenti da impiegare come colture starter nella fermentazione delle olive da tavola.



## Studio e caratterizzazione del microbiota di impasti acidi di grani antichi siciliani

Vaccalluzzo A.<sup>1\*</sup>, Pino A.<sup>1</sup>, Russo N.<sup>1</sup>, Solieri L.<sup>2</sup>, Alfeo V.<sup>3</sup>, Caggia C.<sup>1</sup>, Randazzo C.L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente (Di3A), Università di Catania, via Santa Sofia 98-100, 95123 Catania

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia, via Amendola 2, Padiglione Besta, 42122 Reggio Emilia

<sup>3</sup>Università di Perugia, Centro di ricerca dell'eccellenza della Birra (CERB), Via San Costanzo s.n.c., 06126, Perugia

\*Autore corrispondente: amanda.vaccalluzzo@unict.it

Parole chiave: lieviti, LAB, PCR-DGGE, VOCs, sequenziamento

La pasta acida, un impasto di farina e acqua, spontaneamente fermentata da lieviti e batteri lattici (LAB) presenti nelle materie prime e nell'ambiente di lavorazione, rappresenta un ecosistema eterogeneo che ospita consorzi microbici molto complessi. Le interazioni tra i vari gruppi microbici che si instaurano nell'impasto e la cultivar di grano influenzano fortemente le caratteristiche nutrizionali e sensoriali del prodotto finito. Negli ultimi anni, la crescente attenzione dei consumatori verso i prodotti a filiera corta e la diffusione di attitudini salutistiche hanno suscitato grande interesse per i grani antichi. Tuttavia sono scarse le informazioni sulle paste acide ottenute con grano antico Maiorca (*Triticum vulgare* var. *albidum*), coltivato in Sicilia e recentemente apprezzato per il suo basso contenuto in glutine e la sua attitudine alla panificazione. Lo scopo del presente lavoro è stato quello di analizzare e caratterizzare la biodiversità microbica di impasti acidi, prodotti con farina di Maiorca, presso 4 panifici situati in differenti zone della Sicilia, attraverso approcci fenotipici e molecolari e di valutarne gli effetti sulla composizione aromatica dei prodotti finiti. In dettaglio, i LAB, isolati mediante l'impiego di differenti terreni selettivi, sono stati clusterizzati mediante 16S rDNA PCR-RFLP e tipizzati mediante (GTG)<sub>5</sub> fingerprinting. Ceppi rappresentativi di ciascun biotipo sono stati sottoposti al sequenziamento del gene 16S rRNA. I ceppi di lievito isolati sono stati caratterizzati fenotipicamente, e identificati mediante PCR-RFLP della regione

ribosomiale includente lo spaziatore interno ITS1, il gene 5.8S rDNA e lo spaziatore interno ITS2 (genericamente riferita come ITS) e mediante sequenziamento della regione D1/D2 del gene 26S rRNA. Infine, il profilo aromatico dei campioni di pasta acida è stato determinato mediante analisi SPME-GC-MS. I risultati ottenuti hanno evidenziato la presenza, in tutti i campioni analizzati, di poche specie di LAB eterofermentanti, con una netta dominanza (80%) della specie *Levilactobacillus brevis*, in accordo con quanto riportato in letteratura sui grani teneri italiani. Tra i lieviti, *Wickerhamomyces anomalus* è stata la specie maggiormente rilevata in tre dei quattro campioni analizzati, seguita da *Saccharomyces cerevisiae*. Solo su alcuni campioni è stata, inoltre, riscontrata la presenza di specie minoritarie, quali *Pichia kluyveri*, *Candida diddensiae*, e *Candida boidinii*, specie metilotrofica e xilosiofermentante. Diversamente da quanto riportato in letteratura, non è stata riscontrata la specie *Kazachstania humilis* (syn. *Candida humilis*), generalmente associata alla presenza di *Fructilactobacillus sanfranciscensis*. Sebbene gli impasti acidi analizzati abbiano presentato un profilo aromatico differente in termini quali e quantitativi, è stato possibile correlare la presenza di esteri e terpeni alla dominanza di specie di LAB e di lieviti, evidenziando l'importanza del microbiota degli impasti nello sviluppo dei composti aromatici del prodotto finito.

## Selezione ed utilizzo di batteri lattici autoctoni non starter per la produzione della provola dei Nebrodi

Pino A.<sup>1</sup>, Liotta L.<sup>2\*</sup>, D'Angelo G.<sup>2</sup>, Scalisi M.<sup>2</sup>, Russo N.<sup>1</sup>, De Angelis M.<sup>3</sup>, Caggia C.<sup>1</sup>, Chiofalo V.<sup>4</sup>, Randazzo C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente, Università di Catania, Via Santa Sofia, 98, 95123 Catania

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Veterinarie, Università di Messina, Via Palatucci, 13, 98168 Messina

<sup>3</sup>Dipartimento Di Scienze Del Suolo, Della Pianta E Degli Alimenti, Via Giovanni Amendola, 165/a, 70126 Bari

<sup>4</sup> Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali, Università di Messina, Viale Ferdinando Stagno d'Alcontres, 31 - 98166 Messina

\*Autore corrispondente: luigi.liotta@unime.it

Parole chiave: batteri lattici autoctoni non starter, formaggi storici, caratteristiche chimico-fisiche, VOCs, performance tecnologiche

La Provola dei Nebrodi, attualmente in Protezione Nazionale Transitoria (PNT), è un formaggio storico siciliano a pasta filata, prodotto con latte bovino intero crudo nell'areale dei monti Nebrodi, commercializzato nelle tipologie: fresco (inferiore a 30 giorni) semi stagionato (30-120 giorni) e stagionato (oltre 120 giorni). Come noto, i formaggi tradizionali a latte crudo e senza aggiunta di colture starter, vantano caratteristiche sensoriali uniche dovute principalmente ai sistemi di allevamento e di alimentazione degli animali, alle condizioni ambientali, alla tecnologia di produzione e alla popolazione autoctona di batteri lattici (LAB) coinvolta durante la produzione e la maturazione del formaggio (Carafa et al. 2015). In particolare, i LAB non starter (NSLAB) svolgono un ruolo chiave nello sviluppo dei composti aromatici grazie al metabolismo del lattato e del citrato, alla produzione di acidi grassi liberi, alla degradazione delle proteine e al catabolismo degli aminoacidi (McSweeney e Sousa, 2000, Yvon e Reijen, 2001). Il presente studio ha avuto lo scopo di selezionare ceppi autoctoni di NSLAB da impiegare come colture aggiunte per la produzione della Provola dei Nebrodi, genotipizzati mediante Rep-PCR, e studiati per le performance tecnologiche e di sicurezza. Queste ultime hanno compreso: valutazione delle attività DNAsica, gelatinasica ed emolitica; studio della capacità di degradare la mucina e di produrre ammine biogene; determinazione della resistenza agli antibiotici, in accordo a quanto suggerito dalle linee guida dell'EFSA; valutazione della presenza di geni che codificano per i fattori di virulenza, la produzione di ammine biogene e la resistenza agli antibiotici. I ceppi che hanno soddisfatto i requisiti di sicurezza sono stati quindi studiati per le performance tecnologiche quali: tolleranza al sale, attività proteolitica, lipolitica ed acidificante, produzione di diacetile ed esopolisaccaridi, attività

aminopeptidasica e dipeptidasica. L'attività di screening ha permesso di selezionare i ceppi PN 76 e PN 101, ascritti rispettivamente alle specie *Lactobacillus paacasei* e *Lactobacillus fermentum*, quali migliori preformanti. Presso un caseificio nell'area di produzione sono state condotte due caseificazioni denominate: Controllo, seguendo il processo tecnologico tradizionale, Sperimentale, impiegando i ceppi PN 76 e PN 101 come coltura aggiunta in rapporto 1:1. Per ciascuna caseificazione sono state condotte tre repliche in giorni consecutivi. Le Provole dei Nebrodi sono state campionate a differenti tempi di maturazione (0, 30 e 60 giorni) per la valutazione delle caratteristiche chimiche, microbiologiche e delle componenti volatili, mediante GC-MS. Nel complesso le Provole dei Nebrodi sono risultate prive di microrganismi sia patogeni sia alteranti e conformi ai limiti di accettabilità stabiliti dal Reg. CE 2073/2005. Le Provole dei Nebrodi del gruppo Sperimentale hanno presentato valori di conta microbica significativamente differenti ( $P < 0,05$ ) rispetto al gruppo Controllo, evidenziando una popolazione sia lattica che lattococcica più alta durante la fase di stagionatura. La composizione chimica non ha evidenziato variazioni significative tra i gruppi per quanto riguarda il tenore proteico, mentre il contenuto in lipidi è risultato significativamente inferiore nelle Provole dei Nebrodi del gruppo Controllo a 30 giorni di stagionatura (26,90% vs. 28,78%;  $P < 0,05$ ). Dall'analisi delle componenti volatili sono emerse differenze significative ( $P < 0,05$ ) tra le Provole dei Nebrodi dei due gruppi, evidenziando una spiccata attività proteolitica e lipolitica delle colture di NSLAB aggiunte al processo di caseificazione.

### Bibliografia

- Carafa et al. 2015. *Food Microbiol.*, 48,123–132.  
McSweeney e Sousa 2000. *Lait.*, 80, 293–324.  
Yvon e Rijnen 2002. *Int. Dairy J.*, 11, 185-201.

## Biodiversità microbica e caratteristiche organolettiche dei Formaggi di Malga trentini, ruolo delle popolazioni batteriche e del tempo di stagionatura

Schiavon S.\*, Guzzon R., Roman T.

<sup>1</sup>Fondazione Edmund Mach, via E. Mach 1. 38010 S. Michele all'Adige (TN)

\*Autore corrispondente: [silvia.schiavon@fmach.it](mailto:silvia.schiavon@fmach.it)

Parole chiave: formaggio, malghe, batteri lattici autoctoni, biodiversità, caratteristiche organolettiche

Sulle Alpi Trentine sono presenti più di 400 malghe che svolgono una fondamentale funzione nella tutela del paesaggio montano, attraverso il mantenimento del pascolo in alta quota (circa 50.000 ha), ma anche nella conservazione di tradizioni rurali che possono rappresentare un'offerta turistica innovativa e un'occasione di sviluppo per aree montane marginali. 160 malghe della provincia di Trento montano vacche da latte, producendo circa il 4% del latte trentino (latte trentino 1.300.000 q/anno), di queste 60 portano il latte nei caseifici di fondovalle, mentre le restanti caseificano in alpeggio (il 2% del latte trentino, 26.000 q), mantenendo metodi produttivi e tipologie di formaggio caratteristici di ogni vallata o, addirittura, di ogni alpeggio. La caseificazione in malga avviene perlopiù utilizzando latte crudo, paioli di rame, fuoco a legna, secondo una ritualità che si tramanda da secoli e dando origine a formaggi caratterizzati da una specificità sensoriale frutto dell'interazione tra l'ambiente in cui nasce, la manualità di chi lo produce e la flora microbica locale. Pur con peculiarità diverse per ogni alpeggio, il Nostrano di Malga trentino è un formaggio a latte crudo parzialmente scremato, a pasta semicotta, con un peso che va dai 5 ai 10 Kg e una stagionatura minima di 60 giorni. Il lavoro presenta una indagine sulla biodiversità microbica e sulle proprietà sensoriali dei Nostrano di Malga, prodotti in diversi alpeggi della provincia di Trento (38 campioni), in funzione dei tempi di stagionatura (6 e 16 mesi). È stato inoltre valutato l'effetto dell'aggiunta di una miscela di batteri lattici autoctoni selezionati da latti e cagliate di malga sulla biodiversità della popolazione microbica presente nel Nostrano di Malga. I risultati ottenuti sono stati confrontati con quelli risultanti dalla tecnica tradizionale del lattoinnesto. A tale scopo sono state indagati differenti gruppi microbici con i metodi ISO di riferimento: lattobacilli e lattococchi, mesofili e termofili, coliformi, *Enterococcus* sp. e *Streptococcus* sp. La valutazione organolettica è

stata realizzata da una giuria di 30 esperti (tutti appartenenti all'Organizzazione Nazionale degli Assaggiatori di Formaggio). Dalle analisi effettuate si evidenzia che la carica microbica totale dei campioni di formaggio stagionati per 6 mesi è significativamente più alta di quella dei formaggi stagionati per 16 mesi e che non ci sono differenze statisticamente significative in termini di carica microbica totale all'interno della stessa annata utilizzando i due diversi innesti. In tutti i formaggi, sia quelli prodotti con le miscele autoctone che quelli con il lattoinnesto, pur prevalendo i batteri lattici mesofili, si evidenzia una certa percentuale di lattococchi termofili sia a 6 che a 16 mesi di stagionatura. I formaggi stagionati 6 mesi e prodotti con innesto autoctono presentano una maggiore biodiversità microbica rispetto agli altri; nei formaggi prodotti con lattoinnesto e stagionati 16 mesi, pur presentando una buona biodiversità microbica, si riscontra una netta prevalenza di lattobacilli eterofermentanti mesofili mentre nei formaggi prodotti con innesto autoctono i gruppi microbici sono più equamente distribuiti. La valutazione sensoriale attribuita dalla giuria di assaggiatori esperti è risultata significativamente ( $p < 0,05$ ) più alta nei Nostrani di Malga di 16 mesi, rispetto a quelli assaggiati dopo 6 mesi di stagionatura. Non si riscontrano differenze organolettiche tra i formaggi prodotti impiegando la miscela di batteri autoctoni selezionati e quelli prodotti con altre tecniche. I risultati evidenziano come l'utilizzo di batteri lattici autoctoni possa essere uno strumento per migliorare la biodiversità microbica del formaggio durante la stagionatura, rispettando le caratteristiche organolettiche tipiche del formaggio Nostrano di Malga trentino.

### Bibliografia

Guzzon et al. 2019. *J. Food Qual. Hazards Control*, 6, 179-186.



# Bio div ers ità microbica in enologia



## Interazioni microbiche tra diversi ceppi di *Starmarella bacillaris* e *Saccharomyces cerevisiae* in fermentazioni miste

Englezos V.\*, Di Gianvito P., Coccolin L., Rantsiou K.

Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari, Università di Torino

\*Autore corrispondente: [vasileios.englezos@unito.it](mailto:vasileios.englezos@unito.it)

Parole chiave: *Starmarella bacillaris*, non-*Saccharomyces*, *Saccharomyces cerevisiae*, cell-to-cell contact mechanism

Negli ultimi anni, a causa del riscaldamento globale, il tenore in zuccheri dell'uva è significativamente aumentato e, di conseguenza, anche il grado alcolico dei vini ottenuti. Allo stesso tempo, tuttavia, i consumatori sono sempre più orientati verso il consumo di bevande a ridotto contenuto di alcol. Per poter andar incontro alle nuove richieste del mercato, è stato proposto l'impiego di colture miste con lieviti selezionati non-*Saccharomyces* e *Saccharomyces cerevisiae*. In questo contesto, le interazioni tra le specie durante le fermentazioni miste hanno un ruolo fondamentale poiché influenzano la crescita dei lieviti e, di conseguenza, la produzione di metaboliti di interesse enologico. Tra i lieviti non-*Saccharomyces*, *Starmarella bacillaris* sta ricevendo una crescente attenzione nella produzione dei vini perché è in grado di produrre meno alcol ed elevate concentrazioni di glicerolo a partire dagli zuccheri. Tuttavia, come la maggior parte dei lieviti non-*Saccharomyces*, *Starm. bacillaris* non è in grado di portare a termine il processo fermentativo in autonomia, di conseguenza per sfruttare al massimo le sue caratteristiche fenotipiche è bene che venga utilizzata tramite inoculi sequenziali con ceppi selezionati di *S. cerevisiae*. Al fine di indagare le interazioni tra i lieviti, le cinetiche di crescita e di scomparsa di *Starm. bacillaris* e di *S. cerevisiae* sono state seguite in fermentazioni pure e miste, in mosto ottenuto da uve della *cultivar* Nebbiolo. Queste prove sono state condotte sia in beuta che in un sistema di fermentazione a doppio

compartimento nel quale le cellule delle due specie sono tenute separate da una membrana filtrante. Inoltre, ceppi diversi di *Starm. bacillaris* e *S. cerevisiae* sono stati presi in considerazione, per investigare meglio l'impatto della scelta dei ceppi sui diversi meccanismi di interazione. I risultati ottenuti hanno dimostrato che, anche se le due specie presentavano cinetiche di crescita simili durante i primi giorni di fermentazione, *Starm. bacillaris* scompariva prima in beuta che nelle fermentazioni condotte nel fermentatore a doppio compartimento. Inoltre, è stato possibile notare che il tempo di permanenza di *Starm. bacillaris* nel sistema a doppio compartimento cambiava in funzione della coppia di ceppi utilizzata. La scomparsa precoce di *Starm. bacillaris* sembrerebbe non essere causata dalla limitazione di nutrienti né dall'accumulo di composti inibitori, mentre il meccanismo di contatto "cell-to-cell" dipende dalla combinazione *Starm. bacillaris*/*S. cerevisiae* utilizzata. Questi risultati contribuiscono a comprendere meglio i fattori che influenzano la scomparsa di *Starm. bacillaris* durante la fermentazione del vino. In futuro sarà necessario effettuare ulteriori studi al fine di approfondire questo aspetto e definire in maniera più chiara come avviene e come viene regolato questo meccanismo al fine di poter condurre fermentazioni con diverse combinazioni di ceppi di *Starm. bacillaris* e *S. cerevisiae* per ottenere vini con le caratteristiche desiderate.

## Impiego di ceppi di *Candida zemplinina* adesi su chips di quercia per modulare le caratteristiche del vino Montepulciano d'Abruzzo

Perpetuini G., Rossetti A.P., Battistelli N., Arfelli G., Suzzi G., Tofalo R.\*

Facoltà di Bioscienze e Tecnologie Agro-Alimentari e Ambientali, Università di Teramo

\*Autore corrispondente: rtofalo@unite.it

Parole chiave: *Candida zemplinina*, esteri, biofilm, chips, Montepulciano d'Abruzzo

*Candida zemplinina* (sinonimo *Starmerella bacillaris*) è una specie frequentemente associata ad ambienti enologici, suolo e insetti fruttiferi (Tofalo et al. 2012; Stamps et al. 2012). *C. zemplinina* ha alcune proprietà enologiche quali: carattere fruttosofilo, osmotolleranza ed elevata produzione di glicerolo (Giaramida et al. 2013; Magyar e Tóth, 2011). I lieviti appartenenti a questa specie, inoltre, sono in grado di produrre vini con un basso contenuto di etanolo e rilasciano metaboliti secondari come glicerolo e acido piruvico (Giaramida et al. 2013). I vini ottenuti mediante il co-inoculo di *C. zemplinina* e *Saccharomyces cerevisiae* sono caratterizzati da un'elevata concentrazione di alcoli superiori, esteri e terpeni (Russo et al. 2020). Alcuni studi hanno rivelato che ceppi di *C. zemplinina* possono essere isolati anche a fine fermentazione alcolica grazie a specifiche strategie di sopravvivenza come la formazione di biofilm. I biofilm microbici sono strutture tridimensionali composte da una o più specie circondate da una matrice extracellulare. I microrganismi allo stato sessile presentano un metabolismo diverso rispetto alle cellule in fase planctonica che influenzano le caratteristiche del vino (Berlanga et al. 2016). Ad oggi sono stati effettuati pochi studi sulle proprietà adesive e sul metabolismo di *C. zemplinina* allo stato sessile. In questo studio sono stati testati 10 ceppi di *C. zemplinina* per la loro capacità di aderire a superfici in acciaio inossidabile e chips di quercia ed è stato valutato l'impatto delle cellule di *C. zemplinina* adese alle chips sulle cinetiche di fermentazione e sul profilo aromatico dei vini. Il numero di cellule sessile è stato determinato

mediante conta in piastra ed il ceppo con le migliori proprietà adesive è stato impiegato in co-inoculo con *S. cerevisiae* sia in forma planctonica che sessile adeso alle chips. La cinetica di fermentazione è stata seguita monitorando il calo in peso dovuto all'evoluzione della CO<sub>2</sub>, i principali parametri enologici sono stati determinati mediante Winescan (FOSS, Hillerød, Danimarca) e i composti aromatici tramite analisi gas cromatografica. Il numero delle cellule sessili presenti sulle chips era maggiore di circa 2 cicli logaritmici rispetto a quelle presenti sulle superfici in acciaio. L'adesione sulle chips non ha influenzato le cinetiche di fermentazione e i principali parametri enologici. Tuttavia, è stato osservato un contenuto di glicerolo più elevato quando *C. zemplinina* era adesa sulle chips. Per quanto riguarda l'effetto sul profilo aromatico i vini ottenuti co-inoculando le cellule di *C. zemplinina* adese sulle chips con *S. cerevisiae* erano caratterizzati da un più elevato contenuto di esteri. I risultati ottenuti hanno evidenziato un diverso metabolismo delle cellule di *C. zemplinina* sessili e planctoniche. Queste differenze potrebbero essere utilizzate per ottenere nuovi stili di vino.

### Bibliografia

- Tofalo et al. 2012. *Food Microbiol.*, 29, 18–26.  
Stamps et al. 2012. *PLoS ONE* 7, e42238.  
Giaramida et al. 2013. *S. Afr. J. Enol. Viticult.*, 34, 204–211.  
Magyar et al. 2011. *Food Microbiol.*, 28, 94–100.  
Russo et al. 2020. *Microorganisms*, 8, 628.  
Berlanga et al. 2016. *Microb. Cell Fact.*, 15, 165.

## Influenza della formulazione del lievito non-*Saccharomyces* in coltura mista con *Saccharomyces cerevisiae* sulla performance fermentativa dello starter

Alberico G.<sup>1</sup>, Capece A.<sup>1</sup>, Pietrafesa R.<sup>1</sup>, Mauriello G.<sup>2</sup>, Maresca D.<sup>2</sup>, Siesto G.<sup>1</sup>, Romano P.<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup>Università della Basilicata, Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari ed Ambientali, via dell'Ateneo Lucano 10, 85100 Potenza

<sup>2</sup>Università di Napoli Federico II, Dipartimento di Agraria, via Università - Mascabruno 100, Portici, 80055 Napoli

<sup>3</sup>Universitas Mercatorum, Facoltà di Economia, Piazza Mattei 10, 00186 Roma

\*Autore corrispondente: pot2930@gmail.com

Parole chiave: lieviti non-*Saccharomyces*, colture starter miste, *Hanseniaspora osmophila*, cellule secche, cellule microincapsulate

L'ampia diffusione della fermentazione inoculata con ceppi commerciali di *Saccharomyces cerevisiae* ha determinato una certa uniformità delle caratteristiche sensoriali dei vini, stimolando la richiesta da parte dei produttori di nuove colture starter con proprietà specifiche. In questo contesto, sebbene in passato considerati indesiderabili, i lieviti non-*Saccharomyces* negli ultimi decenni sono stati rivalutati come potenziale strumento biotecnologico per le loro peculiari caratteristiche metaboliche ed enzimatiche. Il loro utilizzo, in co-inoculo con *S. cerevisiae*, potrebbe permettere di ottenere vini con caratteristiche sensoriali particolari o risolvere determinati problemi tecnologici. Una problematica di crescente interesse riguarda l'aumento della gradazione alcolica del vino legato principalmente ai cambiamenti climatici, che hanno portato alla produzione di uve ad alto contenuto zuccherino e di conseguenza alla produzione di vini ad alto contenuto di etanolo. Un approccio promettente per ridurre la gradazione alcolica potrebbe essere quello di sfruttare il metabolismo ossidativo-fermentativo di alcuni lieviti non-*Saccharomyces* per consumare in parte lo zucchero presente nel mosto per via respiratoria piuttosto che fermentativa, convertendo gli zuccheri del mosto in metaboliti secondari anziché in etanolo. La pratica del co-inoculo del mosto d'uva con uno starter misto selezionato (non-*Saccharomyces*/*S. cerevisiae*) con aerazione parziale e controllata del succo d'uva può essere considerata come una delle migliori strategie per ottenere vino con un ridotto contenuto di alcol, conservando qualità organolettiche desiderabili. Questo lavoro è finalizzato alla caratterizzazione di ceppi indigeni non-*Saccharomyces* per parametri fisiologici e biochimici al fine di individuare ceppi adatti all'impiego come starter misto per la produzione di vino a bassa gradazione alcolica. A tale scopo, sono stati scelti numerosi ceppi indigeni non-*Saccharomyces*, appartenenti a specie diverse, quali *Hanseniaspora guilliermondii*, *H. osmophila*, *Metschnikowia pulcherrima*, *Torulaspora delbrueckii*,

*Saccharomyces ludwigii*, che sono stati saggiati per parametri di interesse enologico, quali la tolleranza a diverse concentrazioni di etanolo e SO<sub>2</sub>, e la produzione di enzimi idrolitici extracellulari (α-glucosidasi ed esterasi). Sulla base dei risultati ottenuti, alcuni ceppi che hanno mostrato la migliore combinazione dei parametri considerati sono stati scelti e saggiati in prove di microvinificazione come colture starter miste in combinazione con lo stesso starter commerciale di *S. cerevisiae* (EC1118). Il processo fermentativo è stato monitorato valutando il consumo di zuccheri e l'evoluzione microbiologica nel tempo al fine di controllare l'andamento fermentativo e la persistenza dei ceppi non-*Saccharomyces* durante la fermentazione. I vini sperimentali ottenuti sono stati analizzati per il contenuto di etanolo, acidità volatile e composti secondari principali che influenzano l'aroma del vino, quali esteri e alcoli superiori. Lo starter misto *S. cerevisiae*-*H. osmophila* ha dato i risultati migliori ed è stato scelto per prove di vinificazione testando diverse modalità di inoculo. Al fine di valutare la potenzialità dell'uso del ceppo di *H. osmophila* come candidato per la coltura starter mista, è stato valutato il comportamento fermentativo di questo ceppo in diverse formulazioni (forma libera, secca e microincapsulata) in co-coltura con il ceppo EC1118. I risultati ottenuti da questo studio hanno confermato l'elevata variabilità tra i diversi lieviti non-*Saccharomyces* per quanto riguarda le caratteristiche metaboliche ed enzimatiche saggate. Inoltre, è stata riscontrata l'influenza della diversa formulazione del lievito non-*Saccharomyces* incluso nello starter misto sulle performance fermentative e sulla composizione aromatica del vino finito come meccanismi di interazione tra i ceppi in coltura mista.

### Ringraziamenti

Questo lavoro è stato supportato finanziariamente dal progetto PSR Regione Basilicata 2014-2020 Sottomisura 16.2 IN.VINI.VE.RI.TA.S (Innovare la VINicoltura lucana: Verso la Rlgenerazione vaieTAle, la Selezione di vitigni locali e proprietà antiossidanti dei vini), N. 976 E SS.MM.II.



## **Starmarella bombicola in fermentazione sequenziale con ossigeno per la riduzione del contenuto alcolico nel vino**

Canonico L.\*, Galli E., Agarbati A., Comitini F., Ciani M.

Dipartimento di Scienze della Vita e dell'ambiente, Università Politecnica delle Marche, Via Brecce Bianche, 60131 Ancona

\*Autore corrispondente: l.canonico@univpm.it

Parole chiave: *Starmarella bombicola*, vino, fermentazione sequenziale, riduzione etanolo, ossigeno

Negli ultimi anni l'attenzione dei consumatori si è focalizzata sugli effetti del consumo di alcol sulla salute con conseguente richiesta da parte del mercato di bevande a ridotta gradazione alcolica, indirizzando la ricerca scientifica verso la riduzione del contenuto alcolico nel vino (MacAvoy, 2010). Inoltre, gli alti livelli di etanolo nel vino vanno ad alterare quelle che sono le caratteristiche sensoriali del prodotto (Athes et al. 2004), aumentando la percezione del corpo e la viscosità, la percezione dei tannini con minori effetti sulla dolcezza, l'acidità, il profumo e l'intensità gustativa (Gawel, Francis, & Waters, 2007). Nel complesso, la combinazione tra gli aspetti legati alla salute umana, problemi economici e quelli legati alla qualità dei vini ad alto contenuto alcolico ha portato un notevole interesse per lo sviluppo delle tecnologie per la produzione di vini con ridotto contenuto di etanolo tale da mantenere elevate caratteristiche sensoriali del prodotto stesso. Esistono numerose tecniche che possono essere utilizzate per ridurre il contenuto di alcol nel vino. Tra queste ci sono le pratiche legate alla gestione del vigneto, pratiche pre-fermentative del mosto d'uva, approcci microbiologici durante la fermentazione e l'elaborazione di tecnologie post-fermentative (Ciani et al. 2016; Longo et al. 2017; Varela et al. 2015). Uno degli approcci più promettenti per ridurre il contenuto di etanolo nel vino è l'uso di lieviti non-*Saccharomyces* nella co-fermentazione o inoculo sequenziale con ceppi di *Saccharomyces cerevisiae* (Kutyna et al. 2010; Longo et al. 2017; Canonico et al. 2016, 2019). In questo lavoro è stato valutato l'utilizzo di *Starmarella bombicola* e *S. cerevisiae* in fermentazioni sequenziali in condizioni di aerazione con l'obiettivo

di ridurre il contenuto di etanolo e avere allo stesso tempo vini senza difetti e con un profilo analitico distintivo. Dopo uno screening preliminare in cui sono state valutate diverse concentrazioni di inoculo e di aerazione di *S. bombicola* in fermentazione sequenziale su mosto sintetico, sono state condotte prove di fermentazione su mosto d'uva Verdicchio valutando l'effetto della aerazione (20 mL/L/min durante le prime 72 h) sulla riduzione del contenuto di etanolo e sul profilo analitico e componente aromatica dei vini. I risultati hanno mostrato che la fermentazione sequenziale in condizioni di aerazione di *S. bombicola/S. cerevisiae* ha determinato una riduzione del contenuto di etanolo di 1,46% (v/v) rispetto alla fermentazione pura di *S. cerevisiae*. Le condizioni di aerazione non hanno influenzato negativamente il profilo aromatico della fermentazione sequenziale *S. bombicola/S. cerevisiae*. D'altra parte, queste condizioni hanno notevolmente migliorato la produzione di glicerolo e acido succinico, composti che influenzano positivamente la struttura e il corpo del vino.

### **Bibliografia**

- Athès et al. 2004. *J. Agric. Food Chem.*, 52(7), 2021-2027.  
Canonico et al. 2016. *Front Microbiol*, 7, 278.  
Canonico et al. 2019. *Foods*, 8(9), 378.  
Ciani et al. 2016. *Front Microbiol*, 7, 642.  
Gawel et al. 2007. *J. Agric. Food Chem.*, 55(7), 2683-2687.  
Kutyna et al. 2010. *Trends Food Sci Technol.*, 21(6), 293-302.  
Longo et al. 2017. *J. Sci. Food Agric.*, 97(1), 8-16.  
MacAvoy, 2010. In "Proceedings of Fourteenth Australian Wine Industry Technical Conference."  
Varela et al. 2015. *Aust. J. Grape Wine Res*, 21, 670-679.

## Uso di *Metschnikowia pulcherrima* per il biocontrollo di vini a basso tenore di solfiti

Galli E.\*, Canonico L., Agarbati A., Comitini F., Ciani M.

Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente, Università Politecnica delle Marche, Via Brecce Bianche, 60131 Ancona

\*Autore corrispondente: e.galli@pm.univpm.it

Parole chiave: *Metschnikowia pulcherrima*, vino, non-*Saccharomyces*, anidride solforosa

Il processo fermentativo spontaneo o inoculato mediante colture starter vede il coinvolgimento dei microrganismi indigeni che vengono generalmente controllati mediante l'impiego dell'anidride solforosa. Infatti, nel mosto si ritrova un'ampia varietà di lieviti non-*Saccharomyces* (come *Hanseniaspora uvarum*, *Pichia* spp., *Starmerella* spp., *Metschnikowia* spp.) normalmente residenti sulla superficie dell'uva. Generalmente la gestione del processo fermentativo viene assicurata dall'uso combinato dello starter commerciale e dell'anidride solforosa (SO<sub>2</sub>) mediante un'azione selettiva sui microrganismi spontanei. A tale proposito, nell'ottica di ridurre l'uso della SO<sub>2</sub> negli ultimi anni l'attenzione si è concentrata sull'utilizzo dei lieviti non-*Saccharomyces* in fermentazione per il controllo dei microrganismi indesiderati e allo stesso tempo migliorare il profilo analitico del vino. Numerosi studi si sono focalizzati sull'attività antimicrobica e di biocontrollo svolta da *Metschnikowia pulcherrima*. I risultati hanno mostrato che tale capacità antimicrobica non sarebbe legata ad una proteina, come nel caso del fattore killer, ma alla presenza di un acido precursore del pigmento responsabile della colorazione aranciata delle colonie di questo lievito. È stato messo in evidenza come questa attività non influenzi la crescita di *Saccharomyces cerevisiae* e determini al contrario

una forte inibizione nei confronti di lieviti indesiderati o selvaggi come *Brettanomyces/Dekkera* spp., *Hanseniaspora* spp. e *Pichia* spp.. In questo lavoro è stato valutato l'utilizzo di *M. pulcherrima* e *S. cerevisiae* in fermentazioni sequenziali per la produzione di vini a basso contenuto di solfiti, analiticamente privi di difetti e dotati di un bouquet aromatico caratteristico. Le fermentazioni sono state allestite in cantina su mosto d'uva Verdicchio e i serbatoi in esame sono stati inoculati con *M. pulcherrima* e quindi è stato inoculato il ceppo di *S. cerevisiae* per condurre la fermentazione. I risultati hanno evidenziato come in assenza di SO<sub>2</sub> aggiunta la concentrazione di microrganismi indigeni sia risultata significativamente ridotta se confrontata con il controllo senza inoculo di *M. pulcherrima*. A fine fermentazione sono stati analizzati i composti secondari e la componente volatile mediante gas cromatografia e i risultati hanno evidenziato che la presenza di *M. pulcherrima*, in fermentazione sequenziale con *S. cerevisiae*, oltre a mostrare efficacia antimicrobica, ha determinato un differente e valido profilo analitico dei vini. In conclusione, l'utilizzo di *M. pulcherrima* in sostituzione della SO<sub>2</sub> in fase pre-fermentativa può essere una valida strategia per ottenere vini a basso tenore di SO<sub>2</sub> mantenendo un alto livello qualitativo.

## Macerazione carbonica nel vino e biodiversità microbica, quale relazione?

Guzzon R.<sup>1\*</sup>, Malacarne M.<sup>1</sup>, Larcher R.<sup>1</sup>, Franciosi E.<sup>1</sup>, Toffanin A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Fondazione Edmund Mach. Via Mach 1 38010 San Michele all'Adige (Trento)

<sup>2</sup>DiSAAA-a. Università di Pisa. Via del Borghetto 80 - 56124 Pisa

\*Autore corrispondente: [raffaele.guzzon@fmach.it](mailto:raffaele.guzzon@fmach.it)

Parole chiave: macerazione carbonica, vinificazione in rosso, batteri lattici, sequenziamento di nuova generazione (NGS), biodiversità microbica

La macerazione carbonica è una variante della vinificazione in rosso dove le uve, non pigiate e diraspate, sono collocate in tini chiusi ermeticamente. La modesta aliquota di mosto fuoriuscito per schiacciamento delle uve innesca una fermentazione alcolica che rapidamente satura il contenitore di CO<sub>2</sub>. In questo ambiente anaerobico gli acini, mantenendo una parziale attività metabolica, svolgono una fermentazione alcolica intra acino che porta alla solubilizzazione di composti presenti nelle bucce, alla generazione di composti aromatici peculiari e a una generale modificazione dell'ecosistema microbico. Una volta svinate, solitamente dopo 5-7 giorni, le uve sono avviate alla vinificazione in rosso convenzionale, producendo vini dai caratteristici aromi fragranti e fruttati, particolarmente apprezzati dai consumatori. Scopo del presente lavoro è indagare sull'impatto della lavorazione delle uve all'inizio della vinificazione sulla composizione del microbiota durante le fermentazioni enologiche e sulla composizione dei vini ottenuti. Gli esperimenti sono stati condotti in una cantina biodinamica sita nell'area Cortona D.O.C. (Arezzo, Italia) per escludere interferenze dovute agli starter microbici sull'evoluzione del microbiota. 3 protocolli di vinificazione, con una diversa gestione prefermentativa delle uve (uve pigiate, uve diraspate e non pigiate, grappolo intero), sono stati monitorati dal punto di vista microbiologico mediante conteggio su piastra Petri su terreni differenziali, secondo i metodi OIV, e con *Next Generation Sequencing* (NGS) sul 16S per i batteri e sull'ITS per i lieviti. Sui vini ottenuti dalle tre prove condotte è stata eseguita

una completa caratterizzazione chimica e sensoriale. I risultati delle analisi svolte dimostrano come le modalità di lavorazione dell'uva influenzano l'evoluzione del microbiota (soprattutto per quanto riguarda i batteri lattici e acetici) e la velocità di fermentazione. La più alta biodiversità è stata osservata nell'esperimento condotto con uve intere in macerazione carbonica, dove è stata osservata la presenza di gruppi batterici normalmente non presenti in vinificazione (*Bacteroidales*, *Clostridiales*, *Oscillospira*). La differente composizione del microbiota ha influenzato il profilo degli acidi organici presenti nei vini, il contenuto di ammine biogene e la percezione dei descrittori organolettici legati alla cultivar di vite (Syrah). In conclusione, la macerazione carbonica influisce sull'evoluzione del microbiota e sulle caratteristiche del vino. L'assenza di aggiunta di starter e anidride solforosa sembrerebbe poter spiegare in parte l'elevata biodiversità microbica osservata in tutte le tesi. Pur essendo la macerazione carbonica una pratica enologica tradizionale, vi sono difficoltà crescenti nella sua gestione perché l'anaerobiosi stimola i microrganismi alteranti. Il presente lavoro chiarisce le ragioni di queste problematiche e ha individuato alcuni gruppi microbici raramente associati alla vinificazione. La gestione fisica delle uve e l'apporto di ossigeno durante le prime fasi della vinificazione, influenzando l'andamento fermentativo e dunque l'accumulo di etanolo, sono potenti strumenti di variabilità enologica, in grado di offrire nuove possibilità ai vignaioli per definire la qualità dei vini rossi.

## Il concetto di 'cross-over' applicato alla microbiologia enologica: lieviti e batteri da vitigni autoctoni come risorse per l'innovazione in altre filiere agroalimentari

Capozzi V.<sup>1\*</sup>, Tufariello M.<sup>2</sup>, De Simone N.<sup>3</sup>, Fragasso M.<sup>3</sup>, Perrone G.<sup>4</sup>, Biasioli F.<sup>5</sup>, Spano G.<sup>3</sup>, Russo P.<sup>3</sup>, Grieco F.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari – Consiglio Nazionale delle Ricerche (ISPA-CNR), c/o CS-DAT, 71121 Via Michele Protano, Foggia

<sup>2</sup>Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari – Consiglio Nazionale delle Ricerche, Via Prov.le, 73100 Lecce-Monteroni, Lecce

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia

<sup>4</sup>Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari – Consiglio Nazionale delle Ricerche (ISPA-CNR), Via Amendola 122/O, 70126 Bari

<sup>5</sup>Qualità alimentare e nutrizione, Centro Ricerca e Innovazione, Fondazione Edmund Mach (FEM), via E. Mach 1, 38010 San Michele all'Adige

\*Autore corrispondente: vittorio.capozzi@ispa.cnr.it

Parole chiave: *Saccharomyces*, non-*Saccharomyces*, batteri malolattici, vino spumante, birra

Le applicazioni 'cross-over' nel campo della microbiologia degli alimenti rappresentano un approccio che prevede l'utilizzo di un microrganismo isolato/impiegato come starter in uno specifico processo di fermentazione tradizionale nel *new product development* e/o per migliorare la qualità e la sicurezza in un'altra filiera o altra produzione alimentare (Dank et al. 2021). Il settore viti-vinicolo da sempre manifesta un elevato interesse nello studio e valorizzazione della biodiversità microbica, fondamentale per garantire qualità e sicurezza delle produzioni enologiche. A questo riguardo, particolare rilievo, per importanza e versatilità, è riconosciuto a ceppi di lievito *Saccharomyces* e non-*Saccharomyces*, oltre che a diverse specie di batteri malolattici (Tempère et al. 2018; Berbegal et al. 2020; Capozzi et al. 2021). Per decenni è stato compiuto uno sforzo continuo in tutto il mondo per preservare e valorizzare la diversità microbica associata ai vini tradizionali e alle Indicazioni Geografiche, con particolare riguardo a studi sulla microflora associata a specifici vitigni autoctoni. Ad oggi, questo potenziale biotecnologico è stato spesso valorizzato per la produzione di vino, ma resta latente per possibili applicazioni in settori più o meno attigui, quali, ad esempio, la produzione di vini speciali, birra, prodotti da forno, *fruity wines* e bevande fermentate. Viste le potenzialità di questo tipo di approccio, presenta grande importanza l'elaborazione di una rassegna sistematica della letteratura scientifica, tale da evidenziare le tendenze esistenti e le possibili prospettive future. Accanto alla discussione sui risultati disponibili da studi su applicazioni "cross-over" già documentati in letteratura (Capozzi et al.

2016; Agarbati et al. 2020; Canonico et al. 2021; Vilela et al. 2020), la presente revisione propone, inoltre, i) una panoramica della diversità microbica di potenziale interesse e delle caratteristiche fenotipiche ad essa associate funzionali alla progettazione di strategie di 'cross-over' ed ii) evidenze scientifiche da progetti in corso di realizzazione (acronimi di progetto 'INVIS PUBA', 'SPUMAPULIA' e 'BE^2R, finanziati dalla Regione Puglia attraverso il P.S.R. 2014/2020 - Misura 16.2). Nel complesso, l'analisi qui proposta tende ad evidenziare l'alto potenziale di innovazione associato alla 'microbiodiversità' enologica, sottolineando la possibilità di esplorare percorsi di carattere regionale, che consentano di ottenere produzioni innovative da contesti produttivi tradizionali attraverso lo scambio di risorse microbiche. L'approccio proposto rimarca, inoltre, l'importanza delle collezioni microbiche (De Vero et al. 2019) nella valorizzazione delle risorse microbiche connesse a determinati contesti geografici e il loro contributo per lo sviluppo della bio-economia e di percorsi di innovazione sostenibile.

### Bibliografia

Dank et al. 2021. *LWT.*, 142, 111041.

Tempère et al. 2018. *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 102, 3995–4007.

Berbegal et al. 2020. *Fermentation*, 6 (2), 55.

Capozzi et al. 2021. *Fermentation*, 7 (1), 24.

Capozzi et al. 2016. *Molecules*, 21, 483.

Agarbati et al. 2020. *Foods*, 9, 287.

Canonico et al. 2021. *LWT*, 145, 111361.

Vilela et al. 2020. *Fermentation*, 6, 113.

De Vero et al. 2019 *Microorganisms*, 7 (12), 685.

## Una “manna” di lieviti! Vini bianchi prodotti con non-Saccharomyces isolati da manna di *Fraxinus angustifolia* (Oleaceae)

Prestianni R.<sup>1\*</sup>, Matraxia M.<sup>1</sup>, Craparo V.<sup>1</sup>, Naselli V.<sup>1</sup>, Pirrone A.<sup>1</sup>, Moschetti G.<sup>1</sup>, Columba P.<sup>1</sup>, Oliva D.<sup>2</sup>, Francesca N.<sup>1</sup>, Alfonso A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali, Università di Palermo, Viale delle Scienze 4, 90128 Palermo

<sup>2</sup>Istituto Regionale del Vino e dell'Olio (IRVO), via Libertà 66, 90143 Palermo

\*Autore corrispondente: [rosario.prestianni@unipa.it](mailto:rosario.prestianni@unipa.it)

Parole chiave: analisi sensoriale, fermentazione alcolica, lieviti non-Saccharomyces, selezione tecnologica, vino.

La manna è il prodotto che si ottiene dalla solidificazione della linfa elaborata che fuoriesce, durante la stagione estiva, dalle incisioni praticate sul fusto e sulle branche di alcune specie arboree del genere *Fraxinus*. La coltivazione dei frassini per l'estrazione della manna è diffusa in certe zone della Sicilia, in particolare nei territori di Pollina e Castelbuono (Provincia Palermo, Sicilia). Il D-mannitolo, rappresenta il principale costituente della manna che conferisce il sapore zuccherino noto anche con il nome di “zucchero di manna”. La natura particolare di questa matrice potrebbe rappresentare un ambiente estremamente selettivo da dove si possono isolare microrganismi di rilevante interesse per le produzioni alimentari industriali. Indagini precedenti hanno messo in evidenza la presenza di un'elevata biodiversità microbica, infatti, sono state isolate differenti specie di batteri, funghi filamentosi e lieviti. Il gruppo microbico più eterogeneo ed abbondante era rappresentato dai lieviti. In particolare, sono state isolate da diverse tipologie di manna (cannolo, rottame e liquido) le seguenti specie: *Candida aaseri*, *Citeromyces matritensis*, *Lachancea thermotolerans*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Starmerella lactis-condensi* e *Zygosaccharomyces bailii*. La caratterizzazione genotipica a livello di specie è stata eseguita attraverso il sequenziamento sia dei domini variabili D1/D2 del gene 26 sRNA che della regione ITS del gene 5.8S e confermata mediante spettrometria di massa Maldi-Tof. Il gruppo dei lieviti non-Saccharomyces rivestono, recentemente, in enologia un notevole interesse per via delle loro peculiari caratteristiche metaboliche ed enzimatiche. Infatti, il loro utilizzo in co-inoculo con *S. cerevisiae* permetterebbe un salto di qualità nei vini dal punto di vista sensoriale-olfattivo offrendo una maggiore complessità al prodotto finale. La manna, rappresenterebbe quindi una nicchia particolare in grado di offrire una biodiversità di lieviti dotati di caratteristiche uniche in grado di soddisfare le attuali esigenze di mercato. A tale scopo, tutti i ceppi sono

stati sottoposti a screening tecnologico *in vitro* (produzione di H<sub>2</sub>S e acido acetico, resistenza a vari livelli di etanolo e metabisolfito di potassio, crescita a 10 e 15 °C, potere fermentativo, vigore fermentativo e purezza fermentativa) al fine di definire sotto il profilo tecnologico le performance fermentative di ciascun ceppo. Nello specifico, sono state condotte delle vinificazioni in piccola scala impiegando 2 ceppi per ciascuna specie (*Candida aaseri*, *Citeromyces matritensis* e *Starmerella lactis-condensi*) impiegati in inoculo sequenziale con *S. cerevisiae* EC1118. La produzione di controllo era rappresentata dall'inoculo del ceppo commerciale *S. cerevisiae* EC1118. I vini sono stati fermentati alla temperatura di 18 °C e durante la fermentazione alcolica (FA) sono stati rilevati i parametri microbiologici e fisico-chimici. Per ciascun vino sperimentale le conte microbiche dei ceppi non-Saccharomyces sono risultate variabili nel range di 6,2-6,8 Log UFC/mL, dopo 6 giorni di FA i livelli dei lieviti presuntivi *Saccharomyces spp.* sono risultati di 7,3-7,7 Log UFC/mL mentre i non-Saccharomyces risultavano inferiori (3,8-4,2 Log UFC/mL). A fine FA i vini prodotti avevano un contenuto in etanolo variabile tra 12,6-13,4% v/v, e il contenuto in glicerolo riscontrato nei vini inoculati con *Candida aaseri* e *Starmerella lactis-condensi* è risultato superiore rispetto alle altre tipologie di vino. L'analisi sensoriale ha permesso di definire i profili dei differenti vini. Nel complesso, i vini ottenuti con inoculo sequenziale hanno mostrato una maggiore complessità aromatica. Gli *off-odour* e *off-flavour* non sono stati rilevati in nessuna tipologia di vino finito, confermando quindi come sia importante soprattutto nell'ambito delle specie di lieviti non-Saccharomyces lo screening tecnologico, permettendo di selezionare soprattutto ceppi a bassa o nulla produzione di acido acetico. La loro presenza innesca una serie di reazioni enzimatiche che dal punto di vista enologico rappresentano una fonte di arricchimento sensoriale permettendo di differenziare i vini e soprattutto di dare origine a dei prodotti di elevato profilo organolettico.

## Isolamento e caratterizzazione di ceppi non *Saccharomyces* in mosti siciliani

Foti P.\*, Bua C., Pino A., Stimoli M., Randazzo C.L., Caggia C.

Università di Catania, Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente (Di3A), Via Santa Sofia 98-100, 95123 Catania (CT)

\*Autore corrispondente: [paola.foti@phd.unict.it](mailto:paola.foti@phd.unict.it)

Parole chiave: fermentazione spontanea, lieviti autoctoni, biodiversità, ITS-RLFP, sequenziamento

Il territorio etneo, oltre a rappresentare un grande patrimonio paesaggistico, risulta molto interessante dal punto di vista vitivinicolo. Recentemente, i vini dell'Etna hanno riscosso molto successo, imponendosi come una novità nel panorama vitivinicolo italiano e mondiale. Numerosi sono i fattori che influenzano la qualità del vino, tra cui le pratiche viticole, la varietà dell'uva, che, insieme, influenzano lo sviluppo e la composizione della bacca e il carattere distintivo del flavour finale. Inoltre, i microrganismi coinvolti nella vinificazione sono responsabili delle interazioni biochimiche e contribuiscono all'ottenimento di un prodotto di qualità. Tuttavia, la diffusione di un numero limitato di ceppi selezionati comporta il rischio di un appiattimento della tipicità dei prodotti. L'utilizzo di ceppi autoctoni non *Saccharomyces* in co-coltura con ceppi *Saccharomyces* è proposto per migliorare l'impatto sul profilo aromatico dei vini, modularne l'acidità, e per produrre enzimi che ottimizzano le successive fasi del processo di vinificazione, quali la filtrazione e la chiarificazione. Lo scopo del presente lavoro è stato quello di studiare la popolazione blastomicetica di mosti d'uva prodotti alle pendici dell'Etna, al fine di individuare ceppi non *Saccharomyces* da impiegare in co-coltura come starter nella produzione di vini siciliani. Campioni di mosto della cultivar "Nerello Mascalese", in fase precoce di fermentazione, sono stati prelevati nel 2018 presso quattro cantine ubicate nella frazione di Passopisciaro. L'analisi delle popolazioni

blastomicetiche è stata eseguita attraverso l'utilizzo di tecniche fenotipiche e genotipiche. L'identificazione a livello di specie è stata condotta attraverso l'amplificazione della regione di rRNA ITS-5.8S e successiva clusterizzazione, mediante analisi PCR-RFLP. Gli isolati rappresentativi di ciascun cluster, dopo amplificazione dei domini variabili D1 e D2 del gene 26S rRNA, sono stati identificati mediante sequenziamento. I risultati hanno evidenziato un'ampia biodiversità della comunità blastomicetica presente nei mosti analizzati, con la dominanza di ceppi ascritti a specie *non-Saccharomyces*. In dettaglio, i ceppi sono stati ascritti alle specie *Hanseniaspora uvarum*, *Torulaspota delbrueckii*, *Candida vini*, *Candida californica*, *Kluyveromyces thermotolerans*, *Metschnikowia pulcherrima*, *Pichia guilliermondii*, e *Fellozyma inositophila*. Tali specie, seppur in proporzioni differenti, sono state riscontrate in tutti i campioni analizzati, eccetto la specie *F. inositophila* che è stata riscontrata in uno solo dei campioni analizzati. La distribuzione percentuale delle specie riscontrate ha evidenziato la prevalenza (82%) delle specie *H. uvarum*, *C. vini* e *M. pulcherrima*. I risultati della caratterizzazione fenotipica hanno evidenziato un'ampia diversità intra specifica, in condizioni di stress, associati ai principali parametri enologici. I risultati preliminari ottenuti nel presente studio pongono le basi per l'individuazione di ceppi non *Saccharomyces* per la formulazione di nuove colture starter da impiegare nella produzione di vini siciliani.

## Valutazione del ruolo dello starter sui parametri correlati alla qualità salutistica del vino

Capecce A.<sup>1\*</sup>, Pietrafesa R.<sup>1</sup>, Siesto G.<sup>1</sup>, Cappa A.<sup>1</sup>, Alberico G.<sup>1</sup>, Romano P.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Università della Basilicata, Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari ed Ambientali, via dell'Ateneo Lucano 10, 85100 Potenza

<sup>2</sup>Universitas Mercatorum, Facoltà di Economia, Piazza Mattei 10, 00186 Roma

\*Autore corrispondente: [angela.capecce@unibas.it](mailto:angela.capecce@unibas.it)

Parole chiave: *Saccharomyces cerevisiae*, colture starter, polifenoli, potere antiossidante, composti aromatici

Nel corso degli ultimi anni il mercato del vino ha registrato un crescente interesse verso prodotti che, accanto ad una buona qualità organolettica, presentino anche caratteristiche compositive che ne migliorino la qualità salutistica. Fino a qualche tempo fa, si pensava che queste caratteristiche salutistiche fossero correlate, esclusivamente, alle caratteristiche dell'uva di partenza, mentre è stato dimostrato che queste caratteristiche sono influenzate anche dal ceppo di lievito utilizzato per condurre il processo fermentativo (Brandolini et al. 2011). I ceppi starter di *Saccharomyces cerevisiae*, attualmente disponibili sul mercato, sono caratterizzati per i parametri enologici tradizionali, ovvero per attività correlate alla performance fermentativa e all'influenza sulle caratteristiche aromatiche dei vini, mentre nuove linee di ricerche sono indirizzate a selezionare ceppi di lievito in grado di influenzare anche le caratteristiche salutistiche del vino, quali il contenuto di polifenoli e il potere antiossidante totale del vino. Nel corso di questa attività di ricerca è stato valutato l'effetto di colture starter, costituite da ceppi di *S. cerevisiae* utilizzate sia in coltura pura che mista, su caratteristiche qualitative del vino, correlate sia all'aspetto aromatico che salutistico. A questo scopo, sono stati saggiati 4 ceppi di *S. cerevisiae*, di cui 3 indigeni (CD2-6SC2, MPR2-24 e RB3-7SC2) ed un ceppo probiotico commerciale di *S. cerevisiae* var. *boulardii*. I ceppi indigeni, appartenenti alla "collezione di lieviti del laboratorio di Colture Starter dell'Università della Basilicata", sono stati precedentemente isolati dalla fermentazione spontanea di uve e selezionati in funzione delle principali caratteristiche di base per una coltura starter. I quattro ceppi sono stati saggiati in prove di fermentazione su scala di laboratorio, sia come starter singoli che come colture miste, mentre uno starter misto è stato saggiato anche in una prova condotta su scala pilota in cantina. I vini sperimentali ottenuti dalle prove di laboratorio e su scala pilota sono stati analizzati sia per parametri correlati alla qualità aromatica che alla qualità salutistica. Per quanto riguarda le caratteristiche aromatiche, i vini

sperimentali sono stati sottoposti ad analisi gascromatografica per la determinazione di alcuni composti secondari correlabili al flavour del vino, tra cui acetaldeide, acetato di etile, *n*-propanolo, isobutanolo, *n*-butanolo, acetoino, alcoli d-amilico, isoamilico ed acido acetico. I risultati ottenuti hanno evidenziato che, per alcuni di questi composti, sono state ritrovate differenze significative in funzione dei ceppi inoculati. Inoltre, è stato osservato che il vino prodotto su scala di laboratorio dal ceppo di *S. cerevisiae* var. *boulardii* presentava caratteristiche organolettiche molto diverse dai vini ottenuti dai ceppi di origine vinaria, indicando l'influenza dell'habitat di isolamento sulle caratteristiche dei ceppi di *S. cerevisiae*. Differenze correlate allo starter sono state ritrovate anche per il contenuto in polifenoli ed il potere antiossidante totale dei vini ottenuti, confermando il ruolo dello starter anche su queste caratteristiche. In conclusione, i risultati ottenuti confermano l'importanza dell'uso di colture starter specifiche nel processo di vinificazione e del ruolo particolare svolto dagli starter sulla composizione qualitativa del vino, non solo per i caratteri aromatici, ma anche influenzandone caratteristiche di tipo salutistico. In questo modo, l'impiego di colture starter specifiche, scelte non solo in funzione di idonee caratteristiche enologiche, ma anche in grado di contribuire ad esaltare il potere antiossidante del vino, rappresenta, accanto alla scelta di uve sane e selezionate, uno strumento per conferire al vino un maggior valore commerciale, incrementando il valore di produzioni che rappresentano non solo un'importante risorsa regionale, ma anche nazionale.

### Bibliografia

Brandolini et al. 2011. *Ann. Microbiol.*, 61, 125-130.

### Ringraziamenti

Il lavoro è stato supportato finanziariamente dal progetto PSR Regione Basilicata 2014-2020 Sottomisura 16.2 IN.VINI.VE.RI.TA.S (Innovare la VINIcoltura lucana: Verso la RIGenerazionevaieTAle, la Selezione di vitigni locali e proprietà antiossidanti dei vini), N. 976 E SS.MM.II.

## Diversità di *Saccharomyces cerevisiae* ricorrenti nel corso della preparazione di “*Pied de cuve*” di uva falanghina proveniente da diversi “*Terroir*” del Sannio

Petruzzello E., Blaiotta G.\*

Università di Napoli Federico II, Dipartimento di Agraria, Sezione di Scienze della Vigna e del Vino, Viale Italia, 83100 Avellino

\*Autore corrispondente: [blaiotta@unina.it](mailto:blaiotta@unina.it)

Parole chiave: pied de cuve, Falanghina, *Saccharomyces*, diversità genetica, performances tecnologiche

La Falanghina è un prodotto di punta dei *terroir* Sanniti. In questo studio, 6 campioni di uva prelevati in vigneti rappresentativi di diversi *terroir* pedologici (suoli collinari su marne, pedemontani del Taburno, superfici collinari antiche, ignimbrite, fondovalle alluvionale) sono stati utilizzati per preparare dei “*pied de cuve*” (*PdC*): uva (circa 6 kg) diraspata e pigiata manualmente; al mosto sono stati aggiunti 100 mg/L di metabisolfito di potassio, 200 mg/L di fosfato biammonico e 0,6 mg/L di tiamina. I principali parametri fisico-chimici e microbiologici dei “*pied de cuve*” sono stati monitorati nel corso della fermentazione. La microflora blastomicetica coltivabile e dominante a diversi tempi di fermentazione è stata isolata e conservata in collezione (n° 134 isolati totali). Sulla base della resistenza alla cicloeximide e all'analisi della regione ITS dell'rDNA sono stati individuati 50 isolati riferibili alla specie *Saccharomyces cerevisiae*. *S. cerevisiae* è diventata parte della microflora dominante solo dopo 7-14 giorni di fermentazione a seconda del campione. In particolare, a 14 giorni di fermentazione, in soli 2 campioni (3 e 5) *S. cerevisiae* è risultato chiaramente dominante sui non-*Saccharomyces*. Sulla base della cluster analysis dei profili ottenuti con 5 diversi marcatori molecolari (Interdelta, *DAN4*, *SED1*, *AGA1*, *HSP150*) è stato possibile individuare 16 diversi biotipi. Il biotipo 1 (rappresentato da 17 isolati) è stato rilevato in tutti i campioni. Nei campioni 1, 2 e 4 è stato rilevato un solo biotipo di *S. cerevisiae*; mentre, il campione 6 ha esibito un'elevata diversità (11 diversi biotipi). Tutti i biotipi hanno mostrato resistenza a 100 mg/L di SO<sub>2</sub>, bassa produzione di idrogeno solforato e non hanno presentato attività esterasica (Tween 80) o beta-glucosidasi (Arbutina, cellobiosio e pNPG). In alcuni biotipi (2, 5, 7, 8, 10, 12, 13, 14 e 16) è stata rilevata una bassa attività proteolitica (PCA+Latte scremato). Solo 6 biotipi sono risultati in grado di crescere bene in substrato sintetico contenente il 14% di etanolo. Sette (4, 5, 6, 7, 11, 13 e 14) dei 16 biotipi individuati hanno mostrato il carattere flocculento sia in substrato sintetico sia in mosto. Inoltre, in mosto questi biotipi hanno esibito sia basso vigore fermentativo che basso potere fermentativo. Le *performances* tecnologiche di 3 isolati (F141B-5, F21-42 e F146A-56, rappresentativi del biotipo 1) e dei biotipi 2, 3, 8, 10, 12, 16, tutti a sviluppo disperso, sono state valutate in mosto (pH 3,01; acidità totale

(AT) 7,12 g/L; °Brix 20,1) a 18 °C. Tutti i biotipi hanno mostrato un buon vigore fermentativo (1,76-2,09 g CO<sub>2</sub>/90 ml) con nessuna differenza significativa. A fine fermentazione (16-22 gg) non sono state riscontrate differenze significative tra i vini in merito alla quantità di SO<sub>2</sub> totale, di acido tartarico, di acido acetico (non rilevato in nessun campione), di glicerolo e di etanolo. Mentre sono state riscontrate differenze significative per quanto riguarda il pH, l'acidità totale, il colore, la quantità di acido malico, di acido succinico e di fruttosio. In particolare, nei vini prodotti con i biotipi 8, 12 e 16 è stata rilevata una certa quantità di fruttosio residuo (3-5 g/L). Inoltre, poche differenze sono state rilevate fra i vini prodotti con i 3 isolati (F141B-5, F21-42 e F146A-56) provenienti da 3 diversi *terroir* ma appartenenti allo stesso biotipo. Recentemente i produttori di vino sono sempre più propensi a limitare l'uso di lieviti commerciali per ridurre gli input enologici e aumentare la sostenibilità del settore vitivinicolo. La fermentazione spontanea è certamente un processo più sostenibile della fermentazione controllata; tuttavia, data la sua imprevedibilità, negli ultimi anni, non è ampiamente adottata. Per ovviare ai problemi di imprevedibilità della fermentazione spontanea e comunque rendere più sostenibile il processo fermentativo sono stati recentemente proposti due metodi: (i) la selezione di ceppi di *S. cerevisiae* dalla popolazione autoctona (meglio adattati alle condizioni ecologiche e tecnologiche di una data area viticola), seguita da una produzione industriale su piccola scala; (ii) la preparazione di *PdC* autoctoni. Comunque, anche se l'uso della *PdC* sta diventando popolare, soprattutto nei sistemi di agricoltura biologica, i suoi metodi di preparazione sono ancora procedure empiriche e talvolta non danno buoni risultati. Pertanto, l'uso di ceppi selezionati autoctoni per la produzione di *PdC* può rappresentare una strategia utile sia per ridurre i costi sia per ottenere risultati più certi. I biotipi 1, 3 e 10, individuati in questo studio, rappresentano degli ottimi candidati per la produzione di *PdC* autoctoni per la produzione della Falanghina del Sannio.

### Ringraziamenti

Lo studio è stato supportato da un Finanziamento della Regione Campania: PSR MISURA 16, “Cooperazione”, Tipologia di Intervento 16.1.1 – Azione 2, Progetto INNFARES (Terroir Intelligente del Sannio - Innovazione per una Falanghina Resiliente), CUP: B88H19005340008.



## Evoluzione del microbioma associato all'uva in conseguenza all'appassimento post-raccolta

Nerva L., Chitarra W., Tomasi D., Nardi T.\*

CREA – Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria, Centro di Ricerca Viticoltura ed Enologia, Conegliano

\*Autore corrispondente: [tiziana.nardi@crea.gov.it](mailto:tiziana.nardi@crea.gov.it)

Parole chiave: microbioma, uva, post-raccolta, *metabarcoding*, epifiti

L'appassimento delle uve è un processo enologico post-vendemmia utilizzato per la produzione di vini passiti e dolci. L'appassimento può essere effettuato mantenendo l'uva matura in diversi ambienti, tra cui locali tradizionali ampi e ben areati (ambienti non controllati, solitamente detti "fruttai") e, sempre più spesso, in magazzini in condizioni controllate di flusso d'aria e umidità relativa (ambiente controllato). Questo processo, ovvero la messa a riposo delle uve per un periodo lungo fino a 120 giorni, causa la disidratazione della bacca e avvia nell'acino un metabolismo aromatico e antocianico secondario post-vendemmia (Brillante et al. 2018). Negli ultimi anni, diversi studi scientifici hanno dimostrato che la superficie delle bacche d'uva rappresenta anche un serbatoio naturale di microrganismi (Vitulo et al. 2019) che hanno vari impatti sulla sanità dell'uva stessa e sulla fermentazione dei mosti e, di conseguenza, sulla qualità dei vini, anche nel caso dei vini passiti (Salveti et al. 2016). Gli obiettivi principali di questo studio sono stati (a) fornire informazioni dettagliate sull'evoluzione delle comunità batteriche e fungine durante il processo di appassimento delle uve e (b) eseguire uno studio comparativo tra due metodi di disidratazione per quanto riguarda i microbiomi associati all'uva. METODI: Campioni di uve appassite sono stati raccolti nella zona viticola DOC Valpolicella, dove il rinomato vino Amarone viene prodotto a partire da uve appassite non bottrizzate, principalmente di varietà Corvina. Sono state analizzate due diverse condizioni post-raccolta (ambiente di appassimento non controllato e controllato). Sono state considerate le uve provenienti da due vigneti (vicini ma differenti per caratteristiche pedoclimatiche), durante 2 annate

successive. Per mappare il microbioma durante l'appassimento, sono state impiegate tecniche di sequenziamento di nuova generazione (*Next-Generation Sequencing* o NGS): l'evoluzione delle specie fungine e batteriche è stata caratterizzata tramite *meta-barcoding* (ITS e 16s) in 4 diversi momenti (dallo 0 al 30% della perdita di peso). Non sono state riscontrate differenze significative, a livello di indici di biodiversità, tra le comunità microbiche delle uve dei due vigneti, né tra le due annate. L'evoluzione dei microrganismi durante l'appassimento è risultata invece interessante quanto variabile. Inoltre, differenze lievi ma significative sono state riscontrate tra i due sistemi di appassimento, sebbene significative solo per alcuni taxa. Il metabarcoding NGS ha dimostrato di essere una tecnica efficace nello studio del microbioma dell'uva appassita e ha fornito nuove informazioni sui cambiamenti che si verificano nelle comunità microbiche a causa del processo di disidratazione della bacca e della sua permanenza nel fruttajo. In effetti, per quanto di nostra conoscenza, il presente lavoro è il primo studio time-course che indaga parallelamente microbioma e batterioma durante l'appassimento. Lo studio ha anche dimostrato che i cambiamenti delle condizioni di appassimento possono portare a modifiche significative del microbiota della buccia delle bacche.

### Bibliografia

Brillante et al. 2018. *J. Sci. Food Agric.*, 98, 5, 1961–1967.  
Vitulo et al. 2019. *Front. Microbiol.*, 9.  
Salveti et al. 2016. *Front. Microbiol.*, 7, 937.

## Starter misti *Schizosaccharomyces japonicus*/*Saccharomyces cerevisiae*: la biodiversità dei lieviti al servizio delle caratteristiche chimico-sensoriali del Sangiovese

Portaro L.<sup>1</sup>, Maioli F.<sup>1</sup>, Canuti V.<sup>1</sup>, Picchi M.<sup>1</sup>, Lencioni L.<sup>1</sup>, Mannazzu I.<sup>2</sup>, Domizio P.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Agricultural, Food, Environmental, and Forestry Sciences and Technologies – University of Florence, via Donizetti, 6 – 50144 Firenze

<sup>2</sup>Department of Agriculture, University of Sassari, Viale Italia 39, 07100 Sassari

\*Autore corrispondente: [paola.domizio@unifi.it](mailto:paola.domizio@unifi.it)

Parole chiave: stabilità del vino, invecchiamento del vino, aroma, *Schizosaccharomyces japonicus*, fermentazioni miste

Le numerose ricerche condotte negli ultimi venti anni sul ruolo dei lieviti non-*Saccharomyces* in vinificazione hanno evidenziato che questi lieviti possono presentare caratteristiche enologiche di pregio. Se utilizzati in combinazione con *Saccharomyces cerevisiae* possono influenzare positivamente il profilo analitico e sensoriale dei vini e consentire il raggiungimento di obiettivi enologici specifici. A testimonianza di ciò, è la produzione e commercializzazione di colture starter di lieviti non-*Saccharomyces* per produrre vini con caratteristiche specifiche e distintive. Tra i lieviti non-*Saccharomyces*, quelli ascritti alla specie *Schizosaccharomyces japonicus* rilasciano quantità significative di polisaccaridi in vinificazione e influiscono sull'intensità del colore e sull'astringenza. Sulla base di queste evidenze e con l'intento di ottenere ulteriori informazioni sulle potenzialità enologiche di questo lievito, starter misti *Sch. japonicus*/*Saccharomyces cerevisiae* sono stati inoculati in simultanea e in sequenza in mosto Sangiovese. Si è quindi proceduto col monitoraggio delle cinetiche di crescita e fermentazione e con la valutazione dei profili analitici e sensoriali dei vini ottenuti alla fine della fermentazione alcolica e 24 mesi dopo l'imbottigliamento. È risultato che *Sch. japonicus* influisce sulla crescita e sull'attività fermentativa di *S. cerevisiae* solo nel caso di inoculo sequenziale. Per quanto riguarda il profilo analitico, i vini sperimentali ottenuti con inoculo simultaneo e sequenziale hanno raggiunto concentrazioni di polisaccaridi rispettivamente due e tre volte superiori a quelle ottenute nel vino di controllo, inoculato esclusivamente con *S. cerevisiae*. Inoltre, si è

osservato che *Sch. japonicus* modula la concentrazione di alcuni tra i più importanti composti volatili del vino. In particolare, nei vini ottenuti con gli starter misti si è osservato che alla fine della fermentazione la concentrazione di acetato di etile era significativamente superiore rispetto alla soglia di accettabilità per un vino giovane. Tuttavia, dopo due anni di invecchiamento in bottiglia, si è assistito all'idrolisi e ad una significativa riduzione della concentrazione di acetato di etile tanto che l'analisi sensoriale non ha permesso di rilevare differenze significative nella percezione di questo estere tra i vini ottenuti con gli starter misti e il vino di controllo. L'equilibrio tra idrolisi ed esterificazione nei vini ottenuti con gli starter misti ha causato un incremento di esteri dell'acetato, responsabili di aroma fruttato. Questi composti hanno raggiunto concentrazioni significativamente maggiori nei vini ottenuti con starter misti rispetto al vino di controllo. Inoltre, i vini ottenuti con gli starter misti erano meno astringenti rispetto a quelli di controllo, verosimilmente per effetto del maggior contenuto di polisaccaridi. Sulla base di queste evidenze l'azione combinata di *Sch. japonicus* e *S. cerevisiae* può rappresentare un'innovazione per il miglioramento della stabilità in invecchiamento del Sangiovese.

### Bibliografia

- Ciani et al. 2010. *FEMS Yeast Res.*, 10 (2), 123-133.
- Domizio et al. 2017. *Food Microbiol.*, 61, 136-149.
- Domizio et al. 2018. *Am. J. Enol. Vitic.*, 69, 266-277.
- Romani et al. 2018. *Fermentation*, 4(1), 14.
- Romani et al. 2020. *Fermentation*, 6, 1-17.

## Viticultura biodinamica: impatto sulle caratteristiche dei vini Trebbiano e Montepulciano d'Abruzzo

Battistelli N.<sup>1</sup>, Rossetti A.P.<sup>2</sup>, Tittarelli F.<sup>2</sup>, Perpetuini G.<sup>2</sup>, Zulli C.<sup>2</sup>, Cichelli A.<sup>3</sup>, Lanuti P.<sup>4,5</sup>, Tofalo R.<sup>2\*</sup>.

<sup>1</sup>Cantina Orsogna 1964, Orsogna, CH

<sup>2</sup>Facoltà di Bioscienze e Tecnologie Agro-Alimentari e Ambientali, Università di Teramo, Via V. Balzarini 1, 64100 Teramo

<sup>3</sup>Department of Innovative Technologies in Medicine and Dentistry, University "G. d'Annunzio" of Chieti-Pescara, Via dei Vestini, 31, Chieti, 66100

<sup>4</sup>Department of Medicine and Aging Sciences, University "G. d'Annunzio", Chieti-Pescara, Chieti, 66100

<sup>5</sup>Center for Advanced Studies and Technology (CAST), University "G. d'Annunzio" of Chieti-Pescara, Chieti, 66100

\*Autore corrispondente: [rtofalo@unite.it](mailto:rtofalo@unite.it)

Parole chiave: biodinamico, non-*Saccharomyces*, *Saccharomyces cerevisiae*, profilo aromatico

Per naturalità di un vino, si intende un prodotto ottenuto da vitigni e da processi che rispettano l'ecologia ambientale, la tipicità connessa al territorio e la salubrità del consumatore. In quest'ottica si inseriscono la viticoltura biologica e biodinamica. In particolare, la viticoltura biodinamica, ha come obiettivo principale il raggiungimento di un'unità biologica autosufficiente, dove terra, vegetazione, animali e uomini sono in perfetto equilibrio e contribuiscono l'uno al sostentamento dell'altro. Demeter®, la certificazione biodinamica volontaria più diffusa nel mondo, fornisce le linee guida come utilizzo esclusivo di lieviti indigeni; nessuna nutrizione aggiunta e uso minimo di solfiti. Sebbene alcuni autori abbiano riportato gli effetti delle pratiche biodinamiche sul microbiota del suolo (Xu et al. 2020) poche informazioni invece sono presenti sull'impatto del tipo di vinificazione (biologico, biodinamico o convenzionale) sull'evoluzione delle popolazioni microbiche dei mosti e sulle caratteristiche aromatiche dei vini. Lo scopo di questo studio, quindi, è stato quello di analizzare come la gestione biodinamica influenzi l'evoluzione dei lieviti e le caratteristiche chimico-fisiche e aromatiche dei vini. Sono stati, quindi, determinate le popolazioni di lieviti da mosti provenienti da uve a gestione convenzionale, biologica e biodinamica su due cultivar abruzzesi (*Vitis vinifera* cv. Trebbiano e cv. Montepulciano) mediante substrati differenziali e citometria a flusso. Inoltre è stata determinata la

versatilità metabolica delle comunità microbiche mediante sistema Biolog. I mosti sono stati fermentati spontaneamente e sono stati prelevati campioni a diversi tempi per le analisi microbiologiche e fisico-chimiche (tramite FOSS WineScan™ FT120). Nei vini Trebbiano convenzionali si è osservato un residuo di zuccheri, mentre in quelli biologici e biodinamici, sono stati completamente utilizzati. Nei vini Montepulciano d'Abruzzo è stato rilevato un andamento opposto in quanto, nei mosti convenzionali, a fine fermentazione non vi erano zuccheri residui, mentre in quelli biologici e biodinamici si sono osservati 2,39 g/L e 5,72 g/L, rispettivamente. I campioni da viticoltura biodinamica presentavano una biodiversità maggiore in termini di specie di lieviti (soprattutto non-*Saccharomyces*) nelle fasi iniziali della fermentazione. La presenza di diversità di non-*Saccharomyces* e la loro competitività con *S. cerevisiae*, ha influenzato sia la velocità di fermentazione, che le caratteristiche aromatiche dei vini. I vini biodinamici, Trebbiano e Montepulciano d'Abruzzo, presentavano un maggior contenuto di composti aromatici rispetto a quelli convenzionali. Ulteriori analisi saranno effettuate per comprendere gli effetti della viticoltura biodinamica sulla qualità dei vini.

### Bibliografia

Xu et al. 2020. *LWT – Food Sci. Technol.*, 120, 108894.



# Bio div ers ità microbica

# nella fermentazione alcolica



## *Tetrapisispora phaffii* e *Komagataella phaffii*: due lieviti per un antimicrobico naturale

Carboni G., Zara G., Budroni M., Zara S., Mannazzu I.\*

Dipartimento di Agraria, Università di Sassari, Viale Italia 39, 07100 Sassari

\*Autore corrispondente: [imannazzu@uniss.it](mailto:imannazzu@uniss.it)

Parole chiave: tossine killer, lievito, espressione eterologa, vino

Il comportamento antagonista dei lieviti può essere attribuito ad una varietà di proprietà che includono la competizione per i nutrienti, l'acidificazione del mezzo, la produzione di etanolo e la secrezione di composti antimicrobici tra cui le tossine killer. Queste sono proteine o glicoproteine secrete che hanno azione letale su lieviti ascritti alla stessa specie o a specie e generi differenti. La produzione di tossine killer è molto diffusa tra lieviti provenienti dagli habitat più disparati e il loro spettro d'azione include microrganismi alterativi di interesse per l'industria alimentare, mangimistica e delle bevande come pure microrganismi patogeni di interesse clinico e patogeni vegetali. In accordo, numerosi studi hanno suggerito l'impiego di lieviti killer come starter per la produzione di bevande e alimenti fermentati e delle loro tossine come possibili antimicrobici naturali con applicazioni sia nell'industria alimentare sia nel controllo di infezioni animali e umane e di patogeni vegetali. Tuttavia, a dispetto della varietà di possibili applicazioni e dell'elevato numero di brevetti riguardanti l'utilizzo delle tossine killer, il loro sfruttamento biotecnologico non è mai decollato. Infatti, la produzione nativa di quantitativi limitati di tossina e la scarsità di notizie riguardanti il loro effetto su organismi eucarioti non bersaglio pongono un limite al loro utilizzo precludendo di fatto lo sfruttamento di un grande patrimonio di biodiversità microbica. Tra le numerose tossine killer di lievito, quella prodotta da *Tetrapisispora phaffii*, denominata Kpkt, è una glicoproteina di circa 33 kDa (Kpkt) che, grazie alla sua attività  $\beta$ -glucanasica, uccide lieviti ascritti ai generi *Kloeckera/Hanseniaspora* e *Zygosaccharomyces*. Dato il suo spettro d'azione e considerato che Kpkt mantiene l'attività killer in mosto per 14 giorni in condizioni tecnologiche, si è ipotizzato di utilizzare Kpkt come antimicrobico

naturale in vino per ridurre il contenuto dell'anidride solforosa, in accordo con le raccomandazioni dell'Organizzazione Mondiale della Sanità. Considerato che *T. phaffii* produce quantità limitate di Kpkt il gene codificante la tossina è stato clonato nel vettore pPIC9 per la espressione eterologa in *Komagataella phaffii* (sin. *Pichia pastoris*), già impiegato come ospite per la produzione di proteine eterologhe utilizzate nell'industria alimentare e farmaceutica. Per valutare lo spettro d'azione e il possibile rischio connesso con l'utilizzo della tossina ricombinante in alimenti e bevande, rKpkt è stata testata su una ampia varietà di organismi bersaglio tra cui lieviti, batteri, funghi filamentosi, insetti e linee cellulari umane. I risultati ottenuti indicano che rKpkt ha uno spettro d'azione più ampio rispetto alla tossina nativa (nKpkt). In funzione della dose utilizzata, rKpkt esplica azione microbiostatica o microbicida su diversi lieviti vinari e batteri alterativi e patogeni di interesse alimentare. Al contrario, rKpkt non manifesta tossicità né su *Musca domestica* e *Ceratitis capitata* né su cheratinociti umani, neanche quando impiegata a dosi largamente superiori a quelle necessarie per uccidere lieviti e batteri. Questi risultati sono compatibili con il possibile impiego di rKpkt per il controllo di microrganismi indesiderati nell'industria degli alimenti e delle bevande e indicano che l'espressione eterologa è uno strumento utile per lo sfruttamento biotecnologico della biodiversità microbica.

### Bibliografia

- Chessa et al. 2017. *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 101, 2931.  
Carboni et al. 2020. *Int. J Food Microbiol.*, 335,108883.  
Carboni et al. 2021. *Foods*, 10, 556.  
Mannazzu et al. 2019. *Crit. Rev. Biotechnol.*, DOI: 10.1080/07388551.2019.1601679

## Idromele siciliano, *Hanseniaspora uvarum* come co-starter

Matraxia M.\*, Prestianni R., Craparo V., Naselli V., Pirrone A., Moschetti G., Columba P., Francesca N., Alfonso A.

Dipartimento Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali, Università di Palermo, Viale delle Scienze 4, 90128 Palermo

\*Autore corrispondente: [michele.matraxia@unipa.it](mailto:michele.matraxia@unipa.it)

Parole chiave: analisi sensoriale, fermentazione alcolica, idromele, lieviti, miele

Nell'ultimo decennio in Sicilia si è assistito ad un incremento delle produzioni di idromele, una bevanda alcolica fermentata conosciuta da molto tempo. Le richieste dei consumatori e le attenzioni verso questa tipologia di bevanda hanno spinto numerosi appassionati del settore ad incrementare le produzioni e soprattutto intervenire nei processi tecnologici allo scopo di migliorare la qualità sotto l'aspetto sensoriale. A tale scopo, oltre alla qualità delle materie prime impiegate nel processo di produzione, risulta di notevole interesse l'impiego di lieviti starter selezionati allo scopo di limitare al massimo le perdite del prodotto dovute a fermentazioni alcoliche non controllate, in grado di generare off-flavour e off-odour. Nel mondo degli idromeli, l'uso dei lieviti starter è stato limitato, sino ad oggi, all'utilizzo di lieviti enologici. La composizione iniziale del mosto-miele è differente rispetto al mosto ottenuto dalle uve, per diversi parametri, tra i quali la composizione glucidica e il contenuto in azoto prontamente assimilabile (APA). Questa differenza molto spesso determina un insuccesso o l'inidoneità di alcuni ceppi starter a svolgere normalmente la fermentazione alcolica (FA). Tale fenomeno, determina nel prodotto finale la comparsa di difetti dovuti nella maggior parte dei casi a fenomeni di arresto dell'attività fermentativa dei lieviti starter. Studi sulla biodiversità microbica condotti su sottoprodotti della lavorazione del miele (favi, opercoli, cera, ecc.) impiegati nella produzione del tipico distillato "Spiritu Re Fascitrari" hanno permesso di collezionare un notevole numero di lieviti appartenenti a differenti specie: *Hanseniaspora uvarum*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Wickerhamomyces anomalus*, *Zygosaccharomyces bailii* e *Zygosaccharomyces rouxii*. L'obiettivo del presente lavoro è stato quello di caratterizzare e successivamente applicare lieviti appartenenti alle specie *S. cerevisiae* e *H. uvarum* nella produzione di idromele. L'impiego di specie di lieviti non-*Saccharomyces*, come agenti co-fermentanti permetterà di promuovere la produzione di composti aromatici che positivamente sono in grado di

caratterizzare ed unicizzare il prodotto finale sotto il profilo aromatico. A tale scopo, 91 ceppi di *S. cerevisiae* e 23 ceppi di *H. uvarum* sono stati sottoposti a screening tecnologico *in vitro* (produzione di H<sub>2</sub>S e acido acetico, resistenza a vari livelli di etanolo e metabisolfito di potassio, crescita a 10 e 15 °C, potere fermentativo, vigore fermentativo e purezza fermentativa) al fine di selezionare ceppi da impiegare potenzialmente come starter per la produzione di idromele. Questo ha permesso di selezionare il ceppo SPF21 appartenente alla specie *S. cerevisiae* e il ceppo YGA36 di *H. uvarum* che sono stati inoculati singolarmente, e in fermentazione sequenziale per le produzioni su piccola scala di idromele. Per ogni singola tesi è stata prevista l'aggiunta di specifici coadiuvanti al fine di soddisfare le esigenze nutritive dei lieviti starter ed evitare arresti di fermentazione. Durante la FA è stata monitorata la dinamica di crescita delle popolazioni di lieviti, e i principali parametri chimici al fine di definire la regolarità del processo e la dominanza dei ceppi starter. Al momento dell'inoculo la concentrazione dei lieviti è variata tra 6,0-6,5 Log UFC/mL, e durante i 30 giorni di fermentazione alcolica hanno raggiunto livelli di poco superiori ai 7 cicli logaritmici. Il contenuto in etanolo nelle differenti tipologie di idromele variava da 5 a 12% v/v. La diversa combinazione di inoculo tra i ceppi selezionati ha mostrato risultati migliori sotto diversi punti di vista rispetto alla fermentazione condotta con il ceppo di *S. cerevisiae* commerciale. L'assenza di off-odor e off-flavor e il miglioramento della percezione aromatica è stata osservata nelle prove sperimentali che prevedevano l'impiego del ceppo YGA36, sia singolarmente che in co-inoculo con il ceppo SPF21. Nonostante l'incapacità dei ceppi di *H. uvarum* di completare l'intera FA a causa della bassa tolleranza all'etanolo, la sua applicazione nella produzione di idromele potrebbe essere adottata per la produzione di una bevanda a basso contenuto alcolico o per migliorare le caratteristiche organolettiche in combinazione con altri ceppi dotati di maggiori performance fermentative.

## Economia circolare nel settore birrario: studio e valorizzazione delle comunità microbiche delle materie prime e dei sottoprodotti

Zara G.\*, Bianco A., Assandri D., Fancello F., Niccolai M., Mannazzu I., Zara S., Budroni M.

Dipartimento di Agraria, Università di Sassari (SS), v.le Italia, 39b – Sassari

\*Autore corrispondente: gzara@uniss.it

Parole chiave: economia circolare, trebbie, vermicompostaggio, microbiota, produzioni locali, acque reflue

I birrifici artigianali si caratterizzano per un'elevata propensione all'innovazione e ai cambiamenti, e costituiscono un interessante settore in cui applicare quel cambio di mentalità/obiettivi propri dell'economia circolare. Tradizionalmente, la nostra economia e i nostri modelli di *business* sono sempre stati lineari, basati sullo sfruttamento di risorse naturali, sulla produzione di prodotti e sul loro smaltimento dopo l'uso. Al contrario, i principi fondamentali dei modelli circolari sono la creazione di valore attraverso la riduzione degli *input* esterni e la valorizzazione dei sottoprodotti, guardando oltre il semplice servizio al consumatore finale e tenendo conto anche degli impatti ecologici e sociali. A tale proposito, la produzione di birra in senso stretto genera solo una piccola parte degli impatti ambientali totali del settore. La percentuale maggiore è infatti data dai materiali di imballaggio, dal trasporto delle materie prime dal luogo di coltivazione a quello di trasformazione, ed infine dallo smaltimento dei sottoprodotti quali trebbie, lieviti esausti ed acque reflue. In questo contesto, lo scopo del presente lavoro è quello di illustrare come la biodiversità microbica possa essere utilizzata per l'applicazione dei principi dell'economia

circolare, attraverso l'analisi di uno specifico caso studio rappresentato dai birrifici artigianali della Sardegna. In particolare, saranno considerati i risultati relativi allo studio del microbiota di cereali coltivati in Sardegna, con particolare attenzione alla presenza di funghi micotossigenici quali *Fusarium*, *Aspergillus*, e *Penicillium*, e a specie microbiche loro antagoniste quali *Bacillus* e *Rhodotorula*. Saranno inoltre valutate le potenzialità dei processi di compostaggio e vermicompostaggio, come metodi di stabilizzazione e valorizzazione delle trebbie esauste del birrificio, per la produzione di ammendanti ad uso agricolo. Particolare attenzione verrà rivolta alla descrizione delle specie microbiche, isolate nel corso del vermicompostaggio, che presentano utili applicazioni biotecnologiche nel settore agro-ambientale (Enterobacteriaceae, Burkholderiaceae e Mortierellomycotina). Infine, verranno discusse le principali specie batteriche e fungine isolate dalle acque reflue dei birrifici e del loro potenziale utilizzo per sistemi *in house* di abbattimento della domanda chimica (COD) e biochimica (BOD) di ossigeno delle stesse acque reflue.



# Bio div ers ità microbica

**ambientale**



Sessione 22 | Comunicazioni orali  
Sessione 35 | Comunicazioni poster

## La specie, che tipo di unità della biodiversità microbica?

Conti A., Casagrande Pierantoni D., Roscini L., Corte L., Cardinali G.\*

Università di Perugia – DSF, Via Borgo XX Giugno, 74 – Perugia – Italia

\*Autore corrispondente: [gianluigi.cardinali@unipg.it](mailto:gianluigi.cardinali@unipg.it)

Parole chiave: specie, *concept*, sessualità

La specie è l'unità della biodiversità (Claridge et al. 1997), l'elemento fondamentale della teoria evuzionistica e in generale la categoria sistematica più utilizzata nei vari campi delle biotecnologie, della medicina e dell'analisi ambientale. I concetti di specie che si sono succeduti nel tempo sono stati formulati per lo più in ambito zoologico con popolazioni in cui gli individui sono ben definibili e la riproduzione è essenzialmente o esclusivamente sessuale. Proprio le barriere pre e post-coniugative tipiche della sessualità sono state la base del concetto biologico di specie che, a detta dei suoi propri estensori, non è applicabile a popolazioni con (anche) riproduzione asessuata, come è tipico di tutti i microrganismi (Mayr, 1970). Al momento esistono moltissime definizioni di specie, spesso non compatibili fra di loro. Per esempio, la pratica corrente si basa estesamente sul sistema fenetico, mentre la classificazione è sostanzialmente di stampo filogenetico. La mancanza di sessualità come forma riproduttiva unica e l'alto livello di trasferimento genico orizzontale producono un incremento dell'omoplasia con conseguenti problemi non solo nell'applicazione del concetto biologico di specie, ma anche nella costruzione filogenetica (Conti et al. 2021). Questi problemi teorici e generali si sono intersecati nel corso degli anni con un continuo cambiamento delle tecnologie applicabili alla descrizione dei microrganismi (Lücking et al. 2020). Dopo un periodo abbastanza breve dominato dalla morfologia, tre quarti del XX secolo sono stati impiegati nell'introdurre e raffinare metodologie fisiologiche basate su assimilazioni, fermentazioni e resistenze a fattori fisici e chimici. Negli ultimi cinquanta anni le varie tecniche basate sull'analisi del DNA hanno rivoluzionato non poco la visione tassonomica, sia dei Procarioti con l'introduzione degli Archea, sia dei microrganismi eucarioti che hanno visto notevoli riarrangiamenti del panorama sistematico (Vandamme et al. 1996). Nell'ultima decade è poi esplosa la metagenomica che descrive le specie sulla base esclusivamente di una parte di un marcatore tassonomico, tipicamente il 16S per i procarioti e l'ITS per i microrganismi eucarioti, arrivando a dover considerare la descrizione di specie di cui si conosca solo il DNA di questa porzione, ma di cui non sia mai stata ancora isolata alcuna colonia (Simon e Daniel. 2011). Un recente lavoro ha poi evidenziato su scala ampia come la

diversità delle sequenze microbiche sia sostanzialmente continua e che la delimitazione in raggruppamenti pare essere molto complessa, se non poco oggettiva (Gonzalez et al. 2020). Chiaramente questi sconvolgimenti hanno messo in crisi la visione di specie microbica come entità stabile, definita, discreta e distinta dalle altre e, soprattutto significativa nella pratica tassonomica, sistematica e filogenetica. Il presente contributo cerca di recuperare le critiche e le proposte presentate negli ultimi venti anni dal nostro gruppo, comparandole con lo sviluppo della letteratura di questo ampio e dibattuto settore. Tre saranno i concetti presentati e discussi: la continuità fra *taxa*, i sistemi di delimitazione della specie e le visioni alternative che tentano di risolvere il problema cambiando paradigma. Per quanto concerne il primo aspetto, la continuità fra gruppi è la ragione della secolare lotta fra *lumpers* e *splitters* che hanno uguali ragioni e pari limiti, stante che qualsiasi classificazione di un sostanziale continuum è di fatto soggettiva, per cui qualsiasi proposta è ugualmente valida e al tempo stesso carente. Esempi di continuità saranno presentati, insieme a nuove metriche statistiche volte a rendere più oggettiva l'esplorazione della continuità nell'ambito della biodiversità microbica. La delimitazione di specie è fra gli argomenti più dibattuti e presenta al momento due scuole di pensiero: quella fenetica basata su metodologie statistiche che analizzano la distanza fra organismi e specie e quella filogenetica che cerca di effettuare una classificazione naturale sulla base della ricostruzione della probabile storia evolutiva. Limiti e vantaggi di entrambi i concetti saranno messi a confronto. Infine si tratteggeranno alcune proposte in via di formulazione che tendono o a superare il concetto di specie o a sfumarlo facendolo transitare dall'ambito qualitativo a quello quantitativo.

### Bibliografia

- Claridge et al. 1997. Chapman and Hall Ltd.  
Mayr 1970. Harvard University Press.  
Conti et al. 2021. *Microorganisms*, 9.2, 273.  
Lücking et al. 2020. *IMA fungus*, 11.1, 1-32.  
Vandamme et al. 1996. *Microbiological reviews*, 60.2, 407-438.  
Simon e Daniel 2011. *Applied and environmental microbiology*, 77.4, 1153-1161.  
Gonzalez et al. 2020. *Microorganisms*, 8.11, 1723.

## Il metagenoma epifitico come strumento per la tracciabilità e la sicurezza sanitaria dei semi

Roscini L.\*, Casagrande Pierantoni D., Conti A., Corte L., Cardinali G.

Dipartimento di Scienze Farmaceutiche, Università di Perugia, via Via A. Fabretti, 48 - 06123 Perugia

\*Autore corrispondente: roscini.lu@gmail.com

Parole chiave: metagenoma epifitico, sicurezza, tracciabilità, NGS

Il microbiota epifitico rappresenta un interessante esempio di comunità microbica dall'origine multifattoriale. Nella sua composizione diversi fattori giocano un ruolo importante, il primo dei quali è la trasmissione verticale a partire dalla pianta madre: tale processo può avere inizio sia dalla rizosfera, che dalla pianta stessa (Nelson 2017). Un secondo fattore che ha un ruolo importante nella diversificazione di tale comunità è sicuramente la geolocalizzazione. È infatti possibile riscontrare legami tra la composizione e l'origine territoriale del microbiota epifitico associato ad una determinata tipologia di seme. Ne è un esempio lo studio realizzato da Che et al. (Chen Turkington et al. 2016) sulla composizione del microbiota epifitico dei semi di orzo in differenti zone del Canada Occidentale in cui si esaminava come le differenze nel clima, nell'ambiente e nelle pratiche agricole abbiano fatto sì che meno del 2% delle OTUs (*Operational Taxonomic Unit*) risultassero condivise, pur conservando una composizione tipica di base, relativa probabilmente alla tipologia specifica del seme. Non può inoltre essere escluso uno scambio di localizzazione fra comunità epifitica ed endofitica (Barrete et al. 2015). Da ultimo, anche gli ambienti di stoccaggio delle sementi sono potenziali luoghi in cui la comunità epifitica può subire un arricchimento. Le condizioni di conservazione dei semi possono infatti contribuire alle variazioni della sua composizione. Tutti questi fattori fanno sì che tale comunità microbica, nella sua complessità, possa ospitare sia specie virtuose (PGPB) che dannose, per la pianta stessa o anche per l'uomo. È quest'ultimo il caso degli enteropatogeni, come ad esempio *Salmonella*, *Yersinia*, *Campylobacter* o *Escherichia coli* O157:H7, nocivi per i consumatori dei semi o dei germogli da essi sviluppati. Il consumo di germogli freschi è infatti una pratica che sta avendo una diffusione sempre maggiore, rendendo perciò necessari sistemi efficaci volti al controllo e alla prevenzione della diffusione di tali patogeni. Il monitoraggio microbiologico delle sementi è normalmente effettuato mettendo in atto protocolli standard basati sulle tecniche di microbiologia classica (protocolli ISO), studiati per quantificare la densità microbica

presente ed evidenziare la presenza di potenziali patogeni. Questo approccio però soffre della incapacità di identificare quelli che sono definiti VNC (*Viable but Not Culturable*), richiedendo perciò l'avvento di nuove tecniche in grado di identificare e potenzialmente quantificare tutte le specie presenti. La soluzione attualmente praticata l'analisi del metagenoma epifitico totale, tramite sequenziamento NGS di specifiche regioni di rDNA. Lo scopo del nostro studio era quello di sviluppare una metodologia di estrazione del metagenoma presente sulla superficie di semi appartenenti a specie differenti e una pipeline di analisi dei dati di sequenza ottenuti, nell'ottica di creare delle routine di analisi applicabili a livello industriale. Il metagenoma epifitico di 40 tipi diversi di semi è stato estratto e sequenziato tramite tecnologia MinION, usando le regioni 16S e ITS-LSU come marker delle specie batteriche e fungine, rispettivamente. Su tali dati sono state in seguito eseguite analisi bioinformatiche volte all'identificazione dei generi, e potenzialmente anche delle specie, presenti. Lo scopo finale era la creazione di una routine di analisi, a partire dall'estrazione del DNA per giungere all'analisi dei dati di sequenza, che fosse veloce, precisa e adatta a poter essere inserita in un contesto industriale. La metodologia di estrazione del metagenoma impiegata nello studio si è rivelata funzionale su semi di diversa tipologia. L'analisi dei dati di sequenza ha rivelato la presenza sia di generi potenzialmente patogeni come *Escherichia* o *Pseudomonas* che di generi potenzialmente virtuosi come *Pantoea*. La comparazione dei microbiomi associati a ciascun tipo di seme si configura quindi come un utile strumento per il monitoraggio della sicurezza sanitaria, per la tracciabilità e come fonte di specie con potenziali effetti benefici.

### Bibliografia

- Nelson 2017. *Plant and Soil*, 422(1), 7-34.  
Chen Turkington et al. 2016. *Agric. Ecosyst. Environ.*, 226, 43-55.  
Barrete et al. 2015. *Appl. Environ. Microbiol.*, 81(4), 1257-1266.

## Biodiversità microbica in suoli antropogenici di ambiente mediterraneo

Barbaccia P.\*, Settanni L., Gaglio R., Dazzi C., Lo Papa G.

Dipartimento Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali (SAAF), Università di Palermo, Viale delle Scienze, 90128 Palermo

\*Autore corrispondente: [pietro.barbaccia@unipa.it](mailto:pietro.barbaccia@unipa.it)

Parole chiave: suoli antropogenici, struttura del suolo, comunità batterica, sostanze esopolisaccaridiche.

I suoli antropogenici sono suoli fortemente modificati dall'uomo attraverso una serie di attività quali le lavorazioni profonde, la fertilizzazione intensiva, l'aggiunta di materiali minerali e/o organici di varia natura, l'irrigazione con acque ricche in sedimenti, ecc., o creati ex-novo con specifiche pedotecniche. Diversi autori hanno evidenziato le peculiarità genetiche, le caratteristiche e le proprietà dei suoli antropogenici in diversi ambienti, come le aree urbane, le miniere, le aree archeologiche, le aree boscate e le aree agricole. Una caratteristica fisica che frequentemente accomuna alcuni suoli antropogenici è uno stato di aggregazione poco sviluppato o addirittura la completa assenza di struttura. In alcune aree del Meridione d'Italia, i suoli antropogenici, creati e usati per l'agricoltura intensiva attraverso pedotecniche, che prevedono la trasformazione dei suoli naturali con addizione di materiale minerale sciolto e lavorazioni profonde, sono caratterizzati da una struttura di grado molto debole. Questo fenomeno, accentuato da un contenuto di sostanza organica del suolo molto ridotto, rende questi suoli estremamente vulnerabili all'erosione idrica, soprattutto nelle aree con scarsa copertura vegetazionale, innescando quindi una serie di processi di degradazione del suolo che comportano una forte riduzione della fertilità. I microrganismi del suolo svolgono un ruolo di grande rilevanza nella formazione e la stabilizzazione della struttura principalmente attraverso la produzione di sostanze extracellulari che contribuiscono alla cementazione dei costituenti solidi del suolo. Nel presente lavoro vengono riportati i risultati relativi alla diversità genetica delle comunità batterica di un suolo antropogenico con particolare riguardo alla identificazione di specie notoriamente produttrici di sostanze esopolisaccaridiche (EPS). Il suolo studiato è sito nel territorio di Palma di Montechiaro (AG) ed è stato originato per trasformazione del suolo esistente con trasporto e addizione di materiale calcareo marnoso sciolto, successivamente rimescolato tramite aratura profonda fino a 80-100 cm. Sono stati

studiati tre profili di suolo (Mant 1, Mant 2 e Mant 3) disposti lungo un transetto lineare e ad una distanza di circa 12 m l'uno dall'altro. Un ulteriore profilo (Mant 0) è stato studiato nelle immediate vicinanze dove il suolo non è stato trasformato. I campioni per le analisi microbiologiche sono stati prelevati a tre diverse profondità (0–10 cm; 10–30 cm; 30–50 cm) per ciascun pedon. Oltre alla conta totale delle popolazioni di batteri e funghi (unicellulari e filamentosi), l'indagine è stata specificamente condotta per valutare la biodiversità dei batteri produttori di EPS. Le colonie con aspetto mucoso in piastra sono state isolate e sottoposte alla caratterizzazione fenotipica. Tali isolati sono stati geneticamente tipizzati mediante analisi *randomly amplified polymorphic DNA* (RAPD)-PCR e identificati a livello di specie attraverso il sequenziamento del gene 16S rRNA. I risultati della conta microbica totale (CMT) mostrano che i tre pedon sono caratterizzati da livelli cellulari nell'intervallo 6,7 – 7,5 Log UFC/g e che la densità microbica decresce con la profondità. Gli stessi livelli microbici e lo stesso trend decrescente con la profondità sono stati osservati nel suolo non trasformato (Mant 0). Da tutte le aliquote di suolo analizzate sono stati isolati 834 batteri sui substrati di crescita specifici per la conta di *Caulobacter* e *Sphingomonas*, produttori di sostanze EPS. Soltanto 228 isolati hanno mostrato una morfologia cellulare bastoncellare, tipica dei due generi ricercati. L'analisi RAPD ha mostrato 64 profili differenti corrispondenti a 64 ceppi con morfologia bacillare. Il sequenziamento di tali ceppi ha evidenziato la presenza di ben 20 generi diversi denotando una notevole biodiversità dei batteri produttori di sostanze polimeriche nei suoli esaminati. I batteri ritrovati in tutti i quattro pedon oggetto d'indagine appartengono a due soli generi (*Bacillus* e *Pseudomonas*). È interessante evidenziare l'identificazione delle specie *Pseudomonas plecoglossicida* e *Bacillus megaterium*, notoriamente produttrici di EPS.

## La biodiversità nei suoli di miniera: struttura e funzione delle comunità batteriche in sei siti minerari europei

Tasso F.<sup>1\*</sup>, Alisi C.<sup>1</sup>, De Giudici G.<sup>2</sup>, Fiore A.<sup>3</sup>, Migliore G.<sup>1</sup>, Paganin P.<sup>1</sup>, Sprocati A.R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>SSPT-PROTER-OEM, ENEA, Roma

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Cagliari, Cittadella Universitaria, Monserrato, Cagliari

<sup>3</sup>SSPT-BIOAG-BIOTEC, ENEA, Roma

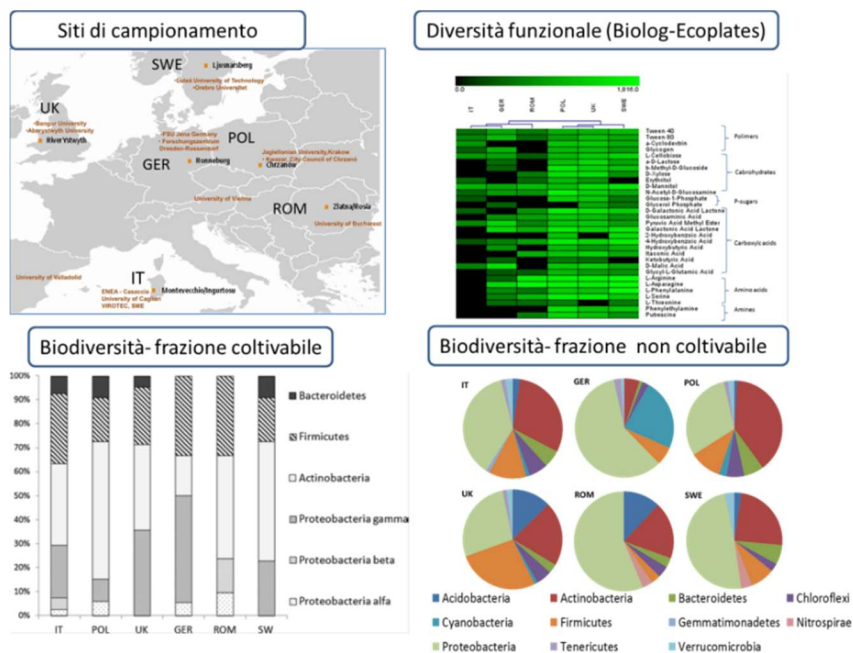
\*Autore corrispondente: [flavia.tasso@enea.it](mailto:flavia.tasso@enea.it)

Parole chiave: metalli pesanti, biodiversità batterica, Biolog™ Ecoplates, Next Generation Sequencing

I metalli pesanti esercitano un'influenza negativa sull'attività metabolica del suolo, con ripercussioni su importanti parametri ecologici dell'ecosistema, come la struttura e la funzione della comunità microbica, che incidono direttamente sulla capacità del riciclo degli elementi. Un caso interessante è quello delle aree minerarie dove le attività estrattive sono state abbandonate. Nell'ambito del progetto 7FP-Umbrella (EU 226870) sono stati studiati sei siti minerari europei, inseriti in contesti geomorfologici e idrologici diversi e con differenti condizioni ecologiche e climatiche: Inurtoosu (Italia- IT), Trezbionka (Polonia POL), Ystwyth (Regno Unito- UK), Bergslagen (Svezia- SWE), Zlatna (Romania- ROM), Ronneburg (Germania- GER). IT, UK, ROM, POL sono ex miniere di zinco e piombo, mentre in SWE l'attività prevalente era l'estrazione di rame e ferro ed in GER quella di uranio. Le analisi bio-geochimiche hanno evidenziato chiare differenze tra i campioni di suolo. I valori del pH variano da molto acido a neutro-basico. Il contenuto di carbonio totale è molto basso. Il contenuto in metalli pesanti e la loro biodisponibilità riflette le caratteristiche geochemiche dei siti e la loro

evoluzione. La comunità microbica di ciascun suolo è stata caratterizzata per la sua diversità funzionale, attraverso l'analisi dei dati forniti dalle Biolog™ Ecoplates, e dal punto di vista della composizione microbica, mediante "Next Generation Sequencing" del gene 16S rRNA. Il profilo metabolico di comunità ha evidenziato profonde differenze tra i siti. Ad esempio, IT è il meno attivo in termini di numero di substrati utilizzati e attività metabolica complessiva. L'analisi metagenomica ha mostrato che la diversità alfa delle comunità batteriche è maggiore in IT, POL e UK rispetto a GER, ROM, SWE. In nessuno dei siti si osserva la presenza di taxa dominanti. Le diversità beta e gamma mostrano una variabilità inter- ed intra- comunità elevata. All'interno delle comunità analizzate nei 6 suoli, undici diversi phyla comprendono più del 90% dei batteri, ma con differenze significative nelle abbondanze relative. Attraverso lo studio della frazione coltivabile sono state isolate ed identificate 99 specie afferenti a 4 phyla principali. Il numero di phyla della componente coltivabile, come prevedibile, è inferiore rispetto a quello rilevato attraverso la metagenomica ma l'analisi dei dati mostra che la convergenza delle sei comunità al livello di phylum è maggiormente legata alla pressione selettiva esercitata dai metalli pesanti e dalle condizioni del suolo più che a fattori geografici e climatici. La ricerca svolta nei sei suoli minerari non solo ha fornito informazioni sulla biodiversità microbica nativa, sulle risposte adattative e sul suo potenziale metabolico, ma ha anche permesso di isolare da ogni sito batteri con funzioni di promozione della crescita delle piante da utilizzare, in combinazione con piante endemiche, per il recupero delle aree contaminate.

La comunità microbica di ciascun suolo è stata caratterizzata per la sua diversità funzionale, attraverso l'analisi dei dati forniti dalle Biolog™ Ecoplates, e dal punto di vista della composizione microbica, mediante "Next Generation Sequencing" del gene 16S rRNA. Il profilo metabolico di comunità ha evidenziato profonde differenze tra i siti. Ad esempio, IT è il meno attivo in termini di numero di substrati utilizzati e attività metabolica complessiva. L'analisi metagenomica ha mostrato che la diversità alfa delle comunità batteriche è maggiore in IT, POL e UK rispetto a GER, ROM, SWE. In



## Studio delle patine microbiche nei depositi di manganese in ambiente sotterraneo: un approccio multidisciplinare per lo studio delle interazioni geomicrobiologiche con implicazioni nella gestione delle acque

Vaccarelli I.\*, Farda B., Djebaili R., Del Gallo M., Pellegrini M.

Dipartimento di Medicina clinica, sanità pubblica, scienze della vita e dell'ambiente, Università dell'Aquila, Via Vetoio, 1, Coppito, 67100 L'Aquila

\*Autore corrispondente: [vaccarelliilaria@gmail.com](mailto:vaccarelliilaria@gmail.com)

Parole chiave: depositi di manganese, sequenziamento, SEM-EDS, grotte, analisi spaziali

Il sottosuolo offre siti privilegiati per la ricerca di numerose e differenti forme attività microbica e per lo studio di litologie caratteristiche ancora per lo più sconosciute. Le grotte rappresentano laboratori naturali all'interno dei quali è possibile indagare processi minerogenetici unici ed interazioni biotiche strettamente connesse a tali fenomeni. Lo studio della mineralizzazione del manganese nell'ambiente ipogeo costituisce infatti una finestra d'accesso per la comprensione del complesso ciclo biogeochimico del Mn e lo sviluppo di comunità microbiche associate. Nel presente lavoro sono stati isolati e caratterizzati campioni di Mn prelevati all'interno del sistema carsico di Pietrasecca, che racchiude al suo interno la Grotta Grande dei Cervi e l'Ovito di Pietrasecca (Abruzzo, L'Aquila). È stato quindi utilizzato un approccio multidisciplinare con lo scopo di comprendere in maniera olistica i processi biogeochimici e geomicrobiologici in un ambiente considerato, per alcune caratteristiche estremo. Nelle prime fasi del lavoro è stata effettuata una caratterizzazione chimica dei campioni di tramite *Scanning Electron Microscopy - Energy Dispersive X-ray Spectrometry* (SEM-EDS). Tali analisi hanno mostrato alte concentrazioni di manganese e la presenza di altri elementi come C, Ca, Al, Si; successivamente, ripetute osservazioni SEM-EDS hanno rivelato impronte microbiche e strutture simili a cellule all'interno degli strati dei depositi secondari in esame. Sono poi state condotte ulteriori indagini sui campioni, utilizzando metodologie standard e sperimentali, al fine di indagare un potenziale contributo biogenico nella formazione dei depositi. È stato utilizzato un approccio indipendente dalla cultura per valutare una potenziale attività biologica coinvolta nei processi di mineralizzazione e per studiare la natura della comunità microbica presente

in tali depositi. Il DNA è stato estratto utilizzando il kit per il suolo NucleoSpin® Soil ed è stato successivamente effettuato il sequenziamento NGS dei campioni. I dati ottenuti supportano l'ipotesi preliminare che i microrganismi possano contribuire alla mineralizzazione del manganese, data la presenza di batteri Mn-ossidanti conosciuti in letteratura. Tali osservazioni forniscono nuovi spunti per comprendere il ruolo dei microrganismi nel ciclo Mn e i processi di acquisizione di energia in condizioni sfavorevoli. Sono state infine effettuate analisi di bacino mediante il software ArcGIS per valutare il possibile contributo di fattori ambientali e antropici che potrebbero influenzare la presenza di ossidi di manganese e delle comunità microbiche associate. Numerosi dati riportati in letteratura indicano come l'ossidazione del Mn possa essere notevolmente stimolata dall'input di carbonio esogeno in ambienti che altrimenti sarebbero poveri di nutrienti. In queste condizioni, non solo i tassi di ossidazione del Mn possono crescere, ma anche la carica batterica totale aumenta notevolmente. Diversi studi forniscono prove a sostegno dell'ipotesi che il carico di nutrienti nelle grotte attraverso il turismo, gli effluenti settici e l'input di ricche fonti di carbonio, come il guano, le feci e il traffico umano, influiscano sulla carica batterica totale. Le comunità microbiche indagate nel presente lavoro risultano di conseguenza strettamente legate alla qualità e all'apporto organico delle acque che penetrano nel sottosuolo. Lo studio del microbioma dei depositi di manganese, associato ad un'analisi delle pressioni che agiscono in superficie, può rappresentare quindi un importante supporto per la conservazione delle falde idriche sotterranee e delle comunità microbiche associate, fornendo delle importanti implicazioni nella gestione delle acque.

## Riduzione microbica del manganese in sedimenti di origine vulcanica

Farda B.\*, Ercole C., Vaccarelli I., Del Gallo M., Pellegrini M.

Dipartimento di Medicina clinica, sanità pubblica, scienze della vita e dell'ambiente, Università dell'Aquila, Via Vetoio, 1, Coppito, 67100 L'Aquila

\*Autore corrispondente: [beatrice.farda@gmail.com](mailto:beatrice.farda@gmail.com)

Parole chiave: manganese, riduzione biologica del Mn, geomicrobiologia, biorisanamento, biorecupero

I microrganismi che accoppiano la loro crescita alla riduzione del Mn - da uno stato di ossidazione Mn(IV) a Mn(II) - possono giocare un ruolo fondamentale nella biogeochimica di alcuni ambienti anaerobici. Il manganese, infatti, può fungere da accettore primario di elettroni nell'ossidazione della sostanza organica per alcuni batteri presenti in tali ambienti. Scopo del nostro lavoro è stato quello di individuare il ruolo dei batteri nella trasformazione del Mn in ambiente terrestre indagando su alcuni aspetti biologici della sua riduzione utili in alcuni campi applicativi quali il biorisanamento e il riciclaggio dei rifiuti elettronici. Abbiamo analizzato diversi campioni presi nella forra dell'Infernaccio, situata nel comune di Grotte S. Stefano (VT) e, in particolare, alcune patine e stratificazioni di Mn (C1, C1.1, C4, C4.1), un paleosuolo (C2) e un percolato di FeMn (C3, C3.1). I primi campioni sono stati osservati al SEM (*Scanning Electron Microscopy*) e sono state condotte analisi al SEM-EDS (*Energy Dispersive X-ray Spectrometry*) per individuare rispettivamente impronte microbiche e i principali elementi presenti negli stessi. I campioni sono stati quindi caratterizzati microbiologicamente tramite NGS (*Next Generation Sequencing*) amplificando le regioni V3-V4 del gene rRNA 16S. La microflora coltivabile è stata piastrata su Basal Medium (BM) arricchito con polvere di MnO<sub>2</sub> in condizioni di anaerobiosi a 30 °C. Sono stati così isolati 12 ceppi a differente morfologia e proprietà biochimiche, che sono stati poi caratterizzati con

analisi molecolari. L'analisi SEM-EDS ha rivelato la presenza nei campioni di elementi quali Mn, Al, Si, Fe, e tracce di Ca. La presenza di tali elementi e l'aspetto amorfo degli strati di Mn mostrano il probabile ruolo dei microrganismi nella formazione di tali depositi, ruolo confermato anche dalle impronte trovate sia dentro che fuori la stratificazione di Mn con strutture microbiche quali biofilm concrezionati, sia in superficie che negli strati interni. Le analisi molecolari NGS ci hanno permesso di individuare generi batterici coinvolti nel ciclo del Mn appartenenti principalmente ai phyla Acidobacteria, Actinobacteria e Proteobacteria. Inoltre, lo studio dei batteri coltivabili su terreni ricchi di Mn ci ha permesso di isolare batteri che utilizzano e solubilizzano i suoi ossidi in anaerobiosi e la loro caratterizzazione molecolare ha reso possibile l'individuazione di tali microrganismi tra le sequenze dell'intera comunità microbica, individuando i generi effettivamente coinvolti nella riduzione del MnO<sub>2</sub>. È stato possibile quindi caratterizzare questo ambiente ancora sconosciuto, isolando prima la microflora totale che lo abita, individuando poi il suo ruolo nella formazione dei sedimenti di manganese. Gli studi sulla riduzione microbica del Mn sono solo agli inizi, ma va proseguita anche in vista dei suoi campi di applicazione, quali il recupero del Mn da scorie di manganese da prodotti elettronici di scarto tramite biolisciviazione, bonifica di suoli e trattamento di minerali recalcitranti.

## Diversità dei procarioti in acque di falda contaminate da solventi clorurati

Cruciata I.<sup>1\*</sup>, Sciré Calabrisotto L.<sup>1</sup>, Armenio I.<sup>1</sup>, Biundo E.S.<sup>1</sup>, Pace A.<sup>1</sup>, Carpani G.<sup>2</sup>, Quatrini P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche Chimiche e Farmaceutiche (STEBICEF) – Università di Palermo, Viale delle Scienze, Edificio 16, 90128 Palermo

<sup>2</sup>Environmental and Biological Laboratories (EPLAB-TEAMB), Eni S.p.A., 20097 S. Donato Milanese (MI)

\*Autore corrispondente: [ilenia.cruciata@unipa.it](mailto:ilenia.cruciata@unipa.it)

Parole chiave: 1,2-dicloroetano, biorisanamento, acque di falda, 16SrRNA, ARISA

I solventi clorurati sono composti organici di sintesi, diffusi come inquinanti e pericolosi per l'ambiente e la salute umana (McCarty, 2010). Acqua di falda contaminata da solventi clorurati può contenere batteri in grado di dealogenare e/o degradare tali composti, sia in aerobiosi che in anaerobiosi, favorendo l'attenuazione naturale (Carpani et al. 2021). Sia l'attenuazione naturale che eventuali interventi di migliorata attenuazione o biorisanamento richiedono la preliminare conoscenza delle comunità microbiche autoctone e del loro potenziale biodegradativo. L'oggetto del presente studio è la falda acquifera di un sito nel Sud Italia, cronicamente contaminata da solventi clorurati, prevalentemente 1,2-dicloroetano (DCA) e vinil cloruro (CV). Abbiamo monitorato nel tempo (18 mesi) e nello spazio (otto punti di prelievo per un'area di ca. 3000 m<sup>2</sup>) le comunità batteriche dell'acqua di falda, con lo scopo di caratterizzare le popolazioni autoctone e verificarne il potenziale biodegradativo. Campioni di acqua di falda sono stati prelevati la prima volta (T1) da otto piezometri (da pz1 a pz8) utilizzati per il monitoraggio dell'acquifero e, a distanza di 18 mesi (T2), dai tre piezometri che presentavano i maggiori livelli di contaminazione da DCA (pz4, pz5, pz7). L'analisi chimico-fisica ha mostrato che l'acquifero è caratterizzato da un potenziale redox negativo, un pH intorno alla neutralità e una temperatura media di 22 °C. Responsabili della contaminazione sono idrocarburi alifatici clorurati, prevalentemente DCA (0,6 – 320.000 µg/L) e/o CV (0,14 – 25.000 µg/L) a seconda del sito di prelievo; sono abbondanti anche inquinanti inorganici (solfati, boro, fluoruri, ammonio, nitriti) e metalli (arsenico, ferro, manganese, mercurio). Dalla biomassa microbica ottenuta dai campioni di acqua per filtrazione è stato estratto il DNA metagenomico, utilizzato per il monitoraggio delle comunità procariotiche autoctone nel tempo. Le comunità batteriche sono state caratterizzate sia in termini di struttura e diversità mediante *Automated Ribosomal Intergenic Spacer Analysis* (ARISA), sia in

termini di composizione mediante sequenziamento ad alta resa del gene *16SrRNA* (16S-NGS). L'analisi ARISA condotta al T1 ha mostrato la presenza di comunità microbiche caratterizzate da elevata alfa e beta diversità; il cladogramma costruito sui profili ARISA separa le otto comunità in due gruppi principali, correlabili con le caratteristiche chimico-fisiche ed i profili di contaminazione dei campioni di acqua di falda. La stessa analisi su campioni T2 ha evidenziato che le comunità dei piezometri più contaminati (pz4 e pz7) si mantengono stabili nel tempo, mentre la comunità del campione pz5 si discosta notevolmente dagli altri e varia decisamente nel tempo. L'analisi 16S-NGS condotta sui campioni T1 ha mostrato un elevato rapporto Bacteria/Archaea e un'elevata alfa diversità con un totale di 71 phyla, 224 famiglie, 266 generi identificati con un'abbondanza >1%. Nelle comunità studiate è stata evidenziata la presenza di taxa solfato-riducenti, metanotrofi, chemiolitotrofi, con una bassissima abbondanza di taxa dealogenanti noti. L'abbondanza relativa dell'insieme delle famiglie comprendenti specie note di *OrganoHalide-Respiring Bacteria* (Dehalococcoidaceae, Peptococcaceae e Desulfuromonadaceae) oscilla tra 0,4% e 12% ed è più elevata nei campioni maggiormente contaminati. Alcune delle famiglie identificate hanno mostrato una correlazione positiva con la concentrazione di DCA. Le indagini hanno permesso di studiare per la prima volta la comunità batterica di una falda contaminata, ad oggi ancora inesplorata. Nonostante la scarsa evidenza di noti batteri DCA-degradanti, l'elevata percentuale di taxa indicati come non classificati supporta l'ipotesi che batteri dealogenanti ancora ignoti potrebbero essere descritti nel sito da noi studiato.

### Bibliografia

McCarty, 2010. *In situ* remediation of chlorinated solvent plumes. Springer, NY  
Carpani et al. 2021. *Water*, 13, 728.



## Biodeterioramento del patrimonio culturale operato da funghi: il caso di studio su due chiese rupestri di Matera

Mang S.M.<sup>1</sup>, Scrano L.<sup>2\*</sup>, Camele I.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari ed Ambientali (SAFE), Università della Basilicata, Viale dell'Ateneo Lucano 10 - Potenza, 85100

<sup>2</sup>Dipartimento delle Culture europee e del Mediterraneo (DICEM), Università della Basilicata Via Lanera 75100 – Matera

\*Autori corrispondenti: [ippolito.camele@unibas.it](mailto:ippolito.camele@unibas.it), [laura.scrano@unibas.it](mailto:laura.scrano@unibas.it)

Parole chiave: affreschi, allergie da funghi, *Alternaria alternata*, *Parengyodontium album*, Sassi di Matera

I Sassi di Matera, patrimonio mondiale dell'umanità UNESCO e le sue chiese rupestri, riccamente affrescate e visitate da migliaia di visitatori ogni anno, testimoniano la presenza umana da tempi antichissimi e il desiderio di tramandare nel tempo tradizioni e cultura. A tal fine è necessario preservare e consegnare alle future generazioni questo patrimonio pregno di informazioni scientifiche e di emozioni. Tali beni, inseriti armonicamente nel paesaggio naturale e nell'ecosistema, nel tempo hanno subito colonizzazioni biologiche che, in alcuni casi, hanno deteriorato le superfici lapidee e gli affreschi. Nell'ottica di procedere ad un risanamento dei beni in modo ecocompatibile per il bene, per l'ambiente e per i visitatori si è proceduto ad uno screening delle colonie fungine presenti su mura interne ed affreschi di due chiese rupestri "Santa Lucia alle Malve" e "La Madonna dei derelitti" situate rispettivamente nel Sasso Caveoso e nel Sasso Barisano. Il campionamento, non distruttivo, utilizzando piccoli tamponcini imbevuti di acqua distillata sterile, è stato effettuato su ogni sito oggetto d'indagine. In laboratorio si è proceduto all'isolamento ed alla caratterizzazione delle specie fungine. Dalle colture pure si è proceduto all'estrazione del DNA genomico (gDNA) che è stato, successivamente, utilizzato in prove di amplificazione genica (PCR) impiegando gli oligonucleotidi che amplificano una porzione del DNA ribosomale (ITS5/ITS4) o del gene della  $\beta$ -tubulina (BT2a/BT2b). I prodotti di PCR ottenuti sono stati direttamente sequenziati. Le sequenze nucleotidiche ottenute sono state confrontate con quelle già presenti in banca dati (NCBI) mediante il programma Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). Il confronto delle sequenze ha

permesso di rilevare una elevatissima similarità (99-100%) con le seguenti specie: *Parengyodontium album*, *Alternaria alternata*, *Cladosporium cladosporioides*, *Lecanicillium psalliotae*, *Meyerozyma guilliermondii* e *Botryotrichum atrogriseum*. Le prime due sono risultate le più abbondanti confermando quanto riportato da altre ricerche (De la Torre et al. 1991; Wolf e Krumbein, 1996). Tutte le sequenze ottenute in questo studio sono state depositate presso la banca dati EMBL. Non sono state rilevate differenze significative nelle specie isolate nei due siti oggetto d'indagine. Appare evidente come la conoscenza dettagliata dei funghi presenti sui materiali lapidei sia indispensabile non solo per contrastare/ridurre il danneggiamento strutturale ed estetico della matrice ma anche per salvaguardare la salute dei custodi del bene e dei visitatori che potrebbero sviluppare patologie (es. allergia, rinite, congiuntivite) a causa delle spore presenti nell'ambiente.

### Bibliografia

- De la Torre et al. 1991. *Science of the Total Environment* 107, 159-168.  
Wolf e Krumbein 1996. In "Proceedings of the VIIIth International Congress on Deterioration and Conservation of Stone" (J. Riederer, Ed.), pp. 637-642. Moller Druck und Verlag, Berlin.

Lavoro pubblicato *in extenso* su *Sustainability*, nell'ambito dell'accordo tra il Convegno Biodiversità 2021 e la rivista: Mang S.M., Scrano L., Camele I. 2020. Preliminary studies on fungal contamination of two rupestrian churches from Matera (Southern Italy). *Sustainability*, 12(17), 6988; <https://doi.org/10.3390/su12176988>

## Plastica in mare: biodiversità della plastisfera

Sciré Calabrisotto L.<sup>1\*</sup>, Catania V.<sup>1</sup>, Riti R.<sup>1</sup>, Cruciatà I.<sup>1</sup>, Arancio W.<sup>2</sup>, Scaffaro R.<sup>3</sup>, Quatrini P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche (STEBICEF), Università di Palermo, Viale delle Scienze, Edificio 16, 90128 Palermo

<sup>2</sup>Advanced Data Analysis Group, Fondazione Ri.MED, via Bandiera 11, 90133 Palermo

<sup>3</sup>Dipartimento di Ingegneria, Università di Palermo, Viale delle Scienze, Edificio 8, 90128 Palermo

\*Autore corrispondente: [laura.scirecalabrisotto@unipa.it](mailto:laura.scirecalabrisotto@unipa.it)

Parole chiave: plastica, plastisfera, mare, biodiversità, comunità microbiche

La plastica costituisce la componente più abbondante dei rifiuti in ambiente marino. Le plastiche in mare sono colonizzate da biofilm microbici, denominati plastisfera, che possono comprendere patogeni, specie algali tossiche e invasive e, potenzialmente, organismi in grado di biodeteriorare e degradare le plastiche (Zettler et al. 2013). Lo scopo di questo lavoro è studiare e confrontare le comunità microbiche che colonizzano plastiche biodegradabili e non biodegradabili in ambiente marino. Un esperimento di esposizione di film plastici in ambiente marino portuale è stato allestito per studiare la diversità della plastisfera di alcune plastiche biodegradabili (Mater Bi e PLA-acido polilattico) e non biodegradabili (PET-polietilene tereftalato e HDPE-polietilene ad alta densità). I film plastici sono stati immersi nel bacino La Cala di Palermo in due siti a 2 e 9 metri di profondità e prelevati dopo una esposizione di uno e tre mesi. La biomassa microbica reclutata sulle plastiche è stata stimata al termine dei due periodi di esposizione mediante quantizzazione del DNA totale estratto e conte vitali. La struttura del biofilm è stata osservata attraverso microscopia elettronica a scansione (SEM). La diversità della componente coltivabile dopo tre mesi di esposizione è stata studiata mediante isolamento su terreni di coltura per batteri marini eterotrofi e sequenziamento del gene 16SrRNA. La biodiversità della comunità microbica totale delle plastiche esposte nel sito a maggiore profondità, meno soggette all'influenza della luce solare, è stata analizzata dopo un mese di esposizione mediante analisi dello spaziatore intergenico ribosomale procariotico ITS (*Automated Ribosomal Intergenic Spacer Analysis-ARISA*) e analisi metagenomica 16SrRNA (*Next Generation Sequencing*) dopo tre mesi di esposizione. Le potenzialità degradative delle comunità microbiche sono state valutate con analisi gravimetrica. Dopo un'esposizione di 1 e 3 mesi in ambiente marino si osserva un'elevata capacità di colonizzazione microbica su tutti i tipi di plastica ed una tendenza della carica batterica ad aumentare nel tempo. L'osservazione al SEM rivela la presenza di diatomee, strutture filamentose e cellule batteriche

sulla superficie delle plastiche. Le plastiche biodegradabili ospitano un maggior numero di batteri coltivabili ed una maggiore biomassa rispetto alle non biodegradabili<sup>2</sup>. Gli isolati ottenuti dopo tre mesi di esposizione sono stati affiliati ai generi *Pseudoalteromonas* e *Vibrio*. L'analisi *fingerprinting* ARISA sul DNA totale estratto dai biofilm mostra alta beta diversità tra le comunità microbiche di plastiche diverse già dopo un mese di esposizione e maggiori livelli di alfa diversità delle comunità associate al Mater Bi. L'analisi metagenomica condotta sul biofilm adeso a Mater Bi e HDPE (rappresentativi rispettivamente delle plastiche biodegradabili e non biodegradabili) dopo tre mesi di esposizione in mare rivela comunità microbiche in parte differenti e un arricchimento di potenziali patogeni, in particolare delle famiglie *Vibrionaceae* e *Flavobacteriaceae*. Sul Mater Bi (bioplastica a base di amido di mais e oli vegetali), che dopo tre mesi di esposizione in mare mostra una perdita di peso del 25% circa rispetto al peso iniziale (Catania et al. 2019), risulta particolarmente abbondante la famiglia *Cellvibrionaceae*, che comprende membri in grado di degradare polisaccaridi e carboidrati complessi, quali cellulosa, agar, chitina, amido e che potrebbe avere un ruolo nella degradazione del Mater Bi in ambiente marino. I risultati mostrano che tutte le plastiche sono colonizzate da un biofilm microbico che tende ad aumentare in complessità e biomassa nel tempo. Le analisi colturali e molecolari suggeriscono che la struttura del biofilm e la composizione delle comunità microbiche che lo costituiscono sono in parte influenzate dal tipo di substrato/polimero e dal tempo di esposizione e che si differenziano già dopo un mese di esposizione in ambiente marino. La componente coltivabile tuttavia mostra bassi livelli di diversità e non si differenzia tra le plastiche analizzate.

### Bibliografia

Zettler et al. 2013. *Environ. Sci. Technol.*, 47(13), 7137-7146.  
Catania et al. 2019. *Microbial Diversity*, 185-186.

## Caratterizzazione della diversità microbica in suoli trattati con fertilizzanti azotati ed uno stabilizzatore dell'azoto (N-Lock™)

Losacco D.<sup>1,2\*</sup>, Ancona V.<sup>1</sup>, Carmignano P.<sup>3</sup>, De Paola D.<sup>4</sup>, Cotugno P.<sup>2</sup>, Tumolo M.<sup>1,2</sup>, Convertini S.<sup>3</sup>, Acquasanta F.<sup>3</sup>, Massarelli C.<sup>1</sup>, Tursi A.<sup>2</sup>, Uricchio V.F.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto di Ricerca Sulle Acque, V. F. De Blasio 5, 70132 Bari

<sup>2</sup>Università di Bari Aldo Moro, Dipartimento di Biologia, Via Orabona 4, 70124 Bari

<sup>3</sup>REAGRI S.R.L., Via Chiatona 62, 74016 Massafra (Taranto)

<sup>4</sup>Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto di Bioscienze e BioRisorse, Via G. Amendola 165/A, 70126 Bari

\*Autore corrispondente: [daniela.losacco@ba.irsra.cnr.it](mailto:daniela.losacco@ba.irsra.cnr.it)

Parole chiave: inibitori della nitrificazione, lisciviazione del nitrato, fertilizzazione azotata, sostenibilità

L'azoto è uno dei macronutrienti fondamentali nella resa delle coltivazioni agrarie in quanto favorisce l'aumento dello sviluppo vegetativo delle piante ed un consistente incremento della biomassa. Le piante assorbono azoto dal suolo prevalentemente in forma nitrica  $\text{NO}_3^-$  e alternativamente in forma ammoniacale  $\text{NH}_4^+$ . L'azoto nitrico libero nella soluzione circolante rappresenta lo ione più suscettibile a forme di dilavamento, con il conseguente aumento nei corpi idrici superficiali e sotterranei. Il processo di lisciviazione determina gravi impatti ambientali sulla qualità delle matrici ambientali e fenomeni di eutrofizzazione. Pertanto, è importante massimizzare i rendimenti di produzione, garantendo la sostenibilità ambientale. Gli inibitori della nitrificazione rappresentano composti chimici in grado di ridurre il processo di nitrificazione nel suolo, a seguito dell'inibizione dell'ammonio monoossigenasi dei batteri appartenenti al genere *Nitrosomonas*. Negli ultimi anni, la ricerca ha valorizzato il ruolo degli inibitori come strategia agronomica vincente per stabilizzare i nitrati nel suolo, aumentando così la biodisponibilità di azoto per le colture. N-Lock™ è uno stabilizzatore azotato in grado di rallentare in maniera significativa il processo di nitrificazione nel suolo. Ampiamente diffuso in Nord America ed Europa, la tecnologia Optinyte™ è basata sull'impiego della nitrapirina come stabilizzatore dell'azoto ed inibitore di attività enzimatiche proprie dei batteri protagonisti del ciclo dell'elemento. L'obiettivo del presente lavoro ha riguardato la valutazione della diversità microbica di suoli trattati con lo stabilizzatore azotato N-Lock™. Al contempo,

lo studio condotto è stato finalizzato a determinare l'efficacia di N-Lock™ nel panorama agricolo, evidenziandone i benefici ambientali, agronomici ed economici. Il disegno sperimentale ha previsto l'allestimento di mesocosmi di suolo per la coltivazione di cavolfiore, concimati con fertilizzanti azotati minerali ed N-Lock™. Mesocosmi di suolo privi di trattamento sono stati impiegati come "controllo" nel set up sperimentale. Sui campioni di suolo e acqua sono stati determinati i parametri chimici; l'analisi della variabilità della comunità microbica, mediante il sequenziamento delle regioni V3-V4 del gene rRNA 16S, è attualmente in corso. Studi mediante spettroscopia FTIR sono stati eseguiti sui tessuti vegetali al fine di analizzare l'influenza sui contenuti metabolici in piante trattate con lo stabilizzatore dell'azoto. L'impiego di N-Lock™ in suoli agricoli coltivati con cavolfiore ha determinato una riduzione dei composti azotati nell'acqua di percolazione, riducendo la perdita di nitrati a causa di processi di lisciviazione e denitrificazione. Inoltre, i risultati spettroscopici hanno permesso la caratterizzazione del contenuto dei complessi metabolici in risposta ai trattamenti con fertilizzanti azotati ed N-Lock™. Ulteriori risultati attesi permetteranno di stimare l'influenza dello stabilizzatore dell'azoto sui microrganismi in suoli agrari destinati all'orticoltura. La presente attività di ricerca intende definire buone pratiche agricole per la concimazione azotata, al fine di incrementare la fertilità dei suoli e le rese colturali in un'ottica di sostenibilità ambientale.

## Biodiversità e sequenziamento: come *short* e *long reads* descrivono la composizione microbica del suolo

Conti A.\*, Casagrande Pierantoni D., Roscini L., Corte L., Cardinali G.

Università di Perugia – DSF, Via Borgo XX Giugno, 74, Perugia, Italia

\*Autore corrispondente: [angela.conti@studenti.unipg.it](mailto:angela.conti@studenti.unipg.it)

Parole chiave: suolo, microbioma, sequenziamento, Illumina, MinION

I microrganismi sono considerati gli “ingegneri del suolo” per il ruolo che rivestono nella formazione e nel mantenimento delle funzionalità dello stesso (Kaviya et al. 2019). Le comunità microbiche che popolano il suolo infatti sono responsabili di processi fondamentali per la vita nella biosfera, quali la fissazione dell'azoto, la decomposizione della materia organica o il riciclo dei nutrienti. Batteri e funghi sono la componente più abbondante tra i microrganismi presenti nel suolo, con una biomassa complessiva che supera di  $10^2 - 10^4$  volte quella di protisti, archaea e virus (Fierer, 2017). L'andamento dei processi biogeochimici, insieme alla variabilità di interazioni tra le diverse componenti dell'ecosistema, rendono la composizione del microbioma estremamente diversificata non solo tra le diverse zone ma anche su scale centimetriche. Investigare tale diversità risulta quindi essere importante al fine di tutelare l'integrità del sistema, che è fondamentale per la conservazione dei beni e dei servizi forniti dal suolo, il quale costituisce una risorsa necessaria per la vita sulla Terra (O'Brien et al. 2016). L'avvento delle tecnologie di sequenziamento NGS ha reso possibile il passaggio verso l'analisi *high-throughput*, ovvero la possibilità di processare milioni di sequenze simultaneamente (Shendure et al. 2008). Tale progresso tecnologico ha favorito la nascita del DNA *metabarcoding*, termine con il quale si indica l'identificazione di specie multiple a partire da DNA estratto direttamente da una matrice biologica (Taberlet et al. 2012). Sono stati superati in questo modo i limiti dell'analisi in coltura, la quale necessitava dell'isolamento dei microrganismi in piastra, possibilità non sempre perseguibile data la difficoltà di coltivazione di alcuni specie in vitro. È stato infatti stimato che solamente una percentuale compresa tra l'1% e il 10% dei microrganismi presenti nel suolo sia coltivabile nei terreni comunemente utilizzati in laboratorio (Hirsch et al. 2010). Tra le tecnologie NGS, il sequenziamento Illumina MiSeq è quello più utilizzato nelle analisi di metagenomica (Nilsson et al. 2019). Questo consente di ottenere circa 20 Gb di *reads* di lunghezza pari a 300 bp, che può essere estesa fino a 550 bp utilizzando l'approccio *paired-end* (2X300). Il *metabarcoding* ha ampliato lo studio e la conoscenza della diversità microbica, tuttavia non manca anch'esso di limiti. Nonostante i numerosi progressi, resta comunque difficoltoso stimare la diversità presente nel suolo a causa di

quello che viene definito “Relic DNA”, ovvero DNA libero presente nel suolo, dovuto principalmente alla degradazione delle cellule microbiche (Carini et al. 2016). Tale DNA extracellulare è solitamente frammentato in segmenti di lunghezza compresa tra le 100 bp e le 500 bp (Lennon et al. 2018). Per questo motivo, l'utilizzo di tecnologie di sequenziamento di terza generazione, quali il MinION potrebbe portare ad una valutazione più accurata del microbioma attivo nel suolo, in quanto consentirebbe di analizzare sequenze di marcatori di lunghezza superiore a 1kb. La possibilità di ottenere *long-reads*, risulta vantaggiosa anche al fine di aumentare la risoluzione dell'identificazione fino al livello di specie, non raggiungibile con le *short-reads* prodotte in NGS. Lo scopo di tale lavoro è quello di confrontare la biodiversità stimata con due diverse tecnologie di sequenziamento: Illumina MiSeq e MinION. Sono stati utilizzati campioni di suolo che differiscono per tipologia di coltura (frumento, pomodoro, mais, melone), mese di campionamento (Marzo, Giugno, Settembre) e sistema di coltivazione (*Low impact*, Biologico). Entrambe le tecnologie hanno evidenziato una certa variabilità nella composizione microbica tra le diverse tesi proposte, con andamento della  $\alpha$ -diversità comparabile tra i due tipi di sequenziamento. L'analisi con *short-reads* ha mostrato un numero di sequenze divergenti maggiore rispetto a quella con *long-reads*, un dato che si riflette nella quantità di specie presenti nel *core-microbiome*. Il numero dei microrganismi che costituiscono il core calcolato sui dati MinION, infatti, è maggiore rispetto a quello ottenuto dai dati Illumina, in cui si evidenzia una maggiore variabilità.

### Bibliografia

- Kaviya et al. 2019. *Springer*, Singapore. p. 25-52.  
Fierer, 2017. *Nature Reviews Microbiology*, 15.10, 579-590.  
O'Brien et al. 2016. *Environmental microbiology*, 18.6, 2039-2051.  
Shendure et al. 2008. *Nature biotechnology*, 26.10, 1135-1145.  
Taberlet et al. 2012. *Molecular ecology*, 21.8, 2045-2050.  
Hirsch et al. 2010. *Soil Biology and Biochemistry*, 42.6, 878-887.  
Nilsson et al. 2019. *Nature Reviews Microbiology*, 17.2, 95-109.  
Carini et al. 2016. *Nature microbiology*, 2.3, 1-6.  
Lennon et al. 2018. *MBio*. 9.3.

## Biodiversità del microbioma aerodisperso nei grandi centri urbani: origini e relazione con l'inquinamento atmosferico

Mattioni C.<sup>1\*</sup>, Pollegioni P.<sup>1</sup>, Canepari S.<sup>2</sup>, Korneykova M.<sup>3</sup>, Occhiuto D.<sup>4</sup>, Ristorini M.<sup>1,5</sup>, Gavrichkova O.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi Terrestri, CNR, Via Marconi, 2 05010 Porano, Terni

<sup>2</sup>Dipartimento di Biologia Ambientale, Università la Sapienza di Roma, P. le Aldo Moro 5, 00185 Roma

<sup>3</sup>Agro-Technology Institute, Peoples Friendship University of Russia, Moscow, Russia

<sup>4</sup>Agenzia Regionale Protezione Ambiente del Lazio, Roma

<sup>5</sup>Dipartimento di Bioscienze e Territorio dell'Università del Molise, 86090 Pesche, Isernia

\*Autore corrispondente: [claudia.mattioni@cnr.it](mailto:claudia.mattioni@cnr.it)

Parole chiave: microbioma, PM10, *metabarcoding*

L'inquinamento da particolato (PM) e la frazione microbica, batteri e funghi, ad esso connessa rappresentano un importante componente dell'aerosol atmosferico e hanno un grande impatto sulle dinamiche atmosferiche e sulla salute umana. La diversa composizione e la dinamica spazio temporale del microbioma aerodisperso è poco studiata, alcuni lavori suggeriscono una variabilità nel tempo e in relazione alle condizioni ambientali. Lo scopo della nostra ricerca è stato quello di valutare la componente microbica in tre siti di Roma caratterizzati da differenti livelli di inquinamento: Villa Ada (area green, parco urbano), Arenula (area semi-green residenziale) e Fermi (area con elevata incidenza di traffico urbano). Ogni sito selezionato disponeva di una centralina di monitoraggio dell'azienda ARPA Lazio. Nell'autunno 2020 e nell'inverno 2021, per caratterizzare le comunità microbiche presenti e delineare la loro variazione stagionale e sito-specifica, sono stati effettuati campionamenti di particolato atmosferico (filtri policarbonato PM10, flusso di campionamento a 10L/min per una settimana), polveri della pavimentazione e foglie di *Quercus ilex L.* Dopo l'ottimizzazione delle procedure di estrazione del DNA genomico da ogni matrice, sono state amplificate le regioni V3 del gene rDNA<sub>16S</sub> per i batteri e le regioni ITS1 e ITS2 dell'unità ribosomiale

ripetuta per i funghi. È stata poi eseguita una approfondita analisi di metabarcoding mediante piattaforma Illumina MiSeq. I risultati preliminari indicano una predominanza dei batteri nella componente microbica. La costruzione delle tabelle OTU in termini di phylum > classi > ordine, ha evidenziato una distribuzione differenziale della ricchezza batterica nei tre substrati (aria, suolo, foglie), con alti livelli di diversità *alpha* riscontrabili nei campioni di particolato atmosferico, con particolare abbondanza di quattro phyla: Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes e Firmicutes. Una tendenza differente si osserva nelle comunità fungine, caratterizzate da una alta diversità *alpha* nelle polveri di pavimentazione, con un progressivo depauperamento delle specie fungine nei campioni di particolato atmosferico e delle foglie, che mostrano una distribuzione opposta di Basidiomycota ed Ascomycota. Tali dati permettono un'analisi sink-source tra le varie matrici per ogni sito. Successivamente, i dati relativi all'inquinamento e alle caratteristiche del PM sono stati messi in relazione con la componente microbica individuato nei campioni di particolato atmosferico.

### Ringraziamenti

La ricerca è stata finanziata da RFBR grant n. 19-05-50112

## La qualità microbica del compost e del vermicompost ottenuti dalle trebbie di birra

Bianco A., Assandri D., Fancello F., Zara G., Zara S., Mannazzu I., Budroni M.\*

Università di Sassari, Dipartimento di Agraria, Viale Italia 39, 07100 Sassari

\*Autore corrispondente: mbudroni@uniss.it

Parole chiave: fertilizzante, vermicompost, compost, trebbie

La sostenibilità delle produzioni artigianali costituisce una delle principali sfide del settore brassicolo e si può perseguire anche attraverso la gestione dei sottoprodotti e in particolare la valorizzazione delle trebbie. Infatti, il recupero in azienda delle trebbie, ancora ricche di sostanze nutritive non solubilizzate dal processo di maltazione e ammostamento, potrebbe contribuire a ridurre i costi di produzione della birra e risolvere al contempo il problema relativo al loro smaltimento. L'elevata umidità rende le trebbie microbiologicamente instabili e non conservabili per lunghi periodi (se non essiccate), con la possibilità di sviluppo di microrganismi indesiderati e patogeni quali funghi micotossigeni e conseguente presenza di micotossine. Tuttavia, studi recenti hanno evidenziato la possibilità di compostare o di vermicompostare le trebbie miscelate con materiale organico, tipicamente letami di varia origine e composti lignocellulosici, che oltre a ridurre il contenuto di umidità e ottimizzare il rapporto C/N e la porosità della miscela, possano fungere da starter. Lo scopo di questo lavoro è stato quello di caratterizzare da un punto di vista chimico e microbiologico le trebbie di birra per ottenere un ammendante di elevata qualità che possa sostituire i fertilizzanti chimici più costosi e meno sostenibili, utilizzati in agricoltura. La presenza di comunità microbiche associate alle trebbie è stata analizzata secondo i metodi ufficiali descritti dalla Norma UNI EN ISO 6887-1:2017. Per il compostaggio sono stati utilizzati due diversi tipi di letame, il separato solido del liquame suino e il letame di pecora, miscelati con paglia di grano e trebbie, ottenendo due differenti miscugli. Inoltre, il compostaggio è avvenuto con due strategie differenti: con rivoltamenti costanti della

massa e statico, in assenza di rivoltamenti. Per il vermicompostaggio è stata utilizzata una miscela (1:1) di trebbie fresche e letame bovino come lettiera per i lombrichi appartenenti alla specie *Eisenia fetida*. Entrambi i processi di produzione degli ammendanti hanno avuto una durata di circa 110/120 giorni. Per valutare la maturità degli ammendanti ottenuti sono stati analizzati i parametri chimici, fisici e biologici imposti dal Decreto Legislativo n° 75 del 2010 per un ammendante compostato misto. In particolare si è proceduto alla valutazione di rapporto C/N, indice di germinazione, pH, contenuto di umidità, carbonio organico totale, azoto totale, contenuto di metalli pesanti (es. rame e zinco). Le analisi microbiologiche hanno riguardato la rilevazione di batteri patogeni (*Salmonella* spp e *E. coli*). Nel caso del vermicompost da trebbie si è proceduto all'analisi della composizione quali-quantitativa della comunità microbica mediante metodi coltura-dipendenti e coltura-indipendenti (DGGE). I risultati ottenuti per il compost mostrano, per entrambi i miscugli e i sistemi di compostaggio, un adeguato grado di maturazione al termine del processo. Nel compost derivato da trebbie con aggiunta di letame ovino sono stati riscontrati pH e indice di germinazione non in linea con i limiti di legge. Le analisi del vermicompost hanno evidenziato caratteristiche fisiche, chimiche e microbiologiche equivalenti e, per alcuni parametri superiori, a quelle del vermicompost ottenuto da solo letame bovino.

### Bibliografia

- Assandri et al. 2021. *Agriculture*, 11.1, 2.  
Bianco et al. 2020. *App. Microbiol. Biotechnol.*, 1-18.

## Le acque reflue birrarie come *hot spot* per la selezione di microrganismi resistenti agli antibiotici: indagine nei birrifici artigianali operanti in Sardegna

Fancello F.\*, Serra E., Bianco A., Niccolai M., Zara G., Budroni M.

Dipartimento di Agraria, Università di Sassari, Viale Italia 39, 07100 Sassari

\*Autore corrispondente: [fancello@uniss.it](mailto:fancello@uniss.it)

Parole chiave: birra artigianale, antibiotico resistenza, acque reflue

Le birre artigianali sono generalmente prodotte in impianti di medio-piccola dimensione, che richiedono per la realizzazione investimenti limitati e dove i controlli sulle fasi di processo risultano essere meno stringenti, in relazione anche agli esigui volumi di birra prodotta rispetto agli impianti di natura industriale. Risulta pertanto necessario indagare e conoscere più a fondo le diverse tipologie di rischio igienico-sanitario che si possono riscontrare nei birrifici artigianali e mettere in atto di conseguenza azioni di prevenzione, contrasto e contenimento del rischio più efficaci. Particolare attenzione merita la gestione delle acque reflue e la valutazione del rischio biologico ad esse collegato. Le fonti di contaminazione microbica delle acque utilizzate durante il processo di produzione della birra sono diverse tra queste le più importanti sono le materie prime utilizzate e gli operatori. Durante il processo di produzione i microrganismi sono sottoposti a stress termici, di pH, di pressione, e all'attività antimicrobica del luppolo per cui possono sviluppare resistenze, sopravvivere e causare in seguito l'alterazione e il deterioramento del prodotto finito oltre a rappresentare un rischio per il consumatore. Meno studiato è il possibile legame tra l'insorgenza di resistenze a questi stress e le resistenze agli antibiotici, le quali rappresentano una delle più gravi ed incombenti minacce per la salute pubblica mondiale. Con tali premesse e considerato che le acque reflue di birrificio sono scaricate spesso direttamente nella rete fognaria pubblica, l'obiettivo di questo lavoro è stato quello di valutare la qualità e il rischio microbiologico delle acque reflue di birrifici artigianali. A tal fine sono state analizzati campioni di acqua reflua (prelevati in diversi punti del processo di produzione, in particolare nelle fasi di cotta, bollitura e filtrazione) provenienti da 13 birrifici artigianali. Sui campioni di acqua reflua è stata eseguita l'analisi per valutare la presenza di microrganismi patogeni, e la conta su piastra di diversi gruppi microbici (*Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes*,

*Pseudomonas aeruginosa*, *Escherichia coli*, batteri sporigeni, batteri lattici e lieviti). Dalle piastre di conta dei diversi terreni di coltura utilizzati, sono state prelevate le colonie batteriche, che sono state successivamente purificate e identificate (attraverso il sequenziamento del gene 16s rDNA), e su cui è stata valutata la resistenza a 8 antibiotici comunemente utilizzati in ambito sanitario e zootecnico (Vancomicina, Streptomicina, Kanamicina, Tetraciclina, Eritromicina, Cloramfenicolo, Spectinomina, Ciprofloxacina). I risultati ottenuti mostrano l'assenza di *Salmonella*, *Escherichia coli* e *Listeria monocytogenes* nei campioni di acqua reflua analizzati, mentre si riscontra la presenza di batteri lattici ( $3,7 \pm 1,09 \log_{10}$  CFU/mL), lieviti ( $4,6 \pm 1,87 \log_{10}$  CFU/mL), batteri sporigeni ( $3,15 \pm 1,09 \log_{10}$  CFU/mL) e *Pseudomonas* spp. ( $2,47 \pm 0,9 \log_{10}$  CFU/mL). Dalle piastre di conta, sono stati isolati un totale di 122 ceppi batterici, appartenenti a 49 specie diverse. Le specie isolate appartengono ai seguenti generi: *Bacillus*, *Cytobacillus*, *Citrobacter*, *Cupriavidus*, *Enterococcus*, *Klebsiella*, *Lactococcus*, *Leuconostoc*, *Ochrobactrum*, *Phytobacter*, *Paenibacillus*, *Pediococcus*, *Raoultella*, *Shigella*, *Staphylococcus*, *Serratia*, *Stenotrophomonas*. Dall'analisi degli antibiogrammi risulta che circa il 24% dei batteri isolati possiede resistenze multiple a 3 o più antibiotici. In particolare, un isolato appartenente alla specie *Lactococcus lactis* resiste a 5 diversi antibiotici. In generale, gli antibiotici a cui i batteri risultano meno sensibili sono la streptomicina e il cloramfenicolo, a cui sono resistenti rispettivamente il 42% e il 32% dei batteri testati. Mentre tutti i ceppi testati risultano sensibili alla ciprofloxacina e alla spectinomina. Le acque reflue, come atteso, sono caratterizzate da una comunità microbica che presenta elevati indici di biodiversità. Per quanto riguarda la resistenza agli antibiotici ulteriori analisi sono necessarie per dimostrare la capacità di queste resistenze di essere trasmesse ad altri batteri.

## Biodiversità dei rizobatteri in alta quota: *Artemisia eriantha* Ten.

Pellegrini M., Farda B., Del Gallo M., Pace L.\*

Dipartimento di Medicina clinica, Sanità pubblica, Scienze della Vita e dell'Ambiente- Università dell'Aquila, Via Vetoio, loc. Coppito, 67100 L'Aquila

\*Autore corrispondente: [loretta.pace@univaq.it](mailto:loretta.pace@univaq.it)

Parole chiave: genepi appenninico, analisi rRNA 16S, microbioma, Gran Sasso, Majella

Il microbioma rizosferico gioca un ruolo molto importante nell'adattamento e sopravvivenza delle specie vegetali, soprattutto in condizioni ambientali estreme. I cambiamenti climatici stanno colpendo gravemente la biodiversità in tutto il mondo, con gravi impatti soprattutto sugli ecosistemi montani. Uno dei meccanismi di difesa di cui la pianta si avvale per la mitigazione degli stress abiotici è legato alla presenza del microbioma associato alla radice. Le rizosfere ospitano un microbioma ricco e strettamente differenziato non solo in base alla specie vegetale ma anche al contesto pedoclimatico in cui si trovano. All'interno di questo microbioma una notevole importanza è rivestita dai rizobatteri che promuovono la crescita delle entità vegetali. Essi, attraverso meccanismi diretti e indiretti, forniscono alle piante capacità difensive contro diversi stress abiotici. *Artemisia umbelliformis* Ten. (Asteraceae), conosciuta come Genepi appenninico, vive in ambienti rocciosi sopra i 2200 m ed è di grande interesse officinale. Utilizzata per la preparazione di liquori con proprietà digestive, antisettiche, ecc, nonostante sia protetta dalla L.R. n°45 11/09/1979 è purtroppo ancora oggetto di raccolte indiscriminate e pertanto sono stati condotti numerosi studi finalizzati alla sua caratterizzazione ed alla sua protezione. Le popolazioni di Genepi appenninico numericamente più significative sono localizzate sui massicci montuosi del Gran Sasso (Monte Corvo e Monte Portella) e della Majella (Monte Focalone). Il presente studio ha avuto come obiettivo quello di caratterizzare a livello molecolare la rizosfera di *Artemisia eriantha*, alla ricerca dei gruppi di rizobatteri più influenti che possano essere isolati e utilizzati per la mitigazione degli stress abiotici. Le rizosfere di individui appartenenti alle popolazioni localizzate sul Gran Sasso (Monte Corvo e Monte Portella) e sulla Majella (Monte Focalone) sono state campionate e sottoposte a estrazione del DNA. I campioni di DNA sono stati studiati nelle regioni V3-V4 del gene dell'rRNA 16S attraverso il

sequenziamento di nuova generazione (NGS) e il confronto statistico dei dati mediante il calcolo degli indici ecologici di: (i) diversità Shannon-Wiener ( $H'$ ), (ii) Uniformità ( $J$ ) e (iii) Ricchezza in specie (Chao1). I risultati ottenuti hanno evidenziato una forte variabilità nella diversità e ricchezza in specie delle rizosfere delle popolazioni di genepi appenninico. In particolare, sono stati registrati valori di diversità e ricchezza in specie per Monte Corvo ( $H'$ , 5,7; Chao1, 445) più vicini a quelli relativi a Monte Focalone ( $H'$ , 5,57, Chao1, 446,4) rispetto a Monte Portella ( $H'$ , 5,3; Chao1, 275). Monte Focalone, ha inoltre presentato una uniformità di specie inferiore agli altri due siti ( $J$ , 0,59 vs 0,72). La comunità rizosferica di tutte e tre le popolazioni è principalmente rappresentata dai Phyla Proteobacteria, Actinobacteria e Acidobacteria (>10%) seguiti dai Phyla Bacteroidetes, Chloroflexi, Gemmatimonadetes, Nitrospirae, Patescibacteria, Planctomycetes, Verrucomicrobia. I contributi percentuali di ciascun Phylum, tuttavia, hanno mostrato differenze tra i vari gruppi, con un discostamento della composizione del sito di Monte Focalone (maggiore abbondanza di Proteobacteria e Nitrospirae) rispetto agli altri. Le differenze tra i siti appartenenti ai due massicci montuosi esaminati potrebbero essere ricondotte alle differenti vicende relative alla loro storia glaciale e climatica che hanno portato alla caratterizzazione di una litologia della Majella fondamentalmente calcarea, facilmente erodibile e solubile, molto permeabile e con una microflora maggiorense selezionata e a una litologia del Gran Sasso più resistente calcarea (con dolomiti e marne), meno permeabile e con una maggiore freschezza edafica e diversità microbica. Le differenti capacità di resistenza e resilienza delle popolazioni esaminate potrebbero influenzare la loro vita futura trovando riparo in ambienti di alta quota più freschi con esposizione settentrionale e con maggior disponibilità di suolo.



## Selezione di batteri della rizosfera in grado di solubilizzare il fosforo e utilizzo di ammendanti (compost, biochar, digestato) come strategie per limitare i fertilizzanti fosfatici nella coltura della lattuga fuori-suolo

Di Bonito R.<sup>1\*</sup>, Varela A.G.<sup>1</sup>, De Rossi P.<sup>2</sup>, Pignatelli V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ENEA Casaccia, TERIN-BBC, Laboratorio Biotecnologie per l'energia, via Anguillarese 301, 00123 Roma

<sup>2</sup>ENEA Casaccia, Dipartimento Unità per l'Efficienza Energetica, via Anguillarese 301, 00123 Roma

\*Autore corrispondente: [rita.dibonito@enea.it](mailto:rita.dibonito@enea.it)

Parole chiave: fosfati, Biolog EcoPlates, 16S rRNA, *Pseudomonas*

La somministrazione di Fosforo (P) sotto forma di fertilizzanti fosfatici solubili è fondamentale nella produzione orticola in substrati fuori-suolo, ma tali composti possono essere soggetti a dilavamento con le acque di irrigazione e rappresentare una fonte di inquinamento delle falde acquifere. Inoltre, la roccia fosfatica utilizzata per la produzione di fertilizzanti è presente solo in alcune regioni del pianeta ed è una fonte non rinnovabile in via di esaurimento. Si rende quindi necessario lo sviluppo di tecnologie per il recupero del P e l'utilizzo di fonti alternative alla roccia fosfatica nell'ottica di garantire la sostenibilità delle produzioni e limitare l'impatto ambientale delle coltivazioni. Alcune specie di microrganismi hanno la capacità di mineralizzare i composti di fosforo inorganico insolubile oppure le forme organiche del P. La selezione di specie batteriche in grado di solubilizzare il P ed il loro utilizzo come inoculanti nella rizosfera può rappresentare una strategia per rendere disponibile alle piante il fosforo insolubile presente nei substrati e limitare l'utilizzo di fertilizzanti. Nel contesto della bio-economia, alcuni materiali ottenuti dal trattamento di residui organici proveniente da attività urbane, dall'agro-industria e agricoltura possono rappresentare una fonte di P. Il compost, il digestato da digestione anaerobica per la produzione del biogas, il biochar possono rappresentare una fonte di P ed essere considerati materiali costituenti dei fertilizzanti. In questo lavoro vengono presentate due metodologie finalizzate alla riduzione dell'utilizzo dei fertilizzanti azotati in colture senza suolo per la produzione di lattuga. 1. Selezione di batteri in grado di solubilizzare il fosforo: alcuni ceppi batterici sono stati isolati dalla rizosfera di lattuga cresciuta in substrato senza suolo e analizzati per capacità di solubilizzare fosfato insolubile

$\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$  e/o fosforo organico (Na-phytate) su terreni selettivi. L'analisi delle sequenze 16S rRNA ha permesso di identificare quattro isolati caratterizzati da buone capacità solubilizzanti sia il fosforo inorganico che organico come *Bosea thioxidans*, *Pseudomonas* sp., *Rhodococcus jialingiae* e *Variovorax paradoxus*. Le attività enzimatiche dei ceppi sono state valutate tramite il sistema API ZYM™. L'isolato *Pseudomonas* sp. SC12 è stato utilizzato come inoculante nella rizosfera di piante di lattuga in substrato senza suolo, contenente P insolubile e irrigato con soluzione nutritiva priva di P. Le piante hanno mostrato peso fresco e secco paragonabile al controllo cresciuto in presenza di soluzione nutritiva con P solubile. 2. Effetto degli ammendanti organici sulla fertilizzazione fosfatica: piante di lattuga sono state allevate in substrato fuori suolo in presenza di 10% ammendanti organici (compost + biochar, frazione solida secca di digestato) e irrigate con soluzione nutritiva Hoagland priva di P. L'analisi della biomassa delle piante ha mostrato peso fresco e secco superiore o uguale al controllo cresciuto con soluzione nutritiva contenente P dimostrando la capacità degli ammendanti di sopperire alla necessità di P delle piante. L'analisi delle comunità microbiche della rizosfera è stata effettuata tramite analisi del metabolismo di singole fonti di carbonio utilizzando le piastre EcoPlates™ Biolog ed ha mostrato un significativo impatto del trattamento con gli ammendanti sulla diversità e funzionalità microbica. L'analisi microbiologica delle foglie non ha evidenziato la presenza di *E. coli* o *Salmonella* ed è indicazione della assenza di contaminazione in seguito all'utilizzo degli ammendanti nelle condizioni dello studio.

## Analisi metagenomica del microbioma di tè di compost e di accumulatori di microrganismi

Scotti R., Caputo M., Pane C., Zaccardelli M.\*

CREA-Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo, Via Cavallegeri 25, 84098 Pontecagnano (SA)

\*Autore corrispondente: massimo.zaccardelli@crea.gov.it

Parole chiave: biodiversità microbica, biostimolazione delle piante, soppressività, compost, lettiera

Nelle aziende agricole è possibile autoprodursi preparati molto ricchi di microrganismi utili in agricoltura. Tra questi vi sono il tè di compost e l'accumulatore di microrganismi. Il tè di compost è un formulato liquido organico ottenuto dall'estrazione e fermentazione di compost in un liquido estraente (generalmente acqua) areato o non areato per alcuni giorni. Opportunamente diluito, può essere somministrato alle piante sia per via radicale che per via fogliare, con evidenti effetti positivi sullo sviluppo delle radici e della parte aerea, sulla produzione di fiori, sull'allegagione e sull'aumento significativo della produttività delle colture. Inoltre, il tè di compost è in grado di controllare molte malattie delle piante, soprattutto quelle dovute a funghi e batteri. L'accumulatore di microrganismi è, invece, un formulato solido ottenuto mescolando insieme lettiera di bosco ben umificata, crusca di frumento o altro cereale, zucchero di canna e acqua; la miscela ottenuta viene opportunamente compattata in un bidone, subito dopo chiuso ermeticamente, in modo da eliminare l'aria; dopo circa un mese, il preparato è pronto per essere utilizzato nel terreno allo stato solido oppure sulle colture previa estrazione/fermentazione in acqua. In questo lavoro, per caratterizzare approfonditamente questi preparati, si è provveduto ad eseguire l'analisi metagenomica di quattro diversi tè di compost (3 prodotti da diversi vermicompost e uno da un compost vegetale commerciale) e di tre diversi accumulatori di microrganismi (uno prodotto utilizzando lettiera di bosco di pino di Aleppo, uno prodotto utilizzando lettiera di bosco di leccio e uno prodotto a partire da una miscela di lettieri provenienti da otto diversi boschi). Per i tè di compost, è stata riscontrata una significativa maggiore biodiversità microbica per il tè ottenuto da

un vermicompost prodotto nel Lazio a partire da letame, mentre la più bassa biodiversità è stata rilevata per il tè ottenuto da un compost commerciale di origine vegetale; una collocazione intermedia ha avuto il tè prodotto da un vermicompost a sua volta ottenuto a partire dalla frazione solida di un digestato proveniente da un impianto di biogas alimentato con letame vaccino in Piemonte. Tra i dieci generi di batteri maggiormente presenti nei quattro tè di compost, alcuni di essi quali *Bacillus spp.* e *Pseudomonas spp.*, sono ampiamente noti come agenti di biocontrollo e di promozione della crescita delle piante; gli altri otto generi, eccetto *Flavobacterium spp.* per il quale sono stati segnalati dei ceppi agenti di biocontrollo e di promozione della crescita delle piante, non sono noti come microrganismi dotati delle suddette proprietà utili in agricoltura. Pertanto, sarà sicuramente importante capire se questi sette generi di microrganismi ricoprono o meno un ruolo nel determinare le proprietà di soppressività e di biostimolazione dei tè di compost. Per gli accumulatori di microrganismi non sono state riscontrate delle rilevanti differenze significative in termini di biodiversità complessiva tra i tre preparati, mentre è stata riscontrata una significativa riduzione di biodiversità rispetto alle corrispondenti lettieri di bosco. Questa constatazione sta ad indicare come, di fatto, gli accumulatori di microrganismi siano in grado di moltiplicare sono alcuni dei microrganismi presenti nelle lettieri utilizzate come "inoculo" per gli accumulatori stessi. Tra i microrganismi maggiormente moltiplicati negli accumulatori sono stati rilevati i *Lactobacillus* e gli *Streptomyces*, anch'essi noti per le proprietà di biocontrollo e di promozione della crescita delle piante.

## Funghi associati alle microplastiche: isolamento e identificazione

Furno M.F.\*, Prigione V., Spina F., Poli A., Varese G.C.

*Mycotheca Universitatis Taurinensis*, Dipartimento di Scienze Della Vita e Biologia Dei Sistemi, Università di Torino, Viale Mattioli 25, 10125 Torino

\*Autore corrispondente: [matteo.floriofurno@gmail.com](mailto:matteo.floriofurno@gmail.com)

Parole chiave: marine fungi, microplastic, Mediterranean Sea, mycobiota, plastisphere

L'ambiente che maggiormente risente dell'accumulo e della permanenza delle microplastiche (MP) è sicuramente quello marino: si stima che il 92% della plastica presente in mare sia rappresentato da MP (Suaria, 2016). Le MP si accumulano nei sedimenti e nella colonna d'acqua causando numerose problematiche: possono essere ingerite da organismi marini e risalire la catena trofica, anche veicolando inquinanti chimici, oppure possono costituire una nuova nicchia ecologica per i microrganismi, patogeni inclusi. Tra i diversi microrganismi presenti sulle MP ci sono anche i funghi. Essi, si ritrovano in tutti gli ecosistemi, compreso quello marino, dove rivestono un ruolo fondamentale nella decomposizione della sostanza organica e nel riciclo degli elementi. I funghi marini, oggi, rappresentano inoltre una imprescindibile risorsa per lo sviluppo di diverse applicazioni biotecnologiche: infatti sono considerati tra le fonti più promettenti di metaboliti secondari utili in molteplici processi industriali e farmaceutici. In aggiunta, in natura la produzione di enzimi extracellulari aspecifici (come le idrolasi e ossidoreduttasi) permette a numerosi funghi di degradare molecole molto recalcitranti come la lignina. Questa peculiarità enzimatica consente di attaccare molecole xenobiotiche molto complesse e resistenti alla degradazione come le materie plastiche. Nonostante gli eccezionali risultati ottenuti in questo campo, il potenziale di questi microrganismi rimane ancora ampiamente inesplorato. Lo studio della biodiversità fungina marina, anche quella associata alle MP, è quindi di fondamentale importanza per ampliare le conoscenze e sviluppare nuove tecnologie utili anche a ridurre l'impatto ambientale causato dall'aumento delle MP. Questo lavoro, condotto presso la *Mycotheca Universitatis Taurinensis* (MUT), fa parte di un ampio progetto nato dalla collaborazione tra diversi istituti di ricerca che ha come obiettivi principali: la valutazione qualitativa e quantitativa delle MP presenti sia nei sedimenti, sia nella colonna d'acqua, lungo un transetto compreso tra il porto di Livorno e l'Area Marina Protetta Secche della Meloria, e lo studio del microbiota marino associato alle MP, combinando un approccio sia metagenomico che colturale. Più nel dettaglio, in

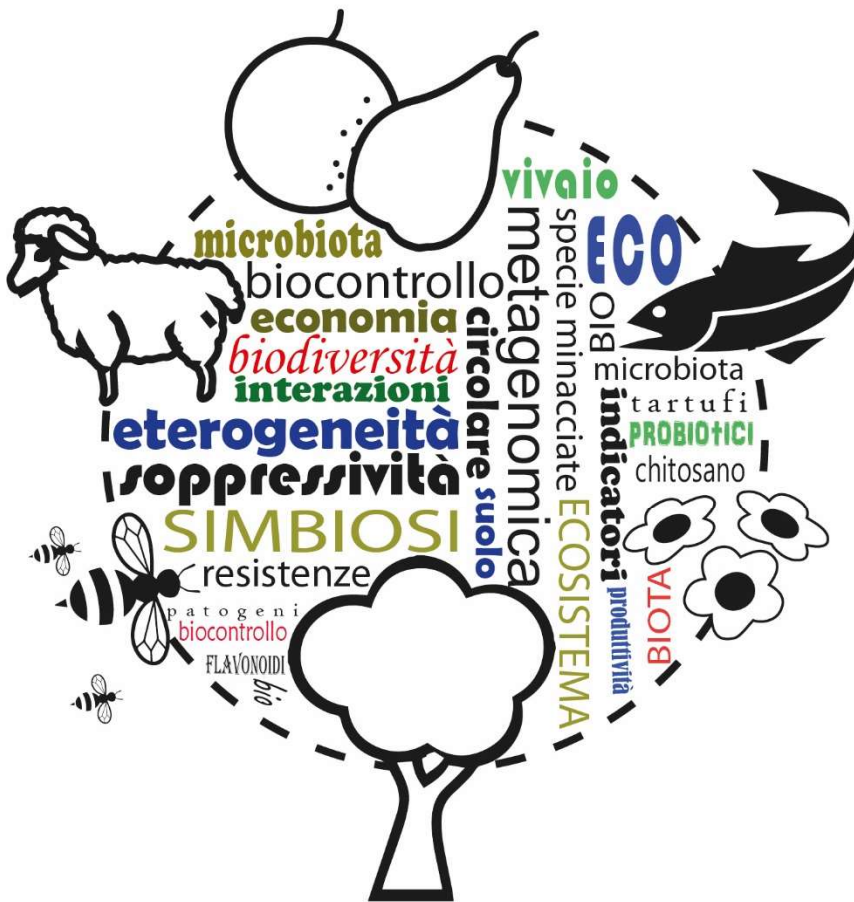
questo lavoro è stata condotta un'analisi del microbiota associato alle MP dei sedimenti di tre siti caratterizzati da un diverso grado di impatto antropico (porto di Livorno, Secche della Meloria e zona intermedia del transetto). In ottica di massimizzare la biodiversità fungina la fase di isolamento è stata svolta in solido mediante l'utilizzo di tre diversi terreni colturali con l'aggiunta di sea salt (ss - 2% w/v) e antibiotici per prevenire la crescita batterica: Corn Meal Agar (CMAss), Malt Extract Agar (MEAAss) e Syntetic Nutrient-Poor Agar (SNAAss). I campioni sono stati incubati a due temperature (15 °C e 25 °C) per 21 giorni, in successione. Per quanto concerne le microplastiche, dopo la sonicazione in acqua di mare sterile, volta al distacco del biofilm, il surnatante è stato piastrato in repliche. L'isolamento fungino dell'acqua del sedimento è stato svolto mediante il filtraggio della stessa e il posizionamento dei filtri sui diversi terreni di isolamento; mentre il sedimento invece è stato trattato mediante la tecnica di *soil dilution plate*. Per l'identificazione specifica ci si è basati su un approccio polifasico che prevede la combinazione dell'analisi molecolare con marker specifici (ad es.  $\beta$ -tubuline, Actine, ITS) e della valutazione delle caratteristiche morfo-fisiologiche. I risultati evidenziano come il microbiota sia dominato dal Phylum Ascomycota: tra i generi più abbondanti si riscontrano *Penicillium spp.* e *Cladosporium spp.* seguiti dai Basidiomycota lievitoidei *Sporobolomyces spp.* Tuttavia, i sedimenti mostrano una maggior ricchezza specifica rispetto alle MP, infatti si rilevano Phylum (Zygomycota) e generi presenti esclusivamente in essi tra cui *Rhizopus spp.*, *Trichoderma spp.*, *Aspergillus spp.*, *Fusarium spp.* La natura e la diversità dei funghi filamentosi associati alle microplastiche in ambiente marino è ancora poco compresa; questo studio perciò contribuisce a una maggior comprensione del microbiota marino ad esse associato, aprendo nuovi scenari sul possibile loro sfruttamento in diverse aree biotecnologiche, biorisanamento incluso.

### Bibliografia

Suaria 2016. *Scientific reports*, 6: 37551.



# Bio div ers ità e interazione tra biota



## Consorzi microbici benefici impiegati quali probiotici per un'agricoltura sostenibile

Bevivino A.<sup>1\*</sup>, Marmioli N.<sup>2</sup>, Hett J.<sup>3</sup>, Caldara M.<sup>2</sup>, Maestri E.<sup>2</sup>, Ambrosino P.<sup>4</sup>, Passato S.<sup>4</sup>, Frusciante S.<sup>1</sup>, Tabacchioni S.<sup>1</sup>, Fiore A.<sup>1</sup>, Del Fiore A.<sup>1</sup>, Gulli M.<sup>2</sup>, Graziano S.<sup>2</sup>, Giovannetti G.<sup>5</sup>, Masoero G.<sup>6</sup>, Brunori A.<sup>1</sup>, Pihlanto A.<sup>7</sup>, Neuhoff D.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>ENEA, Agenzia nazionale per le nuove tecnologie, l'energia e lo sviluppo economico sostenibile, Dipartimento Sostenibilità, 00123 Roma

<sup>2</sup>Dept. Agroecology & Organic Farming Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, 53121 Bonn, Germany

<sup>3</sup>SITEIA.PARMA, Interdepartmental Centre for Food Safety, Technologies and Innovation for Agri-food - Department of Chemistry, Life Sciences and Environmental Sustainability, 43124 Parma

<sup>4</sup>AGRIGES srl, 82035 San Salvatore Telesino

<sup>5</sup>Centro Colture Sperimentali, CCS-Aosta S.r.l., Quart, Italia

<sup>6</sup>Accademia di Agricoltura di Torino, Torino

<sup>7</sup>Natural Resources Institute Finland (Luke), FI31600 Jokioinen, Helsinki, Finland

\*Autore corrispondente: [annamaria.bevivino@enea.it](mailto:annamaria.bevivino@enea.it)

Parole chiave: applicazioni microbiche, produttività, probiotici, sistema alimentare

L'impiego di biofertilizzanti a base microbica costituisce una strategia di supporto per la gestione sostenibile dell'agricoltura che di fatto comporta la riduzione degli input chimici. L'uso in agricoltura di microrganismi benefici capaci di promuovere la crescita delle piante, come pure di favorire la loro resistenza agli stress biotici e abiotici, rappresenta un valido strumento in grado di rispondere alle sfide poste dall'agricoltura moderna (Woo e Pepe, 2018). Tuttavia, in pieno campo numerosi fattori biotici e abiotici contribuiscono ad ostacolare la loro azione, limitando l'efficacia e la riproducibilità degli effetti della loro applicazione in agricoltura (Bevivino, 2020). Nel presente lavoro, consorzi microbici sintetici multifunzionali, assemblati sulla base della compatibilità in vitro dei singoli componenti, sono stati realizzati allo scopo di aumentare la resa e migliorare la qualità della produzione di alcune colture agricole attraverso l'azione sinergica dei microrganismi coinvolti e la stabilizzazione dell'efficacia e della riproducibilità della loro applicazione in pieno campo. Tre consorzi microbici, composti da microrganismi promotori della crescita delle piante (PGPM), sono stati identificati mediante un approccio bottom-up (Tabacchioni et al. 2021) e applicati in ambiente controllato su *Trifolium nanum*, mais, pomodoro e grano, in alternativa sotto forma di formulato polverulento, in sospensione liquida o a seguito di inclusione in biochar interrato in presemina, in presenza o meno di funghi micorrizici arbuscolari. Nelle prove di pieno campo, una prima dose di consorzi microbici è stata fornita tramite inoculazione

dei semi, seguita da una seconda applicazione somministrata in forma liquida sei settimane dopo la semina. In base alla varietà e al settaggio delle condizioni in serra, i consorzi microbici, applicati da soli o in combinazione con biochar e/o funghi micorrizici arbuscolari, si sono dimostrati in grado di esercitare un effetto positivo sulla crescita delle piante. Relativamente alle prove in campo, l'effetto più rilevante si è ottenuto a seguito dell'applicazione del consorzio microbico su mais che ha permesso di ottenere rese di biomassa significativamente più elevate rispetto al controllo, e in particolar modo in assenza di fertilizzanti aggiuntivi. In conclusione, i consorzi microbici sotto investigazione si sono rivelati in grado di agire come "probiotici vegetali" e pertanto idonei ad una gestione delle colture più rispettosa dell'ambiente, riducendo la necessità di pesticidi chimici e fertilizzanti sintetici in agricoltura, promuovendo la fertilità del suolo e migliorando la salute e la produttività delle piante.

### Bibliografia

Woo e Pepe 2018. *Front. Plant Sci.*, 9, 1801.

Bevivino 2020. *SIMBA Project*. Available online: <http://simbaproject.eu/field-microbial-application-to-foster-food-quality-and-safety/>

Tabacchioni et al. 2021. *Microorganisms*, 9, 426.

### Ringraziamenti

Supported by funding from the EU Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No. 818431 (SIMBA).

## Life MycoRestore - Uso innovativo di risorse micologiche locali per la protezione di foreste mediterranee: biocontrollo di patogeni forestali

Frascella A.<sup>1\*</sup>, Venice F.<sup>2</sup>, Emiliani G.<sup>1</sup>, Vizzini A.<sup>3</sup>, Danti R.<sup>1</sup>, Barberini S.<sup>1</sup>, Secci S.<sup>1</sup>, Mello A.<sup>2</sup>, Della Rocca G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>IPSP-CNR, SS Sesto Fiorentino, Via Madonna del Piano 10, 50019 Sesto Fiorentino (FI)

<sup>2</sup>IPSP-CNR, SS Torino, Viale Mattioli 25, 10125 Torino

<sup>3</sup>DBios Università di Torino, Viale Mattioli 25, 10125 Torino

\*Autore corrispondente: [angela.frascella@ipsp.cnr.it](mailto:angela.frascella@ipsp.cnr.it)

Parole chiave: biocontrollo, *Trichoderma*, BCAs, metagenomica, patogeni fungini tellurici

LIFE MycoRestore “Innovative use of mycological resources for resilient and productive Mediterranean forests threatened by climate change” (LIFE18/CCA/ES001110) è un progetto cofinanziato dall’Unione Europea (2019-2023) che vede la partecipazione di Istituti di Ricerca e aziende private di Spagna, Italia e Portogallo (<https://mycorestore.eu/it/life-mycorestore-2/>).

L’obiettivo del progetto è quello di utilizzare risorse micologiche innovative e pratiche di gestione forestale sostenibile al fine di rendere le foreste più resistenti agli attacchi di parassiti e malattie, meno vulnerabili agli eventi naturali esacerbati dai cambiamenti climatici (siccità e incendi boschivi), e promuovere un approccio gestionale maggiormente efficiente sotto il profilo delle risorse e dell’economia circolare. Negli stati membri del progetto sono stati selezionati 305 ha di foresta Mediterranea dove vengono sviluppati questi obiettivi attraverso azioni di Micoselvicultura, Micoeconomia e Micocontrollo. In Italia sono state individuate due aree pilota situate nell’Appennino toscano in provincia di Firenze a S. Godenzo e nella Riserva biogenetica di Vallombrosa. Il primo sito ospita castagneti da frutto in produzione (*Castanea sativa* Mill.) all’interno del quale è presente una zona circoscritta di piante affette da mal dell’inchiostro causato da *Phytophthora cambivora*. Il secondo sito ospita una fustaia matura di Abete bianco (*Abies alba* Mill.) coetanea minacciata da agenti di marciume radicale e carie del legno, *Armillaria ostoyae* e *Heterobasidion abietinum*. Il micocontrollo di questi agenti patogeni tellurici viene esplicato attraverso strategie innovative di difesa integrata, selezionando in entrambi i siti pilota, organismi nativi benefici capaci di contrastare l’azione del patogeno evitando l’utilizzo di composti chimici, salvaguardando l’ambiente e la biodiversità. La diversità di popolazione fungina presente nelle due aree sperimentali è stata determinata in campioni di suolo prelevati sia da piante apparentemente sane che malate attraverso analisi metagenomica (metabarcoding) associata al rilevamento dei parametri chimico-fisici del suolo e a misure dendrometriche. In entrambi i siti pilota la presenza

del patogeno e/o il deperimento delle piante malate non influenzano la biodiversità fungina e non alterano le interazioni fra le comunità presenti, bensì si assiste ad un rimodellamento della rete microbica che conserva la stessa composizione a livello di *taxa* ma che risulta diversamente distribuita. L’isolamento di putativi agenti di biocontrollo (BCAs) dei patogeni forestali è stato condotto su campioni di suolo e radici (endofiti) prelevati a livello della rizosfera di piante asintomatiche in entrambi i siti pilota. Tramite coltura micologica sono stati identificati 21 isolati fungini nel sito di S. Godenzo e 15 nel sito di Vallombrosa. L’amplificazione specifica della regione ITS1 e TEF-1 $\alpha$  ha consentito la caratterizzazione molecolare degli isolati individuando 5 specie diverse di interesse appartenenti al genere *Trichoderma* (*T. hamatum*, *T. koningiopsis*, *T. longipile*, *T. koningii*, *T. asperellum*, *T. spirale*) e una specie appartenente al genere *Clonostachys* (*C. rosea*) diversamente distribuite nelle due aree. I BCAs putativi sono stati saggiati in coltura duale contro *P. cambivora*, *H. abietinum* e *A. ostoyae*, ed è stata valutata la loro capacità di inibizione della crescita del patogeno tramite saggi antifungini dei filtrati colturali, caratterizzati poi mediante HPLC, e dei BVOCs (SPME e GC-MS). L’attività enzimatica di glucanasi, cellulasi e chitinasi è stata determinata e quantificata. I risultati di questi test hanno consentito la selezione di 10 isolati di *Trichoderma* con la più alta capacità di biocontrollo *in vitro* e rappresentativi di ogni specie. Su questi candidati sono state condotte prove di germinazione e di phenotyping metabolico su diverse fonti nutrizionali per la caratterizzazione delle potenzialità di accrescimento vegetativo e della loro capacità riproduttiva massiva. Allo scopo di formulare un prodotto commerciale sostenibile, i 10 isolati di *Trichoderma* selezionati e *C. rosea* sono stati utilizzati per i test di inibizione dei patogeni *in vivo*, su semenzali di *C. sativa* e *A. alba* sui quali sono stati monitorati parametri fisiologici (scambi gassosi, fluorescenza della clorofilla, *greenness*). L’efficacia dei candidati BCAs è stata paragonata a quella del prodotto commerciale di riferimento a base di *Trichoderma* (RadixSoil®).

## La biodiversità nascosta nelle faggete orientali del Matese

Parisi F.<sup>1,2\*</sup>, Santopuoli G.<sup>2</sup>, Garfi V.<sup>3</sup>, Antonucci S.<sup>2</sup>, Spina P.<sup>2</sup>, Tognetti R.<sup>2,4</sup>, Marchetti M.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>GeoLAB - Laboratorio di Geomatica Forestale, Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali, Università di Firenze, Via San Bonaventura 13, 50145 Firenze

<sup>2</sup>Dipartimento Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Università del Molise, Via De Sanctis, I-86100 Campobasso

<sup>3</sup>Università del Molise, Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Contrada Fonte Lappone - 86090 Pesche (IS)

<sup>4</sup>The EFI Project Centre on Mountain Forests (MOUNTFOR), Edmund Mach Foundation, Via E. Mach 1, 38010 San Michele all'Adige (Trento)

\*Autore corrispondente: francesco.parisi@unifi.it

Parole chiave: coleotteri saproxilici, eterogeneità, gestione forestale, indicatori di biodiversità, specie minacciate

Nonostante la forte pressione antropica esercitata per soddisfare le esigenze della società, le foreste della regione mediterranea rappresentano tuttora un enorme serbatoio di biodiversità. Valutare lo stato di conservazione della biodiversità è necessario per individuare opportune scelte gestionali per garantire ulteriormente la conservazione della biodiversità.

I Coleotteri saproxilici sono una delle più importanti componenti della biodiversità forestale, diversi studi recenti hanno mostrato la loro importanza come bioindicatori. L'obiettivo del presente studio è valutare come le caratteristiche strutturali, presenza di legno morto, microhabitat e parametri ambientali (esposizione) esercitano su abbondanza e diversità della fauna saproxilica in faggete gestite dell'appennino meridionale. Per lo scopo sono stati utilizzati i tratti funzionali ed ecologici delle specie (es. livello trofico) ed il livello di minaccia IUCN. In questo contesto, la Lista rossa IUCN delle specie in pericolo rappresenta uno strumento importante per monitorare lo stato di conservazione della biodiversità. Le attività di ricerca sono state svolte nelle faggete del versante orientale del massiccio del Matese, nel comune di Roccamandolfi (IS), in quattro popolamenti di faggio distinti in base alla quota (Alta e Bassa) e all'esposizione (Sud e Nord). Le attività di campo sono state svolte in 60 plot circolari di 13 m di raggio, 15 per ogni popolamento, attraverso i rilievi dendrometrici e delle diverse componenti di legno morto (alberi morti a terra, in piedi, snag, ceppaie e frammenti grossolani al suolo). Inoltre sono stati monitorati gli insetti, nel periodo maggio-ottobre 2018 e sono stati osservati i microhabitat presenti sia su alberi vivi che sulla necromassa. Il lavoro ha evidenziato delle differenze strutturali, con densità più abbondanti nei popolamenti ubicati a bassa quota (1500-2000 piante ad ettaro), rispetto a quelli ad alta quota (~ 700 piante ad ettaro), così come le più elevate provvigioni e le maggiori dimensioni dei singoli alberi nei settori localizzati a quote superiori. Il rilievo dei microhabitat ha evidenziato la presenza di 48 tipologie differenti, con oltre 5000 osservazioni, tra cui quelle prevalenti sono state: cavità nei contrafforti

radicali, cavità dei rami, dendrotelmi, gallerie scavate da insetti e fori di uscita. L'abbondanza dei microhabitat è risultata leggermente inferiore nei plot esposti a nord e alla quota più alta, mentre non ci sono differenze tra gli altri popolamenti. In totale, nel corso delle attività di campionamento sono stati raccolti 3457 esemplari di coleotteri appartenenti a 134 specie e 36 famiglie. Di questi il 47% è incluso nel Libro Rosso dei Coleotteri Saproxilici italiani. Dall'analisi delle relative categorie IUCN si evidenziano due specie inserite nella classe di rischio *Vulnerable* (VU); 8 in *Near Threatened* (NT); 52 specie *Least Concern* (LC) ed una risulta *Data Deficient* (DD). Per quanto riguarda il livello trofico occupato, la categoria maggiormente rappresentata è data dagli *xylophagous* (28,5%), seguita da *saproxylous* e *mycetophagous* entrambi con il 25,4%. I predatori sono il 12,6%. Analizzando il totale dei *taxa* monitorati per area si nota come i siti esposti a Sud ospitano una maggiore consistenza di specie (87 e 47 per Alta e Bassa Sud) nei confronti delle aree esposte a Nord (48 e 73 tra Alta e Bassa Nord). Se si considera solo la fauna saproxilica in numero delle specie tra le aree risulta pressoché lo stesso (61 per i siti esposti a Nord e 60 per quelli esposti a Sud). In generale la maggiore presenza di entità che caratterizza il sito Alta Sud è attribuibile a fattori ambientali e alla struttura del popolamento, caratterizzata da piante con dimensioni diametriche mediamente più grandi e omogenee tra loro. In tali popolamenti sono stati inoltre osservati un numero maggiore di fori di uscita e gallerie sotto corteccia. Una ulteriore conferma di complessità è data dalla presenza di 22 entità esclusive. In conclusione si evidenzia come, oltre alle componenti strettamente legate alla fauna saproxilica (struttura, legno morto e microhabitat) anche l'esposizione rappresenta un fattore ecologico chiave per la biodiversità saproxilica. In generale la gestione forestale dovrà mirare verso una pianificazione che favorisca l'eterogeneità, simulando strutture e processi che potrebbero prevenire ulteriori perdite di biodiversità.



## Risultati dei primi anni di attività di micorrizzazione di tartufi autoctoni campani

Caputo M.<sup>1\*</sup>, Santalucia P.<sup>2</sup>, Branca L.<sup>2</sup>, Rinaldi A.<sup>2</sup>, Apuzzo S.<sup>2</sup>, De Falco E.<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Osservatorio Appennino Meridionale

<sup>2</sup>Regione Campania, Settore Foreste

<sup>3</sup>Dipartimento di Farmacia, Università di Salerno

\*Autore corrispondente: [caputomichele1986@libero.it](mailto:caputomichele1986@libero.it)

Parole chiave: tartufi, *Tuber aestivum*, *Tuber borchii*, micorrizzazione, vivaio

I funghi, dal punto di vista nutrizionale, si suddividono in saprofiti ossia funghi che si nutrono di materia organica morta, in parassiti che si nutrono di materia organica viva e simbiotici che per sopravvivere necessitano di instaurare particolari rapporti con le radici di specifiche piante formando le cosiddette micorrize. I tartufi sono funghi simbiotici appartenenti alla Divisione degli Ascomyceti (Ascomycota); pertanto, per poterli coltivare, è necessario realizzare la simbiosi fungo-pianta in opportune strutture dedicate e, una volta accertata l'avvenuta simbiosi, trapiantare le piantine in pieno campo realizzando le "tartufaie coltivate" che produrranno, dopo alcuni anni, i tartufi. Il progetto pilota "Produzione a livello sperimentale di piantine micorrizzate con specie di tartufo di origine autoctona della Campania", affidato all'Osservatorio Appennino Meridionale, è condotto in collaborazione con i competenti uffici della Regione Campania grazie anche alla disponibilità delle Associazioni di tartuficoltori. Il progetto nasce dall'esigenza di produrre *in loco* piantine micorrizzate con tartufi autoctoni, vista l'assenza di vivai che operano in tal senso nella Regione Campania e la limitata presenza nel sud Italia. In particolare, il progetto intende valorizzare la biodiversità tartuficola e forestale della regione, anche in relazione al maggiore adattamento del materiale raccolto *in loco* rispetto alle condizioni pedo-climatiche. Nei primi anni l'attività si è concentrata sullo scorzone (*Tuber aestivum* L.), una specie di tartufo largamente diffusa in Europa e che rappresenta, quindi, uno dei più commercializzati, ampiamente presente anche nella regione Campania. Le piante da utilizzare per la micorrizzazione sono state scelte tra quelle di maggiore interesse per il territorio campano e più precisamente: carpino nero (*Ostrya carpinifolia* Scop.), roverella (*Quercus pubescens* Willd.), cerro (*Q. cerris* L.) e nocciolo (*Corylus avellana* L.), varietà Tonda di Giffoni. Il materiale di moltiplicazione è stato raccolto presso i boschi da seme della Regione Campania e il Consorzio Nocciola Tonda di Giffoni. Durante il primo anno di attività (2017) sono stati stabiliti rapporti di collaborazione con il Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali dell'Università di Perugia e l'azienda regionale Umbraflor, da anni coinvolti in attività di ricerca e

produzione di piante micorrizzate, che hanno contribuito alla formazione dei partecipanti al progetto sia nella fase di riconoscimento macroscopico, microscopico e molecolare dei tartufi presenti nella regione Campania sia nella fase di produzione di piante micorrizzate. Sono stati, inoltre, instaurati rapporti di collaborazione con il Dipartimento di Farmacia dell'Università di Salerno e il CREA-OF di Pontecagnano. Le attività sono state condotte presso le strutture del vivaio regionale forestale presso l'azienda regionale Improsta, Eboli (SA). Negli anni successivi, visti i buoni risultati raggiunti con i primi anni di progetto, sono stati allestiti nuovi box in modo da allargare la sperimentazione a un'altra specie di tartufo, il bianchetto (*T. borchii* V.), micorrizzando piantine di pino d'Aleppo (*Pinus halepensis* Mill.) e pino domestico (*P. pinea* L.). In entrambi i casi, dopo circa 6 mesi dalla micorrizzazione, sono stati prelevati campioni di piante e sottoposte ad osservazioni microscopiche sull'apparato radicale per la valutazione della presenza e percentuale delle micorrize di tartufo dichiarato. Il controllo della micorrizzazione è stato verificato anche da un ente terzo che, nel caso specifico, è stata l'Università di Perugia. I risultati del controllo hanno messo in evidenza l'efficacia dei protocolli messi a punto e sperimentati nell'ambito del progetto in quanto le percentuali di micorrizzazione hanno sempre superato l'80%. Nell'anno 2020, le piantine che avevano superato il controllo negli anni precedenti (circa 2000), sono state impiegate per la realizzazione di campi prova in diverse aree a vocazione tartuficola della regione Campania, presso aziende che ne hanno fatto richiesta in seguito a un avviso pubblico gestito dall'Osservatorio dell'Appennino Meridionale. Le tartufaie allestite sono attualmente in corso di valutazione al fine di monitorare l'accrescimento delle piante e verificare, anche, eventuali differenze rispetto alle piante non micorrizzate. Il modello descritto rappresenta un esempio virtuoso delle opportunità di collaborazione tra differenti Enti di ricerca, Strutture Regionali e privati che, quando messe in atto, permettono di raggiungere risultati utili per la valorizzazione del territorio e delle sue risorse, contribuendo anche alla conservazione della biodiversità.

## Caratterizzazione e potenzialità d'uso di *Dittrichia viscosa* (L.) Greuter

Vitti A.<sup>1\*</sup>, Celano R.<sup>1</sup>, Manganiello G.<sup>2</sup>, Pane C.<sup>2</sup>, Attanasio F.<sup>1</sup>, Piccinelli A.<sup>1</sup>, De Falco E.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Università di Salerno, Dipartimento di Farmacia, Via Giovanni Paolo II, 132, 84084 Fisciano (SA)

<sup>2</sup>Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria, Centro di Ricerca Orticoltura e Florovivaismo, Via Cavallegeri, 25, 84098, Pontecagnano Faiano (SA)

\*Autore corrispondente: avitti@unisa.it

Parole chiave: essiccazione, estratti acquosi, attività antigerminativa, attività antifungina, caratterizzazione chimica

*Dittrichia viscosa* (L.) Greuter (Asteraceae) è una camefita alta fino a 150 cm, con infiorescenze terminali a pannocchia e fiori riuniti in capolini. Fiorisce da agosto ad ottobre e si rinviene in tutto il Bacino del Mediterraneo centrale; colonizza ambienti ruderali, campi abbandonati, fossi e bordi strade. È riportata come pianta colorante e alcuni studi hanno dimostrato che i suoi estratti possiedono attività antiproliferativa, antiossidante e antibatterica; effetti citotossici e genotossici; attività allelopatica; capacità di controllare accrescimento e sviluppo di alcuni nematodi e funghi fitopatogeni. È ospite di *Eupelmus urosonus*, insetto antagonista naturale della mosca olearia. La ricerca riporta i risultati relativi alla valutazione di possibili impieghi in agricoltura di una coltivazione allestita mediante infittimento di piante spontanee nel Comune di Torraca (SA), nel Parco del Cilento, Vallo di Diano e Alburni. In via preliminare è stata determinata la biomassa prodotta in fioritura (ultima decade di ottobre), pari a 24,2 t ha<sup>-1</sup> per quella fresca e 10,6 t ha<sup>-1</sup> per quella secca e la sua ripartizione in infiorescenze e parti verdi (PV), intese come foglie verdi e fusti di diametro inferiore a 9 mm. La biomassa è stata essiccata all'aria e le infiorescenze e PV sono state usate separatamente per preparare estratti acquosi (rapporto 1:5 peso/volume; 100 °C; 2 h), che sono stati testati per l'attività antigerminativa su ravanello (*Raphanus sativus* L.) e crescione (*Lepidium sativum* L.). Per entrambi gli estratti si è avuta una elevata inibizione della germinazione, poiché solo il 3,3% dei semi di entrambe le specie testate sono germinati. Gli estratti acquosi (EA) liofilizzati e sterilizzati (radiazione UV-C) sono stati testati per la capacità repressiva contro il fungo fitopatogeno *Alternaria* spp. Quattro diluizioni seriali (da 1 a 0,001 mg mL<sup>-1</sup>) sono state usate per test *in vitro* e come formulazioni spray per pre-trattare piantine di spinacio (*Spinacia oleracea* L., cultivar Platypus), infettate dopo 24 h con una sospensione conidica (1×10<sup>6</sup> spore mL<sup>-1</sup>) del fungo. Piastre

contenenti solo il substrato di crescita (PDA) e piante nebulizzate solo con acqua e infettate con il fungo hanno rappresentato i controlli. Le analisi in piastra hanno mostrato, a 48 h dall'inoculazione *in vitro*, una riduzione della crescita fungina (intesa come misura del diametro della colonia) rispetto al controllo per entrambi gli EA già alla minima diluizione. Il risultato migliore si è ottenuto alla concentrazione più alta (1 mg mL<sup>-1</sup>), con una riduzione dello sviluppo fungino del 66 e 59%, rispettivamente, per gli EA di PV e infiorescenze. A questa stessa concentrazione, l'EA di PV ha determinato un'azione di controllo del fungo anche *in vivo*, con una riduzione della necrosi fogliare su spinacio pari al 45% rispetto al controllo. Mediante cromatografia liquida a ultra prestazione accoppiata a un rivelatore a fotodiodi ed uno spettrometro di massa ad alta risoluzione (UHPLC-DAD-HRMS<sup>n</sup>) è stato possibile determinare il profilo chimico dei due EA. I composti identificati sono compresi in due classi principali di metaboliti secondari: acidi fenolici e flavonoidi, senza differenze significative tra i due estratti. Tra gli acidi fenolici, i costituenti principali identificati sono stati caffeoil derivati, in particolare caffeoil e dicaffeoil chinici. Tra i flavonoidi sono stati identificati derivati glicosidici della quercetina, della isoramnetina e della diosmetina. I risultati, nel complesso, evidenziano la effettiva possibilità di valorizzare la coltivazione di popolazioni autoctone di *D. viscosa* utilizzando la biomassa per ottenere prodotti da applicare in agricoltura adottando tecniche di conservazione ed estrazione relativamente semplici e a basso impatto ambientale (essiccazione all'aria, estrazione in acqua). In conclusione, questo studio rappresenta un'importante base di partenza per ricerche volte alla tutela e valorizzazione della biodiversità e, contestualmente, all'adozione di tecniche sostenibili e a basso costo allo scopo di ridurre i problemi di inquinamento causati dai prodotti di sintesi.

## Variabilità di specie di *Plectosphaerella*, patogeni fungini di basilico, peperone e pomodoro nel Sud Italia

Raimondo M.L.

Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università d Foggia, via Napoli, 25 Foggia

Autore corrispondente: [marialuisa.raimondo@unifg.it](mailto:marialuisa.raimondo@unifg.it)

Parole chiave: *Plectosphaerella*, emibiotrofo, pomodoro, peperone, basilico

Il genere *Plectosphaerella* è frequentemente isolato in diverse parti del mondo su differenti specie ortive (basilico, pomodoro, girasole, soia, melone, anguria, zucca, insalata, rucola, e lattuga). Nell'ambito del genere *Plectosphaerella* si annoverano 17 specie: *P. alismatis*, *P. citrulli*, *P. cucumerina*, *P. delsorboi*, *P. guizhouensis*, *P. hanneae*, *P. humicola*, *P. melonis*, *P. nauculaspora*, *P. oligotrophica*, *P. oratosquillae*, *P. pauciseptata*, *P. plurivora*, *P. populi*, *P. ramiseptata*, *P. sinensis* and *P. verschoorii*. La specie più comunemente isolata è *P. cucumerina* che è stata riportata sia come patogeno che come endofita di differenti colture orticole nonché come agente per il bio-controllo di *Galium spurium*, *Sagittaria trifolia* e nematodi di patata (*Globodera rostochiensis* e *Globodera pallida*). Al fine di verificare il reale comportamento patogenetico del genere *Plectosphaerella*, sono stati condotti saggi di patogenicità *in vitro* (foglie cotiledonari) e *in vivo* (in serra su giovani piantine di 30 giorni) inoculando artificialmente tre differenti ospiti quali basilico, peperone e pomodoro con 9 specie di

*Plectosphaerella*. I saggi di patogenicità *in vivo* sono stati condotti in condizioni controllate secondo un disegno sperimentale a blocchi indipendenti. Ciascuna tesi includeva 5 repliche. Dopo 15 e 35 giorni dall'inoculazione, sono stati valutati, rispettivamente, i sintomi fogliari e i sintomi al colletto e sulle radici. I saggi di patogenicità hanno dimostrato che, fatta eccezione per *P. oratosquillae*, tutte le specie di *Plectosphaerella* inoculate sono state capaci di causare sintomi con diversi livelli di gravità consistenti in necrosi fogliari, macchie idropiche e imbrunimenti del colletto e delle radici su tutti gli ospiti saggiati. La specie più virulenta è risultata *P. ramiseptata*. *P. pauciseptata* e *P. plurivora* hanno mostrato una patogenesi di tipo vascolare, mentre le altre specie di tipo parenchimatico. Sulla base dei risultati ottenuti dai saggi di patogenicità, le specie di *Plectosphaerella* sono da considerarsi microrganismi emibiotrofi e non semplici endofiti, in grado di attivare una patogenesi di tipo necrotrofico in relazione alle condizioni ambientali.

## Biotecnologie e biodiversità in un agro-ecosistema piemontese

Sozzo S.<sup>1,2\*</sup>, Chiavazza P.M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari (DISAFA) Università di Torino, Largo Paolo Braccini 2, 10095, Grugliasco, TO, Italia

<sup>2</sup>MIUR, Via figlie dei militari, 25, 10100, Torino, TO, Italia

\*Autore corrispondente: sara.sozzo@unito.it, sara.sozzo@posta.istruzione.it

Parole chiave: eco-tecnologico, ecocentrico, biodiversità, agro-ecosistema, territorio incontaminato

L'attuale agricoltura tende a considerare il suo futuro utilizzando un approccio sempre più eco-tecnologico. Di conseguenza, assistiamo alla nascita di una nuova forma di agricoltura basata sulla biodiversità e coadiuvata da biotecnologie quali quelle rappresentate dalle colture *in vitro*, in un'ottica per così dire eco-funzionale. Lo studio da noi svolto in provincia di Asti (Piemonte, Italia) si riferisce ad un approccio ecocentrico (Imran et al. 2014) che si basa su un'elevata diversificazione biologica in un agro-ecosistema come quello vitivinicolo e sull'intensificazione delle interazioni ecologiche tra i componenti che promuovono la fertilità, la produttività e la resilienza alle perturbazioni esterne, in una sorta di agricoltura biologico-innovativa. La metodologia utilizzata parte da uno studio svolto nel 2020 da Pace e Chiavazza finalizzato alla identificazione di un protocollo di rigenerazione per la conservazione *ex situ* di specie vegetali in aree della Rete Natura 2000 piemontese. Nel lavoro qui descritto si è concretizzata l'importanza delle colture *in vitro* nel campo del "fitorimedio", ad esempio in zone soggette ad agricoltura tradizionale dove l'uso intensivo di prodotti chimici ha portato alla scomparsa della preziosa flora spontanea autoctona. Il lavoro seppur ancora da sviluppare ulteriormente su altre zone, tipologie di coltivazioni, interazioni cultivar e specie autoctone, ha dato comunque risultati soddisfacenti sia in laboratorio che in campo. In questo studio è stata condotta un'analisi di tipo ecologica focalizzata principalmente nel rilevare, nel sito agricolo, la presenza di orchidee spontanee come indicatore di biodiversità. Fatta l'analisi floristico-vegetazionale ed agronomica del sito ed evidenziate quali fossero tra le orchidee presenti quelle più rare, si è poi provveduto in laboratorio ad implementare protocolli di micropropagazione *in vitro* già sperimentati e testati anche in altre situazioni sperimentali. I risultati con servizio ecosistemico risulta avere tempistiche minori rispetto a quella laboratoriale. Per quanto riguarda la micropropagazione *in vitro*, essa risulta

complessa per la maggioranza delle specie di orchidee piemontesi in quanto sono considerate specie protette. Inoltre, la reperibilità del campione è condizionata dalle condizioni climatiche possono inficiare la loro fioritura, crescita e deperimento. Questa metodologia mista ecologica-agronomica-biotecnologica, è basata sullo sviluppo e sulla gestione dell'agro-biodiversità in azienda come generatore di servizi ecosistemici atti a ridurre drasticamente l'uso di input antropogenici quali pesticidi e fertilizzanti chimici. Tale applicazione necessita di pratiche agricole e sistemi di produzione specifici per sito, spazio e tempo. Richiede inoltre la considerazione e l'integrazione di processi e livelli di organizzazione interconnessi nei sistemi ecologici. Pertanto, lo sviluppo di biotecnologie finalizzate all'incremento della biodiversità quali la micropropagazione di orchidee e altre specie autoctone (Fay, 1992) può accelerare quel processo di fitorimedio così utile per ottenere un agro-ecosistema ricco di biodiversità (Colombaroli et al. 2013). Il sistema di ricerca da noi adottato, tratta quindi di un approccio ad alta intensità di conoscenza e tecnologia che potenzialmente aiuta scienziati ed agricoltori nella ricerca di innovazioni agricole con uno sguardo tra passato e futuro. Considerando in aggiunta che l'agro-ecosistema fornisce servizi ecosistemici di approvvigionamento e non di mercato, il comportamento dell'agricoltore dipenderà dal contesto ecologico, dalla tipologia di filiera agroalimentare e dal contesto sociale e territoriale di appartenenza (Duru e Therond, 2015).

### Bibliografia

- Colombaroli et al. 2013. *Diversity and Distributions*, 19(2), 157-170.  
Duru et al. 2015. *Agronomy for sustainable development*, 35(4), 1259-1281.  
Fay, 1992. In *Vitro Cellular & Developmental Biology-Plant*, 28(1), 1-4.  
Imran et al. 2014. *Sustainable Development*, 22(2), 134-144.

## Caratterizzazione del microbioma di tartufi del gruppo "bianchetto" per l'individuazione di ceppi batterici utili in agricoltura

Caputo M.<sup>1\*</sup>, De Falco E.<sup>1,2</sup>, Zaccardelli M.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Osservatorio Appennino Meridionale

<sup>2</sup>Dipartimento di Farmacia, Università di Salerno

<sup>3</sup>CREA, Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo, Pontecagnano (SA)

\*Autore corrispondente: [caputomichele1986@libero.it](mailto:caputomichele1986@libero.it)

Parole chiave: tartufi, batteri endosimbionti, *Tuber borchii*, biostimolazione, soppressività

I tartufi sono funghi simbiotici appartenenti alla Divisione degli Ascomyceti (Ascomycota), che vivono in stretta associazione con specifiche piante forestali, formando le cosiddette micorrize. La simbiosi che instaurano è di tipo mutualistica, cioè entrambi gli individui ne traggono vantaggio: la pianta assorbe sostanze minerali assorbite dal fungo, mentre quest'ultimo riceve dalla pianta il carbonio organico ottenuto attraverso la fotosintesi clorofilliana. Numerosi studi hanno dimostrato come ulteriori simbiosi si instaurano tra le micorrize e diversi microrganismi denominati "Mycorrhiza Helper Bacteria", cioè batteri che favoriscono il processo di micorrizzazione. All'interno dello sporoforo, sono presenti diversi altri microrganismi con diverse funzioni: antagonismo verso fitopatogeni, rilascio di metaboliti in grado di influenzare la crescita miceliare, produzione di sostanze volatili che caratterizzano l'aroma del tartufo. Nell'ambito del progetto pilota per la produzione di piantine micorrizzate con specie di origine autoctona della Regione Campania, promosso dall'Osservatorio dell'Appennino Meridionale, sono stati isolati microrganismi da tartufi del gruppo "bianchetto", raccolto nella pineta costiera del comune di Capaccio-Paestum (SA). Sono state individuate 3 tipologie di bianchetto con diverso colore della gleba: rosso, bianco e grigio, successivamente identificate con analisi microscopica e molecolare utilizzando i primer ITS1-ITS4. I microrganismi endofiti sono stati isolati inoculando un omogeneizzato della gleba di tartufo in substrati liquidi selettivi o semiselettivi: YEM per l'isolamento di rizobi; KB per l'isolamento di

pseudomonadi; PSS-Fe per l'isolamento di batteri produttori di siderofori; NB con preventivo trattamento a 90 °C per 10', per l'isolamento di actinomiceti; WYEM per l'isolamento di actinomiceti e, previo trattamento termico a 45 °C per 10', per l'isolamento di streptomiceti; BURK'SN per l'isolamento di azospirilli. I brodi torbidi ottenuti dopo agitazione a 28 °C per alcuni giorni, sono stati centrifugati e, i pellet ottenuti, sono stati risciacquati in acqua distillata sterile e risospesi in un'aliquota di nuova acqua distillata sterile, al fine di testarli sia per le capacità di biostimolazione, utilizzando come pianta test la rucola (*Eruca sativa* L.), sia per le proprietà di soppressività, testando le sospensioni batteriche su piantine di rucola cresciute su torba sterile inocolata, al 2% (v/v), dal fungo fitopatogeno *Sclerotinia minor*. Risultati interessanti sono stati ottenuti per entrambi i test. Nel test di biostimolazione sono state registrate, rispetto al controllo, differenze significative per la lunghezza delle radici e della parte epigea delle piantine, con la maggior parte delle sospensioni batteriche, eccetto che per quelle ottenute dai brodi NB e YEM inoculati con la gleba del tartufo bianco, YEM e PSS-Fe inoculati con il tartufo grigio. Nei test di soppressività, invece, poche sono state le sospensioni batteriche che hanno dato risultati soddisfacenti, in particolare streptomiceti isolati da tartufo bianco e grigio e rizobi isolati da tartufo rosso. Questi risultati incoraggianti suggeriscono che è possibile impiegare i microrganismi isolati dalla gleba dei tartufi soprattutto per la biostimolazione oltre che per la difesa delle colture agrarie.

## Chitosano da insetti per il controllo delle fitopatie

Salvia R.<sup>1,2</sup>, Scieuzo C.<sup>1,2</sup>, Franco A.<sup>1,2</sup>, Tafi E.<sup>1</sup>, Triunfo M.<sup>1</sup>, Guarnieri A.<sup>1</sup>, Salvia A.<sup>1</sup>, Nuzzaci M.<sup>3</sup>, Nuzzo V.<sup>4</sup>, Falabella P.<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze, Università della Basilicata, Via dell'Ateneo Lucano, 10 – 85100, Potenza

<sup>2</sup>Spin-off Xflies, Via dell'Ateneo Lucano, 10 – 85100, Potenza

<sup>3</sup>Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari Ed Ambientali, Università della Basilicata, Via dell'Ateneo Lucano, 10 – 85100, Potenza

<sup>4</sup>Dipartimento delle Culture Europee e del Mediterraneo, Architettura, Ambiente, Patrimoni Culturali, Università della Basilicata, Via Lanera, 20 – 75100, Matera

\*Autore corrispondente: [patrizia.falabella@unibas.it](mailto:patrizia.falabella@unibas.it)

Parole chiave: *Plasmopora viticola*, *Botrytis cinerea*, chitosano, *Hermetia illucens*, economia circolare

I microrganismi patogeni delle piante rivestono una grande importanza economica poiché inducono effetti nocivi sia in campo che nelle fasi successive alla raccolta. Il loro contenimento è conseguito con buone pratiche agricole e un uso razionale di prodotti chimici. Il controllo dei principali patogeni della vite (*Plasmopora viticola* e *Botrytis cinerea*) avviene mediante applicazioni preventive di sali rame, la cui concentrazione non può superare i 28 kg/ha in 7 anni. Auspicabile è l'utilizzo di mezzi alternativi, efficaci e sicuri per l'ambiente e per la salute umana. Il chitosano, prodotto dalla deacetilazione della chitina, componente strutturale dell'esoscheletro degli artropodi e delle pareti cellulari dei funghi, riveste grande importanza in questo settore (Xing et al. 2015). Il suo impiego, infatti, aumenta lo stato di resistenza di semi, frutti e foglie delle piante sul quale è applicato (El Hadrami et al. 2010) e risulta essere efficace anche per il controllo di *P. viticola* e *B. cinerea* (Garde-Cerdán et al. 2017; Trotel-Aziz et al. 2006). Attualmente, la principale fonte commerciale di chitosano è costituita dagli esoscheletri dei crostacei, la cui disponibilità presenta limitazioni quali la stagionalità e la scarsa sostenibilità (Tacon, 2018). Gli insetti rappresentano un'alternativa valida per l'estrazione di chitina e la successiva produzione di chitosano, essendo fonte non stagionale, sostenibile e prontamente disponibile. In Europa (Reg. 142/2011, 68/2013, 893/2017) e nel mondo è in forte crescita l'allevamento di insetti bioconvertitori, finalizzati alla produzione di mangimi e alla bioconversione degli scarti organici, e la chitina contenuta nell'esoscheletro degli stadi larvali, di pupa e di adulto costituisce un sottoprodotto del processo di bioconversione finalizzato alla produzione di mangimi animali che può trovare numerose applicazioni industriali (Meky et al. 2017). Gli insetti bioconvertitori, tra cui il dittero *Hermetia illucens*, sono in grado di alimentarsi su materia organica di scarso valore (scarti della filiera agroalimentare, letame, scarti della ristorazione) trasformandola in

biomassa ricca di proteine di elevato valore biologico (poiché di origine animale) e lipidi, da utilizzare per il pet food e l'acquacoltura (Wang et al. 2020). Inoltre, gli allevamenti di insetti hanno un minor impatto ambientale rispetto agli altri allevamenti, poiché richiedono un minore consumo di acqua ed emettono livelli inferiori di gas serra (Oonincx e de Boer, 2012). L'unico scarto di questo allevamento è rappresentato dagli esoscheletri larvali e pupali (esuvie) e dagli adulti morti, che rappresenterebbe una preziosa fonte di chitina. Il suo utilizzo in molteplici applicazioni renderebbe l'allevamento degli insetti un esempio virtuoso di economia circolare a scarto zero. I residui generati dall'allevamento di *H. illucens* contengono fino al 20-35% di chitina (Hahn et al. 2020). Attualmente, la purificazione della chitina dagli insetti è un settore di grande interesse ed è principalmente eseguita su scala di laboratorio utilizzando metodiche del tutto simili a quelle applicate per i crostacei (Hahn et al. 2020). Analisi preliminari di chitina e chitosano estratti da diversi stadi di *H. illucens* hanno evidenziato caratteristiche di purezza, composizione, indice di cristallinità e profilo FT-IR simili alla chitina e al chitosano commerciale estratto da crostacei, lasciando ipotizzare una funzionalità analoga nelle potenziali applicazioni, compresi l'azione verso *B. cinerea* e *P. viticola* e l'effetto benefico su piante di vite.

### Bibliografia

- Xing et al. 2015. *Agron. Sustain. Dev.*, 35, 569-588.  
El Hadrami et al. 2010. *Mar. Drugs*, 8, 968-987.  
Garde-Cerdán et al. 2017. *J. Agric. Food Chem.*, 65, 7379-7386.  
Trotel-Aziz et al. 2006. *Eur. J. Plant Pathol.*, 114, 405-413.  
Tacon 2018. *Mag World Aquacult Soc.*, 49, 33-46.  
Meky et al. 2017. *Afr J Biol Sci.*, 13, 197-205.  
Wang et al. 2020. *J Econ Entomol.*, 113, 527-537  
Oonincx e de Boer 2012. *Plos ONE*, 7, e51145.  
Hahn et al. 2020. *J. Chem. Technol. Biotechnol.*, 95, 2775-2795.

## Biodiversità nelle risaie: l'approccio multidisciplinare del progetto EpiResistenze

Cusaro C.M.<sup>1\*</sup>, Bacchi S.<sup>1</sup>, Chiodaroli I.<sup>1</sup>, Garzoli L.<sup>1,2</sup>, Manzi D.<sup>1</sup>, Cecchi G.<sup>1,3</sup>, Soffiantini G.<sup>1</sup>, Shivasuriya S.<sup>1</sup>, Stefano E.<sup>1</sup>, Zambuto F.<sup>1</sup>, Grazioli C.<sup>1</sup>, Capelli E.<sup>1</sup>, Picco A.M.<sup>1</sup>, Brusoni M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze della Terra e dell'Ambiente, Università di Pavia, via St. Epifanio 14, 27100, Pavia

<sup>2</sup>IRSA-CNR, Largo Tonolli 50, 28922, Verbania - Pallanza

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze della Terra, dell'Ambiente e della Vita, Università di Genova, c.so Europa 26, 16132, Genova

\*Autore corrispondente: [carlomaria.cusaro01@universitadipavia.it](mailto:carlomaria.cusaro01@universitadipavia.it)

Parole chiave: infestanti, biodiversità, microorganismi, suolo, resistenze agli erbicidi

In Italia, primo produttore risicolo in Europa, il riso viene coltivato principalmente in mono-successione in risaie inondate. Piemonte, Lombardia e Veneto sono le regioni dove la risicoltura è più diffusa. La pratica della mono-successione e l'uso ripetuto e costante di una limitata gamma di erbicidi con medesimo meccanismo d'azione hanno favorito l'evoluzione di popolazioni di infestanti resistenti agli erbicidi, causando problemi nella gestione delle stesse, ingenti perdite di raccolto e perdite di biodiversità (Reg. CE N. 1107/2009) (Schütte et al. 2017; Dekker, 1997). È noto che ad una maggiore biodiversità vegetale corrisponda una maggiore biodiversità di microrganismi del suolo, e quindi una maggiore complessità della rete trofica (Eisenhauer, 2018). L'obiettivo del lavoro è quello di analizzare la biodiversità delle comunità infestanti di risaia e delle comunità batteriche e fungine del suolo, valutandone la possibile relazione con l'incidenza delle resistenze nelle specie del genere *Echinochloa* Beauv. Presso 36 aziende agricole della Lombardia (2 a conduzione biologica, 1 a produzione agricola integrata volontaria (PSR 2014-2020, Regione Lombardia), 33 gestite secondo i principi della Direttiva 2009/128/CE) è stato eseguito il lavoro di campo. Nelle risaie in cui sono state identificate popolazioni resistenti di *Echinochloa* spp. sono stati eseguiti rilievi fitosociologici secondo il metodo di Braun-Blanquet e campionamenti del suolo. Ogni unità di campionamento corrisponde a una camera di risaia. i) Le specie infestanti sono state identificate ed è stato eseguito uno studio floristico. Per determinare le relazioni tra i rilievi, in base alla composizione in specie, è stata eseguita la PCA. ii) Da ogni campione di suolo è stato estratto il DNA totale, quindi quantificato mediante fluorimetro. La composizione del microbiota del suolo (batteri e funghi) è stata analizzata, al livello tassonomico di genere, mediante amplificazione e sequenziamento dei barcode ITS1 e 16S. Per determinare le relazioni tra i campioni di suolo, in base alla composizione delle comunità microbiche, è stata eseguita la PCA.

iii) I campioni di suolo sono stati diluiti e poi piastrati su PDA e antibiotici (streptomina, cloramfenicolo, penicillina). Le colonie fungine cresciute (CFU) sono state osservate dopo 5 giorni e i funghi identificati (Caretta et al. 1987; Rodolfi et al. 2016). I risultati preliminari vengono qui riassunti: i) Le specie di *Echinochloa* sono prevalenti in pressoché tutte le risaie visitate. In generale, le forme biologiche *terofite* e *ruderali*, indicatrici di elevato disturbo antropico, sono le più diffuse. Le comunità infestanti maggiormente diversificate sono soprattutto quelle delle risaie biologiche e a risicoltura integrata. ii) *Malassezia* (lieviti), che include molti microrganismi endofiti, è il genere di funghi più rappresentato in molti campioni di suolo, mentre *Methanosarcina* è il genere più comune di batteri (*Archaea*). Nelle risaie, il gas metano viene formato ed emesso nell'atmosfera da parte di microrganismi metanogeni e metanotrofi, ivi particolarmente diffusi (Wang et al. 2021; Lee et al. 2014). iii) I ceppi del genere fungino *Trichoderma*, noti per i loro effetti positivi sulla salute delle piante (Vázquez et al. 2000), sono ben rappresentati in pressoché tutti i campioni di suolo.

### Bibliografia

- Schütte et al. 2017. *Environ Sci Eur*, 29, 5.  
Dekker 1997. *Weed Science*, 45(3), 357-363.  
Eisenhauer 2018. *Research Ideas and Outcomes*, 4, e23688.  
Caretta et al. 1987. *Boletín Micológico*, 3(2).  
Rodolfi et al. 2016. *J. Basic Microbiol.*, 56, 263-274.  
Wang et al. 2021. *Front. Microbiol.*, 12, 629852.  
Lee et al. 2014. *FEMS Microbiol Ecol*, 88, 195-212.  
Vázquez et al. 2000. *Applied Soil Ecology*, 15 (3) 261-272.

### Ringraziamenti

Progetto 'EpiResistenze - Resistenze agli erbicidi e meccanismi epigenetici: approccio innovativo a una problematica fitosanitaria emergente' finanziato da Regione Lombardia D.G. Agricoltura, Alimentazione e Sistemi verdi, Bando per il finanziamento di progetti di ricerca in campo agricolo e forestale.

## Diversità chimica dei funghi endofiti della specie in declino *Orchis patens* Desf. (Liliopsida, Orchidaceae)

Monroy F.\*, Matos Sirgado S.

CREA – Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria, Centro di Ricerca Orticoltura e Florovivaismo, Corso degli Inglesi 508, 18038 Sanremo

\*Autore corrispondente: fernando.monroy@crea.gov.it

Parole chiave: microbiota, ascomiceti, cromatografia, fenoli, flavonoidi

Le orchidee costituiscono uno dei gruppi più diversi di piante vascolari con specie caratterizzate dalla presenza di fiori appariscenti con un alto valore ornamentale. I danni causati dalla raccolta dei fiori e la distruzione degli *habitat* hanno portato a una diminuzione delle popolazioni naturali di numerose specie rendendo alcune di loro molto rare. Queste specie sono frequentemente incluse in piani di conservazione ma si sa relativamente poco della loro ecologia e dei fattori che governano la loro abbondanza. Sono poco compresi, ad esempio, i fattori che determinano la produzione di metaboliti secondari in risposta a stress biotici o abiotici. È poco conosciuto anche il microbiota associato alla maggior parte delle specie, che rappresenta una diversità nascosta addizionale. Nel presente studio abbiamo caratterizzato per la prima volta la diversità chimica delle specie di funghi endofiti di *Orchis patens*, comparando i composti fenolici e flavonoidi prodotti dai microrganismi studiati con quelli presenti nelle foglie di questa specie di orchidea. I funghi sono stati

isolati in PDA (*potato dextrose agar*) da foglie raccolte dopo la fioritura. Gli endofiti sono stati assegnati a diverse morfospecie in funzione delle caratteristiche delle colonie e della morfologia del micelio a livello microscopico. La produzione di fenoli e flavonoidi delle foglie e degli endofiti isolati è stata analizzata utilizzando tecniche cromatografiche quali TLC (*thin layer chromatography*) e HPLC (*high performance liquid chromatography*). In totale sono stati isolati 16 diversi endofiti caratterizzati da una grande variabilità nel numero e tipo di sostanze fenoliche e flavonoidi prodotte. Le analisi cromatografiche hanno mostrato anche che le foglie di *O. patens* sono caratterizzate dalla presenza di 20 composti fenolici e flavonoidi principali di cui almeno la metà erano presenti in una o più delle specie di funghi endofiti isolati. I risultati mettono in rilievo non soltanto la ricchezza di specie microbiche presenti all'interno delle foglie ma anche il loro potenziale contributo alla diversità dei metaboliti secondari presenti in *O. patens*.



## Note sulla distribuzione di coleotteri Cerambycidae in Direttiva Habitat nelle formazioni boschive del Matese

Parisi F.<sup>1\*</sup>, Buonpane P.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>GeoLAB - Laboratorio di Geomatica Forestale, Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali, Università di Firenze, Via San Bonaventura 13, 50145 Firenze

<sup>2</sup>Via San Rocco 32, I-81016 Piedimonte Matese (CE)

\*Autore corrispondente: francesco.parisi@unifi.it

Parole chiave: Appennino, alberi habitat, indicatori di biodiversità, monitoraggio, specie minacciate

Il Matese è un imponente massiccio di origine carbonatica a cavallo tra la Regione Molise e la Campania. Complessivamente copre un'area di circa 1.440 km<sup>2</sup>. I monti del Matese rappresentano il quinto massiccio appenninico per grandezza di tutta la dorsale peninsulare. Caratteristica peculiare è il suo isolamento, rispetto all'orientamento dell'intera catena degli Appennini. Particolarmente estese sono le foreste di faggio con numerosi esemplari monumentali, boschi di cerro e roverella, associati a cespuglieti e carpini, frassini e aceri. La vetta più alta, monte Miletto, ha una elevazione di 2.050 m. Oggi il territorio risulta protetto per buona parte dal costituendo Parco Nazionale del Matese. In questo contributo si riportano i dati sulla distribuzione di alcuni importanti coleotteri saproxilici della famiglia Cerambycidae presenti negli allegati II e IV della Direttiva Habitat (92/43/CEE). In particolare vengono evidenziati in via preliminare gli habitat preferenziali e le località occupate da *Rosalia alpina*, *Cerambyx cerdo* e *Morimus asper* per l'area del Massiccio del Matese. Queste specie sono ampiamente distribuite in Europa meridionale e centrale, generalmente associata a foreste con alberi senescenti o parzialmente morti ed esposti al sole. Queste specie risultano inoltre iscritte nelle Liste Rosse Internazionali dell'IUCN. La principale minaccia è rappresentata dalla rimozione degli alberi idonei, in particolare vecchi alberi situati in ambienti boschivi aperti o semi-aperti. Le segnalazioni, esclusivamente fotografiche, provengono principalmente da vecchi alberi di Faggio rintracciati in ecosistemi forestali del Matese. Anche per individuare e definire misure di conservazione future per habitat e specie minacciate, sono state svolte numerose indagini in tutta l'Area Protetta raccogliendo tutte le segnalazioni disponibili dal 2011 al 2019. Oltre ai dati distributivi, sono stati raccolti anche molti dati di carattere ecologico. La specie con il maggior numero di informazioni risulta essere *R. alpina* con 15 segnalazioni riportate in 8

località differenti del Massiccio del Matese. Per la maggior parte dei siti di avvistamento si trattava di faggi morti in piedi (loc. Tre Frati, Pezza della Stella, Piana delle Sècine) o faggi morti a terra (loc. Tornore e Valle Janara) situati ad altitudini comprese tra i 1000 e i 1470 m s.l.m. Gli esemplari censiti per alcune località (es. Piana delle Sècine) erano in tipico atteggiamento di ovideposizione. Per quanto riguarda *C. cerdo* e *M. asper* gli avvistamenti risultano sporadici e frammentati. In particolare *M. asper* risulta noto per sei località ad altitudine variabile tra 1470 m (Campitello Matese - CB) e 180 m s.l.m (Oasi Le Mortine - IS). In totale sono segnalati 15 esemplari tra il 2015 e il 2019 in ambienti variabili dalla faggeta alle formazioni ripariali. *C. cerdo* risulta avvistata per 4 sole località tra il 2011 ed il 2013. Gli avvistamenti riguardano segnalazioni provenienti sia dal versante orientale del Matese (Guardiaregia - CB) che occidentale (Piedimonte Matese - CE). Le informazioni riportate forniscono una indagine preliminare sulla presenza di specie presenti in direttiva Habitat mai prese in considerazione per la suddetta Area Protetta. I dati ricavati permettono di avere un quadro frammentato della presenza di importanti indicatori di biodiversità forestale per il Matese. Con questo contributo si vuole fornire una prima analisi che necessita di ulteriori e cospicui approfondimenti volti all'accertamento della reale consistenza di specie minacciate dalla frammentazione e/o dalla semplificazione strutturale dei boschi, nonché dalla perdita di "alberi habitat", cioè gli alberi vivi o morti che rappresentano una risorsa fondamentale per i grandi coleotteri protetti. Infine la presenza accertata di tre specie di coleotteri saproxilici di Direttiva Habitat rappresenta un dato particolarmente significativo anche per il ruolo di "specie ombrello" che queste assumono come elemento di grande rilievo per la tutela della biodiversità degli habitat a cui sono associate.



# Bio div ers ità e sistemi

agro-ecologici



## Le risposte della biodiversità edafica alla gestione degli agroecosistemi: un approccio basato sull'*Ecological Network Analysis*

Simonetto A.\*, Ventura M., Ghiglieno I., Gatti F., Gilioli G.

Università di Brescia - Dipartimento di medicina molecolare e traslazionale – Agrofood Lab, viale Europa, 11, 25121 Brescia

\*Autore corrispondente: [anna.simonetto@unibs.it](mailto:anna.simonetto@unibs.it)

Parole chiave: biodiversità, analisi di rete

La comprensione del ruolo della biodiversità nella genesi, regolazione e rigenerazione dei servizi ecosistemici richiede una adeguata analisi della sua struttura, dei suoi tratti funzionali e dell'interazione tra i tratti funzionali e processi ecosistemici. È inoltre necessario comprendere come questi processi sia influenzati da variabili ambientali abiotiche, dalle pratiche di gestione degli ecosistemi e dalle perturbazioni. Una adeguata conoscenza di questi aspetti può contribuire alla definizione di strategie sostenibili di gestione degli agroecosistemi. L'indagine del legame tra la struttura delle comunità ecologiche, definita in termini di taxa presenti e della loro abbondanza, e i processi ecologici che esse promuovono e regolano richiede adeguati strumenti di modellazione. L'*Ecological Network Analysis* (ENA) rappresenta una prospettiva metodologica particolarmente interessante. Secondo questo approccio le comunità biotiche sono considerate come reti i cui nodi (componenti della biodiversità, come specifici taxon o gruppi funzionali) sono caratterizzati da attributi (quali, ad esempio, presenza/assenza, abbondanza, grado di attivazione di specifici tratti funzionali) e da specifici modelli di interazione con altri nodi. L'obiettivo di questo studio è l'utilizzo di un approccio basato sull'ENA per indagare come le variabili ambientali e le strategie di gestione influenzano la fauna di artropodi del suolo nell'agroecosistema vigneto. Nel lavoro sono stati considerati due approcci statistici alla valutazione delle relazioni di una rete ecologia: il *Gaussian Graphical Model* (GGM) e la *Bayesian Network* (BN). Entrambi i modelli consentono una rappresentazione grafica delle reti investigate, elemento che rende i risultati ottenuti di più facile interpretazione. Il GGM è

una rete non diretta basata su coefficienti di correlazione parziale e può essere utilizzata come strumento esplorativo di analisi dei dati. La BN è un modello grafico probabilistico che consente di investigare le dipendenze condizionali tra i nodi della rete. Entrambi i modelli consentono di valutare le relazioni sia con indicazione di presenza/assenza sia di abbondanza dei taxa considerati. Tali modelli sono stati applicati all'analisi della biodiversità degli artropodi edafici in oltre 290 vigneti, situati in diversi areali viticoli prevalentemente nel Nord Italia. Per ogni vigneto si è effettuato un campionamento del suolo a una profondità di circa 0-15 cm. In questi campioni di suolo sono stati identificati i diversi taxa di artropodi e si è definita la loro abbondanza. Per ogni sito sono state indagate le caratteristiche chimico fisiche dei suoli e di definite le modalità di gestione agronomica (conduzione convenzionale o biologica, modalità di gestione dell'inerbimento e di concimazione). Applicando i GGM e le BN a questa importante base dati, abbiamo stimato una serie di reti di biodiversità edafica diversificando i vigneti in base alle tipologie di conduzione, di gestione e alle caratteristiche geo-pedologiche dei siti. I modelli hanno consentito di identificare i taxa "centrali" nella determinazione delle relazioni di presenza e abbondanza degli altri taxa, quali ad esempio acari e isopodi. Lo sviluppo del lavoro prevede di caratterizzare in maniera dettagliata aspetti funzionali dei taxa per interpretare in che modo le relazioni individuate assumano un significato nei termini di relazione ecologiche tra i gruppi e come tali relazioni concorrano a determinare gli aspetti funzionali del suolo nel suo complesso.

## Resilienza agrobioculturale nei paesaggi alimentari alpini: incontri tra pratiche agroecologiche locali ed innovative

Bassignana C.F.\*, Migliorini P.

Università di Scienze Gastronomiche, Piazza Vittorio Emanuele, 9 – *Frazione Pollenzo* – 12042 Bra (CN)

\*Autore corrispondente: [c.bassignana@studenti.unisg.it](mailto:c.bassignana@studenti.unisg.it)

Parole chiave: agroecological practices, new ruralism, new highlanders, alpine farming

L'agroecologia, in quanto pratica, scienza e movimento, è stata identificata come elemento fondamentale per valorizzare e sostenere la sovranità alimentare e la diversità bioculturale dei luoghi (Pimbert, 2018, Barthel et al. 2013). Le alpi da secoli sono crogiolo di diversità bioculturale sviluppata in secoli di stretta coevoluzione delle comunità locali con l'ambiente (Ianni et al. 2015). Nelle Alpi occidentali Italiane dopo quasi un secolo di spopolamento, negli ultimi due decenni si è osservato un chiaro fenomeno di ripopolamento, in netta contraddizione con una tendenza globale all'urbanizzazione (Löffler et al. 2014). Lo spopolamento implica abbandono di terreni, di risorse comuni, di conoscenze e di memoria collettiva di gestione delle risorse. L'abbandono però implica anche occasioni per lo sviluppo di nuove pratiche, nuove narrazioni, nuovi ruoli all'interno dei sistemi bioculturali (Bonato et al. 2017). Con fenomeni di ripopolamento emergono nuove dinamiche che coinvolgono le filiere alimentari locali e più specificatamente le pratiche agricole, innescate, proposte o adottate da i cosiddetti "new rurals". Obiettivo della nostra ricerca è indagare quali traiettorie emergenti stiano prendendo e proponendo i nuovi abitanti all'interno dei paesaggi rurali alpini e valutare se le pratiche adottate e proposte siano più o

meno agroecologiche. Attraverso interviste semistrutturate, osservazione partecipata e questionari è stata effettuata una mappatura delle pratiche agricole di sette valli delle Alpi Occidentali. Le pratiche prese in esame percorrono tutta la filiera dalle pratiche in campo all'interazione socio-economica sul territorio e sono state poi analizzate alla luce dei tredici principi cardine dell'agroecologia. Il nostro studio mostra come la maggior parte dei soggetti coinvolti in processi agricoli nelle valli selezionate siano nuovi montanari e new rurals. L'analisi delle pratiche inoltre fa emergere una chiara tendenza verso approcci agroecologici, in una dinamica di ibridizzazione di pratiche tradizionali ed innovative, che spaziano dal suolo alla agrobiodiversità innescando ulteriori dinamiche bioculturali che sconfinano l'ambito agricolo.

### Bibliografia

- Pimbert 2018. EPW, 53 (41), 52-57.  
Barthel et al. 2013. Global Environmental Change, 23, 1142-1152.  
Ianni et al. 2015. Environmental Management, 56,144-156.  
Löffler et al. 2014. Revue de Géographie Alpine, (102-3), 0-17.  
Bonato et al. 2017. Franco Angeli Editore.

## La Rete Ecologica dell'ambito paesaggistico. Le colline e i terrazzi del Bradano (Basilicata): approccio metodologico e focus territoriale

Abate A.<sup>1</sup>, Calabria G.<sup>1</sup>, Logiurato A.<sup>2</sup>, Orlando V.<sup>2</sup>, Pompili M.<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento Ambiente e Energia, Regione Basilicata

<sup>2</sup>Ufficio Parchi, Biodiversità e Tutela della Natura, Dipartimento Ambiente e Energia, Regione Basilicata

\*Autore corrispondente: maria.pompili@regione.basilicata.it

Parole chiave: rete ecologica, biodiversità, piano paesaggistico

Il Documento Programmatico del Piano Paesaggistico Regionale (PPR) della Regione Basilicata nella stesura approvata con DGR n. 1372 del 20/12/2018 stabilisce, tra gli obiettivi prioritari, l'obiettivo 1. "Conservazione e tutela della biodiversità". Strettamente collegato a tale obiettivo viene individuato il Progetto 1.1. Rete Ecologica Regionale (REB) di grande importanza strategica, dal punto di vista tecnico e politico, per il governo integrato del territorio in cui la tutela delle diversità, biologica e del paesaggio non sono disgiunte. A partire dal modello della Rete Ecologica Europea – PEEN (Osservatorio Città Sostenibili, 2008), sono stati individuati 8 Ambiti di Paesaggio (su indicazione del MiBACT), distinti per omogeneità ambientale all'interno dei quali è stato individuato il disegno di Rete Ecologica, sulla base dei criteri metodologici messi a punto dagli uffici tecnici della Regione Basilicata. Quale esempio applicativo della metodologia elaborata, si riporta il caso dell'Ambito di Paesaggio La collina e i terrazzi del Bradano, in cui è stata individuata la Rete Ecologica secondo le seguenti fasi: 1) Ricognizione, attraverso la definizione di un quadro conoscitivo analitico sostanziatosi attraverso la raccolta dei dati geografici funzionali alla rappresentazione della biodiversità e dell'eterogeneità paesaggistica quali Siti Rete Natura 2000, laghi, zone umide, boschi etc. 2) Definizione delle unità ecositemiche, valori ecologici, minacce, elementi di degrado, risposte, utilizzando lo strumento MAES (Mapping and Assessment of Ecosystems and their Services) ed assumendo come unità ecosistemica di riferimento il Macro-Habitat a cui sono state associate le specie focali faunistiche e floristiche, quali specie target potenzialmente minacciate dall'intervento antropico, definendo le grandi categorie di minacce e pressioni secondo il metodo Threat standard IUCN su Specie e Macro-habitat per poi indicare le Risposte in funzione del

rapporto tra Minacce e Valore ambientale ad essi afferenti 3) Delimitazione elementi della REB, quale obiettivo ultimo a chiusura del processo sin qui illustrato. Particolare rilievo è stato attribuito alle connessioni che risultano avere un ruolo preminente in un territorio come quello del Bradano, in cui il peso delle aree utilizzate come colture a seminativo è elevato: in tutto l'ambito i "corridoi ecologici fluviali" giocano un fondamentale ruolo di connessione tra gli elementi, sia per quanto riguarda il corso d'acqua in sé ma anche in quanto comprendenti le formazioni ripariali ad essi legati di fondamentale importanza per l'avifauna in termini di nidificazione, di sosta, di alimentazione. Le core area, rappresentate nella maggior parte dai nuclei boschive di maggior rilievo (settore centro-occidentale dell'area), comprendono cenosi erbacee di elevato valore naturalistico che, inoltre, risultano elementi pregnanti della matrice di stepping stone, in particolare nel settore centro-settentrionale del territorio in esame. Infine, la individuazione della Rete Ecologica nell'ambito in questione è stata arricchita attraverso un focus territoriale, condotto in 3 siti, al fine di evidenziare gli elementi ecologici significativi a scala locale, le reciproche relazioni ecologiche, le interazioni con la matrice agricola e con gli elementi della rete a scala di ambito. Questa definizione a livello di rete ecologica locale è da considerarsi strumento metodologico per applicazioni e confronti su diversi aspetti ambientali.

### Bibliografia

- Abate et al. 2015. *Congresso Nazionale SISEF*. Firenze, Settembre 2015.
- AA.VV. 2009. *Pan-European Biological and Landscape Diversity Strategy*. Document prepared by the Joint Secretariat for PEBLDS.
- Regione Basilicata 2006. *"Sistema Ecologico Funzionale Territoriale"*.

## Un'analisi a livello nazionale delle pratiche agro-ecologiche per la gestione delle Aree Natura 2000 e delle Aree Protette. Le opportunità di finanziamento nell'ambito della PAC 2023/2027

Servadei L.<sup>1\*</sup>, Gioiosa M.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali – Roma; CREA Centro di Ricerca Politiche e Bioeconomia – Roma

<sup>2</sup>Esperto CREA Centro di Politiche e Bioeconomia – Roma; Museo di Storia Naturale, Via G. Di Vittorio, 31 – 71121 Foggia

\*Autore corrispondente: [l.servadei@politicheagricole.it](mailto:l.servadei@politicheagricole.it)

Parole chiave: PAC, ecoschemi, sviluppo rurale, agroecologia, Natura 2000

Rete Natura 2000 è il più vasto e importante sistema europeo di siti finalizzati alla conservazione della natura e della biodiversità (specie e habitat). Questi siti, oltre a habitat naturali, comprendono anche habitat seminaturali (come ad esempio prati-pascoli, foreste gestite o altri agroecosistemi), tutti “immersi” in una vasta matrice agricola spesso ad alto valore naturale. La presente ricerca, condotta dal CREA nell'ambito del Programma Rete Rurale Nazionale, ha l'obiettivo di realizzare un focus sulle tipologie di pratiche agro-ecologiche obbligatorie o incentivate nelle aree Natura 2000 e nelle aree protette (Misure di Conservazione) mettendole in relazione con la gestione di questi siti in quattro regioni campione (Basilicata, Lazio, Lombardia e Umbria) e quindi con le opportunità di finanziamento offerte dalla PAC 2023/2027 (ecoschemi, misure agro-climatico-ambientali e pagamenti Natura 2000). Le Misure di Conservazione agricole e forestali sono state distinte ed opportunamente classificate, a seconda del tipo di pratiche agro-ecologiche (target) di ciascuna misura, in base a una serie di categorie: macrotipologie di usi del suolo, conservazione della biodiversità e della rete ecologica, tutela del paesaggio rurale, riduzione dell'impatto delle attività agricole e zootecniche, azioni divulgative e di monitoraggio, sviluppo rurale. Le principali pratiche agro-ecologiche che sono risultate essere obiettivo più frequente per la gestione della Rete Natura 2000 delle quattro regioni campione sono state la gestione sostenibile dei prati e pascoli permanenti, gli interventi sulla Rete ecologica a scala locale e a tutela del Paesaggio rurale attuati con la conservazione degli elementi caratteristici del paesaggio (siepi, filari, boschetti, muri a secco, macere, terrazzi, sorgenti, fontanili, etc.), le pratiche di gestione sostenibile per la riduzione dell'apporto di fertilizzanti e fitofarmaci ai terreni agricoli e le attività forestali che adottano la selvicoltura naturalistica. Tali pratiche agro-ecologiche possono essere finanziate nell'ambito dei diversi strumenti dell'architettura verde della PAC

2021/2027. Si tratta dei nuovi regimi di pagamento ecologici (“ecoschemi”) del I pilastro della PAC e delle misure agro-climatico-ambientali e dei pagamenti per compensare gli svantaggi territoriali specifici, così come previsti dal II pilastro della PAC, nel quadro dello “sviluppo rurale”. Gli ecoschemi rappresentano gli interventi che potranno permettere di utilizzare i pagamenti diretti della PAC per il raggiungimento, in modo più mirato, degli obiettivi ambientali e climatici attraverso un sostegno specifico per l'adozione di pratiche agroecologiche nelle aree Natura 2000 e delle aree protette. Gli interventi agro-climatico ambientali dello “sviluppo rurale”, invece, da sempre rappresentano lo strumento più importante per incentivare l'attuazione di pratiche agroecologiche e di misure di tutela di specie ed habitat della Rete Natura 2000. Il quadro degli interventi previsti dalla PAC 2021/2027 è completato dai pagamenti per gli svantaggi territoriali specifici derivanti da determinati requisiti obbligatori, che possono essere utilizzati al finanziamento delle attività di gestione delle aree Natura 2000. Attraverso questi pagamenti è possibile indennizzare gli agricoltori e gli altri gestori del territorio che devono rispettare gli obblighi ed i divieti contenuti nelle misure di conservazione dei siti Natura 2000. I pagamenti ecologici del primo pilastro, gli impegni ambientali e climatici e i pagamenti per gli svantaggi territoriali specifici dovrebbero essere utilizzati in maniera complementare e sinergica per promuovere un approccio complessivo della PAC alla tutela della biodiversità e alla gestione delle aree Natura 2000. In linea con la Strategia dell'UE sulla biodiversità per il 2030, la PAC 2021/2027, attraverso i finanziamenti previsti dal Piano Strategico Nazionale e dai Programmi di Sviluppo Rurale, concorrerà in modo significativo al raggiungimento degli obiettivi di tutela della biodiversità e della gestione sostenibile degli agroecosistemi nei siti Natura 2000 in un contesto di promozione dello sviluppo socio-economico delle aree rurali.

## Effetto margine: influenza delle “aree tampone” sulla diversità degli agroecosistemi viticoli

Guidoni S.\*, Mania E., Isocrono D.

Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari, Università di Torino, Largo Braccini, 2 - 10095 Grugliasco

\*Autore corrispondente: [silvia.guidoni@unito.it](mailto:silvia.guidoni@unito.it)

Parole chiave: vigneto, biodiversità vegetale, infrastrutture ecologiche vegetali

È noto che la presenza di infrastrutture ecologiche nei pressi delle coltivazioni può essere un utile strumento per aumentare la biodiversità degli agroecosistemi. Le fasce tampone erbacee, seminate o meno, ad esempio, sono utilizzate per ridurre il ruscellamento e regolare la disponibilità di nitrati diminuendo di conseguenza l'inquinamento azotato delle acque e delle superfici (Novara et al. 2013) e per controllare il dilavamento di pesticidi nelle acque (Carluer et al. 2011). La biodiversità dei sistemi arborei da frutto, fra cui i vigneti, può contribuire ad aumentare i servizi ecosistemici per l'ambiente e la coltura e la resilienza degli agrosistemi a stress biotici e/o abiotici (AA.VV., 2018). Meno indagata risulta invece l'influenza della fisionomia delle aree di margine sulla biodiversità interna alle aree coltivate. In questo lavoro, condotto in Piemonte in un'area a viticoltura intensiva dove si produce il vino Barolo DOCG (recentemente iscritta al Patrimonio mondiale dell'Umanità UNESCO come “paesaggio culturale”), si è voluto indagare come la qualità delle aree circostanti i vigneti possa influenzare la biodiversità vegetale all'interno di appezzamenti vitati in cui il suolo è mantenuto coperto da vegetazione spontanea. Sulla base della struttura dei margini (erbacea, arbustiva, arborea) e del disturbo legato al transito dei mezzi meccanici utilizzati per la gestione culturale (capezzagne transitate lungo le linee di livello, capezzagne transitate lungo la pendenza, capezzagne non transitate), sono state valutate la composizione e la ricchezza floristica dei margini e delle aree interne al vigneto, il numero delle specie in comune tra i margini e i vigneti, il numero di specie esclusive dei margini e quelle esclusive dei vigneti. Gli ultimi tre parametri sono stati utilizzati come indicazione dell'influenza esercitata dal tipo di margine sulla biodiversità floristica dei vigneti. I margini sono risultati caratterizzati da una buona diversità floristica: sono state infatti censite in totale 195 specie vegetali di cui una minima parte (7 specie) con frequenza superiore al 50%. La struttura

delle formazioni vegetali ha influenzato direttamente la ricchezza (calcolata come numero medio di specie vegetali nei plot campionati) e la diversità floristica dei margini e, indirettamente, quelle delle aree a vigneto. I margini in cui era presente una componente arborea di medie dimensioni erano caratterizzati da una maggiore ricchezza floristica (censite 125 specie) in confronto alle aree incolte caratterizzate da vegetazione erbacea (86 specie) e a quelle sottoposte a transiti ripetuti (28 specie). Confrontando questi valori con quelli rilevati all'interno dei vigneti adiacenti a ciascuna tipologia di margine, si è evidenziato come la ricchezza floristica fosse maggiore nei vigneti circondati da margini boschivi (in media 46 specie) piuttosto che dalle altre tipologie di margini (valori medi da 25 a 33). Il numero di specie condivise tra margini e vigneti, è risultato massimo nei vigneti circondati dal bosco e minimo nei vigneti circondati da capezzagne transitate lungo le linee di massima pendenza dove le specie di margine non riescono a colonizzare le aree coltivate a causa del continuo disturbo del suolo ad opera dei mezzi. Nelle aree caratterizzate da agricoltura intensiva come i vigneti, sistemi permanenti e a struttura stratificata, le specie spontanee presenti nelle aree di margine possono fornire un contributo importante alla biodiversità del sistema diffondendosi anche all'interno dell'area coltivata. Va tenuta presente tuttavia la composizione floristica delle aree tampone: dal nostro studio è emerso come margini di campo a struttura e stratificazione complessa (compresenza di specie arboree, arbustive ed erbacee) siano più efficienti nell'influenzare positivamente la composizione e la stabilità della flora dei vigneti adiacenti.

### Bibliografia

- Novara et al. 2013 *Solid Earth Discuss.*, 5, 257–279.  
Carluer et al. 2011 *Procedia Environmental Sciences*, 9, 21–26.  
AA. VV. 2018, *OIV publication*.



## Studi preliminari per lo sviluppo di procedure idonee alla conservazione a lungo termine di *Abies nebrodensis*

Tarraf W.<sup>1</sup>, Izgu T.<sup>1</sup>, Benelli C.<sup>1</sup>, Lambardi M.<sup>1\*</sup>, Germanà M.A.<sup>2</sup>, Jouini N.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>CNR, IBE/Istituto per la BioEconomia, Via Madonna del Piano 10, 50019 Sesto Fiorentino (Fi)

<sup>2</sup>Università di Palermo, Dipartimento Scienze Agrarie Alimentari e Forestali, Via delle Scienze, Palermo

\*Autore corrispondente: maurizio.lambardi@ibe.cnr.it

Parole chiave: conservazione *ex situ*, crioconservazione, abete delle Madonie, LIFE4FIR

La conservazione della biodiversità vegetale ha assunto da tempo importanza strategica, a livello mondiale, soprattutto per le specie a rischio di estinzione, come ad esempio l'abete delle Madonie (*Abies nebrodensis*). L'*A. nebrodensis* è una conifera endemica che in passato copriva gran parte delle montagne siciliane; oggi è ridotta a solo 30 individui collocati nel territorio del Parco delle Madonie. Il progetto LIFE4FIR (2019-2023), finanziato dall'UE nel settore 'Natura e Biodiversità', ha l'obiettivo di migliorare lo stato di conservazione dell'abete delle Madonie e scongiurare il rischio di estinzione della specie. Nell'ambito del progetto, il CNR-IBE è coinvolto in diverse azioni che riguardano la conservazione dei semi a -18 °C e la crioconservazione (-196 °C) di polline, linee embriogeniche, semi ed embrioni escissi, con lo scopo di allestire una banca del seme e una criobanca presso il Museo dell'*A. nebrodensis* di Polizzi Generosa per garantire la salvaguardia a lungo termine del popolamento residuo. La specie è caratterizzata da crescita molto lenta (anche solo 50 cm in 10 anni) e da una produzione non costante di coni, con semi che presentano una bassa germinabilità dovuta all'alta percentuale di semi vani (privi di embrione). Pertanto, lo studio si è concentrato inizialmente sulla tecnica di analisi dei semi ai raggi X per valutarne le potenzialità di applicazione nella determinazione dei semi vani e dei semi con embrione vitale. In questo progetto, l'individuazione dei semi effettivamente contenenti embrioni è fondamentale per poter introdurre in conservazione a -18 °C e in crioconservazione solo (o prevalentemente) semi potenzialmente in grado di germinare, come pure per l'estrazione di embrioni immaturi e maturi destinati alle diverse procedure di conservazione in azoto liquido. Relativamente alla crioconservazione di polline, sono state condotte prove preliminari di germinabilità del polline, raccolto in maggio da piante selezionate prima di procedere all'immersione in azoto liquido, utilizzando una soluzione nutritiva liquida o substrato agarizzato. Per

l'ottenimento di linee embriogeniche, fondamentale è stata l'individuazione della data di raccolta dei coni (seconda metà di luglio) per l'estrazione degli embrioni immaturi dai semi e la successiva induzione in vitro di callo embriogenico. L'induzione di callo embriogenico è stata ottenuta su substrato DWK (Driver e Kuniyuki, 1984) addizionato di 2,4-D (acido 2,4-diclorofenossiacetico, alla concentrazione di 5-10 µM) mantenendo le colture al buio a 23 °C, mentre per la proliferazione di callo embriogenico sono stati saggiati tre diversi substrati: DWK senza regolatori di crescita (PGR), DWK senza PGR + carbone attivo (1 g L<sup>-1</sup>), DWK addizionato con BAP (6-benzilaminopurina, 5 µM), glutammina (500 mg L<sup>-1</sup>) e caseina (1000 mg L<sup>-1</sup>). I primi risultati sottolineano la capacità degli embrioni immaturi a formare il callo, ma il callo poi ha difficoltà a proliferare e sviluppare in idonea quantità, sebbene la presenza di carbone attivo sembra esercitare un'azione positiva sulla proliferazione; pertanto, la ricerca continuerà con l'ottimizzazione di un substrato adatto alla rigenerazione di embrioni somatici dal callo embriogenico. Inoltre, la germinazione in vitro di embrioni maturi escissi da semi ha dato risultati incoraggianti su 4 mezzi di coltura: MS (Murashige e Skoog, 1962) senza PGR; MS con 1 g L<sup>-1</sup> GA (acido gibberellico); MS con 1 g L<sup>-1</sup> GA e 1 g L<sup>-1</sup> BAP; SH (Schenk e Hildebrandt, 1972) addizionato con 1 g L<sup>-1</sup> caseina, 1 g L<sup>-1</sup> glutammina e 1 g L<sup>-1</sup> di BAP. Tutte le attività portate avanti fino ad oggi costituiscono una buona base di partenza per la successiva conservazione a lungo termine dell'*A. nebrodensis* a bassa temperatura e in criobanca.

### Bibliografia

- Driver e Kuniyuki 1984. *HortSci.*, 19, 507-509.  
Murashige e Skoog 1962. *Physiologia plantarum*, 15, 473-497.  
Nygren et al. 2016. *Can. J. For. Res.*, 46, 1035-1041.  
Schenk e Hildebrandt 1972. *Can. J. Bot.* 50, 199.  
Vooková e Kormut'ák 2007. *Tree For. Sci. Biotech.*, 1, 39-46.

## Struttura genetica di *Gymnospermium scipetarum* subsp. *eddae* (Berberidaceae), popolazione endemica dell'appennino meridionale

Marzario S.<sup>1\*</sup>, Gioia T.<sup>1</sup>, Logozzo G.<sup>1</sup>, Fascetti S.<sup>1</sup>, Coppi A.<sup>2</sup>, Selvi F.<sup>3</sup>, Farris E.<sup>4</sup>, Rosati L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari ed Ambientali, Università della Basilicata, Viale dell'Ateneo Lucano 10 – 85100 Potenza

<sup>2</sup>Dipartimento di Biologia, Laboratorio di Botanica, Università di Firenze, Piazza San Marco 4 – 50121 Firenze

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari Ambientali e Forestali, Università di Firenze, Piazza San Marco 4 – 50121 Firenze

<sup>4</sup>Dipartimento di Chimica e Farmacia, Università di Sassari, Via Piandanna 4 - 07100 Sassari

\*Autore corrispondente: stefy.85s@libero.it

Parole chiave: specie endemiche, RAPD, conservazione, struttura genetica di popolazione

La diversità genetica di una popolazione vegetale è uno dei fattori che possono determinare la capacità di una specie di adattarsi ai cambiamenti ambientali. Bassi livelli di diversità e la perdita di variabilità possono comportare un maggiore rischio di estinzione, di conseguenza mantenere un adeguato livello di diversità genetica è considerato un requisito necessario per assicurare il potenziale evolutivo di una specie. Le specie endemiche ad areale ristretto possono essere caratterizzate da bassi livelli di variabilità per cui la conoscenza della loro diversità genetica è indispensabile per pianificare adeguate strategie di conservazione *ex-situ* ed eventuali azioni di reintroduzione o rinforzo delle popolazioni naturali. La diversità e struttura genetica delle specie endemiche nemorali mediterranee è stata finora poco indagata. Le foreste italiane ospitano numerose specie endemiche specialmente nelle regioni meridionali e insulari. Uno degli endemiti di più recente individuazione in Italia appartiene al genere *Gymnospermium* (Berberidaceae). L'unica popolazione italiana di questo genere è stata scoperta alcuni anni fa nei boschi di faggio e cerro dei monti della Maddalena, nell'Appennino Meridionale. Sulla base di analisi morfometriche e filogenetiche molecolari, questa entità è stata descritta come *Gymnospermium scipetarum* subsp. *eddae* Rosati, Farris, Fascetti & Selvi. Allo stato attuale delle conoscenze, ne esistono solo poche sottopopolazioni presenti in un'area di circa 5 km<sup>2</sup>. Nel presente lavoro, sono state analizzate per la prima volta la variabilità genetica e la struttura genetica di 134 individui appartenenti alle 5 sottopopolazioni note di *G. eddae*. Sono stati utilizzati 8 marcatori RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA* – DNA polimorfico amplificato a caso) con l'

obiettivo di: 1) individuare i livelli di diversità genetica sia a livello di specie che all'interno e tra le sottopopolazioni; 2) determinare la relazione tra diversità genetica e distanza geografica tra le sottopopolazioni; 3) accertare se le sottopopolazioni possano aver subito una considerevole riduzione delle loro dimensioni; 4) definire le unità e le opportune strategie di conservazione. In totale sono state identificate 102 bande, con un numero medio per primer pari a 12.75. Il numero di bande per primer è risultato compreso tra 4 (OPAF-07) e 19 (OPO-06). Tutti i primer hanno evidenziato la presenza di bande polimorfiche (min. 1 per OPAF-07, max. 18 in OPN-13, media 10.63) tra i 134 genotipi analizzati. All'interno di ciascuna sottopopolazione, la percentuale di bande polimorfiche è variata dal 44,12% (45 bande polimorfiche) per la sottopopolazione G al 69,61% (71 bande polimorfiche) per la sottopopolazione B (media 57,45%). L'analisi AMOVA ha evidenziato che solo il 9,89% della variazione genetica totale è attribuibile a differenze tra le sottopopolazioni, mentre il flusso genico tra sottopopolazioni è risultato elevato ( $N_m = 5.320$ ). Sia il Mantel test che l'analisi condotta con STRUCTURE non hanno evidenziato una strutturazione geografica delle sottopopolazioni di *G. eddae* analizzate, suggerendo l'assenza di isolamento dovuto alla distanza (IBD). I risultati ottenuti sulla diversità e struttura genetica delle sottopopolazioni di *G. eddae* consentono di indirizzare adeguatamente le strategie di conservazione sia *in-situ* che *ex-situ* per questa specie. Queste azioni dovrebbero mirare a preservare la più alta quantità possibile di diversità genetica ed essere attuate con urgenza al fine di garantire la sopravvivenza della specie.

# Alberi da frutto monumentali e notevoli della regione Umbria. Un patrimonio da valorizzare. Una StoryMap per conoscerli

Sartoretti V.<sup>1</sup>, Gramaccia M.<sup>2\*</sup>, Natale A.<sup>1</sup>, Concezzi L.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>TeamDev srl, Via Settevalli, n. 320, 06129, Perugia (PG)

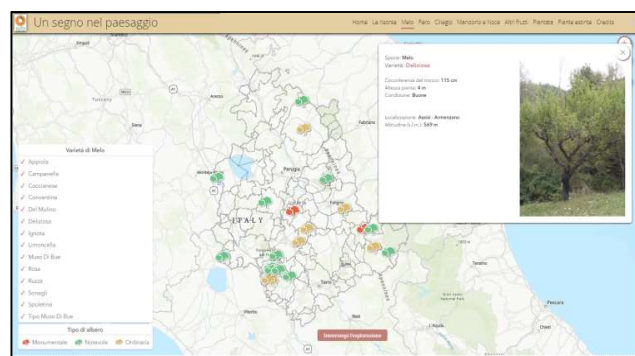
<sup>2</sup>3A Parco tecnologico Agroalimentare dell'Umbria, Fraz. Pantalla di Todi, 06059, Todi (PG)

\*Autore corrispondente: [ricerca@parco3a.org](mailto:ricerca@parco3a.org)

Parole chiave: paesaggio, fruttiferi, valorizzazione

Una StoryMap è un particolare strumento che coniuga le potenzialità di organizzazione di dati e di informazioni tipiche dei GIS (*Geographical Information Systems*) con una visualizzazione grafica di facile ed immediata restituzione. In particolare, essa permette di accrescere notevolmente la fruibilità dei dati geografici affiancando ad essi ulteriori contenuti narrativi secondo lo stile dello Storytelling. Con l'intento di sfruttare queste potenzialità per fini divulgativi, grazie al supporto di gisAction by TeamDev, è stata creata una Storymap che ha per oggetto gli alberi da frutto monumentali e notevoli presenti sul territorio della Regione Umbria. L'idea nasce per valorizzare la cospicua mole di dati raccolta in quasi venti anni di perlustrazione del territorio alla ricerca di accessioni di varietà locali di fruttiferi nell'ambito di un progetto di salvaguardia della biodiversità di interesse agrario. Il database consiste ad oggi di oltre 700 elementi puntuali di esemplari arborei censiti. Tra questi, non pochi sono

piante di ragguardevoli dimensioni (in alcuni casi davvero monumentali) che rappresentano un vero e proprio segno nel paesaggio. Da qui prende spunto anche il titolo che è stato dato alla Storymap: *Un Segno nel paesaggio. Atlante delle piante da frutto monumentali e notevoli*. Nello specifico per ogni singola specie trattata nella Storymap, accanto ad un breve testo introduttivo, è possibile visualizzare una mappa interattiva dove è riportata la localizzazione degli esemplari arborei. Per molti di questi è poi possibile, cliccando sopra il punto, aprire un *pop up* con la scheda di dettaglio dell'esemplare. Obiettivo di questo strumento è aumentare la consapevolezza riguardo alla ricchezza e fragilità di questo patrimonio, non solo in termini di risorsa genetica, ma anche sotto il profilo della conservazione del singolo esemplare arboreo, in quanto testimone di una tradizione secolare che ha i suoi riflessi nella cultura e tradizioni locali e nel paesaggio nel suo insieme.



## Biodiversità e composizione della comunità edafica di un meleto trentino in conversione

Morelli R.<sup>1\*</sup>, Coller E.<sup>1,3</sup>, Cersosimo I.M.C.<sup>1</sup>, Zanoni S.<sup>1</sup>, Cappelletti C.<sup>1</sup>, Ciutti F.<sup>1</sup>, Longa C.M.O.<sup>2</sup>, Zanzotti R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro Trasferimento Tecnologico, Fondazione E. Mach, via E. Mach 1, 38010 San Michele all'Adige

<sup>2</sup>Centro Ricerca e Innovazione, Fondazione E. Mach, via E. Mach 1, 38010 San Michele all'Adige

<sup>3</sup>DiSCVSA, Università di Parma, Parco Area delle Scienze 11/a, 43124 Parma

\*Autore corrispondente: [raffaella.morelli@fmach.it](mailto:raffaella.morelli@fmach.it)

Parole chiave: agricoltura biologica, biodiversità del suolo, comunità microbica, microartropodi

Il biota del suolo è responsabile di servizi ecosistemici essenziali: la decomposizione della materia organica, la mobilitazione e il turnover dei nutrienti, il sequestro del carbonio, la degradazione, la stabilizzazione e la detossificazione degli inquinanti (Thiele-Bruhn et al. 2012). Numerosi studi dimostrano che i suoli ad elevata biodiversità posseggono maggiore efficienza di utilizzo dei nutrienti e di soppressione dei patogeni e necessitano di un ridotto impiego di input esterni (van Elsas et al. 2002), evidenziando che la conservazione della biodiversità garantisce la salvaguardia e la stabilità del suolo rispetto a stress esterni (Zavaleta et al. 2010). L'attività agricola impatta notevolmente il biota del suolo, determinandone una perdita della biodiversità e della capacità di autoregolazione. Vi è un crescente interesse per l'utilizzo di pratiche agronomiche sostenibili, come quelle previste in agricoltura biologica (Reg. UE 2018/848), che sembrano favorire la biodiversità e l'efficienza di utilizzo dei nutrienti (Natl Acad Sci USA). Questo studio mira a comprendere come la conversione dalla gestione integrata a quella biologica influisca sulla composizione e sulla diversità della comunità edafica. Il sito d'indagine è rappresentato da un meleto in Trentino, gestito fino al 2017 con pratiche agronomiche integrate e suddiviso nella primavera del 2018 in due parcelle, una delle quali convertita alla gestione biologica. Lo studio ha previsto il monitoraggio annuale della comunità microbica (analisi metagenomica: sequenziamento con Illumina® MiSeq PE300 delle regioni ITS1 e 16S V4 rispettivamente per le comunità fungina e batterica) e della comunità dei microartropodi (estrazione con selettore Berlese ed identificazione a livello di taxa mediante stereoscopio) del suolo nelle tesi a gestione integrata (INT) e biologica (BIO) sul filare e nell'interfilare. Per studiare il grado di dissimilarità tra le comunità microbiche e dei microartropodi in funzione della gestione, del tempo e della posizione (filare ed interfilare), i dati sono stati organizzati mediante ordinazione NMDS. Nel breve periodo la comunità dei microartropodi è risultata invariata in

funzione dei fattori gestione, tempo e posizione, mentre le comunità batterica e fungina hanno mostrato una diversificazione in funzione della posizione; non è, invece, stata evidenziata alcuna separazione tra le tesi dopo due anni di conversione. Un dato interessante è rappresentato dal rapporto acari/collemboli (A/C), che sembra evolversi in maniera diversa tra le tesi. Questo rapporto dà informazioni sulla stabilità degli ecosistemi: valori maggiori di 1 sono caratteristici di ambienti forestali, mentre, con la semplificazione degli equilibri pedobiodinamici, questo rapporto tende a valori inferiori ad 1 (Mäder et al. 2002). Dal 2018 al 2019 la frequenza dei campioni che hanno presentato valori di A/C > 1, ha mostrato una tendenza alla riduzione nella tesi INT e all'incremento nella tesi BIO, indicando una probabile diminuzione della pressione antropica con il subentrare della gestione biologica. Complessivamente gli indici di biodiversità (ricchezza ed equiripartizione) della comunità microbica hanno mostrato un aumento ( $P \leq 0,05$ ) nei due anni di conversione nella tesi biologica, specialmente sul filare. Anche per gli artropodi si è osservato un incremento ( $P \leq 0,05$ ) nel tempo del numero di taxa per il filare della tesi BIO, oltre che dell'indice di qualità biologica del suolo QBS-ar, che dà un'indicazione del grado di adattamento dei microartropodi al sistema suolo (Bachelier G., 1986). I risultati ottenuti finora mostrano che, sebbene si riscontrino alcune iniziali modifiche a livello di biodiversità, le variazioni a livello di composizione della comunità del suolo richiedono periodi medio-lunghi.

### Bibliografia

- Thiele-Bruhn et al. 2012. *Curr Opin Env Sust*, 4, 523-528.  
van Elsas et al. 2002. *Biodegradation*, 13, 29-40.  
Zavaleta et al. 2010. *Proc Natl Acad Sci USA*, 107, 1443-1446.  
Mäder et al. 2002. *Science*, 296, 1694-1697.  
Bachelier G. 1986. ORSTOM, Paris.  
Menta et al. 2008. *Environ Bioindic*, 3, 35-46.

# Studio preliminare sulla mappatura geografica della diversità genetica castanicola mediante strumenti GIS

Calandrelli M.M.<sup>1\*</sup>, Nunziata A.<sup>2</sup>, De Masi L.<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup>Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi Terrestri (IRET), via P. Castellino 111, 80131 Napoli, Italia  
<sup>2</sup>Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria (CREA), Olivicoltura, Frutticoltura e Agrumicoltura (OFA), Via Torino, 2 - 81100 Caserta, Italia

<sup>3</sup>CNR, Istituto di Bioscienze e BioRisorse (IBBR), via Università, 133 - 80055 Portici (NA)

\*Autori corrispondenti: marinamaura.calandrelli@cnr.it, luigi.demasi@ibbr.cnr.it

Parole chiave: *Castanea sativa*, agrobiodiversità, diversità genetica, DNA, *Geographic Information System* (GIS).

Il castagno europeo (*Castanea sativa* Mill.) è una specie arborea ad alto fusto, appartenente alla famiglia delle Fagaceae, di notevole interesse agroforestale per il nostro Paese (Nunziata et al. 2020). In Campania, il castagno ha un importante ruolo economico, producendo più del 50% di castagne a livello nazionale, oltre all'utilizzo del fusto (Castellotti et al. 2011). Dal 2005, con l'arrivo accidentale in Campania della specie invasiva *Dryocosmus kuriphilus* Y. (cinipide galligeno), la produzione di frutti commerciabili si è ridotta drasticamente (Calandrelli et al. 2019). La suscettibilità dei castagneti al parassita è stata dimostrata dipendere principalmente dagli specifici genotipi di castagno presenti sul territorio (Dini et al. 2012; Nugnes et al. 2018). Per tale ragione, nel presente studio, è stata condotta una ricognizione degli strumenti molecolari e delle applicazioni GIS (Geographic Information System) disponibili per una mappatura della distribuzione della biodiversità castanicola. Gli strumenti molecolari basati sul DNA sono stati testati sui principali genotipi varietali di castagno presenti nell'area protetta del vulcano spento di Roccamonfina in Campania (Nunziata et al. 2020): Lucente, Marzatica, Mercogliana, Napoletana, Olefarella, Paccuta, San Pietro e Tempestiva, tradizionalmente coltivati e apprezzati soprattutto per la qualità dei loro frutti. I sistemi informativi geografici

(Burrough et al. 1998) consentono di visualizzare la distribuzione della variabilità genetica nello spazio geografico (Miller et al. 2006) correlandola alla posizione di ciascun albero di castagno. L'uso combinato di tali strumenti permette di valutare le caratteristiche del paesaggio associate a modelli di diversità genetica. Il presente lavoro ha indagato la fattibilità della mappatura mediante rappresentazione GIS della distribuzione della diversità genetica di varietà tradizionali di castagno sul territorio di Roccamonfina col fine di estrarre informazioni utili per la gestione della biodiversità castanicola campana a rischio.

## Bibliografia

- Burrough et al. 1998. Oxford University Press, 330 pp.  
Calandrelli et al. 2019. *ACTA Italus Hortus*, 25, 146-149.  
Castellotti et al. 2011. *AgriregioniEuropa*, 7, 82.  
Dini et al. 2012. *Plant Physiology and Biochemistry*, 60, 67-73.  
Miller et al. 2006. *Molecular Ecology*, 15, 145-159.  
Nugnes et al. 2018. *Forests*, 9(2), 94.  
Nunziata et al. 2020. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(13), 4805.

## Ringraziamenti

Lavoro finanziato parzialmente dal progetto CASTARRAY del PSR Campania 2014/2020 Mis. 16.1 - Az. 1 - D.D. n. 123 del 09/08/2018.



# Bio div ers ità e forme di resilienza



## Le infrastrutture verdi per migliorare l'efficienza energetica degli edifici e la qualità del microclima nelle aree urbane

Campiotti C.A.<sup>1\*</sup>, Campiotti A.<sup>2</sup>, De Rossi P.<sup>1</sup>, Gatti L.<sup>3</sup>, Giagnacovo G.<sup>1</sup>, Mariani S.<sup>1</sup>, Latini A.<sup>1</sup>, Sperandei M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ENEA, Agenzia Nazionale per le Nuove Tecnologie, l'Energia e lo Sviluppo Economico Sostenibile, Dipartimento Unità Efficienza Energetica (DUEE)

<sup>2</sup>Dipartimento Sostenibilità dei Sistemi Produttivi e Territoriali (SSPT), C.R. Casaccia, via Anguillarese, 301 00123 Roma (IT)

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie e Forestali (DAFNE), Università della Tuscia, Via S.C. De Lellis snc, 01100 Viterbo (IT)

\*Autore corrispondente: [carloalberto.campiotti@enea.it](mailto:carloalberto.campiotti@enea.it)

Parole chiave: tetti verdi, pareti verdi, risparmio energetico, monitoraggio microclimatico

Le infrastrutture tetti e pareti verdi per edifici, in aree densamente urbanizzate, forniscono dei servizi ecosistemici e rappresentano soluzioni naturali per rendere gli ambienti urbani più resilienti verso disturbi derivanti da impatti antropici negativi. La diffusione di questi sistemi consentirebbe non solo di modificare il paesaggio urbano dal punto di vista estetico, sottraendo alla vista superfici cementificate ma anche di migliorare la biodiversità. In città, infatti, le superfici costruite ostacolano la crescita delle specie vegetali selvatiche mentre la presenza di tetti e pareti verdi ne favorisce la diffusione. È stato dimostrato che i tetti verdi, nel tempo, vengono colonizzati da un gran numero di specie vegetali, soprattutto autoctone, resistenti alle condizioni ambientali a cui è sottoposto il tetto verde (Catalano et al. 2016); ne risulta conseguentemente accresciuta la biodiversità faunistica con una grande ricchezza di specie, soprattutto artropodi<sup>2</sup> riscontrata anche nel verde verticale (Madre et al. 2015). Le coperture verdi rappresentano, inoltre, una tecnologia naturale per l'isolamento termico degli edifici, con conseguente risparmio energetico (Campiotti et al. 2019), per la mitigazione dell'isola di calore nei centri urbanizzati, sia per effetto della diversa albedo delle superfici vegetate rispetto a quelle cementificate che per l'evapotraspirazione e l'ombreggiamento operati dalle piante, nonché per la riduzione degli inquinanti dell'aria. Nel C.R. ENEA Casaccia di Roma è in corso una sperimentazione, avviata nel 2016, su un prototipo di tetto e uno di parete verde realizzati su un edificio dimostratore, con lo scopo principale di valutare l'influenza della vegetazione sulla sostenibilità energetica e ambientale dell'edificio. Per la parete verde sono state utilizzate delle specie vegetali a tipologia rampicante, ritenute più adatte alla crescita in tempi brevi e in contenitori di dimensioni ridotte; per il tetto verde, di tipo estensivo, la scelta è ricaduta su specie vegetali idonee a crescere su substrati di spessore ridotto. La parete e il tetto verde sono stati dotati di un'ampia sensoristica ambientale, che consente sia di monitorare l'effetto della copertura vegetale sulla riduzione della temperatura superficiale delle pareti dell'edificio sia di

valutare i parametri fisiologici e agronomici delle specie vegetali. Le specie rampicanti di grosse dimensioni, quali il *Partenocissus quinquefolia* L. e l'ornamentale *Trachelospermum jasminoides* L., oltre alle rampicanti alimentari come le varietà "pizzutella" e "fragaria" di *Vitis vinifera* L., sono risultate adatte per la crescita su pareti verdi a graticcio, in vaso con substrato di ridotto spessore, sviluppando una canopy adatta all'ombreggiamento e alla riduzione della temperatura superficiale della parete coperta dalla vegetazione rispetto a quella nuda. La sperimentazione condotta in ENEA ha rilevato una riduzione di temperatura di 12-15 °C, durante la stagione estiva, nelle ore di massima incidenza della radiazione solare sulla parete. Tale differenza di temperatura si traduce in una riduzione del flusso di calore all'interno dell'edificio. Misure della concentrazione di CO<sub>2</sub> hanno consentito di rilevare l'andamento giornaliero e stagionale del gas in rapporto allo sviluppo vegetale. Per quanto riguarda il tetto verde è stato evidenziato che un mix di erbe microterme a basse esigenze idriche, nei prati artificiali, richiede irrigazioni costanti per una copertura ottimale nel tetto verde di tipo estensivo. Diverse accessioni di *Sedum*, precedentemente selezionate per tetti verdi in aree mediterranee (Giagnacovo et al. 2014), hanno invece mostrato un'ottima canopy anche in estate con una sola irrigazione di supporto, nel periodo di maggiore siccità. Entrambe le tipologie di tetto verde, quello a erbe (prato) e quello a *Sedum*, esercitano una riduzione delle temperature superficiali, sotto il manto erboso, fino a 25 °C rispetto alla superficie nuda nei periodi di caldo intenso. Il lavoro sperimentale finora condotto rafforza l'importanza delle strutture verdi ai fini della sostenibilità energetica e ambientale degli edifici nelle città.

### Bibliografia

Catalano et al. 2016. doi:10.21256/zhaw-4701

Madre et al. 2015. doi:10.1016/j.gecco.2014.11.016

Campiotti et al. 2019. ISSN:2239-1959

Giagnacovo et al. 2014. *Atti del "X Convegno Nazionale sulla Biodiversità"*, 3-5 settembre 2014, Roma.



## Valutazione delle performance di germinazione di 14 specie erbacee spontanee alpine e subalpine. Nuove proposte per il verde urbano in ambiente montano

Caser M.\*, Demasi S., Mozzanini E., Chiavazza P.M., Scariot V.

Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari, Università di Torino, Largo Paolo Braccini, 2, 10095, Grugliasco (TO)

\*Autore corrispondente: [matteo.caser@unito.it](mailto:matteo.caser@unito.it)

Parole chiave: wildflowers, specie autoctone, *urban landscaping*, biodiversità, vivaismo

Le specie spontanee autoctone sono generalmente consigliate nella progettazione del verde urbano perché si adattano bene alle condizioni pedoclimatiche locali, richiedono una bassa gestione e ridotti input colturali, e promuovono, contemporaneamente la biodiversità e il ripristino di habitat. Nonostante l'elevata biodiversità presente nella regione mediterranea, le specie spontanee provenienti da aree montane sono attualmente ancora poco impiegate, probabilmente anche per la limitata conoscenza delle performance germinative dei loro semi. Il presente studio ha analizzato pertanto 14 specie spontanee (*Allium schoenoprasum* L., *Bellis perennis* L., *Centaurea cyanus* L., *Cichorium intybus* L., *Taraxacum officinale* Weber, *Leucanthemum vulgare* Lam., *Dianthus carthusianorum* L., *Dianthus pavonius* Taesch, *Trifolium alpinum* L., *Mentha aquatica* L., *Lavandula angustifolia* Mill., *Primula veris* L., *Primula vulgaris* Hudson e *Viola odorata* L.) dell'area alpina e subalpina dell'Italia nordoccidentale, nell'ottica di un loro possibile impiego ornamentale in progetti di urban landscaping in ambiente montano. Un totale di 100 semi per specie sono stati posti a germinare in 10 capsule Petri (10 semi per Petri) su carta bibula, in camera di crescita a 25° C. Ai fini di valutare le esigenze di luce delle diverse specie, i saggi sono stati condotti sia al buio che con fotoperiodo di 12h di luce. Oltre al peso di 1000 semi, sono stati valutati i principali indici di germinazione: la percentuale di germinazione finale (FGP), l'indice di percentuale di germinazione relativa alla luce (RLGP), il tempo di prima germinazione (FGT), il tempo per raggiungere il 50% di semi germinati (T50), il periodo di germinazione (GPD) e il tempo medio di germinazione (MTG). Il peso di 1000 semi è risultato variare da 0,023 g per *L. vulgare* a 5,710 g per *T. alpinum*. In entrambe le condizioni di crescita, 7 specie (*C. cyanus*, *D. pavonius*, *T. alpinum*, *M. aquatica*, *P. veris*, *P. vulgaris* e *V. odorata*) hanno mostrato una bassa potenzialità germinativa con un range di valori di FGP compreso tra 0% e 15%. Per queste specie è stato condotto un test del tetrazolio che ha rivelato alti valori di vitalità per tutti i semi testati, compresi tra il 94% in *T. alpinum* e il 98% in

*V. odorata* e *M. aquatica*. Cinque specie hanno invece presentato valori di FGP superiori al 50% (*B. perennis*, *T. officinale*, *L. vulgare*, *D. carthusianorum* and *L. angustifolia*). Tra queste, *L. vulgare* e *D. carthusianorum* hanno mostrato la più alta potenzialità germinativa (FGP uguale a 90% e 96% al buio; 90% e 87% con 12 ore di luce). *T. officinale*, *L. vulgare* e *D. carthusianorum* sono risultate inoltre tra le specie più veloci a germinare, in modo sincrono, alla luce (FGT uguale a 3, 3 e 6,4 giorni; MGT uguale a 9,5, 4,3 e 9,2 giorni; T50 uguale a 9,1, 5,6 e 7,8 giorni, rispettivamente); *D. carthusianorum* anche al buio (FGT uguale a 4 giorni; MGT uguale a 5,9 giorni; T50 uguale 5,8 giorni). Seppure con un'alta potenzialità germinativa, tra le specie con FGP superiore al 50%, *L. angustifolia* è risultata invece la più lenta a germinare (FGT di 28,6 e 16,4 giorni; MGT di 35,2 e 25,8 giorni; T50 di 35 e 25 giorni al buio e alla luce, rispettivamente) e in modo asincrono. La presenza di luce è risultata necessaria per la germinazione dei semi di due specie, i.e. *A. schoenoprasum* (RLGP uguale a 1,00) e *L. angustifolia* (RLGP uguale a 0,72) mentre ha inibito quella di *T. alpinum* (RLGP uguale a 0,35). Le restanti specie hanno avuto un comportamento intermedio, con un intervallo di RLGP compreso fra 0,47 in *D. pavonius* e 0,55 in *T. officinale*. Nel complesso, poiché un alto tasso e una rapida germinazione sono caratteristiche fondamentali per la produzione vivaistica di semenzali, oltre alle specie campionate nelle praterie collinari montuose mesofile, come *B. perennis*, *L. vulgare* e *T. officinale*, anche *D. carthusianorum* e *L. angustifolia*, prelevate ad altitudini superiori, sono risultate essere interessanti. Particolare attenzione potrebbe essere rivolta verso la prima specie per la sincronia di germinazione in entrambe le condizioni di crescita, alta velocità e breve periodo di germinazione (GPD uguale a 8,5 e 16,2 giorni al buio e alla luce, rispettivamente). Pertanto, queste cinque specie spontanee possono rappresentare dei validi candidati da impiegare in ambiente antropico e migliorare la biodiversità della vegetazione urbana nelle aree di montagna.

## Un'innovativa tecnica di campionamento basata sull'utilizzo di fibre SPME per collezionare composti organici volatili a livello ambientale

Pasquini D.<sup>1,2\*</sup>, Gori A.<sup>1,2</sup>, Ferrini F.<sup>1,2,3</sup>, Brunetti C.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Università di Firenze, Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Sesto Fiorentino (Firenze), 50019

<sup>2</sup>Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante (IPSP), Sesto Fiorentino (Firenze), 50019

<sup>3</sup>Laboratorio Verde Urbano e Benessere, Università di Firenze-Società Italiana di Ortofrutticoltura

\*Autore corrispondente: [dalila.pasquini@unifi.it](mailto:dalila.pasquini@unifi.it)

Parole chiave: SPME, BVOCs, Bacino del Mediterraneo, stress ambientali, *Quercus ilex*

A livello mondiale, il bacino del Mediterraneo è considerato un *hotspot* floristico per quanto riguarda la sua biodiversità. Le piante di questo ambiente si sono evolute per resistere al clima mediterraneo, caratterizzato da estati calde e aride e inverni freschi e umidi. Tuttavia, l'intensificazione di eventi siccitosi associati ai cambiamenti climatici sta provocando un forte aumento nella mortalità degli alberi e delle piante in molti ecosistemi di tutta questa area. In particolare, nelle zone occidentali del bacino del Mediterraneo, diverse specie di *Quercus* stanno mostrando una diminuzione nella crescita e un alto tasso di defogliazione, aumentandone il rischio di mortalità. Il leccio (*Quercus ilex* L.) è tipico delle zone costiere italiane, caratterizzandone non solo il paesaggio naturale, ma anche il paesaggio urbano avendo, quindi, un notevole valore ecologico e socioeconomico. Sebbene il leccio sia considerata una specie altamente tollerante a condizioni siccitose, recentemente sono stati riscontrati alti tassi di mortalità nelle foreste di lecci mediterranei. Le principali cause potrebbero essere le condizioni di estrema siccità verificatesi negli ultimi anni. Il *Q. ilex*, oltre ad aver sviluppato specifici tratti morfo-anatomici che ne permettono la sopravvivenza in condizioni ambientali fortemente stressanti, è caratterizzato dalla capacità di emettere grandi quantità di composti organici volatili (BVOCs), principalmente monoterpeni. Nel *Q. ilex* i BVOCs vengono rilasciati nell'atmosfera direttamente dopo la loro biosintesi e possono svolgere molteplici funzioni, tra cui quella di molecole segnale: per relazioni pianta-pianta ((i) per scopi allelopatici; (ii) per trasmettere segnali di pericolo alle piante vicine), o pianta-insetto ((iii) per richiamare impollinatori; (iv) per richiamare antagonisti naturali nei confronti di insetti erbivori; (v) svolgere un ruolo di repellente). Infine, la loro emissione non è solo legata a fattori biotici, ma dipende anche da fattori abiotici quali alte temperature, elevata radiazione solare, siccità,

incendi e inquinamento, svolgendo un ruolo di difesa verso questi stress. Dunque, risulta fondamentale determinare nuovi metodi per misurare e identificare con precisione i singoli BVOCs presenti in ambienti complessi come quelli della macchia mediterranea, così da poter monitorare al meglio lo stato delle piante e dell'intero ecosistema. Per questo motivo lo studio ha preso in esame l'utilizzo delle fibre *Solid Phase MicroExtraction* (SPME) per raccogliere BVOCs emessi a livello atmosferico da questa pianta. Queste fibre sono poi state desorbite in un Gas Cromatografo accoppiato con Spettrometro di Massa (GC-MS) per poter identificare qualitativamente ogni singola molecola assorbita. La scelta nell'utilizzare le fibre SPME è legata al fatto che sono strumenti che permettono di campionare direttamente le molecole presenti in atmosfera, senza l'uso di solventi. Inoltre, sono durature, facili da utilizzare e forniscono risultati ripetibili. Infine, il loro accoppiamento con il GC-MS ci ha consentito di ottenere un profilo molecolare dettagliato, che ha reso possibile l'identificazione ed una semi-quantificazione dei BVOCs assorbiti. Questa tecnica è stata testata sia in campi sperimentali sia in un bosco di lecci presso il Parco Nazionale della Maremma, confrontando un metodo di campionamento statico, ovvero con la sola fibra esposta all'aria, e un metodo di campionamento dinamico, che prevede un piccolo sistema appositamente creato munito di una ventola in aspirazione. I nostri risultati hanno mostrato un ottimo potenziale di campionamento di quest'ultima metodologia a discapito del metodo statico. I risultati ottenuti mostrano cromatogrammi con segnali intensi, senza presenza di interferenti, che ci hanno permesso una facile identificazione delle molecole emesse da *Q. ilex*. In conclusione, il nuovo sistema messo a punto per il campionamento ambientale dei BVOCs risulta molto sensibile e versatile per future applicazioni in campo ecologico.

## Progetto Life IP Gestire 2020: Le specie vegetali esotiche e la nuova *black list* della Regione Lombardia

Digiovinazzo P.<sup>1\*</sup>, Bertocchi M.<sup>1</sup>, Canobbio S.<sup>1</sup>, Oneto F.<sup>1</sup>, Rampa A.<sup>2</sup>, Comini B.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Ente Regionale per i Servizi all'Agricoltura ed alle Foreste, Via Pola 12, 20124 Milano

<sup>2</sup>Regione Lombardia DG Ambiente e Clima, Piazza Città di Lombardia 1, 20124 Milano

\*Autore corrispondente: [digiovinazzo.lifegestire2020@gmail.com](mailto:digiovinazzo.lifegestire2020@gmail.com)

Parole chiave: specie esotiche, contenimento, eradicazione, Lombardia

Il progetto Life IP Gestire 2020 (2016-2023) vede come capofila Regione Lombardia e come partner ERSAF, LIPU, WWF, FLA, Comando Regione Carabinieri Forestali, Comunità Ambiente s.r.l. Esso ha come obiettivo principale garantire il raggiungimento degli obiettivi di conservazione della biodiversità di cui alle Direttive Habitat e Uccelli, sulla base dei contenuti del *Prioritised Action Framework* (PAF) regionale, contribuendo così a migliorare la capacità di gestione dei Siti della Rete Natura 2000. Tra gli obiettivi specifici del progetto sono previsti il “mantenimento e il miglioramento dello stato di conservazione di habitat e specie”. A tal fine, con l’attuazione dell’Azione A7 “Definizione della strategia di azione e degli interventi per il controllo e gestione delle specie alloctone”, sono stati redatti 6 protocolli di contenimento per le specie vegetali invasive in Lombardia e ben 68 schede contenenti linee guida per il riconoscimento e la gestione di altrettante specie vegetali invasive. Sotto il coordinamento del progetto Life, le schede ed i protocolli sono stati redatti dal Dipartimento di Scienze dell’Ambiente e della Terra dell’Università Milano-Bicocca, e tutto il materiale prodotto è liberamente scaricabile dal sito di progetto [www.naturachevale.it](http://www.naturachevale.it). A partire dal lavoro svolto con l’Azione A7, la Regione Lombardia ha coordinato nel 2019 un tavolo tecnico avente lo scopo di aggiornare la *black list* regionale delle specie esotiche, sia animali che vegetali. Gli elenchi,

quindi, sono frutto del confronto con i numerosi esperti, universitari e liberi professionisti, che hanno dato il proprio contributo per stimare la pericolosità delle specie e il loro corretto inserimento all’interno della *black list*. Gli elenchi definitivi scaturiti dal tavolo di lavoro sono serviti per l’aggiornamento delle “liste nere delle specie alloctone animali e vegetali oggetto di monitoraggio, contenimento o eradicazione in Lombardia” approvato con DGR 2658/2019. Nell’ambito del progetto Life IP Gestire 2020 si stanno attualmente realizzando azioni concrete per il contenimento di alcune specie esotiche vegetali particolarmente dannose per gli habitat dei Siti della Rete Natura 2000 e delle aree naturali interne alla rete ecologica regionale. Tra essi *Reynoutria japonica*, *Persicaria filiformis*, *Impatiens glandulifera*. Alcuni di queste azioni sono state già avviate, altre lo saranno nel corso del 2021. Esse hanno come obiettivo il miglioramento della biodiversità degli ecosistemi, sia terrestri che acquatici, e potranno fornire utili informazioni sulle migliori metodologie di contenimento delle specie esotiche, che nella maggior parte dei casi restano ad un livello sperimentale e sono spesso poco conosciute anche ai diversi portatori di interesse, come gli Enti gestori delle aree protette, gli amministratori pubblici, ma anche i liberi professionisti che si occupano di progettazione e riqualificazione del verde.

## Diversità batterica di suoli mediterranei soggetti a desertificazione

Catania V.<sup>1</sup>, Da Silveira Bueno R.<sup>1</sup>, la Mantia T.<sup>2</sup>, Alduina R.<sup>1</sup>, Castaldi S.<sup>3</sup>, Grilli E.<sup>3</sup>, Quatrini P.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche Chimiche e Farmaceutiche, Università di Palermo, Viale delle Scienze Ed. 16, Palermo

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali, Università di Palermo, Viale delle Scienze Ed. 4, Palermo

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Ambientali Biologiche e Farmaceutiche, Università della Campania "Luigi Vanvitelli", Caserta

\*Autore corrispondente: [paola.quatrini@unipa.it](mailto:paola.quatrini@unipa.it)

Parole chiave: cambiamento climatico, desertificazione, microbiota del suolo

Siccità e fenomeni meteorologici estremi contribuiscono al degrado dei suoli mediterranei semi-aridi causando erosione, compattazione, salinizzazione, riduzione della sostanza organica e perdita di biodiversità, con conseguenze negative per l'agricoltura e l'ambiente. Gli effetti dei cambiamenti climatici in atto sono esacerbati da pratiche agronomiche insostenibili e pascolo incontrollato che concorrono alla desertificazione dei suoli. È fondamentale monitorare la qualità dei suoli semi-aridi per prevenirne il degrado irreversibile. Tale monitoraggio viene usualmente condotto mediante i tradizionali indicatori chimico-fisici di qualità del suolo. Ancora raramente vengono utilizzati indicatori biologici, nonostante sia ormai riconosciuto al microbiota un ruolo chiave nel funzionamento e nella produttività degli ecosistemi terrestri. Lo scopo del nostro lavoro è stato analizzare la biodiversità microbica di suoli dell'Europa meridionale ad alto rischio di desertificazione, al fine di valutarne la relazione con gli indicatori tradizionali e creare una *baseline* della diversità microbica utile al monitoraggio degli effetti del cambiamento climatico e dell'uso del suolo. Circa 90 campioni di suolo da 38 siti, situati in 10 aree in Portogallo meridionale (Alentejo, PT), Spagna centrale (Extremadura, SP) e Italia meridionale (Sicilia, IT) sono stati sottoposti ad estrazione del DNA totale ed analisi fingerprinting ARISA (*Automated Ribosomal Intergenic Spacer Analysis*). La composizione della comunità batterica di un sub set di 22 campioni rappresentativi, è stata analizzata tramite amplificazione e sequenziamento Illumina della regione v3-v4 del gene 16SrRNA. Gli indicatori di diversità microbica sono stati correlati con i principali indicatori fisico-chimici del suolo TOC, pH, N e CEC. La biomassa microbica del suolo, stimata come ng di DNA estratto, risulta correlata con

TOC e N mentre ricchezza (S) e diversità (*Shannon index*) stimate mediante fingerprinting ARISA sono correlate positivamente solo con il pH. La ricchezza e la diversità batterica ottenute dai profili dell'analisi ARISA risultano in generale più elevate nei suoli italiani caratterizzati da un pH più elevato (7,6 - 8,6), rispetto ai suoli spagnoli e portoghesi, che mostrano invece un pH più basso. Considerando l'uso del suolo, le foreste di pini e i pascoli hanno un contenuto di biomassa più elevato rispetto ai suoli arabili e gli agroecosistemi tradizionali (Gariga, Montado e Dehesa). L'analisi NGS sul sotto-gruppo di 22 suoli ha rivelato la presenza di batteri appartenenti a phyla tipici del suolo (Proteobacteria, Actinobacteria, Acidobacteria, Firmicutes, Bacteroidetes, Chloroflexi e Verrucomicrobia) e di Archaea (2%) rappresentati principalmente da Crenarchaeota. Considerando gli effetti delle variabili fisico-chimiche nella modulazione della distribuzione dei taxa batterici, l'abbondanza della maggior parte dei phyla è influenzata significativamente dalla capacità di scambio cationico (CEC), seguita dal pH del suolo. L'abbondanza relativa degli Actinobacteria è maggiore nei suoli italiani a pH neutro, mentre Acidobacteria, Verrucomicrobia e Chloroflexi sono più abbondanti nei suoli iberici. Solo il phylum dei Firmicutes ha mostrato variazioni significative correlabili all'uso del suolo. Questo lavoro fornisce una panoramica sulla diversità batterica del suolo in suoli europei minacciati dalla desertificazione nelle regioni del Mediterraneo meridionale, e crea una *baseline* per il loro monitoraggio all'intensificarsi dei fenomeni di cambiamento climatico e desertificazione. I risultati ottenuti mostrano che il monitoraggio della biodiversità del suolo è un indicatore efficace per valutare la qualità e la salute del suolo.

## CCS e il mercato dei crediti di carbonio tra contenuti normativi e casi attuativi nel settore agro-forestale

Pazienza P.<sup>1\*</sup>, De Lucia C.<sup>1</sup>, Giordano S.<sup>2</sup>, Balena P.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Economia, Management e Territorio, Università di Foggia, Via Da Zara, 71100 Foggia

<sup>2</sup>Dipartimento di Lettere Lingue Arti. Italianistica e Culture Compare, Università di Bari Aldo Moro, Via M. Garruba n. 6, 70124 Bari

<sup>3</sup>DICATECh, Politecnico di Bari, Via Orabona n. 4, 70124 Bari

\*Autore corrispondente: [pasquale.pazienza@unifg.it](mailto:pasquale.pazienza@unifg.it)

Parole chiave: mercato dei Crediti di Carbonio, agricoltura intelligente per il clima, economia circolare, sistema per lo scambio delle quote di emissione dell'UE

Sin dalla loro introduzione con il Protocollo di Kyoto, i crediti di carbonio (CCS) svolgono un ruolo cruciale a livello internazionale. I CCS rappresentano un meccanismo finanziario volto a compensare emissioni di CO<sub>2</sub> consentendo così l'adozione di strategie *ad hoc* di mitigazione del cambiamento climatico. La vendita e l'acquisto di CCS consentono alle aziende di perseguire benefici economici tangibili, unitamente a importanti benefici reputazionali in termini di capacità di adempiere agli Accordi sul Clima (Protocollo di Kyoto e Accordo di Parigi) e contribuire concretamente al raggiungimento degli Obiettivi di Sviluppo Sostenibile (SDG). La questione dei crediti di carbonio è fortemente collegata ai pilastri dell'agricoltura intelligente per il clima che prevede aumenti della produttività agricola, miglioramenti dei redditi degli agricoltori, resilienza dei mezzi di sussistenza e adattamento ai cambiamenti climatici ed alla riduzione e/o rimozione delle emissioni di gas serra (GHG), favorendo in tal modo la preservazione della biodiversità. Secondo la Banca Mondiale (World Bank, 2019) le iniziative di *carbon pricing* riescono ad assorbire circa 11 gigatonnellate di diossido di carbonio equivalente (GtCO<sub>2</sub> e) o il 20% delle emissioni globali di GHG. Similmente, l'*Intergovernmental Panel of Climate Change* (IPCC) (IPCC, 2019) enfatizza la gestione sostenibile dei suoli (SLM) per soddisfare le mutevoli esigenze umane assicurando al tempo stesso il potenziale produttivo a lungo termine, il mantenimento delle funzioni ambientali e la biodiversità. Entrambi i reports delle suddette istituzioni incorporano aspetti ecologici, tecnologici e di governance che traducono in azioni pratiche l'approccio dell'agricoltura intelligente per il clima e la salvaguardia della biodiversità. In base a tale approccio, le pratiche di gestione agro-forestale sostenibile diventano cruciali per lo sviluppo di politiche per la misurazione e il monitoraggio di un mercato volontario del credito di carbonio (Hamrick e Gallant, 2018; Rosenstock et al. 2019). L'implementazione di un mercato volontario dei crediti di carbonio (forestali) implicherebbe, così,

l'attivazione di un processo di valorizzazione economica delle foreste favorendo l'attivazione di quelle esternalità positive a tutela della biodiversità (Bekessy e Wintle, 2008). Il meccanismo del mercato del carbonio diventa particolarmente importante per le zone rurali. Il lancio di un mercato agro-forestale locale del credito di carbonio, oltre a preservare la biodiversità forestale, abbraccia lo sviluppo di un meccanismo di crescita durevole e affidabile delle economie locali e delle aree rurali (Atangana et al. 2014; Walden et al. 2019). Esso, pertanto, non solo garantisce un'efficace azione di mitigazione delle emissioni, ma aumenta anche la fiducia degli investitori in questo settore (Cacho et al. 2003), rispondendo così al principio di compensazione della prossimità che tiene conto dell'importante ruolo svolto dall'accettabilità sociale dei mercati dei crediti di carbonio agro-forestali (Merger e Pistorius, 2011; Vickers et al. 2012). Il presente lavoro, basato sulle attuali normative di cattura e stoccaggio del carbonio e sul mercato del carbonio a livello UE e nazionale, discute la creazione potenziale di un sistema regionale di mercato volontario del credito di carbonio nel settore agro-forestale. I risultati attesi forniranno benefici alle comunità rurali, mitigazione dei rischi del cambiamento climatico e alla biodiversità forestale e miglioreranno le pratiche di agricoltura intelligente per il clima tra gli agricoltori pugliesi.

### Bibliografia

- Atangana et al. 2014. In: *Tropical Agroforestry*. Springer, Dordrecht.
- Bekessy e Wintle 2008. *Conserv. Biol.*, 22(3), 510-513.
- Cacho et al. 2003. *ESA Working Paper* n. 03-06.
- Hamrick e Gallant 2019. <https://www.forest-trends.org/publications/>
- IPCC 2019. <https://www.ipcc.ch/>
- Rosenstock et al. 2019. *Agric Ecosyst Environ*, 284, 106569.
- Vickers et al. 2012. <http://www.fao.org/3/a-i3033e.pdf>.
- Walden et al. 2019. *Agrofor. Syst.*, 94, 15-28.
- World Bank, 2019. *State-and-Trends-of-Carbon-Pricing-2019.pdf*

## Il potenziale contributo degli orti urbani per la salute umana e la biodiversità

Masciarelli E.<sup>1</sup>, Casorri L.<sup>1</sup>, Ficociello B.<sup>1</sup>, Di Luigi M.<sup>2\*</sup>, Cichelli A.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>DIT - INAIL - Via R. Ferruzzi, 38/40 - 00143 Roma

<sup>2</sup>DiMEILA - INAIL - Centro Ricerche - Via di Fontana Candida 1 - 00078 Monte Porzio Catone Roma

<sup>3</sup>DiSMOB. "G. D'Annunzio" Università di Chieti - Pescara Via dei Vestini, Campus Univ. Chieti

\*\*Autore corrispondente: m.diluigi@inail.it

Parole chiave: diversità biologica, sanità, recupero, orticoltura urbana, varietà locali

L'urbanizzazione è una delle principali cause antropiche responsabili del cambiamento della natura del suolo (Grimm et al. 2008) con ripercussioni di carattere biofisico e socioeconomico sulle comunità umane. In molte parti del mondo le aree urbane sono in rapida espansione (Brown et al. 2005) e si stima che entro il 2030 il 60% della popolazione mondiale vivrà in esse. Le aree urbane sono in genere ecosistemi altamente semplificati e fortemente sviluppati con bassi livelli di biodiversità. Tuttavia, poiché la qualità degli habitat rurali è sempre più impoverita dall'agricoltura intensiva (Benton et al. 2003), gli spazi verdi all'interno delle città stanno divenendo importanti rifugi per le specie autoctone (Goddard et al. 2010) in quanto possono fornire struttura vegetativa e di conseguenza biodiversità (Lin e Fuller 2013). In questi contesti l'orticoltura urbana si inserisce come pratica per riqualificare aree degradate, migliorare la qualità della vita nei quartieri, ridurre povertà e insicurezza alimentare e favorire lo sviluppo del verde cittadino promuovendo la filiera agroalimentare corta a vantaggio della sostenibilità ambientale. Gli orti urbani nascono da iniziative spontanee dei cittadini o da progetti gestiti da associazioni impegnate in attività a sostegno della comunità. Lo scopo è incoraggiare attività all'aria aperta che stimolino aggregazione, integrazione ed educazione, migliorino le condizioni di disagio ed esclusione, creando opportunità di scambio a livello relazionale (Spognardi et al. 2019). Inoltre promuovono lo sviluppo di modelli economici alternativi, creano nuovi posti di lavoro e rappresentano validi strumenti di terapia ed esperienza occupazionale per pazienti psichiatrici, persone anziane, disabili e disoccupati, esclusi dal mondo produttivo e costretti all'inattività. Gli orti urbani sono anche un mezzo per correggere gli stili di vita dei cittadini con iniziative come gli "Orti della salute" che realizzano, nelle maggiori città italiane, laboratori teorico-pratici per la formazione e informazione delle famiglie verso modelli salutistici basati su alimentazione sana, stagionalità ed

aumento del consumo di frutta e verdura, attività sportiva e fisica per contrastare l'insorgere, in età infantile e adolescenziale, di obesità e diabete. Gli orti possono essere coltivati sui terrazzi, nei giardini, in aree verdi incolte o all'interno dei parchi, spesso in regime di agricoltura ecologica, evitando trattamenti con fitofarmaci. Questi ecosistemi semi-naturali sono una riserva di biodiversità per le aree adiacenti in particolare per la persistenza delle specie selvatiche ed autoctone nelle zone fortemente antropizzate e per gli eventi di acquisizione e ricolonizzazione. La costruzione di corridoi verdi cittadini e le molte piante da fiore consentono il proliferare degli insetti ed anche il ritorno di api e bombi la cui prolungata permanenza negli habitat verdi cittadini contribuisce a incrementarne abbondanza e varietà. In alcuni casi vengono allevati anche piccoli animali per la produzione di uova, latte, carne, miele. La sostenibilità delle produzioni si deve sia al rinnovato interesse per le specie spontanee a scopo alimentare, medicinale e aromatico, sia alla riscoperta di varietà autoctone o antiche varietà rustiche che, scevre da trattamenti fitosanitari, incentivano le produzioni sostenibili, alimenti con particolari caratteristiche nutraceutiche, tipici della tradizione popolare, a supporto di una biodiversità anche culturale. Proprio come nei sistemi agricoli, nei quali una gestione agroambientale sostenibile può incrementare la biodiversità (Tschardt et al. 2012), gli orti urbani rappresentano quindi un'opportunità per recuperare ricchezza e complessità ambientale, sociale e culturale nel modello di habitat urbano depauperato dall'antropizzazione.

### Bibliografia

- Benton et al. 2003. *Trends in Ecol. & Evo.*, 18, 182-188.  
Brown et al. 2005. *Ecol. Appl.*, 15(6), 1851-1863.  
Goddard et al. 2010. *Trends in Ecol. & Evo.*, 25(2), 90-98.  
Grimm et al. 2008. *Science*, 319, 756-760.  
Lin e Fuller 2013. *J. Appl. Ecol.*, 50, 1161-1168.  
Spognardi et al. 2019. <http://hdl.handle.net/11580/71329>  
Tschardt et al. 2012. *Biol. Rev.*, 87, 661-685.

## IxE-CO2 - Rigenerare il sistema urbano con la natura

Direnzo P.<sup>1\*</sup>, Colonna D.<sup>2</sup>, Cornacchia M.<sup>3</sup>, De Francesco G.<sup>4</sup>, Massaro S.<sup>5</sup>, Lorusso G.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Agrogreen Service S.r.l.s., Via Ugo Foscolo, 21 – 70022 Altamura (BA)

<sup>2</sup>Collettivo Zed, Via Caduti delle Foibe, 16 – 70022 Altamura (BA)

<sup>3</sup>Comune di Altamura, P.zza Municipio, 1 – 70022 Altamura (BA)

<sup>4</sup>Dipartimento di Architettura e Progetto, Sapienza Università di Roma, Via Flaminia, 359 - 00196 Roma (RM), DFR Architecture

<sup>5</sup>Dipartimento delle Culture Europee e del Mediterraneo, Università della Basilicata, Via Lanera, 20 - 75100 Matera (MT)

\*Autore corrispondente: [direnzopaolo@gmail.com](mailto:direnzopaolo@gmail.com)

Parole chiave: infrastrutture verdi, servizi ecosistemici

A seguito di studi ed indagini a livello globale, è stato analizzato che sempre più persone preferiscono vivere nelle aree urbane piuttosto che in quelle rurali. Nel 2014, la popolazione mondiale residente nei centri urbani è stata pari al 54%, rispetto al 30% del 1950 e si calcola che per il 2050, la percentuale salirà fino al 66%. In tale contesto risulta pertanto fondamentale l'importanza delle aree urbane come ambienti di vita per la maggior parte degli esseri umani, questo si riflette negli obiettivi dello *United Nations Sustainable Development Goals* (UNSDG). L'obiettivo n. 11 dei UNSDG, infatti, mette in evidenza l'importanza delle aree urbane e tra i diversi sotto-obiettivi l'importanza del verde urbano risulta un punto importante per poter avere città migliori e garantire, entro il 2030, l'accesso universale a spazi pubblici verdi che siano sicuri, inclusivi e accessibili, in particolare alle donne e ai bambini, agli anziani e alle persone con disabilità. Le infrastrutture verdi, secondo la definizione comunitaria, sono reti di aree naturali e seminaturali pianificate a livello strategico con altri elementi ambientali, progettate e gestite in maniera da fornire un ampio spettro di servizi ecosistemici. Il progetto IxE-CO2, localizzato nel quartiere Parco San Giuliano di Altamura (Ba), nasce dalla necessità di sperimentare un nuovo approccio alla costruzione della qualità urbana, sociale, ambientale e climatica dello spazio pubblico, attraverso un approccio basato sulla reintroduzione della "natura in città". L'ipotesi progettuale nata da un percorso partecipativo avviato dal Comune di Altamura nel 2017 e finalizzato alla redazione della Strategia Integrata di Sviluppo Urbano Sostenibile (SISUS), prevede la ricucitura urbana tra la periferia e il centro della città attraverso un nuovo asse urbano, individuato come una matrice di resilienza. La preesistente infrastruttura grigia viene convertita in una nuova infrastruttura verde mediante adeguate operazioni di *desealing* e *depaving* e la piantumazione di specie arboree, arbustive ed

erbacee, al fine di aumentare la permeabilità del suolo, contrastare gli effetti dei cambiamenti climatici e migliorare anche la qualità dell'aria (riduzione di CO<sub>2</sub>). L'infrastruttura verde propone l'inserimento di specie vegetali, attraverso un attento studio delle caratteristiche fisiologiche e di gestione delle stesse. Infatti al fine di ridurre gli impatti e gli effetti generati nella zona dalla presenza di abitazioni presenti e di quelle di futura costruzione sull'ambiente circostante, si è cercato di integrare sia dal punto di vista qualitativo che quantitativo il numero e la tipologia di specie arbustive ed arboree da piantumare. È stata effettuata non solo la scelta più opportuna delle specie, ma anche la disposizione delle stesse il più possibile funzionale alle strategie di mitigazione e di rinaturalizzazione dell'area oggetto di intervento. La proposta, a tutti gli effetti, può essere considerata una *Carbon sink*, in quanto permette di potenziare la capacità di assorbimento e fissazione del carbonio atmosferico (CO<sub>2</sub>) permettendo anche di favorire la rinaturalizzazione del territorio, troppo spesso alterato dalle attività umane, prevenendo, inoltre, ulteriore consumo di suolo. A seguito della progettazione e della traduzione delle alberature inserite in termini di assorbimento di CO<sub>2</sub> e altre sostanze inquinanti grazie al Progetto Qualiviva e alle informazioni e dati messi a disposizione dalla rete REBUS (REnovation of public Buildings and Urban Spaces) - Laboratorio sulla rigenerazione urbana e i cambiamenti climatici, si è potuto ottenere il risultato di abbattimento dell'emissione a maturità dell'opera di oltre 400 autovetture per un totale di 547.154 kg di CO<sub>2</sub> stoccata oltre all'abbattimento di una serie di altri inquinanti. Questi i presupposti fondamentali alla base della realizzazione. In tale contesto, pertanto, risulta importante il supporto del progetto nelle diverse fasi, da parte dei diversi attori che entrano in gioco a partire dalle ditte che realizzeranno l'opera fino ai cittadini che usufruiranno della stessa.

## Paesaggio e Agricoltura 4.0: qualità e tecnologia, progettare la prima *deep farm* in Italia nel sottosuolo varesino

Pilo A.<sup>1</sup>, Devecchi M.<sup>1\*</sup>, Ghersi A.<sup>2</sup>, Nicola S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari, DISAFA, Università di Torino, Largo Braccini 2, 10095 Grugliasco (TO)

<sup>2</sup>Dipartimento di Architettura e Design, DAD, Università di Genova, Stradone S. Agostino 37, 16123 Genova (GE)

\*Autore corrispondente: [marco.devecchi@unito.it](mailto:marco.devecchi@unito.it)

Parole chiave: paesaggio, cultura, storia, agricoltura, *deep farm*

Ogni paesaggio è il frutto di uno speciale incontro tra uomo e natura, tra la cultura di una comunità e le fattezze fisiche di un territorio. La conservazione del patrimonio storico-artistico e culturale rappresenta certamente una priorità per ogni società che abbia a cuore le proprie radici e che voglia trarre da esse i riferimenti culturali per il proprio progresso civile. La crescente sensibilità verso le tematiche ambientali ha avuto nel corso degli ultimi anni l'importante merito di far emergere il principio basilare della gestione territoriale che individua proprio nel paesaggio una risorsa straordinaria di sviluppo economico, se correttamente compresa, fruita e valorizzata. Ne è una chiara testimonianza l'approvazione nell'anno 2000 della Convenzione europea del paesaggio, nella quale è chiaramente sottolineato che *"il paesaggio coopera all'elaborazione delle culture locali e rappresenta una componente fondamentale del patrimonio culturale e naturale dell'Europa, contribuendo così al benessere e alla soddisfazione degli esseri umani e al consolidamento dell'identità europea"*. In questa prospettiva si collocano i tentativi di sperimentazione volti a coniugare la ricchezza del patrimonio storico-culturale del nostro Paese con forme innovative di coltivazioni agrarie. Si tratta, in altri termini, della ricerca di soluzioni lungimiranti volte a salvaguardare e promuovere la varietà del paesaggio italiano, caratterizzato da un profondo e vitale connubio tra arte, storia e natura che solo in minima parte è stato adeguatamente valorizzato. Il caso studio, oggetto del presente contributo, è rappresentato dal recupero in termini produttivi di un rifugio antiaereo della seconda guerra mondiale, situato nel centro della città di Varese al di sotto dei giardini estensi, realizzati nel 1766 da Giuseppe Bianchi per volere di Francesco III d'Este, signore di Varese oltre che Duca di Modena. I Giardini Estensi rappresentano uno degli esempi più significativi di verde storico in stile formale, realizzati sul modello dei giardini di Schönbrunn a Vienna. Il progetto di recupero del rifugio prevede la realizzazione di una

*Vertical Farm, indoor*, con il duplice intendimento di restituire, da un lato, alla cittadina un luogo della memoria, rendendolo fruibile e maggiormente accessibile rispetto alle condizioni attuali, e dall'altro di sensibilizzare l'opinione pubblica verso un nuovo modello di agricoltura. Il tunnel è stato progettato come suddiviso in quattro aree, pensate anche in una logica divulgativa per soddisfare le aspettative e le esigenze dei visitatori senza compromettere l'efficienza della *Vertical farm*. La prima zona è dedicata al vano filtro, con spogliatoio dedicato alla igienizzazione per operatori e visitatori e vestizione adatta con camici e coperture scarpe e capo, per poter entrare nelle zone successive. La seconda area è destinata alla didattica per fornire informazioni sulle tecniche colturali degli ortaggi prodotti. La terza area è riservata alla coltivazione di *microgreens* e di ortaggi da foglia a completo sviluppo con tecniche di coltivazione in NFT ed *ebb-and-flow*, rispettivamente. Questi sistemi colturali idroponici sono tra i maggiormente usati, produttivi e di risparmio di risorse idriche. Qui, i visitatori possono prendere direttamente visione delle diverse fasi di crescita degli ortaggi. L'ultima area è destinata nuovamente ad uno spogliatoio per il rilascio dei camici e delle coperture prima dell'uscita. Le specie oggetto di coltivazione previste sono: *Ocimum basilicum* L., *Beta vulgaris* L., *Helianthus annuus* L., *Eruca vesicaria* L., *Allium tuberosum* Rottler ex Spreng., *Lepidium sativum* L., *Coriandrum sativum* L. e *Lactuca sativa* L. La *Vertical farm*, così progettata e oggetto di condivisione con *stakeholder* locali, oltre ad essere un luogo in cui si producono realmente ortaggi, sarà anche una realtà innovativa in campo educativo e turistico. Questo progetto pone volutamente lo sguardo al futuro e ha l'ambizione di rappresentare un modello di innovazione per molte realtà simili nel nostro Paese e la valorizzazione di percorsi di incontro tra la diversità paesaggistica e quella colturale moderna.



## Primi risultati dello studio fitosociologico condotto nell'area archeologica di Atripalda (AV) e potenzialità di valorizzazione

De Falco E.<sup>1\*</sup>, Bellino L.<sup>1</sup>, Aquino R.<sup>1</sup>, Santoriello A.S.<sup>2</sup>, Musmeci D.<sup>2</sup>, Laurino L.<sup>1</sup>, Salerno G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Farmacia (DIFARMA) - Università di Salerno

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze del Patrimonio Culturale (DiSPaC) - Università di Salerno

\*Autore corrispondente: edefalco@unisa.it

Parole chiave: *Abellinum*, vegetazione, etnobotanica, archeologia, valorizzazione

Il progetto "Valorizzazione del patrimonio vegetale e ambientale del sito archeologico di *Abellinum*" - città fondata dai Sanniti nel IV secolo a.C. sulla collina a ridosso dell'attuale centro di Atripalda (AV) e in seguito assoggettata a Roma - è in corso di attuazione ed è stato strutturato sulla base di un'ampia collaborazione fra enti, quali la Soprintendenza Archeologia, Belle Arti e Paesaggio per le provincie di Salerno e Avellino-MiBAC, il Comune di Atripalda e due Dipartimenti dell'Università di Salerno: Farmacia e Scienze del Patrimonio Culturale. Il sito archeologico individua un'area molto ampia, di circa 25 ettari, delimitata dalle mura tardorepubblicane. Al suo interno, nei campi acquisiti al demanio, il Parco archeologico mostra i resti di edifici della città romana, come la *domus* di *M. Vipsanius Primigenius*, le terme, alcune *tabernae* e un asse stradale, mentre non visibile al di sotto dei suoli agricoli si conserva ancora parte dell'abitato di questo importante centro dell'Irpinia antica. L'analisi delle comunità vegetali presenti nel sito di *Abellinum* è in corso adottando il metodo fitosociologico di Braun-Blanquet. Tale metodo prevede l'individuazione di aree omogenee dal punto di vista vegetazionale e il rilievo floristico con l'elenco di tutte le specie presenti associando a ciascuna di esse un valore di abbondanza/dominanza. Oltre al dato floristico e alla georeferenziazione del rilievo (secondo il sistema WGS 84), nello studio intrapreso vengono annotati i dati relativi ai parametri ambientali e stazionali del sito e - considerato l'interesse archeologico dell'area - l'eventuale presenza di elementi o manufatti storici o archeologici e la relativa interferenza o rapporto tra questi e la comunità vegetale in analisi. Particolare attenzione viene posta alla eventuale presenza di specie vegetali di interesse biogeografico e conservazionistico, quali le entità endemiche, rare (a livello nazionale, regionale o locale) o inserite in elenchi di protezione nazionale o regionale. Molta attenzione viene destinata anche alla presenza di specie esotiche invasive in quanto numerosi studi scientifici evidenziano che esse rappresentano una delle principali cause di perdita di biodiversità, di banalizzazione della flora oltre che di minaccia alle infrastrutture ed ai manufatti, compresi ovviamente quelli di interesse storico-archeologico. La raccolta dati nell'area archeologica di *Abellinum* - seppure in uno stadio iniziale - ha portato

all'individuazione di una ricca flora, nonostante l'uso del suolo nell'area in analisi sia piuttosto omogeneo e riconducibile in buona parte a nocciolieti ancora gestiti e produttivi. Il numero delle specie vegetali finora rilevato ammonta a 125 entità di cui 18 esotiche a carattere invasivo. Sono state inoltre individuate 8 tipologie vegetazionali; si tratta di fitocenosi che spaziano dalla vegetazione ruderale, antropogena a quelle segetale dei nocciolieti, passando per quella seminaturale delle boscaglie di ricolonizzazione ad esotiche (*Ailanthus altissima* e *Robinia pseudoacacia*, soprattutto) fino ai lembi di bosco misto di latifoglie decidue. È in corso, inoltre, il rilievo di tutti gli alberi da frutto presenti nell'area, con particolare riferimento alle varietà locali tipiche del territorio irpino, allo scopo di censire l'agrobiodiversità del sito, e la caratterizzazione etnobotanica delle specie vegetali rilevate all'interno dell'area archeologica attraverso il confronto e la disamina della letteratura italiana - individuando per ciascuna di esse l'eventuale utilizzazione tradizionale (es: medicinale, alimentare, domestico-artigianale, intreccio, tessile, tintorio, ludico) allo scopo di evidenziarne l'interesse anche dal punto di vista dell'antropologia culturale, oltre che le potenzialità in termini produttivi e quindi economici. Una ulteriore disamina in corso, basata su materiale bibliografico storico, è tesa alla individuazione delle piante utilizzate dagli antichi romani, con specifico riferimento a quelle adoperate per attività produttive nella antica *Abellinum*. Per tali specie si provvederà anche ad effettuare una indagine - tramite interviste mirate alla popolazione nel comune di Atripalda e soprattutto fra gli anziani - per individuare eventuali usi tradizionali. La raccolta e l'analisi dei dati relativi agli aspetti floristici, vegetazionali, varietali, etnobotanici e storici dell'area di *Abellinum* permetteranno una idonea progettazione, gestione e fruizione del futuro Parco Archeologico, un corretto arredo verde con l'inserimento di specie coerenti dal punto di vista biogeografico, paesaggistico, ornamentale oltre che funzionale, anche riguardo la conservazione delle infrastrutture archeologiche. Sarà inoltre possibile realizzare allestimenti vegetali e creare percorsi tematici valorizzando anche gli elementi botanici già esistenti, utilizzandoli anche come attrattori culturali da integrare agli elementi storico-archeologici dell'area.

## Studio del genere *Echium*: suo utilizzo nel verde urbano pensile

Papagni I.<sup>1</sup>, Latini A.<sup>1</sup>, Gatti L.<sup>1,2</sup>, De Rossi P.<sup>1</sup>, Giagnacovo G.<sup>1</sup>, Campiotti C.A.<sup>1</sup>, Sperandei M.<sup>1</sup>, Serafini M.<sup>3</sup>, Mariani S.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>ENEA, Agenzia Nazionale per le Nuove Tecnologie, l'Energia e lo Sviluppo Economico Sostenibile, C.R. Casaccia. Via Anguillarese 301, 00123 Roma (IT)

<sup>2</sup>Università Viterbo "La Tuscia", Dip.to di Scienze Agrarie e Forestali (DAFNE). Via S.C. De Lellis snc, 01100 Viterbo (IT)

<sup>3</sup>Università Roma "La Sapienza", Dip.to di Biologia Ambientale (DBA). Piazzale Aldo Moro 5, 00185 Roma (IT)

\*Autore corrispondente: susanna.mariani@enea.it

Parole chiave: *Echium vulgare*, *Echium plantagineum* L., tetti verdi, impollinatori

L'Agenda UE e le Linee Guida tedesche promuovono i Tetti Verdi (TV) come elementi essenziali per l'urbanizzazione sostenibile e la rigenerazione delle città (EU 2015; FLL-Dachbegrünungsrichtlinie 2018). In aree mediterranee, per la salvaguardia della biodiversità attraverso i TV, si raccomanda di privilegiare specie vegetali autoctone di ambienti aridi e con radici di profondità  $\leq 20$  cm (condizioni tipiche di un TV) (Van Mechelen 2015). Tuttavia, ulteriore ricerca è necessaria per sostenere l'inserimento di biodiversità nei TV e ottimizzare i servizi ecosistemici che questi sono in grado di fornire. L'obiettivo di questo lavoro è stato quello di individuare delle specie mediterranee da inserire in miscugli di semi per TV estensivi, a sostegno degli impollinatori, con capacità di autopropagazione, resistenza al secco e con fioriture prolungate. Dopo uno studio preliminare della letteratura di specie con tali caratteristiche, è stato selezionato l'*Echium vulgare* (Boraginaceae), tradizionalmente utilizzato nei TV di Basilea e Nord Europa. Sebbene la specie sia data come autoctona anche del Lazio, durante un monitoraggio quinquennale presso il Parco di Veio ed il C.R. ENEA Casaccia (Roma Nord), non è stato possibile rintracciarla. Diversamente, è stato osservato e monitorato, limitatamente ai periodi antecedenti gli sfalci primaverili, l'*Echium plantagineum*, mellifera e di interesse erboristico. Essendo le forme adulte delle due specie di *Echium* molto simili tra di loro, il riconoscimento è stato basato sulla morfologia delle foglie basali della rosetta svernante e altre caratteristiche dei fiori. È noto che queste specie possiedono dei metaboliti secondari fondamentali per la selezione di impollinatori specifici, svolgendo un importante servizio ecosistemico di sostentamento di tali insetti pronubi (Rivest e Forrest 2020). Entrambe le specie di *Echium* sono state inserite e monitorate in una sperimentazione triennale in un TV di tipo estensivo (spessore di circa 8 cm) presso il C.R. ENEA ai fini di *i*) reinserire nel territorio *E. vulgare* e *ii*) consentire lunghe fioriture (IV-XII) di *E. plantagineum*, che ha scarsa capacità di ricrescita dopo lo sfalcio dei prati. Il confronto tra le due specie

si è basato sui rilievi della durata delle fasi del ciclo vitale, di dati biometrici e morfologici di semi, rosette, fusti, getti laterali e palchi florali, oltre che della lunghezza della radice fittonante sia di forme annuali che biennali. È stato osservato che, nelle condizioni ambientali avverse del TV, molte piante di *E. vulgare*, emicriptofita biennale, hanno fiorito solo dopo svernamento allo stadio di rosetta per ben due anni. Diversamente, *E. plantagineum*, emicriptofita e terofita scaposa annuale, ha iniziato la fioritura già in aprile, un mese dopo il trasferimento delle plantule sul TV. Per *E. plantagineum* è stato completato un test di stress idrico con interruzione dell'irrigazione estiva fino al disseccamento del TV. Nella primavera successiva è stato effettuato un monitoraggio e calcolato l'indice di copertura delle forme annuali, derivanti dal seme delle precedenti fioriture. I risultati dello stress idrico hanno dimostrato che la forma annuale di *E. plantagineum* si adatta molto bene in TV estensivi, lasciati disseccare in estate, come previsto per realizzare risparmio idrico in ambiente mediterraneo (Van Mechelen 2015). Questa specie, in associazione con *Poaceae* ed altre erbacee presenti nel TV sperimentale, è risultata in grado di assicurare una coltre secca efficace per l'ombreggiamento estivo. Per quanto riguarda *E. vulgare*, sulla base dei risultati ottenuti, se ne raccomanda il suo inserimento in TV estensivi ed intensivi mediterranei dotati di maggior profondità del substrato (15-20 cm), di condizioni di irrigazione estiva che permetta il completamento del ciclo biennale ed il maggiore sviluppo radicale, osservato nelle forme biennali. In conclusione, questo lavoro fornisce nuove conoscenze utili per la pianificazione delle specie vegetali più adatte per TV in aree mediterranee e in condizioni siccitose.

### Bibliografia

EU 2015 doi:10.2777/765301

FLL-Dachbegrünungsrichtlinie 2018

Van Mechelen 2015. NNT: 2015AVIG0334

Hicks et al. 2016. doi:10.1371/journal.pone.0158117

Rivest e Forrest 2020. doi:10.1111/nph.16230

## Tecniche di *remote sensing* e di GIS per il monitoraggio dello stato di salute delle pinete litoranee infestate da parassiti

Calandrelli M.M.

Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi Terrestri (IRET), via P. Castellino 111, 80131 Napoli

Autore corrispondente: [marinamaura.calandrelli@cnr.it](mailto:marinamaura.calandrelli@cnr.it)

Parole chiave: *Pinus pinea*, *Toumeyella parvicornis*, *Tomicus destruens*, *remote sensing*, GIS

Negli ultimi anni il variato ritmo delle precipitazioni e l'aumento delle temperature estive indotti dai cambiamenti climatici (Freire et al. 2019) hanno favorito gravi processi di deperimento di estese superfici forestali di *Pinus pinea* L. che, oggi, si trovano esposte ad avversità di natura parassitaria (Battisti et al. 2009). Da tempo è riconosciuto che il telerilevamento (*Remote Sensing*) e il sistema di informazione geografica (GIS) contribuiscono a osservare e controllare le invasioni biologiche mediante la realizzazione di mappe sulla loro distribuzione effettiva o delle aree a rischio di invasione (Joshi et al. 2004). Il monitoraggio degli ambienti forestali per mezzo dell'osservazione remota è utile per acquisire informazioni sul loro stato di salute attraverso la valutazione degli indici vegetazionali. Il ricorso ai dati telerilevati è motivato dalla considerazione che le immagini in remoto offrono la possibilità di raccogliere dati con una risoluzione medio-bassa (10 m) per aree geografiche vaste (Baldo et al. 2017) da portali internet ad accesso libero. Grazie alla sua visione sinottica, il telerilevamento è uno strumento interessante per diagnosticare rapidamente lo stato di degradazione della vegetazione (Zhumanova et al. 2018) e monitorarne la variabilità spaziale (Taylor et al. 1997). Nello studio è stato analizzato uno dei principali indici vegetazionali, l'indice di vegetazione a differenza normalizzata (NDVI) (JARS, 1993) che quantifica la

vegetazione misurando la differenza tra il vicino infrarosso (che la componente vegetale riflette fortemente) e la luce rossa (che le piante assorbono). Esso è diventato il principale indicatore da satellite della presenza di vegetazione sulla superficie terrestre e dell'evolversi della stessa nel tempo (Spisni et al. 2012). Nel presente lavoro sono state sfruttate le potenzialità delle tecniche di RS e del GIS per valutare lo stato di deperimento delle pinete a *P. pinea* presenti sul litorale compreso tra la foce del fiume Volturno e il lago Patria (Campania settentrionale) infestate da parassiti, sia fitomizi come *Toumeyella parvicornis* (Cockerell) sia corticoli quali *Tomicus destruens* (Wollaston), utilizzando l'indice NDVI.

### Bibliografia

- Baldo et al. 2017. *Proc. Conference: ASITA 2017*, 75-82.  
Battisti et al. 2009. *Atti Accademia Nazionale Italiana di Entomologia*, LVII, 79-82.  
Freire et al. 2019. *Forests*, 10, 169, pp.29.  
JARS 1993. *Japan Association on Remote Sensing*. Available at [http://www.jars1974.net/pdf/rsnote\\_e.html](http://www.jars1974.net/pdf/rsnote_e.html)  
Joshi et al. 2004. *Proceedings of ISPRS* vol. 35, B7 (7), 669-677.  
Spisni et al. 2012. *Ital.J. Agromet.*, 3, 49-55.  
Taylor et al. 1997. *Precis Agric*, 1, 713-720.  
Zhumanova et al. 2018. *Ecological Indicators*, 95, (1), 527-543.

## Analisi della crescita di tre specie aliene invasive: *Ailanthus altissima* (Mill.) Swingle, *Phytolacca americana* L. e *Robinia pseudoacacia* L.

Pepe M.\*, Gratani L., Varone L., Crescente M.F.

Dipartimento di Biologia Ambientale, Università "La Sapienza" P.le A. Moro, 5, 00185 Roma

\*Autore corrispondente: maria.pepe@uniroma1.it

Parole chiave: biodiversità, tasso relativo di crescita, *Ailanthus altissima*, *Phytolacca americana*, *Robinia pseudoacacia*

Le invasioni biologiche costituiscono una delle più pressanti minacce alla biodiversità globale. Il problema è amplificato dall'aumento della mobilità di uomini e merci, che comporta la diffusione volontaria o accidentale di organismi al di fuori del loro areale geografico originario, dalla scarsa resistenza offerta dalle comunità autoctone, spesso impoverite dall'azione umana, e dal cambiamento climatico. I cambiamenti climatici in atto possono infatti favorire molte specie aliene invasive nella loro diffusione e nel loro impatto. In particolare, alcune specie aliene, che al momento non sono stabilizzate, a causa del riscaldamento globale potrebbero naturalizzarsi e diventare eventualmente invasive, andando quindi a creare ulteriori problemi agli ecosistemi naturali. Identificare quali tratti rendono alcune specie più suscettibili di diventare invasive rispetto ad altre è una delle domande più ricorrenti nell'ecologia delle invasioni. Gli obiettivi del presente studio sono stati: 1) analizzare i cambiamenti giornalieri del tasso relativo di crescita (RGR) durante le prime fasi di crescita di tre specie aliene invasive (IAS) [*Ailanthus altissima* (Mill.) Swingle (AA), *Phytolacca americana* L. (PA) e *Robinia pseudoacacia* L. (RP)]; 2) definire la relazione tra RGR e la temperatura media giornaliera per ciascuna specie considerata. Queste specie sono considerate tra le specie più invasive in Italia e largamente distribuite nella città di Roma, dove rappresentano una grave minaccia per la biodiversità locale, le attività socio-economiche e per la salute umana. Le piante sono state coltivate all'aperto nel Giardino Sperimentale dell'Università La Sapienza. Le misure sono effettuate periodicamente ed è stata monitorata l'altezza (H, cm), il numero di foglie prodotte (LN, n), l'area fogliare (LA, cm<sup>2</sup>) e la temperatura dell'aria. Data la forma asintotica dei parametri, è stata utilizzata la funzione logistica a tre parametri per descrivere le variazioni di H, LN e LA in funzione del tempo. Inizialmente è stata identificata la migliore funzione non lineare che descriveva la relazione tra il tasso relativo di crescita (RGR, cm cm<sup>-1</sup> d<sup>-1</sup>), il tasso relativo di produzione del numero di foglie (LPR, n n<sup>-2</sup> d<sup>-1</sup>), il tasso relativo di produzione dell'area fogliare (LAPR, cm<sup>2</sup> cm<sup>-2</sup> d<sup>-1</sup>) e la temperatura, utilizzando la funzione Curve Finder di CurveExpert 1.4. Dopo aver determinato il modello che descriveva le relazioni target all'interno di ogni parametro, è stata eseguita una convalida incrociata

del modello su sottoinsiemi casuali del dataset originale, stratificato per specie. Ad ogni esecuzione il modello è stato calibrato sul 70% dei dati di input e la sua accuratezza predittiva valutata sul restante 30% dei dati mediante regressione lineare (ovvero il coefficiente di correlazione tra i valori previsti e quelli osservati). Ad ogni esecuzione, i parametri del modello sono stati stimati separatamente per ciascuna specie utilizzando la funzione nlsList (pacchetto nlme R). L'operazione è stata ripetuta 10 volte e successivamente sono state selezionate tre temperature (13-18-23 °C) al fine di confrontare le specie fra loro. Le relazioni tra H, LN e LA nel tempo sono state descritte dal modello gaussiano. I modelli hanno mostrato una buona capacità di previsione con coefficienti di correlazione compresi tra R<sup>2</sup>=0,71 e 0,80. I risultati hanno mostrato una diversa strategia di crescita tra le tre specie. PA ha mostrato il valore di RGR più elevato mentre AA e RP seppur con differenze temporali, hanno evidenziato un trend di crescita simile. Tuttavia, c'è stata una tendenza inversa tra RGR ed i parametri fogliari. Sono state riscontrate differenze significative tra le specie a 13-18-23 °C, per tutti i parametri considerati eccetto per LAPR a 23 °C tra AA ed RP. Nel confronto tra le specie si evidenzia la maggiore crescita in altezza di PA (RGR=0,067±0,001 cm cm<sup>-1</sup> d<sup>-1</sup>, valore medio) che suggerisce una maggiore competizione per la luce nelle fasi iniziali in quanto specie erbacea. AA e RP hanno mostrato tuttavia valori più alti di LPR (rispettivamente, 0,0158±0,0006 e 0,0117±0,0006, n n<sup>-2</sup> d<sup>-1</sup>) e LAPR (rispettivamente, 0,0121±0,0008 e 0,0108±0,0008 cm<sup>2</sup> cm<sup>-2</sup> d<sup>-1</sup>). Pertanto, AA e RP, essendo specie arboree con un ciclo di vitale più lungo, probabilmente, cercano di competere per la luce diversamente, cioè occupando lo spazio investendo nell'organizzazione della struttura fogliare. La capacità produttiva di una specie è determinata dalla sua efficienza nell'uso delle risorse che viene messa in evidenza, in particolare, dal suo RGR. L'RGR risulta essere un parametro utile per predire le distribuzioni e l'abbondanza delle specie e per comprendere i meccanismi che regolano la coesistenza nelle comunità vegetali. Inoltre, risulta di notevole importanza, avere una migliore comprensione e capacità di prevedere effetti interattivi tra più specie invasive, in quanto contribuirà a migliorare le decisioni gestionali di più specie.



## Saperci fare. Un contributo antropologico alla salvaguardia della biodiversità agropastorale

Broccolini A.<sup>1\*</sup>, Di Giovannantonio C.<sup>2</sup>, Padiglione V.<sup>1</sup>, Quadraccia D.<sup>1</sup>, Tacchi L.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Psicologia e Processi di Sviluppo e Socializzazione, Sapienza Università di Roma

<sup>2</sup>Agenzia Regionale per lo Sviluppo e l'Innovazione in Agricoltura Lazio

\*Autore corrispondente: [alessandra.broccolini@uniroma1.it](mailto:alessandra.broccolini@uniroma1.it)

Parole chiave: antropologia, saperi, salvaguardia, biodiversità, patrimoni culturali immateriali

In che modo la biodiversità "coltivata" può giocare un ruolo in quanto patrimonio consapevole in un processo di risignificazione dei luoghi e servire a territori e comunità a frenare lo spopolamento e a ricostruire un senso di appartenenza ai territori? Quali sono i suoi punti di forza e quali esempi possiamo trarre dall'esperienza degli ultimi anni? Che ruolo giocano in questo senso i saperi "tradizionali", intesi come saperi stratificati e sedimentati nel lungo periodo e trasmessi nella memoria e nella pratica? E quali nuovi saperi la biodiversità coltivata produce? Partendo da una ricerca di lungo corso – che ha già prodotto il volume "Saperci Fare. Capitale culturale e biodiversità agraria nel Lazio" (2018) – commissionata a Sapienza da ARSIAL (Agenzia Regionale per lo Sviluppo e l'Innovazione in Agricoltura), coordinata da Vincenzo Padiglione e Alessandra Broccolini e focalizzata sulle pratiche di agricoltura e di allevamento di risorse genetiche animali e vegetali autoctone del Lazio a rischio di erosione genetica, l'intervento si propone di riflettere sul ruolo che i saperi locali giocano oggi nella salvaguardia della biodiversità, delle comunità e dei luoghi ad essa connessi. Al riconoscimento portato dalla *Convenzione sulla biodiversità* (1992) si è affiancato su scala planetaria, come è noto, un vasto movimento di riappropriazione etico e politico che ha connesso i diritti dei piccoli agricoltori e allevatori, ai quali è associata la nascita di un movimento di neoruralismo, con quelli delle comunità indigene nella preservazione delle terre e delle specie viventi, contro l'omologazione genetica e i poteri delle multinazionali dei semi. Ma se agronomi, genetisti, agricoltori e militanti hanno sviluppato in tutto il mondo molti progetti e azioni che vanno in questa direzione, non sono state ancora esplorate riflessivamente le esperienze locali in un'ottica etnografica orientata verso i patrimoni culturali immateriali, ovvero nella microscala in rapporto agli stili di vita locali ed ai saperi tradizionali, per ragionare sulle strade percorse, quali soggetti, quali nuove "comunità patrimoniali" sono nati intorno alla biodiversità coltivata e capire se queste hanno inciso sul piano locale con effetti di ricaduta sulla coscienza del luogo, sul "restare" e sulla attivazione di circuiti

economici di mercato. Da questo punto di vista il "paradigma patrimoniale" ci consente cattdi vedere la connessione forte che esiste tra biodiversità coltivata, "patrimonio culturale immateriale" e "comunità patrimoniali", attraverso le pratiche sociali, i saperi e i saper fare tradizionali. A rendere necessaria e urgente la ricerca etnografica è dunque la trasformazione radicale a livello ecologico, demografico, economico e sociale che sta investendo le comunità detentrici dei saperi produttivi, estetici ed effettivi relativi al rapporto uomo-natura. Questi mutamenti rischiano di produrre effetti negativi a cascata. Soprattutto stanno facendo perdere definitivamente quelle conoscenze popolari che sono fondamentali per la salvaguardia della biodiversità agropastorale, in quanto di fatto hanno contribuito a formarla, orientarla, garantirne la sopravvivenza. Nelle battaglie agronomiche e ambientaliste si sottovaluta spesso il contributo che alla conservazione della biodiversità naturale e agraria possono arrecare le conoscenze tradizionali di contadini e pastori. Eppure è grazie al recupero dei loro saperi, ad un tempo pratici e simbolici, che si può meglio pervenire ad una visione scientifica olistica integrativa di sorveglianza e cura del territorio, incorporata e mai disgiunta dalle pratiche di manutenzione, come di produzione. La biodiversità viene a formare un assetto originale, parte essenziale del paesaggio. Nel Lazio insistono pratiche agricole e pastorali che rischiano ogni giorno di apparire residuali, con il risultato di cancellare peculiari identità culturali e *know-how* produttivi di lunga durata storica che potrebbero essere, con i necessari *restyling* comunicativi e organizzativi, ben riutilizzati come retroinnovazioni nel presente e nel prossimo futuro di imprese locali.

### Bibliografia

- A+U 2015. Saperci fare. *AM-Antropologia Museale*, 34/36, 145-148.  
Broccolini e al. 2018. *Paesaggi instabili*, 37-46.  
Padiglione, a cura, 2018. Saperci fare. *Capitale culturale e biodiversità agraria nel Lazio*.  
Padiglione, 2015. Il Postagricolo e l'antropologia, *AM-Antropologia Museale*, 34/36, 3-4.

## Biodiversità e agricoltura: potenzialità del Monferrato astigiano

Devecchi M., Nicola S.\*

Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari, DISAFA, Università di Torino, Largo Braccini 2, 10095 Grugliasco (TO)

\*Autore corrispondente: [silvana.nicola@unito.it](mailto:silvana.nicola@unito.it)

Parole chiave: paesaggio rurale, produzioni tipiche, territorio, Piemonte

L'Italia si caratterizza per paesaggi agrari di eccezionale valore da un punto di vista della particolarità delle tecniche agronomiche messe a punto nel corso dei secoli – con particolare riferimento alle sistemazioni idraulico-agrarie – ma soprattutto per la ricchezza da un punto di vista coltivariale delle produzioni agrarie. La realtà Piemontese - ed astigiana in particolare - rientra a pieno titolo in questa tipologia di eccellenze con produzioni di pregio che hanno da sempre trovato apprezzamento a livello internazionale. In tempi recenti sono state avviate azioni - tanto a livello comunitario che nazionale – con misure specifiche per la salvaguardia e il miglioramento in termini ecologici degli agro-ecosistemi e per la tutela e promozione della biodiversità delle produzioni agrarie. Tra le esperienze virtuose intraprese nel nostro Paese per la conoscenza e la conservazione del “Paesaggio agrario storico-tradizionale” rientra indubbiamente l'istituzione da parte del Ministero delle politiche agricole, alimentari e forestali, con Decreto n. 17070 del 19 novembre 2012, del Registro nazionale dei paesaggi rurali di interesse storico, delle pratiche agricole e delle conoscenze tradizionali. La significatività di un paesaggio rurale deve essere intesa come l'insieme dei valori storico-culturali espressi, che nel caso dei paesaggi tradizionali è connessa soprattutto alla nozione di persistenza storica nella struttura degli usi del suolo e degli ordinamenti colturali. A livello internazionale, grande importanza riveste l'attività svolta dall'UNESCO sugli specifici temi della conservazione della biodiversità e qualità dei paesaggi, attraverso il riconoscimento di valore mediante l'istituzione dei MAB (*Man and the Biosphere*). Nella realtà piemontese ha trovato un importante riconoscimento MAB la “Riserva della Biosfera Collina Po”. L'altro caposaldo dell'UNESCO in questo contesto è rappresentato dal riconoscimento di valore universale, attraverso l'inserimento nella *World Heritage List*. I paesaggi vitivinicoli di Langhe-Roero e Monferrato hanno ricevuto questo importante riconoscimento nel 2014. Essendo la biodiversità agraria il fulcro portante di qualità, varietà e

specificità dei diversi paesaggi italiani, il legislatore ha voluto riconoscerne formalmente l'importanza nella Legge n. 194 del 2015 sulla “Biodiversità agricolo-alimentare”. In ambito enologico nel contesto astigiano sono ampiamente note ed apprezzate numerose ed importanti produzioni di vini a denominazione di origine: DOC e DOCG. Non meno importanti sempre nell'Astigiano appaiono i PAT, Prodotti agroalimentari tradizionali, e i prodotti a Denominazione comunale De.Co. L'Astigiano vanta anche una straordinaria capacità di utilizzo in campo culinario delle produzioni agroalimentari locali con azioni di promozione della cultura e delle tradizioni del mondo contadino che trovano un interessante riscontro anche nella fitoalimurgia. Infine, esempi concreti di salvaguardia del germoplasma agrario nella realtà astigiana esistono e rappresentano una dimostrazione concreta di ciò che si può effettivamente fare per preservare un patrimonio genetico di rilevante importanza. Le promettenti opportunità offerte dalla rete internet per far conoscere e promuovere in modo agevole anche piccole produzioni agroalimentari di eccellenza, così come il continuo miglioramento dei sistemi della logistica per movimentare e consegnare facilmente a grandi distanze i prodotti, aprono scenari nuovi ed incoraggianti anche per piccole realtà aziendali strettamente legate ai valori del territorio. Il tema della biodiversità di interesse agricolo e alimentare è indubbiamente un fattore strategico per lo sviluppo del nostro Paese, e nello specifico della realtà astigiana. Attende, peraltro, di essere adeguatamente valorizzato assieme ad altri importanti elementi di eccellenza del complesso quadro del paesaggio locale. Un paesaggio – quello dei territori interni del nostro Paese - che grazie alle innovazioni telematiche, legate in particolare al lavoro agile, potrà divenire una preziosissima opportunità per rivitalizzare e soprattutto ripopolare queste realtà. Occorre, quindi, procedere convintamente alla stesura di un apposito piano strategico che veda nel settore agricolo e nelle produzioni tipiche e di eccellenza un punto importante e qualificante.

## L'etnobotanica come strumento di indagine per evidenziare le culture tradizionali abbinate alle varietà locali: il caso studio dell'Italia settentrionale

Rossi G.<sup>1\*</sup>, Canella M., Ardenghi N.M.G.<sup>1</sup>, Tempesti S., Ravasio A.<sup>1</sup>, Rozzarin G.<sup>1</sup>, Scalora M.<sup>1</sup>, Lodetti S.<sup>1</sup>, Dolci R.<sup>2</sup>, Ronchi L.<sup>3</sup>, Fontana M., Guzzon F.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Università di Pavia

<sup>2</sup>Comunità Montana Valchiavenna (SO)

<sup>3</sup>Regione Lombardia D.G. Agricoltura

<sup>4</sup>CIMMYT Messico

\*Autore corrispondente: [graziano.rossi@unipv.it](mailto:graziano.rossi@unipv.it)

Parole chiave: biodiversità, landrace, semi, banche del germoplasma, tecniche agronomiche

Le risorse fitogenetiche locali di ambito agronomico possono avere un profondo legame con le tradizioni gastronomiche del territorio ove storicamente crescono, tanto da essere solitamente collegate a ben definiti usi, in primis piatti della cucina, tanto da identificarsi spesso con sapori e profumi unici e in genere evocativi delle abitudini e tempi passati. Per chiarire questo legame è di fondamentale importanza effettuare studi etnobotanici su queste piante, prima che scompaiano dall'uso quotidiano, anche perché ormai patrimonio esclusivo o quasi di persone anziane, con il rischio di perdere queste importanti conoscenze, in genere non trasmesse o solo oralmente. L'Etnobotanica è la scienza che studia le relazioni che intercorrono tra le risorse vegetali e le comunità umane da cui queste piante sono coltivate, raccolte e consumate. Si tratta quindi di una scienza multidisciplinare che si pone come punto di incontro tra la Botanica e l'Antropologia. La caratterizzazione etnobotanica degli usi di queste piante è quindi fondamentale anche per definire la diversità culturale, oltre che colturale, intrinsecamente contenuta in tutti i prodotti delle cucine locali. Negli ultimi 50-60 anni si è assistito non solo all'estinzione in Italia, e in genere soprattutto nei paesi fortemente sviluppati economicamente, di molte colture e prodotti locali, ma anche alla scomparsa di usi, tradizioni e prodotti che connettevano queste varietà coltivate con le comunità locali, in particolare a seguito dell'abbandono delle coltivazioni, per lo più sotto forma di orti famigliari, da parte di pensionati in genere e donne in particolare, normalmente dedite a tale pratica, accentuata poi nell'ultimo anno dalle conseguenze della pandemia da Covid 19, che ha colpito soprattutto la fascia degli anziani over 70. Allo stesso tempo e molto di recente (circa 20 anni), in alcune aree e per alcune entità vegetali tradizionali

locali si sta osservando, dopo decenni appunto di erosione genetica e scomparsa, ad un recupero e valorizzazione delle tradizioni culinarie del passato, alla ricerca di "antichi sapori"; ciò spesso comporta, anche in assenza di un mercato efficace e di un circuito di scambio legale, una ricerca spesso spasmodica delle sementi, però, oltre alla difficoltà a reperirle, anche a coltivarle e addirittura utilizzarle al meglio in cucina, perché con esse sovente sono state dimenticate le tecniche sia agronomiche che culinarie. Allo stesso tempo è necessario recuperare e interfacciare le informazioni deducibili dalla letteratura sia scientifica che più spesso della pratica agronomica e anche legata alla descrizione delle tradizioni e usi contadini locali. Pertanto, nello studiare e recuperare le sementi delle *landrace* e altre entità assimilabili è necessario intervistare i donatori dei semi, mediante l'uso di appositi questionari, elaborare le informazioni ed archivarle nei data base che nelle banche del germoplasma accompagnano le varie accessioni, oltre ad un attento esame della letteratura, anche informale e non strettamente di settore. Mentre questo è valido ovunque, appare essenziale nei casi, come quello qui illustrato, dove ormai queste pratiche sono sempre meno diffuse e legate alla testimonianza di poche persone e verosimilmente si perderanno con esse. Questa pratica, del resto, viene suggerita anche dalle Linee Guida nazionali del MIPAAF (2013) e ha trovato una valida applicazione pratica a livello di EU e nazionale nella definizione delle caratteristiche ed informazioni che accompagnano l'iscrizione a strumenti di individuazione e conservazione, come le norme relative alle così dette Varietà da Conservazione e all'Anagrafe Nazionale di cui alla L.n. 194/2015.



## Biodiversità culturale dei vitigni nelle aree interne: dall'Enotria alla Valle Rotaliana

Del Lungo S.

CNR, ISPC (Istituto di Scienze del Patrimonio Culturale), S.S. Potenza, c.da S.ta Loja, z. ind.le Tito scalo, 85050, Tito (PZ)

Autore corrispondente: stefano.dellungo@cnr.it

Parole chiave: biodiversità, cultura, vite, mesogaia, paesaggi

L'apertura è dedicata alla declinazione dei concetti di *cultural* e *historical biodiversity*, recuperati dalle proposizioni concordate ed emanate nelle convenzioni internazionali. L'entroterra, esaminato nelle linee contenute nel concetto di *mesogaia* formulato nell'Antichità classica per regioni geografiche e culturali separate dalla Magna Grecia, comprende spazi non necessariamente lontani dalla fascia costiera o chiusi ai contatti ma di certo geograficamente circoscritti e facili da identificare grazie ad elementi significativi e a caratteri specifici (altopiani, avvallamenti, bacini, corsi d'acqua). Sono talvolta delimitati da barriere orografiche (montagne, dirupi, gole, strettoie) oppure sono semplicemente distanti dalle principali vie di comunicazione, qualificandosi pertanto quali 'aree interne' secondo il principio elaborato nell'ultimo Programma Quadro Horizon2020 ed assunto dalla relativa Strategia Nazionale di intervento. La conformazione fisica e la posizione di questi spazi hanno un riflesso immediato sulla biodiversità accolta, ne influenzano l'evoluzione e costituiscono il motivo principale per assicurarne la conservazione. La vite simboleggia la biodiversità agricola e culturale che in simili contesti ha conservato le varietà, è stata meno esposta ad intrusioni indotte da esigenze di mercato, ha anzi disposto di tempi lunghi per sperimentarne e apprezzarne le peculiarità, sedimentando le conoscenze, e ha lasciato un'impronta nei profili genetici e nelle denominazioni. Questa si mantiene nel momento in cui il vitigno esce da quei confini e lo accompagna nel cammino che lo porterà a diffondersi altrove o a generare ulteriori nuove varietà. Talvolta gli lascerà il posto, facendo anche perdere le sue tracce, e quest'ultimo disegnerà la produzione, il paesaggio e la cultura viticola di un nuovo territorio, come riconosciuto e definito nell'art. 1 della L. 12 dicembre 2016 n. 238. Di seguito si prendono in esame quattro esempi diversi di contesti geografici e culturali. L'*Enotria* è per la vite il corrispettivo

archeologico e storico-culturale su scala interregionale del concetto genetico di Centro di Domesticazione Varietale. All'interno si assumono due aree campione, costituite dal Massiccio del Pollino con l'annesso bacino idrografico del Sinni e dall'alta Val d'Agri, esplorate dal progetto *Basivin\_SUD* (2008-2015) e quindi in grado di fornire un dettaglio di biodiversità viticola e ambientale altrove spesso mancante. L'Umbria (le colline di Montefalco) e il Trentino (la Valle Rotaliana), al centro e all'estremità opposta della penisola italiana, spostano l'attenzione al di fuori ma solo in apparenza. Oltre a fornire realtà geografiche e culturali interne diverse, esprimono attraverso i vitigni di riferimento (rispettivamente Sagrantino, n. e Teroldego, n.) due generi di relazione con l'Italia montana, accomunati da percorsi e modalità simili nella diffusione e nella conservazione di una biodiversità viticola che diventa peculiarità produttiva. Ogni varietà citata è presa in esame mettendo in relazione e a confronto, in contemporanea, l'espressione molecolare del relativo profilo a 13SSRloci, la denominazione, il dato documentale ad essa direttamente e indirettamente correlato e il contesto storico e culturale di riferimento nelle aree di origine, nei luoghi attraversati e nelle sedi definitive di stanziamento.

### Bibliografia

Del Lungo. *Atti del XLVI Convegno storico internazionale*, (Todi, 10-15 ottobre 2009), Spoleto 2010, tomo I, pp. 193-291, tavv. I-XVI.

Del Lungo 2019. *AvidScience*. pp. 2-25.

De Lorenzis et al. 2019. *BMC PlantBiology*, 19, 7, 1-15.

Il Progetto Basivin\_SUD. *Recupero e valorizzazione delle principali varietà locali e dei vitigni autoctoni minori in Basilicata*, a cura di V. Alba et al. Bari 2015.

Teroldego, un autoctono esemplare. *Atti del Convegno* (Mezzolombardo, TN, 7 maggio 2004), a cura di AA.VV., Mezzolombardo (TN) 2006.

## Qualità alimentare e sociologica nelle filiere corte: dal punto di vista del produttore a quello del consumatore

Acella M.<sup>1</sup>, Petrini A.<sup>1\*</sup>, Ertani A.<sup>1</sup>, Bulgari R.<sup>1</sup>, Sebők A.<sup>2</sup>, Nicola S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari (DISAFA), Università di Torino, Largo Braccini 2, 10095 Grugliasco (TO)

<sup>2</sup>Campden BRI Magyarország Nonprofit Kft, 1096 Budapest, Haller str 2, Hungary

\*Autore corrispondente: [alice.petrini@unito.it](mailto:alice.petrini@unito.it)

Parole chiave: filiere corte, consumatori, produttori, filiere alternative

Le filiere corte rappresentano un sistema di distribuzione alimentare caratterizzato da un numero ridotto di passaggi e intermediari tra il produttore e il consumatore e da una distanza tra la produzione e il consumo di un raggio limitato, secondo le normative nazionali. La definizione è stata stabilita in tempi relativamente recenti con il Regolamento Europeo 2013/1305. Il crescente interesse per tali realtà è dovuto a molteplici fattori, come l'avvicinamento della domanda all'offerta, la riduzione dei costi e la possibilità di instaurare un rapporto di fiducia tra le due parti. Inoltre, esse rappresentano uno strumento per valorizzare biodiversità e tradizione culturale, presente in diverse filiere corte. In questo lavoro si è indagato quali caratteristiche rendano un prodotto da filiera corta "di qualità" agli occhi del consumatore, per permettere una maggiore comprensione della complessità delle filiere corte e della loro popolarità. Inoltre, si è cercato di capire se il concetto di qualità per i consumatori corrisponda a quella per i produttori. Infatti, il concetto di qualità è estremamente ampio e nell'ambito delle filiere corte si riferisce tanto alle caratteristiche tangibili del prodotto finale, quanto all'impatto sociologico derivante dalla realizzazione e dall'acquisto del prodotto stesso. Per identificare i criteri di qualità sono stati studiati venti casi studio di filiere corte all'interno del progetto europeo "Smartchain" (SMARTCHAIN H2020), provenienti da nove Paesi europei; in particolare, sono stati analizzati questionari dei singoli casi studio, dai quali sono stati ricavati 18 criteri, individuati e selezionati sulla base delle risposte dei produttori sui propri punti di forza: Località, Stagionalità, Fatto in casa, Assenza di additivi, Tecnologie di conservazione, Composizione modificata, Produzione biologica, Indicazione geografica, Assortimento, Interazione, Personale professionalmente formato, Trasparenza, Personale fragile, Salvaguardia della tradizione, Sostegno aree svantaggiate, Benessere animale, Spreco alimentare e Sostenibilità ambientale. Nella totalità dei criteri, è possibile notare l'importanza attribuita a valori quali la località del prodotto, la tradizione e la caratterizzazione di specifiche aree geografiche e di processi produttivi tradizionali, attributi che

sottolineano l'importanza della biodiversità alimentare. I diciotto criteri sono stati in seguito sottoposti a un campione di consumatori, tramite un questionario online, in cui erano chiamati ad indicare se tali criteri rappresentassero elementi di qualità per un prodotto alimentare nell'ambito delle filiere corte. I risultati ottenuti sono stati analizzati statisticamente. L'analisi delle corrispondenze condotta ha evidenziato come quindici dei diciotto criteri siano considerati elementi di qualità e, di conseguenza, come la percezione del produttore sia concorde con quella del consumatore. Tecnologie di conservazione, Assortimento e Composizione modificata non sono stati valutati come criteri di qualità. Per i criteri Sostegno aree svantaggiate, Benessere animale, Spreco alimentare e Sostenibilità ambientale, i quesiti sono stati proposti anche in chiave economica ("Saresti disposto a spendere di più per ...?") e in tutti e quattro i casi è prevalso il consenso dei consumatori. L'analisi bibliografica, volta a verificare la coerenza dei risultati dell'indagine con la letteratura scientifica già esistente, ha contribuito a fornire una possibile interpretazione degli esiti ottenuti. È emerso che il consumatore percepisce la qualità di un prodotto alimentare attraverso diversi fattori; in particolare, i prodotti venduti presso le filiere corte sono associati ad alimenti poco lavorati, e, al tempo stesso, i criteri d'impatto sociologico sono percepiti come particolarmente importanti. Considerando quest'ultima considerazione, le filiere corte hanno il potenziale per assumere un ruolo strategico nell'individuazione e promozione della diversità culturale ed alimentare (Ponte, 2016). Dall'indagine è emerso che gli aspetti di salvaguardia della biodiversità, intesa come tradizione culturale ed alimentare, stanno assumendo un ruolo di primaria importanza tanto per il produttore quanto per il consumatore, al fine di preservare la diversità che caratterizza il mercato agro-alimentare europeo.

### Bibliografia

SMARTCHAIN H2020, Call:H2020-SFS-2016-2017, Topic SFS-34-2017, Proposal n. 773785-2.  
Ponte 2016. *Journal of Rural Studies*, 44(4), 12-23.

## Diversità bioculturale in *Juglans regia* (L.) e *Castanea sativa* (Mill.) attraverso l'Eurasia

Pollegioni P.<sup>1\*</sup>, Del Lungo S.<sup>2</sup>, Müller R.<sup>3</sup>, Woeste K.E.<sup>4</sup>, Chiocchini F.<sup>1</sup>, Clark J.<sup>5</sup>, Hemery G. E.<sup>6</sup>, Mapelli S.<sup>7</sup>, Villani F.<sup>1</sup>, Malvolti M.E.<sup>1</sup>, Mattioni C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>CNR-Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi Terrestri, Porano, Terni

<sup>2</sup>CNR-Istituto di Scienze del Patrimonio Culturale, Tito Scalo, Potenza

<sup>3</sup>Unità di Entomologia, Dipartimento di Scienze Biomediche, Istituto di Medicina Tropicale, Anversa, Belgio

<sup>4</sup>U.S.D.A. Forest Service, Hardwood Tree Improvement and Regeneration Center, Department of Forestry and Natural Resources, Purdue University, West Lafayette, Indiana, USA

<sup>5</sup>Future Tree Trust, Stroud, Gloucestershire, Regno Unito

<sup>6</sup>Sylva Foundation, Little Wittenham, Oxfordshire, Regno Unito

<sup>7</sup>CNR- Istituto di biologia e biotecnologia agraria, Milano

\*Autore corrispondente: [paola.pollegioni@cnr.it](mailto:paola.pollegioni@cnr.it)

Parole chiave: *population genetics, human linguistic diversity, anthropogenic processes, trees, biocultural diversity*

Lo studio della diversità bioculturale nelle piante è un approccio dinamico ed integrato che unisce dati della biologia delle piante e processi di dispersione del germoplasma con informazioni sulla diversità culturale e linguistica tra comunità umane. Questi fattori sono inter-correlati in quanto le piante co-evolvono all'interno di un complesso sistema socio-ecologico sia su scala globale che locale (Gavin et al. 2015; Maffi, 2005). Negli ultimi dieci anni, questa visione olistica ha iniziato ad emergere, interconnettendo le relazioni umane e i fattori sociali con lo sviluppo di nuove strategie di conservazione in genetica del paesaggio ed ecologia urbana (Elands et al. 2019). Lecler ed Coppens d'Eeckenbrugge (2012) hanno modificato la classica formula genoma (G) x ambiente (E) (G x E) con un modello a tre vie in cui le piante sono considerate oggetti sociali (S). Un numero crescente di studi ha identificato fattori sociali e barriere etnolinguistiche quali *drivers* principali per la diversità genetica in specie coltivate. Tuttavia, solo pochi studi pionieristici hanno rivelato quali forze sociali influenzano la diversità delle piante e le loro modalità di dispersione su scala continentale. Una forte coincidenza geografica tra barriere etnolinguistiche, usate come misura delle differenze culturali umane, e la struttura genetica di popolazioni è stata individuata nel sorgo e miglio perlato in Africa, banana e patate dolci in Oceania e nel baobab in Australia. L'integrazione di evidenze genetiche con dati linguistici (es. movimento di parole correlate tra loro) ha permesso di chiarire manipolazioni complesse e *pathways* di dispersione ad opera dell'uomo di tali piante e definire il ruolo dell'antropologia culturale sulla loro diversificazione genetica. Poco sappiamo su come la diversità etnolinguistica ed i processi culturali possano aver influito sull'evoluzione e la distribuzione di specie arboree con una lunga storia di uso, quali il noce comune semi-domesticato (*Juglans regia* L.) e il

castagno domesticato (*Castanea sativa* Mill.). Entrambe le specie sono economicamente importanti, con antichi significati simbolici e religiosi nelle culture Mediterranee ed Asiatiche che durano nel tempo. In questo studio, l'analisi di due larghe collezioni, uniche al mondo, di 91 popolazioni naturali di *J. regia* e 73 di *C. sativa* ci ha dato l'opportunità di fornire un quadro ampio e comparativo della diversità bioculturale del noce comune e del castagno attraverso l'Eurasia. Abbiamo valutato l'impatto di barriere etno-linguistiche tra comunità umane nel disegnare le risorse genetiche di noce e castagno in Eurasia. A causa della lunga interazione tra uomini e germoplasma, abbiamo trovato una congruenza spaziale tra *hotspot* di diversità genetica in noce e castagno e ricchezza nelle forme linguistiche correlate ai loro nomi. Il nostro approccio basato sull'integrazione di dati archeologici, linguistici e genetici supporta chiaramente il ruolo delle comunità umane nella dispersione di noce e castagno attraverso l'Eurasia dopo l'ultima Glaciazione, a partire dall'Olocene Medio e Tardivo (Era del Bronzo) in poi, fino alle prime evidenze di selezione attiva e propagazione clonale per innesto. I nostri dati evidenziano come sia essenziale un'integrazione efficiente dei fattori culturali e sociali nel modello classico genoma (G) x ambiente (E) e l'urgenza di una sistematica applicazione del concetto di diversità bioculturale nella ricostruzione della storia evolutiva di specie arboree.

### Bibliografia

- Elands et al. 2019. *Urban Forestry & Urban Greening*, 40, 29-34.  
Gavin et al. 2015. *Trends in Ecology & Evolution*, 30, 140-145.  
Lecler et al. 2012. *Diversity*, 4(1), 1-32.  
Maffi 2005. *Annual Review of Anthropology*, 34(3), 599-617.

## Biodiversità frutticola in basilicata: il progetto “Frutti di casa”

Gatto A., Figliolo G., Montanaro G.\*, Favia M.F., dell'Aglio M., Marchionna C., Amato D., Nuzzo V.

Dipartimento delle Culture Europee e del Mediterraneo: Architettura, Ambiente, Patrimoni Culturali, Università della Basilicata, via Lanera, 20 – 75100 Matera

\*Autore corrispondente: giuseppe.montanaro@unibas.it

Parole chiave: Moraceae, Rosaceae, Oleaceae, Vitaceae

Fino agli anni '70 del secolo scorso, paesi e villaggi della regione Basilicata erano circondati da appezzamenti di terreno destinati alla produzione di prodotti alimentari quotidiani, come ad esempio ortaggi e frutta (Rossi Doria, 1963). All'interno di questi appezzamenti era ampia la tipologia delle piante coltivate, sia erbacee sia arboree, potendo così fornire cibo per quasi tutte le stagioni dell'anno. Il progetto “Frutti di Casa”, finanziato dal PSR 2014-2020 della Regione Basilicata, ha indagato l'entità, lo stato di conservazione, gli usi ed alcuni servizi ecosistemici relativi alle piante arboree da frutto. L'indagine è stata svolta in alcuni Comuni della Basilicata scelti sulla base del tipo di agricoltura prevalente (intensiva, o a prevalente monocultura, e estensiva in cui prevale la coltura promiscua ad esempio seminativo arborato o arboreto promiscuo). Le specie oggetto di studio sono state: fico (*Ficus carica* L.), gelso (*Morus alba* L., *Morus rubra* L., *Morus nigra* L.), ciliegio (*Prunus avium* L.), mandorlo (*Prunus dulcis* (Mill.) D.A.Webb 1967 = *Prunus amygdalus* Batsch = *Amygdalus communis* L.), pesco (*Prunus persica* (L.) Batsch), susino (*Prunus domestica* L.), olivo (*Olea europaea* L.); melo (*Malus domestica* Borkh), pero (*Pyrus communis* L.) e vite (*Vitis vinifera* L.). Per ogni specie è stata preparata una specifica lista di descrittori (Bellini et al. 2008). Nei Comuni in cui ricadevano le specie esaminate (Bernalda, Chiaromonte, Rotondella, Ruoti, San Mauro Forte, Tolve, Tursi, Valsinni), alcuni anziani agricoltori, scelti come testimoni privilegiati, sono stati intervistati secondo uno schema che mirava ad individuare: denominazioni varietali, usi ed esemplari ancora presenti sul territorio. Ogni esemplare è stato geo-referenziato e successivamente osservato, durante la stagione vegetativa, per il rilievo dei descrittori morfo-fisiologici della varietà. Inoltre, un campione rappresentativo di foglie (35-40) poste nella parte centrale di germogli ben esposti alla luce e senza sintomi apparenti di fisiopatie è stato prelevato da tutti i lati della pianta tra la fine di giugno

ed inizio luglio. Alla maturazione, un campione rappresentativo di frutti (30-40) è stato raccolto per una successiva analisi di parametri qualitativi e carpologici. Parallelamente all'indagine biologico-agronomica è stata portata avanti una ricerca delle fonti storico-linguistiche legate al territorio, alla specie o alla varietà/accessione in osservazione. Sono state recuperate 25 accessioni di fico, 3 accessioni di gelso bianco, 3 accessioni di gelso rosso ed 1 di gelso nero, 7 accessioni di ciliegio, 2 accessioni di mandorlo, 1 accessione di pesco, 2 accessioni di susino, 29 accessioni di olivo, 5 accessioni di melo, 25 accessioni di pero e 43 accessioni di vite. Nel gruppo di accessioni recuperate sono state identificate alcune sinonimie sia all'interno della stessa specie che fra specie diverse, ad esempio “Justa” è un termine utilizzato a Chiaromonte, per la nomina di una accessione di olivo ed una di fico. Elevata è stata la variabilità morfologica delle accessioni recuperate, ad esempio il peso fresco dei siconi di fico variava da 23 a 98 g per frutto, mentre il frutto del gelso bianco variava da 2 g fino a circa 5 g. Variabilità simile era anche misurata su pero, vite e olivo.

### Bibliografia

Bellini et al. 2008. *Le specie arboree da frutto: Liste dei caratteri descrittivi*. ARSIA. Firenze. Press Service srl., 1067 pp.

Rossi 1963. *Memoria illustrativa della carta di utilizzazione del suolo della Basilicata* (fogli 16, 17 e 19 della Carta della utilizzazione del suolo d'Italia). CNR. 131 pp.

### Ringraziamenti

Lavoro finanziato nell'ambito del progetto “Frutti di Casa”, PSR 2014-2020 della regione Basilicata, sottomisura 10.2. CUP C16C18000210008. Si ringraziano inoltre gli agricoltori, le associazioni Musei, Tradizioni, Territorio di San Mauro Forte, Borgo della Scienza di Ruoti, Cooperativa Agricola 200 di Tolve, l'Az. Introcaso di Chiaromonte, SEI sul Sinni di Rotondella.

## Microbiodiversità e colture tradizionali: fermentati ed indicazioni geografiche, etnobiologia, etnomedicina, significato gastronomico e valore educativo

Capozzi V.<sup>1\*</sup>, Fragasso M.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari – Consiglio Nazionale delle Ricerche (ISPA-CNR), c/o CS-DAT, 71121 Via Michele Protano, Foggia

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Università di Foggia

\*Autore corrispondente: vittorio.capozzi@ispa.cnr.it

Parole chiave: alimenti, lieviti, batteri, indicazioni geografiche, tipicità

La fermentazione di materie prime edibili è stata per millenni una preziosa forma di conservazione degli alimenti, utile a migliorare la qualità igienico-sanitaria, sensoriale, nutrizionale e funzionale delle produzioni (Marco et al. 2017). Questo significato storico, spiega il fatto che un'importante parte del patrimonio enogastronomico tradizionale è rappresentata da alimenti e bevande fermentate (Capozzi et al. 2012). Ancora oggi, i processi fermentativi, dal latino *fervere*, indicano un complesso di biotecnologie microbiche tradizionali alla base di un vasto paniere di produzioni che si stima concorrano in ragione di un terzo al consumo complessivo di cibo (Vogel et al. 2011). Le matrici fermentate su scala globale possono essere complessivamente classificate in nove gruppi principali sulla base della natura delle materie prime utilizzate: (i) cereali fermentati, (ii) vegetali fermentati, (iii) legumi fermentati, (iv) fermentati radici/tuberi, (v) prodotti a base di latte fermentato, (vi) prodotti a base di carne fermentati e conservati, (vii) prodotti ittici fermentati, essiccati e affumicati, (viii) prodotti fermentati vari e (i) bevande alcoliche (Tamang et al. 2016). La biodiversità microbica ha un ruolo

fondamentale nel contribuire al 'contenuto tradizionale' dei prodotti fermentati e, al contempo, rappresenta un potenziale driver di innovazione sostenibile (Capozzi et al. 2020; Capozzi et al. 2021). La dimensione gastronomica dei processi fermentativi ed il significato etnobiologico ed etnomedico dei cibi fermentati tradizionali sono degli aspetti poco esplorati ed approfonditi. È presentata, a tal riguardo, una disamina delle informazioni presenti e un framework di riferimento orientato alle possibili prospettive future. Inoltre, è discusso il potenziale educativo associato a queste tematiche, anche alla luce delle fragilità che, in questo senso, sono state messe in luce dalla pandemia COVID-19.

### Bibliografia

- Marco et al. 2017. *Curr. Opin. Biotechnol.*, 44, 94–102.  
Capozzi et al. 2012. *World Patent Information*, 34, 229-231.  
Vogel et al. 2011. *Mol Nutr Food Res.*, 55, 654-662.  
Tamang et al. 2016. *Front Microbiol.*, 7, 377.  
Capozzi et al. 2020. *Microorganisms*, 8, 306.  
Capozzi et al. 2021. *Fermentation*, 7, 54.

## Il progetto BIONET e i saperi tradizionali dell'avicoltura veneta

Arduin M., Giannini G.\*

Veneto Agricoltura, Agenzia Veneta per l'innovazione nel settore primario, Viale dell'Università 14 Legnaro (PD)

\*Autore corrispondente: [michele.giannini@venetoagricoltura.org](mailto:michele.giannini@venetoagricoltura.org)

Parole chiave: risorse genetiche avicole, documentazione storica, Veneto

BIONET è l'acronimo del Programma riguardante la Rete regionale per la biodiversità di interesse agrario e alimentare del Veneto. Tra le diverse attività di conservazione ha avviato anche delle azioni complementari di indagine documentale e iconografica sulla biodiversità di interesse agrario e alimentare presente in Veneto. Nel caso degli avicoli parte della "memoria storica" negli anni si è persa, mentre le risorse genetiche, vecchie razze/popolazioni si continuano a ritrovare commercializzate in mercati locali, in aziende biologiche o agricoltori custodi improvvisati o collezionisti appassionati. Per cercare di accreditare tale biodiversità nascosta il progetto BIONET da gennaio 2018 a giugno 2019, ha avviato ulteriori indagini presso la Biblioteca internazionale "La Vigna" e "l'Archivio di Stato" di Vicenza individuando un protocollo operativo al fine di indagare le informazioni sulle diverse razze/popolazioni regionali di avicoli. Il presente lavoro è il risultato dell'indagine storica che ha permesso di raccogliere in modo ordinato e critico informazioni sull'autenticità di determinate risorse genetiche avicole e la loro presenza storica nel territorio regionale. Sono state trovate informazioni su anatre, polli, faraone ed oche. Tra le anatre comuni (*Anas platyrhynchos*) allevate e diffuse in regione troviamo la 'Anatra bianca locale' (o 'Polesana'), 'Duclair', 'Orpington fulva', 'Corritrice indiana',

'Pechino' e 'Kaki Campbell'. Era inoltre diffusamente allevata anche la 'Anatra Muta' (*Cairina moschata*), caratterizzata da una livrea nera lucente. Infatti, presso la Stazione Sperimentale di Pollicoltura di Rovigo il Prof. Taibell aveva costituito, già agli inizi del secolo scorso, una importante raccolta di anatre muschiate, o anatre mute, svolgendo particolari ricerche sul comportamento genetico di numerose particolarità del loro piumaggio. Tra le diverse colorazioni si ricordano la lilla, la seppia, la cucula e la Nera a testa bianca. Tra i polli (*Gallus gallus*) sono state trovate documentazioni su 'Argentata di Lonigo', 'Dorata di Lonigo', '5 dita', 'Brahama' ('Bramaputra'), 'Bresse', 'Cocincina fulva', 'Collo nudo', 'Cornish', 'Langshan', 'Malines', 'Coucou', 'New Hampshire', 'Nostranel', 'Orpington', 'Rhode Island Red', 'Padovana cuca' o 'Megiarola', 'Plymouth Rock barrata', 'Sussex', 'Valdarnese bianca', 'Valdarno' e 'Wyandotte'. Tra le faraone (*Numida meleagris*) venivano allevate la 'Paonata', 'Azzurra', 'Fulvetta', 'Bluetta' e 'Bianca'. Tra le oche informazioni sono state trovate sull'"Oca pezzata Veneta", diffusa nel nord est e grazie alla sua ottima rusticità in gran parte della pianura padana, dove era conosciuta come 'Oca pezzata' ed è divenuta la classica 'Oca italiana', o 'Oca comune' o 'Oca dei campi' e presente in molti dipinti che raffigurano la vita campestre.

## Utilizzo alimentare delle vecce: la *Vicia articulata* Hornem

Piergiovanni A.R.

Istituto Bioscienze e BioRisorse, CNR, via Amendola 165/a, 70126 Bari

Autore corrispondente: [angelarosa.piergiovanni@ibbr.cnr.it](mailto:angelarosa.piergiovanni@ibbr.cnr.it)

Parole chiave: agro-ecotipi, leguminose minori, lenticchia nera, usi alimentari

Il genere *Vicia* comprendere circa 180 specie, ma solo un esiguo numero è utilizzato in ambito alimentare o zootecnico. Oggigiorno solo la fava (*Vicia Faba* L.) fa stabilmente parte dell'alimentazione umana ma, in epoche passate, altre specie del genere *Vicia* hanno fatto parte della dieta di disparate comunità umane soprattutto nelle prime fasi dello sviluppo dell'agricoltura. Indagini archeobotaniche hanno consentito di accertare il consumo non occasionale della vecciola o veccia capogirlo (*Vicia ervilia* L. Willd.) e della veccia raggiante (*Vicia articulata* Hornem) in vari contesti storici e ambiti geografici dell'Italia e più in generale del Mediterraneo. Reperti riconducibili ad epoche preromane testimoniano l'utilizzo della veccia capogirlo e di quella raggiante in vari siti dell'Italia settentrionale (Rottoli e Castiglioni 2009), della Sardegna (Ucchesu et al. 2015) e della Puglia (Mastronuzzi e Ciuchini 2011). Lo sviluppo dell'agricoltura e la crescente necessità di aumentare la coltivazione di quelle specie capaci di soddisfare al meglio le esigenze di società via via più complesse ha portato al progressivo abbandono delle specie meno promettenti in termini di entità dei raccolti e/o di valore nutrizionale. Gli indubbi vantaggi offerti da altre leguminose quali lenticchia, cece e pisello, hanno decretato l'abbandono delle vecce come alimento relegandone alcune ad un utilizzo in ambito esclusivamente foraggero e zootecnico. Nonostante questo declino sia avvenuto in epoche lontane, sono sopravvissuti sporadici esempi di uso alimentare di vecce e in particolare di quella raggiante. Questo è giustificato dal fatto che questa veccia, anche detta *lenticchia nera*, come fa intuire questo appellativo ha semi molto simili a quelli delle varietà di lenticchie a tegumento marrone. La sopravvivenza in Italia della consuetudine di consumare la *lenticchia nera* in epoche relativamente recenti è documentata da alcuni documenti storici del XIX secolo (Anonymous 1845; De Cesare 1859). Negli anni '50 del '900 Maly et al. (1987), indagando sulle colture presenti nelle regioni meridionali, riportano la presenza di coltivazioni di *lenticchia nera* nell'agro di due comuni della Sicilia orientale. Castelli (1935) ne descrive con dovizia di particolari la coltivazione in Puglia, sia nel barese che in Salento sottolineando che non si

trattava di una lenticchia ma di una veccia. Ai giorni nostri la coltivazione in Italia della *lenticchia nera* per uso alimentare si è ulteriormente ridotta. A Calasetta, un piccolo comune situato nella parte settentrionale dell'isola di Sant'Antioco (sud-ovest della Sardegna) è ancora coltivata la "*lentiggia naigra de Cadesedda*", un agro-ecotipo di veccia raggiante. La comunità locale ha da qualche tempo promosso azioni tutela della biodiversità dell'isola. Tra le colture oggetto di iniziative di tutela è stata inserita questa *lenticchia nera* riconosciuta come una coltivazione identitaria di Calasetta poiché avviata a fine '700 dai primi abitanti dell'isola. A febbraio 2021 l'impegno della comunità è stato premiato con l'inserimento di questo agro-ecotipo nell'elenco nazionale dei prodotti agricoli tradizionali (MiPAAF, D.M. n. 72505). L'attività di monitoraggio e tutela della agro-biodiversità pugliese svolta nell'ambito del progetto SaVeGraINPuglia PSR-Puglia, ha permesso di valutare l'attuale diffusione in regione della *lenticchia nera*. A differenza dei primi decenni del '900 è stata accertata la presenza di piccoli appezzamenti nei comuni di Corigliano d'Otranto e Martano (LE) e la totale scomparsa nel barese. La lenticchia nera localmente detta "*lenticchia sulitana*" è attualmente oggetto di indagini per valutarne le caratteristiche nutrizionali e di iniziative per la sua tutela in quanto anch'essa merita il riconoscimento di coltivazione identitaria di un territorio e della comunità che ancora ne apprezza le caratteristiche organolettiche.

### Bibliografia

- Anonymous 1845. *Nuova Enciclopedia Popolare*. 5, 566-567.
- De Cesare 1859. *Delle condizioni economiche e morali delle classi agricole nelle tre provincie di Puglia*. cap. V, pg 26.
- Castelli 1935. *La propaganda Agricola XIII*, n.2 Febbraio.
- Laghetti et al. 2000. *Genet. Res. Crop Evol.*, 47, 461-465.
- Maly et al. 1987. *Kulturpflanzen* 35, 109-134.
- Mastronuzzi e Ciuchini 2011. *World Archaeology*, 43, 676-701
- Rottoli et al. 2009. *Vegetation History and Archaeobotany*, 1, 91-103.
- Ucchesu et al. 2015. *Vegetation History and Archaeobotany*, 24, 343-355.

## Modelli per la valorizzazione economica e storico-culturale dei prodotti forestali non legnosi della Puglia

Sacchelli S.<sup>1,2\*</sup>, Bernetti I.<sup>1,2</sup>, Fratini R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali, Università di Firenze, P.le delle Cascine 18, 50144 Firenze

<sup>2</sup>Consorzio Interuniversitario - Istituto Nazionale di Studi su Agribusiness e Sostenibilità, P.le delle Cascine 18, 50144 Firenze

\*Autore corrispondente: [sandro.sacchelli@unifi.it](mailto:sandro.sacchelli@unifi.it)

Parole chiave: sistemi di supporto alle decisioni, filiere forestali, analisi finanziaria, innovazione di prodotto

I dati dell'Inventario Nazionale delle Foreste e dei serbatoi forestali di Carbonio del 2005 evidenziano come il territorio della regione Puglia sia ricoperto da 179.040 ettari di foreste suddivisi in 145.889 ettari appartenenti alla categoria "bosco" e 33.151 ettari di "altre terre boscate". Tali valori sottendono un basso indice di boscosità (9%) se paragonato alla media nazionale. Le foreste pugliesi sono caratterizzate in larga parte (78%) da formazioni a prevalenza di latifoglie (querreti in primis) e da un 22% di conifere (in maggioranza pinete di pini mediterranei). La proprietà forestale è principalmente privata (68%) e risulta elevato il grado di protezione naturalistico delle superfici forestali (63%). La complessità insita a tale differenziazione e la natura pubblico-privata delle realtà boscate denotano due facce della stessa medaglia. Da un lato l'elevata potenzialità legata al carattere multifunzionale tipico delle aree forestali, dall'altro la difficoltà di individuare e intraprendere una pianificazione e gestione integrata della risorsa "bosco" in grado di attivare forme di sviluppo locale, autocentrate e dal basso, che possano sostenersi autonomamente e nel tempo. In quest'ottica i Prodotti Forestali Non Legnosi (PFNL) possono risultare di interesse per la (ri)attivazione di filiere importanti dal punto di vista economico-finanziario e il recupero di servizi ecosistemici culturali quali la funzione didattico-divulgativa e il recupero di attività storiche locali. Emerge pertanto la necessità di identificare da un lato i punti di forza e le opportunità e dall'altro le inefficienze e i rischi del processo produttivo forestale, in particolare per i PFNL innovativi e/o ad alto valore aggiunto. Il presente lavoro ha quindi l'obiettivo di descrivere le attività e le metodologie innovative da applicare all'interno del progetto "Modelli per la valorizzazione economica e storico-culturale dei prodotti forestali non legnosi della Puglia" finanziato dalla Regione Puglia e in corso di svolgimento. Il progetto ha un duplice obiettivo: il primo è quello di censire la disponibilità di PFNL sul territorio regionale; il secondo è quello di testare le potenzialità di sviluppo e/o nuova attivazione di filiere

legate ai PFNL. Tali filiere potranno essere caratterizzate sia da una finalità prettamente produttiva (valorizzazione economico-finanziaria della risorsa) che dalla necessità di recuperare servizi ecosistemici culturali quali la riscoperta di tradizioni e produzioni storiche (finalità didattico-divulgativa e storico-culturale). Il poster avrà pertanto la finalità di descrivere le attività progettuali come l'inquadramento dello stato dell'arte dal punto di vista normativo, scientifico e di letteratura per la tematica e il territorio di studio e la realizzazione di un database di dettaglio dei PFNL con una prima localizzazione e categorizzazione relativa ai servizi ecosistemici erogabili da ciascun prodotto, ovvero: i) servizi culturali e ii) servizi di approvvigionamento. La valorizzazione dei servizi culturali prevedrà la definizione di linee guida per il ripristino di aree dimostrative – in genere di piccola superficie - di attività svolte in passato e ad oggi cessate per motivi endogeni o esogeni alla filiera. In tale fase verranno valutate le aree migliori per il recupero dell'attività a fini didattico-divulgativi ad esempio vagliando la possibilità di coinvolgimento di proprietari già iscritti all'Albo o la nuova attivazione di Boschi Didattici regionali ai sensi delle L.R. 40/2012 e 11/2015. Per quanto riguarda i servizi di approvvigionamento verranno analizzate le potenzialità produttive di alcuni PFNL di maggior diffusione attraverso specifici Sistemi di Supporto alle Decisioni (SSD). In quest'ultima casistica rientreranno sia prodotti tradizionali come funghi e pinoli, che prodotti innovativi, per i quali la disamina sarà focalizzata sulla possibilità di impiego di ghiande per la realizzazione di preparati alimentari (farine, olii, bevande ecc.). I SSD saranno pertanto in grado di quantificare l'economicità degli interventi di raccolta e valorizzazione dei PFNL (ad es. con indici quali il reddito netto aziendale, il tasso di rendimento interno, il tempo di ritorno dell'investimento) in scenari all'attualità e futuri, che tengano in considerazione fattori di rischio e azioni di miglioramento della filiera.



## La Compagnia del Carosello: agrobiodiversità e Comunità del cibo

Renna M.<sup>1</sup>, Signore A.<sup>2</sup>, Leoni B.<sup>2</sup>, Colonna M.A.<sup>2,3</sup>, Lorusso L.<sup>4,5,6</sup>, Didonna A.<sup>7</sup>, Spagnolo A.<sup>7</sup>, Santamaria P.<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari, Consiglio Nazionale Ricerche, Bari

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali, Università di Bari Aldo Moro, Bari

<sup>3</sup>Comune di Mola di Bari

<sup>4</sup>Comune di Monopoli

<sup>5</sup>Comune di Conversano

<sup>6</sup>Riserva naturale regionale orientata dei Laghi di Conversano e Gravina di Monsignore

<sup>7</sup>Compagnia del Carosello

\*Autore corrispondente: [pietro.santamaria@uniba.it](mailto:pietro.santamaria@uniba.it)

Parole chiave: culture gastronomiche, educazione alla biodiversità, prodotti agroalimentari tradizionali, saperi, varietà locali

La Regione Puglia ha approvato il 13 luglio 2017 la Legge n. 28 “Legge sulla partecipazione” dedicata a promuovere i processi partecipativi e la cittadinanza attiva, in attuazione del principio di buon andamento e di trasparenza della pubblica amministrazione. Con l’approvazione della Legge è stato sancito un metodo di coinvolgimento permanente dei cittadini, degli amministratori locali, culturali, economici, politici, scientifici, basato sull’informazione, la trasparenza, la consultazione e l’ascolto. La Legge, infatti, promuove la partecipazione come diritto e dovere delle persone che vivono in Puglia e prevede il sostegno a processi partecipativi promossi da enti locali, pubbliche amministrazioni, privati senza scopo di lucro, associazioni e sindacati, attraverso i quali i cittadini accedono a spazi di confronto costruttivi che consentono di prendere parte alle decisioni pubbliche. “La Compagnia del Carosello: Agrobiodiversità e Comunità del Cibo” nasce come processo di partecipazione attiva che, attraverso attività di comunicazione e di rete, ha avuto l’obiettivo di proporre un nuovo modello alimentare basato sull’agrobiodiversità orticola locale, rispettosa di ambiente, tradizioni e identità culturali, capace di avvicinare consumatori e mondo della produzione, creando una rete virtuosa di relazioni territoriali e una maggior condivisione dei saperi. Il progetto, in attuazione della “Legge sulla partecipazione”, ha puntato alla promozione di un nuovo “ambito locale” per realizzare sinergie tra agricoltori, gruppi di acquisto solidale, università e centri di ricerca, enti locali, associazioni, ristoratori, esercizi commerciali, piccole e medie imprese agroalimentari, anche grazie al trasferimento dei saperi dagli anziani ai bambini: un nuovo modello per concorrere all’attuazione del Piano nazionale sulla biodiversità di interesse agricolo e alimentare e della sua Rete nazionale, in coerenza con gli strumenti di pianificazione e di

programmazione nazionali e regionali. Il progetto ha visto come capofila il Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali dell’Università di Bari Aldo Moro e la partecipazione dell’Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari – CNR di Bari, dei Comuni di Mola di Bari, Polignano a mare, Conversano e Monopoli, nonché della “Riserva Naturale Regionale Orientata dei Laghi di Conversano e Gravina di Monsignore”, Legambiente e Università della Terza Età di Mola di Bari, al fine di coinvolgere le diverse realtà locali in un percorso di cittadinanza attiva. La “Compagnia del Carosello” hanno permesso di evidenziare l’importanza della stagionalità delle produzioni orticole, una stagionalità intimamente connessa con il territorio e le sue risorse non solo “materiali”, poiché tante sono le tradizioni ed i saperi che soprattutto gli anziani custodiscono, evitando che finiscano nel dimenticatoio. Le attività di divulgazione realizzate con l’ausilio di facilitatori, piattaforme web, canali social, progetti didattici e forum tematici hanno permesso di “raccolgere” e divulgare saperi contadini, tradizioni alimentari e documenti storici, grazie ai quali è stato possibile ottenere l’iscrizione di nuovi Prodotti Agroalimentari Tradizionali (PAT) nell’elenco nazionale del MIPAAF. Sono stati realizzati due ebook che, oltre a descrivere i diversi PAT del territorio locale, raccolgono testimonianze, ricette e racconti che vedono l’agrobiodiversità e il territorio come filo conduttore. Infine, è stato realizzato un “manifesto” che racchiude i principi alla base di una Comunità del cibo del sud-est barese. Output finale del progetto è stato un documento di indirizzo politico che i Comuni coinvolti nel progetto hanno sottoscritto al fine di condividere i principi del “manifesto”, impegnandosi a promuovere la nascita di una Comunità del cibo, espressione di un territorio a sostegno dell’agrobiodiversità orticola.

## L'importanza delle Comunità locali nelle azioni di recupero dell'agro-biodiversità. Il caso di due varietà di fagioli della Valle del Nera in Umbria: il Fagiolo di Rosciano ed il Fagiolo Morone di Macenano

Polegri L.<sup>1\*</sup>, Gramaccia M.<sup>1</sup>, Rossi P.<sup>2</sup>, Caffarelli M.<sup>1</sup>, Concezzi L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>3A Parco tecnologico Agroalimentare dell'Umbria, Fraz. Pantalla di Todi, 06059, Todi (PG)

<sup>2</sup>Proloco di Macenano (TR)

\*Autore corrispondente: [livia.polegri@gmail.com](mailto:livia.polegri@gmail.com)

Parole chiave: fagiolo, varietà locali, comunità, recupero, valorizzazione

È prassi ormai consolidata, oltre che ben documentata in letteratura, che in un programma di conservazione e recupero di varietà locali si cerchi il più possibile di coinvolgere le Comunità locali, non solo per il loro ovvio contributo storico legato alla preservazione nel tempo della singola risorsa, ma anche per il ruolo fondamentale che solo essi possono svolgere in un'ottica di piena e completa reintroduzione sul territorio. È altrettanto palese, almeno per chi lavori in tale ambito, che proprio questo aspetto spesso è quello più problematico. La perdita del legame identitario (a volte vecchio di secoli) tra una risorsa e la Comunità che nel tempo ha contribuito a definirla è forse l'elemento più fragile e a maggior rischio di estinguersi, prima ancora della risorsa stessa. A riprova di ciò esaminiamo qui proprio due casi che illustrano questo processo ed il complicato percorso di recupero. La Valnerina è un territorio che per la sua peculiare conformazione geografica ha sviluppato in tempi storici caratteri propri tra cui una spiccata ricchezza in termini di agrobiodiversità, vegetale ed animale, che (per fortuna) ancora oggi la contraddistingue. Tra queste un ruolo di caso studio giocano qui a nostro avviso due varietà di fagiolo (*Phaseolus vulgaris* L.): il Morone di Macenano ed il Fagiolo di Rosciano. In entrambi i casi si tratta di varietà di fagioli un tempo maggiormente diffuse, coltivate ed apprezzate per le loro pregevoli caratteristiche organolettiche e che nel tempo sono andate via via rarefacendosi insieme con la Comunità di agricoltori che le aveva tramandate da una generazione all'altra, fino ad essere coltivate solo da uno o due anziani agricoltori. Fin qui le similitudini tra le due varietà. Ciò che invece rappresenta un elemento di netta contrapposizione tra i due casi è il

rinnovato interesse che uno dei due fagioli, il Morone, sta assumendo tra alcuni abitanti del Borgo cui è storicamente legato. Cosa questa che invece al momento non sembra avere chance di accadere per il Fagiolo di Rosciano. I fattori che hanno determinato la ripresa del Fagiolo Morone risiedono probabilmente nella persistenza e diffusione in alcuni strati della popolazione della memoria legata all'importanza socio economica avuta in epoca storica da questa varietà, come è stato possibile verificare in una serie di incontri con diversi membri della Comunità. Altro elemento va ascritto all'intraprendenza ed al desiderio di riappropriarsi di questa varietà, non solo come coltura, ma soprattutto come elemento identitario, da parte di alcune persone afferenti alla locale Proloco. Non c'è dubbio perciò che il mantenimento di un legume, seppur flebile e debole, con una risorsa, spesso mediato dai membri più anziani della Comunità, rappresenti uno dei fattori necessari per avviare un percorso di recupero della varietà stessa. Di per sé questo però non è sufficiente, come dimostra invece il caso del Fagiolo di Rosciano dove questa condizione è soddisfatta, ma la risorsa non sembra avere al momento prospettive di recupero. Qui sembra infatti mancare l'altro e più importante fattore: l'interesse della Comunità locale nei confronti della risorsa. La speranza è che esempi positivi come quello del Fagiolo Morone e della sua Comunità possano in qualche modo, anche con il dovuto supporto di tecnici e mediatori culturali, fungere da stimolo e pungolo perché si abbiano le condizioni idonee al pieno recupero delle risorse, ossia il ricrearsi di un senso di appartenenza e di riconoscimento identitario tra la popolazione locale e la sua risorsa.

## Vitigni minori: testimoni della millenaria storia viticola del Parco Nazionale del Cilento, Vallo di Diano e Alburni

De Riso L.\*, Pellegrino T., Gregorio R.

Ente Parco Nazionale del Cilento, Vallo di Diano e Alburni - Ufficio Conservazione Natura, via F. Palumbo n. 18 - 84078 Vallo della Lucania (SA)

\*Autore corrispondente: [l.deriso@cilentoediano.it](mailto:l.deriso@cilentoediano.it)

Parole chiave: biodiversità viticola, accessioni, conservazione *in situ*, vigneto-collezione

Il Cilento, il cui territorio è caratterizzato da paesaggi che alternano morfologie molto aspre, profondamente incise da vivaci torrenti, a dolci morfologie collinari che si rispecchiano nel mar Tirreno, è stato parte integrante dell'antica Enotria, la terra dei vigneti coltivati con il sostegno di pali (*oinòtria*). Da millenni la viticoltura è radicata sul territorio del Parco e ha contribuito a plasmarne il paesaggio. L'intima interazione vite-natura-uomo ha generato nel corso dei secoli varietà di vite adattate allo specifico territorio, frutto del sapere collettivo della comunità umana su esso radicato. In epoca moderna, la cresciuta importanza economica del prodotto vino, l'omologazione dei gusti del consumatore verso vini con caratteristiche ben precise, il confronto con un mercato globale, soprattutto extra-europeo, che può sfruttare vaste superfici e manodopera a basso costo, ha indotto il sistema produttivo a privilegiare quei vitigni di facile commercializzazione, riducendo l'interesse per le varietà di antica coltivazione, relegandole al ruolo di vitigni minori. Questa dinamica ha indotto gli operatori vitivinicoli ad abbandonare i vitigni locali minori determinando una drastica erosione della biodiversità viticola non solo campana, ma anche dell'Italia intera. Negli ultimi anni, tuttavia, si sta osservando un'inversione di tendenza con il recupero del binomio vitigno-territorio, fondamentale per la tipicizzazione e la differenziazione della produzione enologica italiana rispetto al mercato mondiale. Nel riconoscere pienamente il grande legame che i prodotti agricoli italiani hanno con il territorio da cui prendono origine, e con la consapevolezza delle potenzialità dei vitigni minori, l'Ente Parco ha avviato da anni un progetto di recupero dei vitigni minori guidato dallo slogan "Dai vitigni del passato i vini del futuro", con una duplice finalità: da un lato conservare la biodiversità agricola della piattaforma vitivinicola del territorio del Parco, dall'altro offrire ai produttori locali la possibilità di distinguersi sul mercato con una valida proposta commerciale, di difficile imitazione, basata sull'utilizzo dei migliori vitigni emergenti dal progetto. Nel 2008,

viene avviato il progetto con il recupero delle varietà minori. L'approccio utilizzato è stato quello di rintracciare, tramite interviste ai viticoltori locali, "vecchi" vigneti, con un'età di almeno 50 anni, con piante che non siano il frutto di recenti selezioni. Si ricorda, infatti, che negli anni '70 del secolo scorso in Italia si è affermata la selezione clonale, tecnica che prevede la riproduzione di un numero infinito di piante a partire dalla stessa pianta capostipite; piante, quindi, che condividono lo stesso DNA, ma che si differenziano dalla varietà-tipo solo per alcuni caratteri morfologici (a volte anche solo uno), con conseguente perdita di biodiversità. Le ricerche si sono concentrate in un'area di antica tradizione vitivinicola del Cilento, costituita dal comune di Moio della Civitella, allargandosi in parte anche ai comuni di Bellosguardo, Gioi, Lustra, Perdifumo e Perito, a seguito di segnalazioni da parte dei singoli viticoltori. L'attività di esplorazione dei territori ha permesso di individuare 69 accessioni di viti. Nella primavera del 2010, presso la Tenuta Montesani, in località Pattano di Vallo della Lucania (SA), a 195 m s.l.m. di altitudine, è stato realizzato un piccolo vigneto per la conservazione *in situ* di 49 accessioni/selezioni allevate con il sistema a contropalliera. Sulle accessioni dei vitigni in conservazione, per una futura valorizzazione, le attività progettuali proseguono con la collaborazione, avviata dal 2018, con il Centro di ricerca Viticoltura ed Enologia di Turi (BA) del Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria (CREA-VE), al quale dapprima è stato affidato l'incarico di identificare il profilo genetico dei vitigni e successivamente gli studi di caratterizzazione varietale e agronomica. Il vigneto-collezione così realizzato ha in parte caratteristiche museali, conferitegli dall'ospitare preziosi testimoni della millenaria storia viticola svoltasi nel territorio del Parco, ma è prevalentemente inteso come struttura viva e dinamica, predisposta a modificarsi e a plasmarsi, prevedendo di mantenere uno spazio libero per garantire un "rifugio" sicuro per le piante che si dovessero ancora individuare negli anni.

## Usi tradizionali e potenziali di piante officinali spontanee del Cilento

Vitti A.\*, De Falco E., Barile G.

Dipartimento di Farmacia, Università di Salerno, Via Giovanni Paolo II 132, 84084, Fisciano (SA)

\*Autore corrispondente: [avitti@unisa.it](mailto:avitti@unisa.it)

Parole chiave: piante officinali, Parco del Cilento, etno-botanica, essiccazione, attività antigerminativa

La conoscenza del patrimonio naturale, la sua protezione e valorizzazione sono prerogative indispensabili per la salvaguardia della biodiversità. La conoscenza degli usi è trasmessa, ancora oggi in alcuni territori, di generazione in generazione attraverso testimonianze orali, essendo legata alla percezione che gli abitanti di una comunità hanno dell'ambiente in cui vivono. Raccogliere ed utilizzare piante spontanee è una tradizione fortemente radicata nelle comunità rurali del Cilento e, di conseguenza, lo sono gli usi popolari, le tradizioni e i costumi ad esse connessi. La ricerca ha preso in considerazione alcune piante officinali spontanee caratteristiche del Parco Nazionale del Cilento, Vallo di Diano e Alburni (Salerno) sia per approfondire le conoscenze sul patrimonio delle piante officinali e sui rispettivi usi tradizionali sia per valutarne le potenzialità produttive in vista di futuri possibili utilizzi. Le piante, raccolte nel comune di Celle di Bulgheria e sul Monte Bulgheria, sono state georeferenziate e identificate in base alle caratteristiche botaniche, e sono: *Foeniculum vulgare* Mill.; *Hypericum perforatum* L.; *Lavandula angustifolia* Mill.; *Malva sylvestris* L.; *Matricaria chamomilla* L.; *Myrtus communis* L.; *Origanum heracleoticum* L.; *Rosmarinus officinalis* L. Le informazioni etno-botaniche e sulle tradizioni popolari per queste piante sono state raccolte mediante interviste ad anziani del posto e sono frutto di un interessante lavoro di "ascolto del sapere antico" di questa terra. Gli usi rilevati riguardano la medicina tradizionale, l'alimentazione, l'artigianato e altri usi domestici, rituali o religiosi, a dimostrazione dell'importanza che rivestono queste piante ancora oggi nella vita quotidiana. Tutti gli usi sono conosciuti e praticati soprattutto dagli anziani del territorio. La parte sperimentale ha previsto per tutte le piante raccolte rilievi biometrici e la determinazione della biomassa. Successivamente i campioni sono stati essiccati all'aria e al termine sono stati sottoposti al controllo qualità. Tutti i campioni hanno mostrato l'assenza di

materiali estranei, muffe o danni da parassiti; il controllo dell'umidità residua ha evidenziato percentuali nei limiti ottimali per una corretta conservazione per tutti i prodotti essiccati, con valori di poco superiori solo nella lavanda (15,3%); l'analisi del colore (Atlante dei colori Munsell) e il controllo delle proprietà organolettiche hanno evidenziato brillantezza superiore e odore più intenso, aromatico e caratteristico per il materiale raccolto rispetto all'equivalente prodotto commerciale (Biokyma). La resa in olio essenziale della lavanda (0,2% e 0,6% rispettivamente per le infiorescenze fresche e per quelle essiccate) ha fatto registrare valori più elevati rispetto al prodotto commerciale (0,1%). Dalla distillazione in corrente di vapore, per tutte le specie, sono state ricavate le acque aromatiche. Tutte hanno mostrato valori di pH acidi, congrui con quanto riportato in letteratura, e minime variazioni rispetto all'acqua distillata riguardo l'indice di rifrazione. In tutti i casi l'analisi olfattiva ha confermato l'aroma caratteristico della specie. Per tutte le specie raccolte sono stati preparati estratti acquosi in condizioni di temperatura e tempi diversi (100 °C per 2 h; temperatura ambiente per 72 h), testati per l'attività antigerminativa su *Lepidium sativum* L.. Gli estratti acquosi ottenuti a 100 °C da lavanda, e a temperatura ambiente da origano, hanno mostrato spiccata attività antigerminativa; tali risultati possono trovare successive applicazioni per il controllo delle erbe infestanti. In conclusione, la ricerca ha rappresentato un contributo al recupero ed allo studio delle conoscenze popolari, da considerare come importante occasione per elaborare nuove attività finalizzate alla valorizzazione e tutela del territorio. Inoltre, i risultati sperimentali permettono di concludere che le piante officinali spontanee del Parco Nazionale del Cilento, Vallo di Diano e Alburni possono diventare potenziali fonti di sviluppo economico locale con impieghi non solo alimentari e fitoterapici, ma anche in campo agricolo.

## Il progetto BIONET e i saperi tradizionali della orticoltura veneta

Giannini M.\*, Arduin M.

Agenzia veneta per l'innovazione nel settore primario, Viale dell'Università 14 Legnaro (PD)

\*Autore corrispondente: [michele.giannini@venetoagricoltura.org](mailto:michele.giannini@venetoagricoltura.org)

Parole chiave: BIONET, orticoltura, Chioggia

BIONET è l'acronimo del Programma riguardante la "Rete regionale per la biodiversità di interesse agrario e alimentare del Veneto". Le priorità del Programma, finanziato con i fondi del PSR regionale, sono la conservazione delle risorse genetiche locali di interesse agrario e alimentare a rischio di estinzione o di erosione genetica oltre alla loro registrazione negli appositi registri, secondo quanto previsto dalla Legge n. 194 del 1 dicembre 2015 "Disposizioni per la tutela e la valorizzazione della biodiversità di interesse agricolo e alimentare". Il Programma si articola in 15 gruppi di lavoro: 6 gruppi per le attività di conservazione e 9 per le attività complementari alla conservazione. Dalla numerosa letteratura sull'argomento, si evidenzia l'importanza del lavoro di ricerca, recupero, caratterizzazione della agrobiodiversità che è la indispensabile premessa per poter procedere al lavoro di conservazione delle accessioni vegetali e animali che costituivano il patrimonio di biodiversità, di storia e di cultura su cui si basava l'agricoltura del passato. Nell'ambito di questo recupero, la ricerca storico-bibliografica è importante per individuare gli elenchi e le descrizioni delle varietà e razze che caratterizzavano, assieme alle tecniche di coltivazione e allevamento, l'agricoltura e il sapere tradizionale di un determinato territorio. Il presente lavoro è focalizzato su questo argomento e, più precisamente, sulla puntuale descrizione dell'orticoltura dell'inizio del XX secolo nella zona di Chioggia. L'area dell'estuario veneziano, che vede Chioggia come principale centro promotore, è ancor oggi uno dei poli veneti in cui si pratica una orticoltura specializzata che ha preso un serio avvio all'inizio del secolo scorso e che ha dato origine a tipologie di ortaggi importanti anche per i mercati odierni. Un esempio fra tutti è quello dei radicchi rossi con grumolo serrato che sono l'oggetto dell'IGP del Radicchio Rosso di Chioggia e che ancor oggi vengono prodotti attraverso il seme selezionato dagli agricoltori i cui avi ne hanno selezionato le caratteristiche distintive e uniche. Attraverso la consultazione di una serie di documenti pubblicati tra

il 1887 e il 1937 e che vedono fra gli altri autori Carlo Galimberti, appartenente alla cattedra ambulante per l'agricoltura della provincia di Venezia, è stato possibile ricavare utili informazioni riguardanti il sapere degli orticoltori e le varietà utilizzate e in gran parte selezionate da loro stessi anche grazie al lavoro delle istituzioni locali quali L'Orto Sperimentale annesso alla Sezione di Chioggia dell'Ispettorato Agrario di Venezia. Attraverso la lettura dei testi gli autori ci conducono, con precisa descrizione, nella realtà degli orti chioggiotti, chiarendoci le tecniche colturali, le rotazioni e le specie e varietà utilizzate. Non meno dettagliata è la descrizione dell'importanza economica dell'orticoltura clodiense del tempo e dei canali commerciali sfruttati nonché delle merci più preziose e caratterizzanti una delle aree più vocate d'Italia. Il Galimberti fornisce poi già precise indicazioni sulla professionalità degli orticoltori dell'estuario veneziano in grado di selezionare varietà adatte al proprio particolare ambiente pedoclimatico. Scrive infatti: "*L'ortolano in generale prepara da sé i semi degli ortaggi preferiti (...). Onde sfuggire al disordine delle facili ibridazioni, il coltivatore dell'estuario evita di produrre nello stesso orto diverse varietà della medesima specie. Devesi forse alla costanza dei caratteri ottenuti coll'applicazione di tale principio la rinomanza acquistatasi da Pellestrina coi suoi bellissimi pomodori, da Cavarzere coi piselli verdoni, da Chioggia colle cipolle gialle, coi cavolfiori, i cavoli verzotti, le zucche barucche.*"

### Bibliografia

- Anonimo 1889. *L'Italia Agricola* – n. 2 - 20 aprile 1889, Milano.
- Bordiga 1887. *L'Agricoltura meridionale* n. 22–16 nov.1887.
- Forti 1929 – *La coltivazione degli ortaggi*. Unione Tipografica Editrice Torinese, Torino.
- Galimberti 1929. *L'Italia Agricola* – n. 6 – giugno 1929, Milano.
- Gallimberti 1937 – *Orticoltura litoranea e lagunare nella zona di Chioggia, Per l'orticoltura delle tre venezie*, Volume 24, Roma.

## Un progetto di frutteto-giardino per valorizzare il ruolo multifunzionale della biodiversità frutticola storica e contemporanea

Lugli S.<sup>1\*</sup>, Bignami C.<sup>1</sup>, Minelli A.<sup>2</sup>, Vignoli V.<sup>2</sup>, Bruscella V.<sup>3</sup>, Piombini I.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Modena e Reggio Emilia

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro Alimentari, Alma Mater Studiorum, Università di Bologna

<sup>3</sup>Azienda agricola Piombini Ivo, Casinalbo di Formigine, Modena

\*Autore corrispondente: stefano61@unimore.it

Parole chiave: frutticoltura, biodiversità, germoplasma, innovazione varietale, frutti minori

L'ampia differenziazione che caratterizza le specie da frutto consente di realizzare agrosistemi in grado di offrire servizi ecologici, sociali ed economici che ne valorizzano le molteplici proprietà e funzioni. Su questa multifunzionalità si fonda il progetto del frutteto-giardino di Casinalbo di Formigine, realizzato su una superficie di oltre un ettaro nel territorio rurale a sud-ovest di Modena e frutto di una collaborazione tra l'Università di Modena e Reggio Emilia e l'azienda agricola Piombini. Sulla base dell'obiettivo generale di conoscere e far conoscere le potenzialità di risorse genetiche legate alla storia e alla tradizione del territorio e all'innovazione varietale, la realizzazione di questo sistema frutticolo unisce alle finalità produttive quelle ricreative, divulgative, di supporto alla didattica ai diversi livelli di formazione e di laboratorio all'aperto per ricerche sulle colture legnose da frutto principali e minori. Le scelte progettuali partono quindi dall'esigenza di armonizzare e rendere sinergiche queste diverse funzioni, prevedendo: i) la coltivazione di un numero elevato di specie, anche minori, e di cultivar; ii) l'adozione di forme di gestione del frutteto e architetture delle chiome degli alberi quanto più possibile legate agli schemi del passato e del presente; iii) struttura e forme dell'impianto che in parte richiamano un giardino e in parte disegnano compartimenti rettangolari inerbiti e leggermente rialzati che si ricollegano ai broli del passato e si integrano con il paesaggio circostante. La scelta delle varietà, basata sulla consultazione di documentazioni storiche e recenti, di database e di informazioni sulle collezioni esistenti (on farm, *in situ* ed *ex situ*), è funzionale alle molteplici finalità del progetto. Infatti, il piano di lavoro è stato strutturalmente concepito e realizzato con una triplice valenza: un obiettivo formativo e didattico, uno sperimentale di ricerca applicata e uno produttivo ideato su misura per filiere corte. Ove possibile, la scelta varietale è stata indirizzata verso genotipi in grado di produrre frutti di buon livello qualitativo, rappresentativi delle diverse tipologie varietali intraspecifiche (es., per colore di buccia e polpa, gamma qualitativa) e in grado di coprire l'intera stagionalità del prodotto. Ove presenti,

sono stati inseriti genotipi dotati di particolari resistenze o tolleranze ad avversità biotiche e abiotiche o di elevata serbevolezza senza tecniche di refrigerazione. Inoltre, nella scelta si è tenuto conto delle attitudini a destinazioni diverse dal consumo fresco, quali gli usi industriali o culinari. Sono circa 200 le varietà di albicocco, ciliegio, melo, pero, pesco e nettarine, susino cino-giapponese ed europeo introdotte nel frutteto-giardino. Esse possono essere classificate, in base all'epoca di utilizzazione, in tre macro aggregati:

- Varietà antiche: rientrano in questo gruppo varietà legate da lungo tempo al territorio provinciale o regionale, molte delle quali non più coltivate e a rischio di estinzione.

- Varietà tradizionali: comprende varietà per lo più alloctone, derivate da processi di selezione o da programmi di miglioramento genetico, nazionali/internazionali, introdotte nel territorio provinciale o regionale dal secondo dopoguerra e divenute varietà di riferimento per la frutticoltura specializzata fino a fine secolo scorso. Alcune di esse sono ancora oggi coltivate.

- Varietà attuali: si tratta di genotipi di recente costituzione o introduzione nel territorio emiliano, caratterizzati da diversi aspetti agronomici, pomologici e mercantili di valore, che in genere hanno superato positivamente i primi test di valutazione e sono stati inseriti nelle liste delle varietà da frutto consigliate per i nuovi impianti. Per ciascuna categoria sono state scelte forme di allevamento e portinnesti che ripropongono i cambiamenti avvenuti nel tempo nei modelli di impianto e nell'architettura dell'albero, contemporaneamente all'evoluzione della piattaforma varietale. Tutto il materiale vegetale utilizzato per l'impianto è stato controllato, sanitariamente e geneticamente. Per i frutti minori la scelta è stata indirizzata su una trentina di specie, sia autoctone che alloctone, appartenenti a varie famiglie e, se disponibili, su loro varietà tradizionali. Molte di queste specie sono componenti, spontanee o coltivate, del paesaggio rurale circostante e sono legate a tradizioni d'uso alimentare, fitocosmetico e fitoterapico.

## La settimana della biodiversità pugliese

Trotta L.<sup>1</sup>, Cilardi A.M.<sup>1\*</sup>, Santamaria P.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento Agricoltura, Sviluppo Rurale ed Ambientale - Sezione Competitività delle filiere Agroalimentari - Regione Puglia

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali, Università degli Studi di Bari Aldo Moro, Bari

\*Autore corrispondente: [a.cilardi@regione.puglia.it](mailto:a.cilardi@regione.puglia.it)

Parole chiave: culture gastronomiche, educazione alla biodiversità, prodotti agroalimentari tradizionali, saperi, agrobiodiversità, varietà locali

La divulgazione della biodiversità presenta diverse complessità legate ai tanti aspetti ad essa collegati, ai soggetti che si vogliono raggiungere nella comunicazione, alle modalità e ai percorsi da mettere in campo. Ogni anno, dal 2017 con l'eccezione del 2020 (causa COVID-19), la Regione Puglia organizza numerosi eventi per trasferire agli addetti ai lavori, ma anche ai cittadini interessati, informazioni sulla biodiversità agraria, zootecnica e forestale. Così la giornata nazionale prevista dalla legge 194 del 2015 è stata ampliata ad una settimana, per le tante iniziative messe in campo, e ogni anno si riscontra un sempre maggiore interesse da parte del pubblico. Questo stimola a sviluppare nuove conoscenze ed esperienze da trasferire, a coinvolgere maggiormente

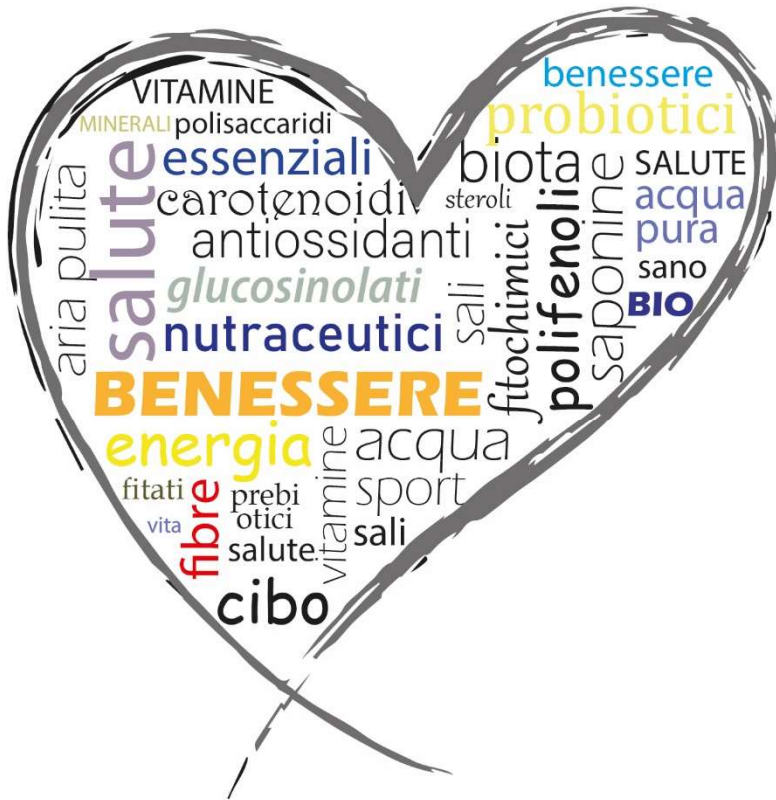
gli agricoltori (ad esempio, attraverso il riconoscimento ai "biopatriarchi" per l'importante opera di conservazione delle varietà vegetali a rischio di estinzione o erosione genetica), a cogliere e diffondere le buone pratiche, che sul territorio pugliese sono molto diffuse ma spesso non note. Nel 2021 l'evento si è tenuto in modalità on-line, "incrociando" – anche grazie a cortometraggi e contributi video realizzati ad hoc – temi quali quello dei cambiamenti climatici, del rapporto tra agricoltura e ambiente e del patrimonio ambientale regionale, del paesaggio e delle tradizioni alimentari. La biodiversità agraria si conferma strumento trasversale per la valorizzazione del territorio.





# Bio div ers ità benessere

salute



## Opuntia Ficus-indica (L.) Mill., una coltura multifunzionale

Platamone G.<sup>1,4\*</sup>, Rossi M.<sup>1,4</sup>, Borromeo I.<sup>2</sup>, Procacci S.<sup>3</sup>, Maccioni O.<sup>3</sup>, Bacchetta L.<sup>3</sup>, Forni C.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Dottorato di Ricerca in Biologia Evoluzionistica ed Ecologia Università di Roma Tor Vergata

<sup>2</sup>Università di Roma Tor Vergata, Dipartimento di Fisica

<sup>3</sup>ENEA Casaccia, Dipartimento SSPT, Divisione BIOAG, Laboratorio Bioprodotti e Bioprocessi

<sup>4</sup>Università di Roma Tor Vergata, Dipartimento di Biologia, Laboratorio di Botanica e Fitotecnologie

\*Autore corrispondente: g.platamone@outlook.it

Parole chiave: *Opuntia*, flour, polysaccharides, biocompounds, nutraceuticals

*Opuntia ficus-indica* (L.) Mill., (OFI), è una pianta CAM, originaria del Centro America, ma naturalizzata in tutto il bacino del Mediterraneo, soprattutto in Sicilia, Calabria, Puglia e Sardegna, dove rappresenta un elemento paesaggistico importante, capace di ridurre l'erosione del suolo e la desertificazione del territorio. La Sicilia ed in particolare l'area di San Cono (CT), grazie al suo favorevole microclima e con circa 2000 ettari destinati alla coltivazione specializzata di ficodindia DOP, garantisce una produzione annua che si attesta attorno ai 3.000 tonnellate di frutti. I cladodi sono in grado di contenere più del 90% in peso di acqua (Snyman 2013) e sono ricchi di fibre alimentari, carboidrati, antiossidanti, flavonoidi, minerali e vitamine (Rocchetti et al. 2018). Oltre all'uso foraggero, sono un alimento molto apprezzato nella cultura popolare messicana, mentre in Italia rappresentano uno scarto di produzione. Recentemente però anche in Europa, l'interesse per i cladodi è notevolmente aumentato in settori come quello della nutraceutica e della panificazione (Procacci et al. 2021). Lo scopo del progetto è di valutare se diverse condizioni pedoclimatiche e pratiche agronomiche a basso impatto ambientale, come la presenza dell'irrigazione di soccorso nei mesi estivi, possano influire sulle caratteristiche biochimiche delle farine di OFI, ottenute da scarti di potatura. La sperimentazione è stata condotta

nell'azienda agricola Spitale Gaetano, Mazzarino (CL), su due terreni (argilloso e sabbioso) di 1 ettaro ciascuno, in regime irriguo e non, entrambi in gestione biologica certificata. I dati climatici sono stati rilevati tramite il Servizio informativo agrometeorologico siciliano. I campioni di cladodi sono stati prelevati a random, durante tutto l'anno, ed essiccati. La farina, ottenuta con un mulino a lame, è stata analizzata per il contenuto in zuccheri, polifenoli e per l'attività antiossidante. I risultati dimostrano differenze significative nella composizione qualitativa e quantitativa dei polisaccaridi nella farina di campioni raccolti in periodi diversi. L' evidente variazione dei tre zuccheri predominanti, arabinosio, mannosio e xilosio appare influenzata dai fattori climatici, pedologici e idrici dei due campi sperimentali. Tali variazioni sono state riscontrate anche per l'attività antiossidante e il contenuto in polifenoli. Conclusioni: i risultati indicano una correlazione tra condizioni pedoclimatiche e pratiche agronomiche e le variazioni qualitative delle farine. Questi risultati consentiranno di valorizzare al meglio le loro caratteristiche nel settore alimentare e nutraceutico.

### Bibliografia

Snyman 2013. *Arid Land Res. Manag.*, 27, 337-348.

Rocchetti et al. 2018. *Foods* 7, 24.

Procacci et al. 2021. *Natural Resources*, 12, 91-107.

## Valutazione delle caratteristiche qualitative e nutrizionali di pani funzionali, arricchiti con *Portulaca oleracea* L. e *Opuntia ficus-indica*

Sciacca F.<sup>1</sup>, Palumbo M.<sup>1\*</sup>, Pagliaro A.<sup>1</sup>, Di Stefano V.<sup>3</sup>, Scandurra S.<sup>2</sup>, Sollima L.<sup>2</sup>, Virzi N.<sup>1</sup>, Melilli M.G.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria – Centro di ricerca Cerealcoltura e Colture Industriali – Corso Savoia, 190 - 95024 Acireale (CT)

<sup>2</sup>Consiglio Nazionale delle Ricerche - Istituto per la BioEconomia - Via Paolo Gaifami, 18 - 95126 Catania

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche dell'Università di Palermo - Viale delle Scienze, 90123 Palermo

\*Autore corrispondente: [massimo.palumbo@crea.gov.it](mailto:massimo.palumbo@crea.gov.it)

Parole chiave: cibi funzionali, miscele, componente bioattivi, salute

Attualmente, circa l'80% della dieta alimentare si basa su una gamma ristretta di prodotti, quali frumento, riso, mais e soia mentre, nel corso della storia, gli esseri umani hanno utilizzato oltre 7.000 prodotti, che hanno rappresentato la base dei diversi regimi alimentari. In particolare, negli ultimi decenni, abbiamo assistito a una crescente perdita di biodiversità vegetale e animale e, recentemente, il mondo della ricerca ha cominciato a valutarne le conseguenze sull'uomo, in termini di salute e benessere. Come conseguenza, è stato osservato un aumento di malattie infiammatorie intestinali, di disordini cardiovascolari e di diverse patologie epatiche. Allo stesso tempo, però, è stato registrato un interesse crescente, da parte dei consumatori, per una buona alimentazione con conseguente consumo di alimenti funzionali. I componenti attivi dei cibi funzionali possono, infatti, incidere sul miglioramento delle difese immunitarie, della salute cardiovascolare (ad esempio abbassando i livelli del colesterolo "dannoso" LDL) e di quella gastrointestinale (ad esempio con effetto depurativo), sul rallentamento dell'invecchiamento cellulare e sulla riduzione del rischio di malattie degenerative. Lo scopo di questo lavoro è stato quello di valutare le caratteristiche tecnologiche, nutrizionali e sensoriali di pani funzionali, realizzati con semole di frumento duro e aggiunta di estratti essiccati specie diffuse nel bacino del Mediterraneo quali *Portulaca oleracea* L. e

*Opuntia ficus-indica* (L.) Mill.. Sono state messe punto tre formulazioni di miscele: al 5-10-15%. Il contenuto di acidi grassi presenti nel pane arricchito con portulaca è risultato più elevato nella miscela al 5%. Infatti, contrariamente a quanto previsto, l'aumento della percentuale di sostituzione al 10 e al 15% non portava ad un aumento dell'acido linoleico (omega-3) e  $\alpha$ -linolenico (omega-6). Il contenuto totale di fenoli e il potenziale antiossidante sono invece aumentati in relazione all'incremento nella sostituzione con portulaca. L'arricchimento della semola di grano duro con il 5% di portulaca ha rappresentato il miglior compromesso per ottenere pani con ridotto rapporto omega-6/omega-3 e buone proprietà antiossidanti. Relativamente ai pani arricchiti con cladodi di fico d'India, la formulazione al 10% ha comportato un aumento del contenuto di fenoli totali e buone caratteristiche reologiche dei pani, con una valutazione ampiamente positiva al panel test. Lo sfruttamento di queste specie alloctone per ricavare sostanze utilizzabili a scopo alimentare può anche contribuire alla loro conservazione.

### Bibliografia

Sciacca et al. 2021. *Cyta – Journal of Food*, 1, 96–104. <https://doi.org/10.1080/19476337.2020.1862918>

Melilli et al. 2020. *Foods*, 9, 764, doi:10.3390/foods9060764

## La cicerchia marchigiana: ingrediente funzionale?

Morresi C.<sup>1</sup>, Bacchetti T.<sup>1</sup>, Micheletti A.<sup>2</sup>, Staffolani P.<sup>2</sup>, Ferretti G.<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente, Università Politecnica delle Marche, Via Brezze Bianche, 60131 Ancona (AN)

<sup>2</sup>Agenzia per i Servizi nel Settore Agroalimentare delle Marche (ASSAM), Via Industria, 1, 60027 Osimo (AN)

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze Cliniche Sperimentali e Odontostomatologiche, Università Politecnica delle Marche, Via Brezze Bianche, 60131 Ancona (AN)

\*Autore corrispondente: [g.ferretti@staff.univpm.it](mailto:g.ferretti@staff.univpm.it)

Parole chiave: cicerchia, farina di cicerchia, ruolo antiossidante, cibo funzionale, biodiversità

Un rinnovato interesse per alimenti ottenuti da legumi sta emergendo da parte della comunità scientifica in relazione alle loro proprietà nutrizionali. La cicerchia o *Lathyrus sativus* L. è una leguminosa sopravvissuta a millenni di coltivazione, ad oggi particolarmente diffusa in Europa, Nord Africa e in tutta l'Asia. La cicerchia è anche coltivata nelle Marche ed è iscritta al Repertorio della Biodiversità Agraria delle Marche (RR) che raccoglie le risorse genetiche autoctone a rischio di erosione ed è gestito dall'Agenzia per i Servizi nel Settore Agroalimentare delle Marche (ASSAM). Lo studio ha l'obiettivo di valorizzare dal punto di vista nutrizionale la cicerchia e dei suoi derivati. L'analisi della composizione ha dimostrato che, come la maggior parte dei legumi, la cicerchia iscritta al RR e la farina che ne deriva hanno un elevato contenuto di proteine, carboidrati complessi e acidi grassi polinsaturi. Significativo è anche il contenuto di amido resistente e altre fibre alimentari. Lo studio ha evidenziato che la cicerchia e la farina presentano elevati livelli di fitonutrienti, in particolare di polifenoli. L'analisi delle proprietà antiossidanti condotta mediante il saggio ORAC evidenzia che i fitonutrienti contenuti nella cicerchia e nella farina esercitano un ruolo protettivo contro i processi di ossidazione causati dai radicali liberi. Sulla base di questi dati, lo studio è stato esteso a specialità alimentari ottenute con farina di cicerchia del RR. La specialità alimentare ottenuta con farina di cicerchia

(tipo pasta) presenta un ridotto contenuto di carboidrati disponibili e un maggior contenuto di fibra rispetto alla pasta convenzionale. L'analisi composizionale ha dimostrato che la specialità alimentari ottenuta con farina di cicerchia presentano maggiori livelli di polifenoli rispetto alla pasta convenzionale. Tali caratteristiche composizionali si riflettono in basso indice glicemico (IG =21). L'indice glicemico (IG) è un utile parametro di qualità nutrizionale che consente di classificare gli alimenti che contengono carboidrati in base all'incremento di glicemia nel periodo post-prandiale. Un basso indice glicemico indica un ridotto picco glicemico post-prandiale e di conseguenza una minore risposta insulinica. Questi dati hanno una rilevanza fisiopatologica, in quanto numerosi studi confermano che una alimentazione ricca di fibre e fitonutrienti e a basso indice glicemico costituisce un approccio alimentare utile nel trattamento del diabete ed esercita un effetto protettivo contro l'insorgenza di alcune patologie cronico degenerative come dislipidemie, obesità, patologie cardio-vascolari, alcuni tipi di neoplasie, in particolare tumore al colon. In conclusione i dati dimostrano che cicerchia iscritta al RR e i suoi derivati hanno interessanti qualità nutrizionali, pertanto introdurre il suo consumo nella dieta potrebbe avere ricadute positive per la salute, per l'ambiente e per il mantenimento della biodiversità.

## Valutazione delle caratteristiche nutraceutiche di germoplasma di lenticchia dell'area mediterranea

Ghiselli L.<sup>1\*</sup>, Licheri G.F.<sup>1</sup>, Andrenelli L.<sup>1</sup>, Romagnoli S.<sup>2</sup>, Pavia G.<sup>1</sup>, Tallarico R.<sup>1</sup>, Benedettelli S.

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI) – Università di Firenze (UNIFI) – Piazzale delle Cascine 18 – 50144 Firenze

<sup>2</sup>Agronomo libero professionista

\*Autore corrispondente: [lisetta.ghiselli@unifi.it](mailto:lisetta.ghiselli@unifi.it)

Parole chiave: *Lens culinaris*, germoplasma, polifenoli, elementi minerali

La lenticchia (*Lens culinaris* Medik.) è una leguminosa da granella coltivata in tutto il mondo e conosciuta fin dall'antichità per l'elevato valore nutrizionale della granella. È un'eccellente fonte di proteine e aminoacidi, pertanto si presta bene a integrare le proteine dei cereali, soprattutto grano, con cui viene spesso abbinata; contiene inoltre fibra, elementi minerali ed è povera di grassi. Le coltivazioni di lenticchie oggi in Italia sono per lo più confinate in aree marginali con una superficie totale di poco superiore ai 5600 ha (banca dati ISTAT, 2020). Nell'Italia centrale e meridionale sono presenti numerosi ecotipi di lenticchie che sono il risultato di un lungo periodo di selezione da parte degli agricoltori e si differenziano più o meno nettamente tra loro per caratteri agronomici e morfologici (Ruisi et al. 2015; Zaccardelli et al. 2012) e *markers* molecolari (Sonnante et al. 2007). Sono state valutate 14 accessioni di lenticchia provenienti da diverse località del Centro-Sud Italia. Gli ecotipi di lenticchia sono stati seminati nel marzo del 2017 nel comune di Borgo San Lorenzo (FI), per ciascun genotipo sono state realizzate 3 parcelle disposte all'interno di 3 blocchi randomizzati. L'andamento stagionale è stato molto siccitoso, ma la produzione è stata comunque soddisfacente, evidenziando la buona adattabilità della lenticchia alla carenza idrica. Su campioni di piante sono stati effettuati rilievi biometrici e

produttivi: produzione di biomassa totale, paglia e granella per 1 m<sup>2</sup>; altezza media delle piante, altezza media del primo palco e numero medio di palchi per pianta. Sulla granella sono stati rilevati il peso di 1000 semi, il diametro e il colore dei semi. Sono stati infine determinati il contenuto percentuale di proteine, il contenuto di polifenoli, flavonoidi e potere antiossidante, ed il contenuto di alcuni elementi minerali. I risultati hanno mostrato l'ampia variabilità genetica delle popolazioni di lenticchia nel territorio italiano: l'altezza delle piante e il peso medio dei semi sono risultati molto diversi da un'accessione all'altra e generalmente minori negli ecotipi provenienti dagli ambienti più difficili, come le piccole isole del Mediterraneo (in particolare Pantelleria) e le località di montagna dell'Appennino Centrale. Differenze tra gli ecotipi sono state osservate anche nel numero di palchi per pianta, mentre l'altezza del primo palco (di possibile interesse per la raccolta meccanica) non ha mostrato differenze significative.

### Bibliografia

Ruisi et al. 2015. *The Journal of Animal & Plant Sciences*, 25(3), 716-728.  
Sonnante et al. 2007. *Genet. Resour. Crop Evol.*, 54(5), 1023-1031.  
Zaccardelli et al. 2012. *Genet. Resour. Crop Evol.*, 59(5), 727-738.

## Caratterizzazione nutraceutica di trentasei nuovi genotipi di uve da tavola ottenuti con programmi di miglioramento genetico in puglia (sud Italia)

Milella R.A.\*, Debiase G., Marsico A.D., Notarangelo L., Giannandrea M.A., Forleo L.R., Gasparro M., Velasco R., Perniola R.

Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria. Centro di ricerca Viticoltura ed Enologia CREA-VE Via Casamassima, 148 70010 TURI- BA

\*Autore corrispondente: [rosaanna.milella@crea.gov.it](mailto:rosaanna.milella@crea.gov.it)

Parole chiave: nuovi genotipi, polifenoli, attività antiossidante

Attualmente l'offerta italiana di uva da tavola è ancora incentrata su "varietà storiche" come Italia, Vittoria, Palieri e Red Globe e presenta una disponibilità di nuove varietà di uve seedless non ancora adeguata alle richieste del mercato. Sebbene gli ettari investiti e le varietà apirene in produzione siano negli ultimi anni in progressivo aumento, molti sono gli sforzi richiesti affinché l'Italia non perda il suo ruolo come primo produttore europeo, e sesto paese esportatore a livello mondiale. I consumatori, infatti, sono sempre più attratti dalle varietà apirene e sempre più consapevoli dell'importanza di una corretta alimentazione ricca di frutta e verdura. Da tempo sono note le qualità nutraceutiche possedute dall'uva da tavola, qualità derivanti dalla presenza dei polifenoli. L'uva è, infatti, uno dei frutti più ricchi di composti polifenolici, i principali responsabili degli effetti benefici sulla salute umana, noti per la loro attività antiossidante, cioè la loro proprietà di contrastare gli effetti dannosi dei radicali liberi dell'ossigeno. In tale contesto, il CREA-Viticoltura ed Enologia sede di Turi ha avviato un progetto di miglioramento genetico delle uve da tavola avente come obiettivo principale l'ottenimento di varietà apirene che ben si adattano alla produzione negli areali pugliesi e con caratteristiche di qualità migliorate rispetto alle varietà di riferimento. Nel corso degli anni si sono ottenuti più di 10.000 nuovi genotipi sottoposti a accurata selezione per fertilità, epoca di maturazione, dimensione della bacca e del grappolo, colore dell'acino e apirenia fino ad arrivare all'individuazione di 36 nuovi genotipi da sottoporre ad ulteriori approfondimenti. Lo scopo di questo lavoro è stato valutare la qualità nutraceutica di questi 36 nuovi genotipi di uva da tavola, 16 a bacca bianca (*Azetium b.*, *Barium b.*, *Canusium b.*, *Dertum b.*, *Genusia b.*, *Juvenatium b.*, *Japigia b.*, *Joha b.*, *Itria*, *Locreuse b.*, *Mesania b.*, *Peucetia b.*, *Pugliese b.*, *Vigilarium b.*), 16 a bacca nera (*Aika n.*, *Apenestae n.*, *Barolum n.*, *Brundisium n.*, *Butuntum*, *Celiae n.*, *Daunia n.*, *Egnazia n.*, *Lupiae n.*, *Maula n.*, *Murex n.*, *Netium n.*, *Siris n.* e *Turese n.*) e 6 a bacca rossa

(*Norba rs.*, *Surni rs.*, *Tarentum rs.*, *Triviani rs.*, *Ursi rs.*, *Vaaz rs.*). Le uve sono state raccolte nel 2018 presso il vigneto sperimentale del CREA-VE e portate in laboratorio dove sono state sottoposte alle seguenti determinazioni: peso medio grappolo, lunghezza media grappolo, peso medio acino, diametro equatoriale medio, contenuto in solidi solubili, acidità titolabile e pH. Successivamente, le bucce di 30 acini sono state prelevate, asciugate a 37 °C per 24 h, polverizzate e utilizzate per l'estrazione dei polifenoli. Per ogni estratto è stato misurato il contenuto di polifenoli, antociani e flavonoidi totali. Inoltre è stata misurata l'attività antiossidante mediante tre differenti test, ABTS, DPPH e ORAC. Tra i genotipi a bacca bianca, *Barium b.*, *Vigilarium b.* e *Pugliese b.* hanno mostrato il più elevato contenuto di polifenoli totali (56,8, 50,1 e 45,2 mg g<sup>-1</sup> ps, rispettivamente). Tra i genotipi a bacca colorata, sia rossa che nera, *Egnazia n.*, *Siris n.* e *Turese n.* sono risultate le più ricche di polifenoli totali con un contenuto totale rispettivamente di 65,5, 58,5 e 57,6 mg g<sup>-1</sup> ps. È stato interessante notare, inoltre, come *Turese n.*, *Maula n.* ed *Egnazia n.*, avevano un contenuto di antociani totali di gran lunga più elevato rispetto a tutti gli altri genotipi a bacca colorata, rispettivamente di 21,7, 21,4 e 20,7 mg g<sup>-1</sup> ps. Per quanto riguarda l'attività antiossidante tra i genotipi a bacca bianca molto interessante è stata la *Barium b.*, l'unico genotipo con i più alti valori in tutti e tre i diversi test. Per i genotipi a bacca colorata, la *Turese n.* ha mostrato la più elevata capacità antiossidante con i test ORAC e ABTS, mentre la *Vaaz* è la migliore secondo i risultati del test DPPH. Questa prima valutazione nutraceutica dei 36 nuovi genotipi selezionati, che proseguirà nei prossimi anni, ha permesso di aggiungere ulteriori informazioni alla caratterizzazione agronomica già in atto da tempo. I risultati ottenuti potranno essere utili anche per informare il consumatore sulla qualità salutistica delle uve e guidarli nelle scelte una volta che tali genotipi arriveranno sul mercato.

## Caratterizzazione e valorizzazione di germoplasma mediterraneo multifunzionale

Fascella G.\*, Sgueglia A., D'Angiolillo F., Giardina G., Mammano M.

CREA Centro di Ricerca Difesa e Certificazione, S.S. 113 – km 245.500, Bagheria (Palermo)

\*Autore corrispondente: giancarlo.fascella@crea.gov.it

Parole chiave: asparago, carrubo, rosa, propagazione, fitochimica

La Sicilia viene definita da ecologi e naturalisti un *hot spot* della biodiversità sia per le caratteristiche orografiche e climatiche dell'isola sia perché sita al centro del bacino del Mediterraneo. La flora vascolare siciliana annovera circa 3000 taxa e numerosi endemismi. Il CREA DC di Bagheria conduce, già da alcuni anni e tramite specifici progetti, studi mirati alla valorizzazione del germoplasma vegetale autoctono della macchia mediterranea. Sono state di recente introdotte numerose accessioni appartenenti ai generi *Asparagus*, *Ceratonia* e *Rosa* allo scopo di stimarne le potenzialità di utilizzo all'interno di importanti filiere produttive (agro-alimentare, cosmetica, fitoterapica, vivaistica). Le attività sperimentali, condotte nell'ambito del Progetto MiPAAF "Conservazione, caratterizzazione, uso e valorizzazione delle risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura" e del PO FSE Regione Sicilia "AgriCultura: Rafforzare l'occupabilità nel sistema della R&S e la nascita di SPIN-OFF", hanno consentito di definire il valore ecologico e paesaggistico di alcune specie afferenti ai tre generi mediante la raccolta di informazioni sulla loro distribuzione nei territori regionali e sugli habitat naturali (Fascella et al. 2015). Per alcune accessioni dei sopracitati generi sono stati definiti efficienti protocolli di moltiplicazione *in vivo* ed *in vitro* e di coltivazione ecosostenibile da trasferire successivamente ai vivaisti e agli agricoltori custodi (Fascella et al. 2014). Tali protocolli prevedono l'utilizzo di diverse tecniche, sia per quanto riguarda la propagazione (stratificazione e scarificazione dei semi, mezzi di coltura, ormoni) che l'allevamento delle piante (substrati di coltivazione ottenuti da scarti, lotta integrata, deficit idrico controllato) in pien'aria ed in serra. L'applicazione dei suddetti protocolli sta permettendo la creazione di collezioni vegetali specializzate che contano un numero di accessioni variabile in funzione del genere: 40 per rosa, 20 per asparago e 10 per carrubo. Le

accessioni presenti in collezione vengono caratterizzate a livello bio-morfologico in base ad un numero di caratteristiche (relative a foglie, fiori, frutti e semi) che si diversifica a seconda del genere: 14 caratteri per rosa, 12 per carrubo, 10 per asparago. L'analisi delle componenti principali ed i relativi dendogrammi consentono di raggruppare le varie accessioni in base alla distanza tra i clusters ottenuti. Le accessioni introdotte vengono anche caratterizzate da un punto di vista fitochimico al fine di determinare quali-quantitativamente i metaboliti secondari di interesse nutraceutico presenti nelle varie parti delle piante. Su asparago viene determinato il contenuto in saponine (protodioscina) e flavonoidi (rutina), con proprietà antinfiammatorie ed antiossidanti, dei turioni e delle porzioni non eduli per la produzione di integratori alimentari. Su rosa è analizzata la concentrazione in carotenoidi, flavonoidi, polifenoli, vitamina C e l'attività antiradicale di estratti da foglie e cinorodi utilizzabili per la preparazione di alimenti funzionali (D'Angiolillo et al. 2018; Fascella et al. 2019, 2020). I risultati preliminari confermano le potenzialità di utilizzo di queste accessioni spontanee per la valorizzazione delle aree marginali della Sicilia e per la produzione di biomolecole attive di interesse salutistico. La multifunzionalità di molte delle specie studiate potrebbe consentire alle aziende agricole siciliane di diversificare le loro produzioni consentendo, quindi, un incremento del loro reddito.

### Bibliografia

- Fascella et al. 2014. *Atti X Convegno Nazionale sulla Biodiversità*, Roma 3-5 settembre, 69-76.  
Fascella et al. 2015. *Acta Hort.*, 1064, 31-37.  
D'Angiolillo et al. 2018. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 46(2), 402-409.  
Fascella et al. 2019. *Acta Hort.*, 1232, 81-88.  
Fascella et al. 2019. *Food Chem.*, 289, 56-64.

## Estratti polifenolici dei frutti di *Myrtus communis* e *Arbutus unedo*: loro possibile inclusione nel siero, un comune prodotto di scarto dell'industria casearia

Detti C.<sup>1\*</sup>, Brunetti C.<sup>2</sup>, Nascimento L.B.S.<sup>1</sup>, Bilia A.R.<sup>3</sup>, Vanti G.<sup>3</sup>, Ferrini F.<sup>1,4</sup>, Gori A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università di Firenze, Sesto Fiorentino (Firenze)

<sup>2</sup>Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante (IPSP), Sesto Fiorentino (Firenze)

<sup>3</sup>Dipartimento di Chimica "Ugo Schiff", Università di Firenze, via Ugo Schiff 6, 50019, Sesto Fiorentino (Firenze)

<sup>4</sup>Laboratorio Verde Urbano e Benessere, Università di Firenze-Società Italiana di Ortofrutticoltura

\*Autore corrispondente: [cassandra.detti@unifi.it](mailto:cassandra.detti@unifi.it)

Parole chiave: polifenoli, estrazione verde, HPLC-DAD, piante mediterranee spontanee, valorizzazione dei prodotti di scarto

*Myrtus communis* L. e *Arbutus unedo* L. sono due specie tipiche del bacino del Mediterraneo. I loro frutti, ricchi in polifenoli antiossidanti, sono importanti fonti di biomolecole che possono essere utilizzate come additivi nutraceutici o alimentari. Il siero di latte definito come la parte liquida del latte che si separa dalla cagliata durante la caseificazione, costituisce uno dei sottoprodotti più inquinanti della industria casearia. Tuttavia, questo prodotto di scarto può essere utilizzato come ingrediente funzionale in vari alimenti grazie al suo elevato contenuto di proteine e minerali. In questo senso, includere estratti ricchi in polifenoli nel siero di latte potrebbe permettere il recupero e la valorizzazione di questo prodotto di scarto. Lo scopo di questo studio è stato quello di ottenere estratti arricchiti in polifenoli dai frutti di *M. communis* e *A. unedo*, includerli nel siero e verificarne la loro stabilità chimica dopo l'inclusione. A questo scopo, i frutti di queste specie (freschi, secchi e liofilizzati) sono stati estratti attraverso due tecniche (decocto in acqua ed estrazione etanolica ad ultrasuoni). L'estratto risultato più ricco in polifenoli di ognuna delle due specie è stato quindi incluso nel siero e conservato a 4 ° C per 60 giorni. Il decocto di frutta fresca di entrambe le specie è risultato essere l'estratto con il più alto contenuto polifenolico, perciò è stato aggiunto nel siero di latte in due forme: polvere e liquida. Ogni 15 giorni (T<sub>0</sub>, T<sub>15</sub>, T<sub>30</sub>, T<sub>45</sub>, T<sub>60</sub>) le inclusioni sono state analizzate per le loro proprietà fisico-chimiche, in particolare per il pH e per la stabilità del contenuto polifenolico. Le inclusioni con gli estratti di frutta di *M. communis* sono risultati ricchi

di derivati della miricetina e dei derivati dell'acido galloil chinico e di quattro antociani (mirtillina, kuromanina, petunidina e oenina). Tutti i composti sono risultati stabili da T<sub>0</sub> a T<sub>60</sub> in entrambe le forme di inclusione. Inoltre, il pH ha mostrato valori simili nelle due forme di inclusione rimanendo stabile fino a T<sub>15</sub>. Da questo tempo in poi è stato osservato un andamento decrescente fino al T<sub>60</sub>. Per quanto riguarda invece gli estratti di frutta di *A. unedo*, è stata rilevata principalmente la presenza di derivati dell'acido gallico e galloil chinico. Per questa specie, l'inclusione nel siero con l'estratto in polvere è risultata più ricca in polifenoli rispetto alla forma liquida. Nonostante sia stata osservata una leggera diminuzione di polifenoli nella polvere a partire dal T<sub>45</sub>, questa tipologia di inclusione ha comunque mantenuto un contenuto polifenolico più elevato rispetto a quella liquida. Inoltre, in entrambe le tipologie di inclusione, il pH si è mantenuto stabile fino a T<sub>15</sub> per poi diminuire. In conclusione, le inclusioni nel siero di latte degli estratti di frutta di *M. communis* e *A. unedo* in forma di polvere e liquida si sono dimostrati chimicamente stabili mantenendo un alto contenuto totale di polifenoli. Per *A. unedo*, l'estratto in polvere si è rivelato la scelta migliore rispetto all'estratto in forma liquida. Questi risultati sono importanti per una possibile valorizzazione del siero di latte come ingrediente funzionale e per formulare nuovi prodotti con un potenziale di applicazione in varie tipologie di industrie, come quelle nutraceutiche e alimentari.



## Potenziale attività Antitumorale dei licheni

Russo A.

*Dipartimento di Scienze del Farmaco e della Salute, Università di Catania, V. A. Doria, 6, 95125 Catania*

*Autore corrispondente: alrusso@unict.it*

Parole chiave: licheni, depsidoni, cancro, apoptosi

I licheni sono organismi vegetali complessi, costituiti da due individui che vivono in simbiosi. Uno dei simbionti è un fungo superiore: Ascomicete nel maggior numero delle specie, Basidiomicete in pochissime; l'altro è un alga, per lo più unicellulare, Schizoficea o Cloroficea. I licheni sono i primissimi colonizzatori degli habitats terrestri e sono distribuiti in tutto il mondo dalle regioni artiche a quelle tropicali e dalle pianure alle più alte montagne. In particolare sono gli organismi macroscopici più cospicui nel Sud America continentale (Cile) e in Antartide, in termini di specie, biomassa e distribuzione. I licheni e i loro metaboliti sono stati utilizzati dall'uomo sin dall'antichità. Nel corso dei secoli gli estratti lichenici sono stati utilizzati per vari scopi, in particolare come alimento, profumi e come rimedi nella medicina popolare fin dai tempi dell'antico Egitto. Studi chimici sui metaboliti secondari presenti nei licheni hanno portato all'isolamento di numerose nuove sostanze, che ad oggi sono oltre 800. Molti di questi composti, tra cui depsidi, depsidoni, acidi usnici, dibenzofurani, xantoni, antrachinoni, derivati dell'acido pulvinico e alifatici, sono unici rispetto a quelli delle piante superiori e mostrano interessanti attività farmacologiche. Infatti, oltre al loro ruolo naturale, i composti secondari lichenici hanno mostrato una varietà di attività biologiche come le proprietà antibiotiche, antimicobatteriche, antimutagene,

antiossidanti, antivirali, antipiretiche, analgesiche e antitumorali, e sono stati utilizzati per il trattamento di differenti affezioni nella medicina tradizionale. Sebbene molti licheni siano stati studiati per le loro proprietà biologiche e diversi composti siano stati purificati e identificati, il loro potenziale terapeutico non è stato ancora completamente esplorato. In particolare, sono limitate le informazioni disponibili sui potenziali effetti antitumorali dei composti puri. L'acido usnico, il prototipo dei composti a basso peso molecolare derivati dai licheni, è quello maggiormente studiato. Trova impiego in preparati farmaceutici contro infezioni, eczemi batterici, mastiti, foruncolosi e polidermia. Inoltre, studi preclinici hanno permesso di ipotizzare un suo possibile utilizzo come agente antineoplastico. La tossicità dell'acido usnico è stata associata ad un aumento dello stress ossidativo e all'induzione dell'apoptosi. Oltre a questo derivato del dibenzofurano, anche diversi depsidi e depsidoni mostrano una potenziale attività antitumorale. Noi abbiamo esteso lo studio, ponendo l'attenzione su differenti metaboliti secondari ottenuti da diverse specie licheniche raccolte in differenti luoghi del Cile continentale e antartico. I nostri risultati confermano la maggiore efficacia dei depsidoni, e possono offrire un ulteriore impulso allo sviluppo di analoghi più efficaci.

## Attività antiossidante ed ipoglicemizzante di tre ecotipi locali di fagiolo: Rosso Scritto del Pantano, Munachedda e Maruchedda

Rossano R.<sup>1</sup>, Macellaro M.<sup>1</sup>, Fanigliulo A.<sup>2\*</sup>, Crescenzi A.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze, Università della Basilicata, Potenza, 85100

<sup>2</sup>Bioagritest Srl Centro Interregionale di Diagnosi Vegetale, Pignola, 85010

<sup>3</sup>Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari e Ambientali, Università della Basilicata, Potenza, 85100

\*Autore corrispondente: bioagritest@gmail.com

Parole chiave: antiossidanti, fagiolo, ecotipi, proprietà antiglicemiche, progetto PURUS

La capacità di alcuni alimenti vegetali di ridurre il rischio di patologie croniche è stata associata, almeno in parte, alla presenza di metaboliti secondari dotati di molteplici attività biologiche. Negli ultimi anni vi è un crescente interesse verso i legumi tra cui il fagiolo, oltre che per le loro caratteristiche nutrizionali, anche come alimenti funzionali, dotati di proprietà benefiche per la salute umana. Tra le varie specie vegetali, alcuni studi riportano sulla proprietà antiglicemiche di estratti ottenuti da fagioli secchi. I legumi, inoltre, rappresentano un'ottima fonte di antiossidanti, soprattutto di composti fenolici, molecole in grado di contrastare lo stress ossidativo alla base di invecchiamento e di numerose condizioni patologiche cronico-degenerative. In questo lavoro è stato condotto uno studio preliminare sulle proprietà nutrizionali e funzionali (contenuto in polifenoli, attività antiossidante e ipoglicemizzante) di tre ecotipi locali di fagiolo: 'Rosso Scritto del Pantano' (RSP), 'Munachedda' (MUN) e 'Maruchedda' (MAR). Le proprietà nutrizionali (contenuto in umidità, proteine, grassi, carboidrati e ceneri) sono state determinate secondo i metodi ufficiali AOAC. Il contenuto in polifenoli totali è stato determinato con il metodo di Folin-Ciocalteu, mentre l'attività antiossidante è stata valutata mediante determinazione del potere riducente (test del cloruro ferrico) e della capacità di *radical scavenging* nei confronti dei radicali DPPH (2,2-Diphenyl-1-picryl-hydrazyl) e NO (monossido d'azoto). Infine, l'attività ipoglicemizzante è stata valutata attraverso la capacità di inibire gli enzimi digestivi dei carboidrati  $\alpha$ -glucosidasi ed  $\alpha$ -amilasi. Riguardo i valori nutrizionali, ad eccezione del contenuto in lipidi e in ceneri, di poco più alti

nell'ecotipo MUN rispetto agli altri, non ci sono differenze tra i campioni. I valori osservati sono simili rispetto a quelli riportati mediamente per i fagioli secchi. Il contenuto in polifenoli totali e alla capacità antiossidante (acido gallico equivalente (AGE)/g di campione secco) per l'ecotipo RSP mostrano valori significativamente maggiori ( $p < 0,05$ ) rispetto agli altri. Il contenuto in sostanze fenoliche, compreso tra 0,86 e 1,26 mg AGE/g, è simile rispetto a quello riportato da altri autori per ecotipi di fagiolo endemici del Sud Italia, caratterizzati da una forte pigmentazione. Per quanto concerne la capacità di inibizione degli enzimi  $\alpha$ -glucosidasi ed  $\alpha$ -amilasi, tutti gli estratti presentavano attività inibitoria nei confronti di entrambi gli enzimi, con valori di IC<sub>50</sub> compresi tra 116 e 180  $\mu$ g/mL per l' $\alpha$ -glucosidasi e 137 e 205  $\mu$ g/mL per l' $\alpha$ -amilasi. Rispetto ai valori osservati sperimentalmente per l'acarbiosio (50  $\mu$ g/mL per  $\alpha$ -glucosidasi e 75  $\mu$ g/mL per  $\alpha$ -amilasi) usato come controllo positivo, i campioni mostrano una capacità ipoglicemizzante 2-3 volte inferiore. In conclusione, i risultati ottenuti in questo studio evidenziano la presenza di interessanti proprietà funzionali nei tre ecotipi locali di fagiolo, 'Rosso Scritto del Pantano', 'Munachedda' e 'Maruchedda', quali attività antiossidante e ipoglicemizzante. Alla luce di ciò, risulta molto importante la salvaguardia e la promozione di queste varietà, sia per gli aspetti legati al territorio che per il loro potenziale nutraceutico.

### Ringraziamenti

Lavoro realizzato nell'ambito Progetto PURUS, C.U.P. G21G18000240009 (PSR Basilicata 2014-2020, Mis. 10, Sottomisura 10.2, Operazione 10.2.1).

## Caratteristiche produttive e contenuto di composti antiossidanti in linee di orzo colorato

Iannucci A.\*, Suriano S., Codianni P.

Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria (CREA), Centro di Ricerca per la Cerealicoltura e Colture Industriali (CI) S.S. 673, km 25.200 - 71122 Foggia

\*Autore corrispondente: [anna.iannucci@crea.gov.it](mailto:anna.iannucci@crea.gov.it)

Parole chiave: *breeding*, capacità antiossidante, *Hordeum vulgare* L., produzione di seme, seme pigmentato

L'orzo è attualmente oggetto di un rinnovato interesse come ingrediente per la produzione di cibi salutistici grazie alle proprietà funzionali dei suoi composti bioattivi, come fibre, minerali e composti antiossidanti. Queste molecole hanno un ruolo importante nel contrastare il rischio di malattie cardiovascolari, cancro e nei processi degenerativi dell'invecchiamento. Recenti studi suggeriscono che con la fortificazione del pane con composti antiossidanti, si può ottenere un prodotto funzionale che ha una maggiore digeribilità e altri effetti benefici sulla salute. Inoltre, nell'industria alimentare, l'orzo nudo è ritenuto più pregiato ed economico rispetto a quello vestito. Lo scopo del presente lavoro era la valutazione bio-agronomica e qualitativa dei materiali genetici, selezionati per i caratteri del seme nudo e pigmentato, in grado di soddisfare le esigenze del mercato per la produzione di prodotti di orzo naturalmente fortificati. Un set di 30 F8 linee *inbred* ricombinanti (RILs) sono state ottenute da incroci di 3 linee parentali: 2005 FG, K4-31, L94 e la cv. 'Priora' e selezionate per la costituzione di varietà a seme nudo ricche in composti antiossidanti, specificatamente adatte all'uso alimentare. Le RILs sono state allevate con i rispettivi parentali in campo presso il Centro di ricerca per la cerealicoltura e le colture industriali (CREA-CI) a Foggia durante 3 stagioni di crescita (2017, 2018 e 2019). Sono stati rilevati 5 caratteri: epoca di spigatura (giorni dall'1 Aprile), altezza della pianta (cm), produzione di seme ( $t\ ha^{-1}$ ), peso ettolitrico ( $hL\ kg^{-1}$ ) e peso 1000 semi (g). In un sub-set di 17 genotipi è stato determinato il contenuto in composti antiossidanti (antocianine e polifenoli totali) ( $\mu g\ g^{-1}$ ) e la

capacità antiossidante ( $\mu mol\ Trolox/g$ ) nella granella. La produzione di seme media delle linee è di  $4,7\ t\ ha^{-1}$  che corrisponde ad un incremento medio del 6,2% rispetto ai parentali. La riduzione della taglia e del tempo di spigatura delle tre nuove costituzioni è stata in media dell'8% e del 16%, rispettivamente. Il contenuto in antocianine e fenoli totali è risultato piuttosto alto in tutti i genotipi ( $91,3\ \mu g\ g^{-1}$  e  $2429,3\ \mu g\ g^{-1}$  in media, rispettivamente). Questi risultati indicano che nell'orzo il livello dei composti fitochimici può essere influenzato dal *breeding*. L'attività antiossidante è risultata altamente correlata con il contenuto di polifenoli totali. Le linee L3008 e L3009, mostravano una capacità antiossidante ( $15,4\ \mu mol\ Trolox/g$ , in media) superiore del 23% rispetto ai parentali e un più alto contenuto in polifenoli totali ( $2825,5\ \mu g\ g^{-1}$ , in media). La variabilità rilevata nei caratteri agronomici e qualitativi evidenzia la possibilità di selezionare genotipi di orzo con seme nudo e pigmentato con un alto contenuto in composti fenolici e con capacità antiossidante. Queste selezioni potrebbero essere usate per promuovere l'introduzione di nuovi genotipi di orzo ricchi in composti funzionali naturali da utilizzare anche nella formulazione di nuovi prodotti alimentari. Inoltre, le migliori linee RIL potrebbero essere utilizzate come una risorsa nel miglioramento genetico.

### Bibliografia

- Suriano et al. 2018. *Food Research International*, 113, 221–233.  
Suriano et al. 2019. *International Journal of Food Science & Technology*, 54 (7), 2478-2486.

## **Cyperus esculentus L. (mandorla di terra): valutazione agronomica e proprietà nutrizionali**

Ghiselli L.\*, Romagnoli S., Benedettelli S., Tallarico R.

Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI) – Università di Firenze (UNIFI) – Piazzale delle Cascine 18 – 50144 Firenze

\*Autore corrispondente: [lisetta.ghiselli@unifi.it](mailto:lisetta.ghiselli@unifi.it)

Parole chiave: mandorla di terra, tubero, cultivar, morfologia, caratteri nutrizionali

*Cyperus esculentus* L. è una pianta probabilmente originaria dell’Africa tropicale, oggi diffusa in tutte le regioni temperate e tropicali della Terra, presenta quindi una notevole variabilità genetica (Follak et al. 2016). Questa specie risulta già coltivata nell’antico Egitto e poi in Grecia e a Roma ma la sua coltivazione è stata pressoché abbandonata in Italia e in molti Paesi europei. Questa coltura è tuttora praticata soprattutto nell’Africa occidentale, dove i tuberi essiccati, ricchi di amidi, zuccheri, lipidi e proteine, vengono consumati dopo averli immersi in acqua o tostati. In Spagna dai tuberi tritati si produce un estratto acquoso conosciuto sotto il nome di *horchata*, simile all’orzata ottenuta dalle mandorle. Altri possibili impieghi dei tuberi sono l’estrazione dell’amido e dell’olio e la produzione di caramello (Pascual et al. 2000). Una prova agronomica è stata realizzata nel 2019 in un terreno sciolto dell’azienda agraria dell’Istituto Tecnico Agrario Statale di Firenze,

piantando 3 file di tuberi rispettivamente appartenenti a 3 diverse varietà provenienti dall’area di coltivazione della Spagna (dintorni di Valencia). È stata determinata la resa areica di ciascuna varietà e sono stati effettuati rilievi morfologici sui tuberi. Il prodotto è stato inoltre sottoposto ad analisi dei principali componenti nutrizionali (proteine, amido, zuccheri, lipidi, sali minerali). I risultati ottenuti sono di notevole interesse in quanto dimostrano la possibilità di realizzare, anche nei nostri ambienti, una coltura a basso input e adatta a terreni marginali, che fornisce un prodotto di elevato valore nutrizionale e di grande versatilità nei suoi possibili usi.

### **Bibliografia**

- Follak et al. 2016. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics*, 23, 33-51.  
Pascual et al. 2000. *Economic Botany*, 54(4), 439-448.

## Il pomodorino da serbo “Vesuviano”: evoluzione della qualità alimentare, nutraceutica e del profilo aromatico durante la conservazione “naturale”

Parisi M.<sup>1\*</sup>, Lo Scalzo R.<sup>2</sup>, Migliori C.A.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>CREA Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo, Sede di Pontecagnano, Via Cavallegeri, 25 - 84098, Pontecagnano (SA)

<sup>2</sup>CREA Centro di ricerca Ingegneria e Trasformazioni agroalimentari - Sede di Milano, Via G. Venezian, 26 - 20133, Milano

<sup>3</sup>CREA Centro di ricerca Ingegneria e Trasformazioni agroalimentari - Sede di Torino, Strada delle cacce, 73 - 10135, Torino

\*Autore corrispondente: [mario.parisi@crea.gov.it](mailto:mario.parisi@crea.gov.it)

Parole chiave: ecotipo, *post-harvest*, sostanze volatili, licopene, zuccheri, GC-MS, HPLC

Diverse varietà autoctone di pomodorini da serbo, con spiccata tolleranza alla siccità, sono tradizionalmente coltivate nell'Italia meridionale (Siracusa et al. 2011; Mercati et al. 2015, Migliori et al. 2017). Peculiari caratteristiche della bacca, come l'elevata compattezza e spessore della buccia, ne consentono una prolungata conservazione in condizioni di conservazione “naturale”. Infatti, le bacche si raccolgono a grappoli, prima della completa maturazione e vengono posizionate su supporti di spago a formare corone di frutti (i cosiddetti “grappoloni” o “piennoli” di 2-6 kg), che si sospendono in locali ventilati, in modo da consentirne la conservazione fino alla primavera successiva. La più importante di queste varietà autoctone è coltivata sulle pendici del Vesuvio ed è denominata “Vesuviano” o “Pomodorino del piennolo del Vesuvio - DOP”. L'obiettivo del presente lavoro è stato quello di valutare l'evoluzione della qualità del pomodorino “Vesuviano” conservato per 40-80-120 giorni (0-40-80-120 DPH) secondo la tradizionale tecnica (“piennoli”), rispetto al prodotto appena raccolto. Sono stati monitorati i seguenti parametri chimico-analitici: residuo secco, zuccheri semplici (glucosio e fruttosio), acidi organici (malico e citrico), sostanze volatili (alcoli, terpeni composti carbonilici ed eterociclici) e antiossidanti (licopene). I risultati evidenziavano una riduzione del residuo secco, durante tutto l'arco della conservazione, in modo particolare a 80 e 120 DPH e, per quanto concerne gli zuccheri solubili, anch'essi con trend decrescente, il calo significativamente più importante era evidenziato tra 40 e 80 DPH. Per gli acidi organici una riduzione, seppure contenuta, era individuata per l'acido malico a 40 e 80 DPH, mentre l'acido citrico restava costante durante tutto il post-harvest, ma con un significativo calo tra 80 e 120 DPH. Riguardo alle sostanze volatili, i dati evidenziavano un'apprezzabile modifica del profilo aromatico del pomodorino “Vesuviano” in post-harvest. Riguardo alle varie classi di composti, considerati nel loro insieme: gli alcoli incrementavano fino a 80 DPH per poi diminuire fino a valori inferiori al prodotto appena raccolto (0 DPH), mentre i composti carbonilici, derivati fenolici e terpeni aumentavano in maniera

consistente fino a 120 DPH, rispetto al campione fresco. Prendendo in considerazione i soli i componenti volatili caratteristici del pomodoro (esanale, 2-esenale (E), 2-isobutiltiazolo) questi aumentavano durante la conservazione, raggiungendo il valore massimo a: 120 DPH per l'esanale, a 40 DPH per il 2-esenale (E) e a 80 DPH per il 2-isobutiltiazolo. Il licopene, infine, aumentava in modo costante durante tutto il post-harvest. La diminuzione del residuo secco durante la conservazione potrebbe far presupporre ad un accumulo di liquidi (acqua) nella bacca che non venivano dispersi nell'ambiente a causa dell'elevato spessore dell'epicarpo, tipico del “Vesuviano”, che ne limitava l'evaporazione. L'ipotesi dell'accumulo di acqua nelle bacche in post-harvest potrebbe essere spiegata con l'aumento del metabolismo del frutto durante la conservazione ed in particolare con il ciclo di Krebs, i cui prodotti finali sono la CO<sub>2</sub>, e, appunto, l'acqua. L'aumento del metabolismo cellulare potrebbe trovare conferma anche nella diminuzione degli zuccheri semplici e degli acidi organici. Oltre all'acqua ed alla CO<sub>2</sub>, durante il ciclo di Krebs si producono anche alcuni amino acidi, che sono precursori delle sostanze volatili del frutto, mentre l'acetil-CoA può essere anche il precursore del licopene e dei terpeni, attraverso la via ciclo dell'acido mevalonico. Questo studio evidenzia effetti contrastanti della conservazione “naturale” del pomodorino “Vesuviano” fino a 120 giorni dalla raccolta. Per quanto concerne gli aspetti nutrizionali, durante il post-harvest si osserva un aumento dei profili aromatici ed in particolare dei terpeni e dei composti carbonilici e una sostanziale diminuzione degli zuccheri e del residuo secco, con variazione quindi delle proprietà organolettiche della bacca conservata. Infine, il “Vesuviano”, così conservato, presenta un interessante miglioramento della potenzialità nutraceutica, a causa dell'incremento del contenuto in licopene.

### Bibliografia

- Siracusa et al. 2011. *J. Agric. Food Chem.*, 60, 309–314.  
Mercati et al. 2015. *Gen. Res. Crop Evol.*, 62, 721–732.  
Migliori et al. 2017. *Sci. Hort.*, 222, 193–202.

## L'insetto *Hermetia illucens*: una fonte sostenibile di *novel feed* e *food*

Scieuzo C.<sup>1,2</sup>, Salvia R.<sup>1,2</sup>, Franco A.<sup>1,2</sup>, Zaccagnino D.<sup>1</sup>, Castronuovo I.<sup>1</sup>, Falabella P.<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze, Università della Basilicata, Via dell'Ateneo Lucano, 10 – 85100, Potenza

<sup>2</sup>Spin-off Xflies, Via dell'Ateneo Lucano, 10 – 85100, Potenza

\*Autore corrispondente: [patrizia.falabella@unibas.it](mailto:patrizia.falabella@unibas.it)

Parole chiave: *novel feed*, *novel food*, bioconversione, *Hermetia illucens*, economia circolare

L'entomofagia, cioè il consumo di insetti da parte dell'uomo, è una pratica radicata nel tempo, in particolare in Asia, Africa e Sud America. Circa 2000 specie di insetti sono utilizzate come cibo e fanno parte delle diete tradizionali di almeno 2 miliardi di persone (Jongema, 2017). Sebbene gli insetti siano una parte consolidata della cultura alimentare in alcuni paesi, nel mondo l'ostacolo da superare nel consumo di insetti è il pregiudizio culturale. Negli ultimi anni l'atteggiamento nei confronti degli insetti sta cambiando grazie alle nuove normative europee. Attualmente è possibile utilizzare larve per il *pet food*, farine e proteine animali trasformate nella mangimistica per acquacoltura (Reg. EU 893/2017), derivanti da sole sette specie di insetto solo se allevate su scarti della filiera agroalimentare. Inoltre, Regolamento UE 2283/2015 entrato in vigore nel 2018 sui *novel food* prevede la produzione e commercializzazione di insetti o alimenti contenenti insetti per l'alimentazione umana. In Italia, così come anche in Svezia, Polonia, Portogallo e Ungheria, l'utilizzo di insetti per l'alimentazione umana non è ancora consentito. Alcuni Stati Membri dell'UE hanno, invece, ammesso a livello nazionale la commercializzazione di alcune specie di insetto in un regime definito di tolleranza, attraverso l'applicazione delle cosiddette nuove "misure di transizione" alimentare. Ad oggi, la crescente domanda mondiale di fonti proteiche per l'allevamento di animali non può più essere soddisfatta dalla pesca intensiva per la produzione di farine di pesce ad alto contenuto proteico, né dall'uso intensivo di terreni per colture proteiche (soia). Le proteine di insetto svolgono, quindi, un ruolo importante nella sostituzione progressiva della soia e della farina di pesce e, in prospettiva, nella progressiva integrazione come nuovo alimento. Allevare insetti determina minori emissioni di gas serra e minore impronta idrica per grammo di proteine prodotte rispetto a qualsiasi altro allevamento convenzionale (Oonix e de Boer, 2012). Molto interessante è la capacità di alcuni insetti di nutrirsi di scarti organici, anche in decomposizione, sia di origine vegetale che animale. È il caso del dittero *Hermetia illucens*, un insetto saprofito in grado di bioconvertire scarti organici e sottoprodotti di

diversa origine, ottenendo larve vive ricche in proteine e lipidi, la cui percentuale e composizione variano a seconda del substrato alimentare. Le larve di *H. illucens* sono in grado di trasformare l'azoto presente nel substrato e le proteine di bassa qualità (poiché derivanti da alimenti di origine vegetale) in proteine nobili (poiché di origine animale) che possono variare dal 37 al 63% del loro peso secco e acidi grassi saturi e insaturi, che possono raggiungere fino al 39% del peso secco larvale (Scala et al. 2020). Ulteriori prodotti di elevato valore economico e biologico sono le deiezioni delle larve al termine del processo di bioconversione, paragonabili ad ammendante compostato misto, prontamente utilizzabile in agricoltura (Setti et al. 2019). Inoltre la chitina, componente dell'esoscheletro degli insetti, e i suoi derivati, per le loro proprietà antimicrobiche, di biocompatibilità e biodegradabilità trovano applicazione in diversi settori (ambientale, agroalimentare, farmaceutico, cosmetico) (El Knidri et al. 2018). Ricerche preliminari sono state condotte su tre diversi sottoprodotti dell'agroalimentare al fine di studiarne l'effetto su parametri come tasso di crescita, biomassa finale, contenuto in minerali, proteine e lipidi e riduzione del substrato. I risultati evidenziano che *H. illucens* è in grado di nutrirsi su tutti i substrati testati, benché i parametri analizzati siano influenzati dai substrati di partenza. Il processo di bioconversione dei sottoprodotti dell'agroalimentare mediato da *H. illucens* è uno strumento valido per la valorizzazione degli scarti e per la produzione sostenibile di proteine animali alternative e innovative da utilizzare come *novel feed* e, in prospettiva, *novel food*, e per la produzione di molecole (lipidi e chitina) di elevato valore economico, in ottica di economia circolare.

### Bibliografia

- Jongema 2017. <https://www.wur.nl/en/Research-Results/Chair-groups/Plant-Sciences/Laboratory-of-Entomology/Edible-insects/Worldwide-species-list.htm>  
Oonix e de Boer 2012 *PLoS ONE*, 7, e51145.  
Scala et al. 2020. *Sci Rep*, 10, 19448.  
Setti et al. 2019 *Waste Manag.*, 95, 278-288.  
El Knidri et al. 2018. *Int J Biol Macromol.*, 120, 1181-1189.

## La conoscenza come base per la valorizzazione delle risorse locali. Analisi nutrizionali di varietà di mele autoctone della Regione Umbria

Gramaccia M.<sup>1\*</sup>, Taticchi A.<sup>2</sup>, Urbani S.<sup>2</sup>, Esposto S.<sup>2</sup>, Concezzi L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>3A Parco tecnologico Agroalimentare dell'Umbria, Fraz. Pantalla di Todi, 06059, Todi (PG)

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie Alimentari e Ambientali, Università di Perugia, Via S. Costanzo, 06126, Perugia (PG)

\*Autore corrispondente: [ricerca@parco3a.org](mailto:ricerca@parco3a.org)

Parole chiave: nutraceutica, fruttiferi, varietà locali

Da quasi venti anni la Regione Umbria si interessa della Biodiversità di interesse agrario finanziando diversi progetti volti alla sua ricerca, studio, tutela e valorizzazione. Nel tempo ciò ha portato, relativamente alle specie da frutto, alla individuazione di diverse decine di accessioni a rischio di erosione o estinzione. Tra le iniziative sviluppate per la loro tutela c'è quella della costituzione di campi collezione in cui gli esemplari sono conservati e studiati per caratterizzarli dal punto di vista morfo-fenologico e genetico. In un secondo momento, alcune tra le accessioni ritenute di maggior interesse sono poi state inserite in alcuni frutteti dimostrativi con l'obiettivo di studiarle anche sotto il profilo agronomico. Nel corso degli anni, alcune di queste accessioni sono poi state sottoposte ad analisi di carattere nutrizionale ed organolettico, al fine di evidenziare eventuali elementi di pregio che ne potessero accrescere l'interesse dei consumatori e, sulla scorta di questo fattore, anche dei produttori (Gramaccia et al. 2016). Sino al presente studio queste analisi erano state però a carattere *spot* e occasionale. Nel corso del 2019-2020 è stato elaborato uno studio più articolato volto ad esaminare l'andamento nel tempo del profilo nutrizionale di 9 varietà di mele autoctone in coltivazione presso

l'Azienda "Sett'Olimi" di Perugia dove nel 2010 era stato realizzato uno dei frutteti dimostrativi. Le varietà studiate sono, in ordine di maturazione: Conventina, Sonagli, Ruzza, Panaia di Norcia, Oleosa, Coccianese, Cera, Panaia grande, Spoletina; come cultivar di confronto è stata usata Golden, coltivata sempre nella stessa azienda. Le valutazioni hanno riguardato alcuni parametri analitici ed erano distinte in tre fasi temporali: alla raccolta, a 2 e a 4 mesi dalla raccolta, conservando i frutti in cella frigorifera (+5 °C). L'obiettivo di base è stato quello di rilevare eventuali elementi compositivi di pregio e di interesse salutistico nelle risorse locali, tali da incrementare e favorire la propensione e l'interesse all'acquisto da parte dei possibili acquirenti. Al tempo stesso l'obiettivo è stato anche quello di valutare se e come i processi di post maturazione e di conservazione influiscano sui parametri analizzati e cercare così di avere elementi utili ad orientare eventuali scelte sia in ambito colturale sia in quello di gestione delle produzioni in post raccolta.

### Bibliografia

Gramaccia et al. 2016. *XI Convegno Nazionale Biodiversità*, Matera, 2016.

## NewGrain: un “nuovo grano” per la valorizzazione della biodiversità delle produzioni cerealicole in Puglia

Marcotuli I., Gadaleta A.\*

Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali, Università di Bari Aldo Moro, via G. Amendola 165/A, 70126 - Bari

\*Autore corrispondente: [agata.gadaleta@uniba.it](mailto:agata.gadaleta@uniba.it)

Parole chiave: grano verde, *freekeh*, agriturismo

Recentemente il comparto agro-alimentare ha registrato una crescente richiesta di prodotti che garantiscano genuinità, sostenibilità, sicurezza e comprovati benefici per la salute dell'uomo. Da qui l'idea di selezionare varietà idonee a recuperare un'antica tecnica di lavorazione del frumento ancora in uso in Medio Oriente secondo la quale le cariossidi vengono raccolte immature, quindi verdi, meccanizzarla e indirizzarla, oltre che al consumatore finale, ad un settore specifico che in questi ultimi anni sta avendo grande successo in tutto il panorama italiano, soprattutto in Puglia: l'azienda Agrituristica. In particolare il progetto mira a produrre, trasformare e commercializzare il *freekeh*, o grano verde, in selezionate aziende agricole/agriturismi della Puglia, con territori a forte vocazione cerealicola. Il *freekeh* può essere consumato tal quale in zuppe, insalate di cereali, minestre, o trasformato in farine per la produzione di pane, pasta e derivati. Il partenariato pubblico-privato ha selezionato linee di frumento duro candidate per la produzione di *freekeh* e caratterizzate da elevata produttività (numero di spighe, altezza della pianta, numero di cariossidi per

spiga e peso mille semi) e caratteri qualitativi (proteine, vitamine, antiossidanti, fibre, glutine e indice glicemico). Sono state effettuate prove di allevamento in piccola scala per mettere a punto protocolli di produzione (pratiche colturali biologiche idonee a migliorare gli aspetti nutrizionali, salutistici e tecnologici del prodotto finale) e di trasformazione a livello aziendale al fine di valutare l'efficienza produttiva e le caratteristiche qualitative dei frumenti selezionati raccolti allo stadio di maturazione lattea. A questo stadio di maturazione, infatti, le cariossidi presentano il più elevato contenuto in proteine, fibre, vitamine e minerali, e il più basso indice glicemico. Nella fase post progettuale, quindi, tali linee verranno distribuite presso le aziende agricole/agriturismi partner che procederanno alla coltivazione su larga scala e al processamento dei frumenti per l'ottenimento del grano verde dalle innumerevoli qualità nutrizionali. Il *freekeh* potrà essere servito tal quale o ridotto in farine da utilizzare per la produzione di pane, pasta e altri derivati, divenendo prodotto peculiare e di punta degli agriturismi della Puglia.



## Proprietà bioattive del fiore del *Crocus sativus* delle Marche: confronto tra stigmi e tepali

Bellachioma L.<sup>1\*</sup>, Morresi C.<sup>1</sup>, Ferretti G.<sup>2</sup>, Bacchetti T.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente, Università Politecnica delle Marche, Via Brecce Bianche, 60131 Ancona (AN)

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Cliniche Sperimentali e Odontostomatologiche, Università Politecnica delle Marche, Università Politecnica delle Marche, Via Brecce Bianche, 60131 Ancona (AN)

\*Autore corrispondente: [luisabellachioma@gmail.com](mailto:luisabellachioma@gmail.com)

Parole chiave: bio-residui, stress ossidativo, polifenoli, zafferano, diabete

Il *Crocus sativus* (L.) comunemente noto come zafferano, è una pianta appartenente alla famiglia delle Iridaceae, i cui principali composti bioattivi esercitano diverse funzioni protettive sulla salute dell'uomo. Commercialmente sono utilizzati soltanto gli stigmi, i quali rappresentano il 7% della pianta, le restanti parti del fiore sono prodotti di scarto. L'obiettivo dello studio è stato indagare le proprietà composizionali e funzionali del *Crocus sativus* coltivato nelle Marche. A tale scopo l'analisi della composizione polifenolica è stata effettuata in stigmi e tepali del fiore. Lo studio dell'attività antiradicalica è stato condotto mediante saggi *in vitro*. L'effetto protettivo degli estratti acquosi di stigmi e tepali contro il danno glico-ossidativo indotto dal metilgliosale (MGO) è stato investigato usando sia modelli cell-free che in modelli di cellule intestinali (Caco2). L'interesse in questo studio è supportato da numerosi studi che hanno dimostrato che lo stress glico-ossidativo è un processo patologico coinvolto nei meccanismi alla base dell'invecchiamento e numerose condizioni patologiche come il diabete, l'aterosclerosi e patologie infiammatorie intestinali. I risultati ottenuti dimostrano che gli stigmi e i tepali sono ricchi in composti polifenolici. Antocianine e flavonoli risultano essere le classi polifenoliche

maggiormente rappresentate, soprattutto nei tepali. I tepali mostrano maggiori proprietà antiossidanti rispetto agli stigmi come evidenziato dal metodo ORAC (Oxygen Radical Absorbance Capacity) e DPPH (2,2-diphenyl-1-picryl-hydrazyl-hydrate). I risultati hanno evidenziato che i composti bioattivi presenti negli stigmi e nei tepali sono in grado di proteggere l'albumina dal danno glico-ossidativo indotto dal MGO come dimostrato dalla riduzione della produzione di prodotti finali di glicazione avanzata (AGEs) e carbonili associati alle proteine (PCOS). Il ruolo protettivo degli estratti di stigmi e tepali contro i processi glico-ossidativi è stato confermato nelle cellule intestinali incubate con MGO. In conclusione, la caratterizzazione composizionale delle diverse parti del fiore *Crocus sativus* e lo studio dei loro ruoli bioattivi potrebbe aprire prospettive del loro utilizzo come ingrediente funzionale sia in ambito alimentare, farmaceutico o nel settore degli integratori alimentari. Questo aspetto è particolarmente interessante per i tepali del *Crocus sativus*, infatti, i risultati ottenuti potrebbero favorire un loro recupero nell'ottica di una economia circolare mirata a minimizzare gli sprechi e al recupero del materiale di scarto.

## Valorizzazione del latte di capra garganica attraverso la supplementazione a base di acidi grassi polinsaturi

Ciliberti M.G., Caroprese M.\*, Albenzio M., della Malva A., Marino R., Santillo A., Sevi A.

Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE), Via Napoli, 25, 71122 Foggia

\*Autore corrispondente: [mariangela.caroprese@unifg.it](mailto:mariangela.caroprese@unifg.it)

Parole chiave: biodiversità, gestione alimentazione, piccoli ruminanti, supplementazione lipidica, pascolo

Le produzioni ovi-caprine svolgono un ruolo socioculturale importante contribuendo, in modo attivo, a preservare i paesaggi e gli ecosistemi, cooperando alla conservazione della biodiversità e fornendo prodotti al mercato di nicchia (Marino et al. 2016). In questo contesto si inserisce la filiera del latte di capra, prodotto noto per le spiccate proprietà nutrizionali, caratterizzato da un buon profilo in acidi grassi, proteine e amminoacidi (Silanikove et al. 2010). La gestione di corretti piani di alimentazione risulta fondamentale per la standardizzazione ed il miglioramento della qualità del latte. In particolare quando gli animali sono allevati in un sistema estensivo o semi-estensivo, la variabilità della composizione delle risorse pabulari si ripercuote direttamente sulla qualità del latte finale. È stato dimostrato che l'integrazione di semi di lino estrusi incrementa i livelli di acidi grassi omega-3 nel latte di capra (Bernard et al. 2015). L'obiettivo del presente lavoro è stato la valutazione dell'effetto di una supplementazione a base di acidi grassi polinsaturi (PUFA) sulle performance produttive delle capre di razza Garganica, in termini di produzione e qualità del latte prodotto. La prova sperimentale ha coinvolto 24 capre divise in tre gruppi, ricevendo rispettivamente una dieta a base di 1,45 kg/giorno di concentrato e 50 g/giorno di olio di pesce microincapsulato (gruppo FO), una dieta a base di 1,35 kg/giorno di concentrato e 150 g/giorno di seme di lino intero (gruppo LIN), e una dieta costituita da 1,5 kg/giorno di concentrato senza alcuna supplementazione lipidica (gruppo CON). L'acqua è stata fornita *ad libitum* e gli animali sono stati allevati con libero accesso al pascolo (9.00-17.00). L'esperimento ha avuto una durata complessiva di 5 settimane ed è stata condotta in primavera in una

azienda zootecnica locata nel Gargano (Regione Puglia). I campioni di latte sono stati analizzati settimanalmente per la determinazione della composizione chimica (MilkoScan™ FT120, Foss Electric, DK-3400 Hillerød, Denmark), del profilo acido e della conta delle cellule somatiche (CCS, Fossomatic™ Minor, Foss Electric, DK-3400 Hillerød, Denmark). L'integrazione della dieta con semi di lino ha determinato un aumento significativo della produzione di latte (30%), grasso, (67%), proteine (34%), e caseine (41%) rispetto al latte del gruppo CON. Non si sono registrate differenze significative tra i diversi gruppi sperimentali rispetto al valore di CCS. Il contenuto in grasso del latte del gruppo LIN è risultato maggiore del 30% rispetto al latte del gruppo CON e del 12% rispetto al latte del gruppo FO. Inoltre nel gruppo LIN è stato registrato un miglioramento del profilo acido del latte, con una riduzione degli acidi grassi saturi ( $P<0,05$ ) e un maggiore contenuto di PUFA ( $P<0,05$ ) rispetto al gruppo FO. Il miglioramento del profilo acido del latte LIN ha determinato una riduzione significativa degli indici aterogenico ( $P<0,001$ ) e trombogenico ( $P<0,01$ ) rispetto al latte FO e CON. In conclusione, l'utilizzo di una strategia alimentare a base di semi di lino nella dieta di capre ne migliora le performance produttive e la qualità del latte, arricchendolo in PUFA; inoltre, questa strategia oltre che a standardizzare la qualità del latte di animali al pascolo, rende particolarmente interessante il latte di capra per il consumo umano.

### Bibliografia

- Bernard et al. 2015. *Animal.*, 9, 810-821.  
Marino et al. 2016. *Small Rumin. Res.*, 135, 50-59.  
Silanikove et al. 2010. *Small Rumin. Res.*, 89, 110-124.

## Valutazione tra il contenuto di sostanze bioattive in ceppi commerciali e selvatici di *Pleurotus eryngii*

Calabretti A.<sup>2</sup>, Mang S.M.<sup>1\*</sup>, Becce A.<sup>1</sup>, Castronuovo D.<sup>1</sup>, Cardone L.<sup>1</sup>, Candido V.<sup>1</sup>, Camele I.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari ed Ambientali (SAFE), Università della Basilicata, Viale dell'Ateneo Lucano 10, Potenza, 85100

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Chimiche e Farmaceutiche, Università di Trieste, Piazzale Europa 1- Via Giorgieri, 34127, Trieste

\*Autore corrispondente: [stefania.mang@unibas.it](mailto:stefania.mang@unibas.it)

Parole chiave: attività antiossidante, cardoncello, composti bioattivi,  $\beta$ -glucani, polifenoli totali

I funghi appartenenti al genere *Pleurotus* hanno dimostrato di possedere importanti valori nutrizionali e medicinali. Infatti, il loro apporto regolare nella dieta si pensa possa prevenire la comparsa di molte malattie, ridurre le possibilità d'infezione ed incrementare le difese immunitarie. Allo scopo di investigare i composti bioattivi prodotti da sette ceppi commerciali ('142 F', '142 E', 'D+', 'V turbo', 'V 142', 'A 12', 'V160') e cinque ceppi selvatici ('Albino 1107', 'Altamura 1603', 'Muro Lucano 139', 'Conversano 1250', 'Albino beige chiaro 1094') di *P. eryngii*, sono state condotte analisi qualitative su basidiomi freschi liofilizzati e secchi per determinare: i) il contenuto totale e il profilo dei polifenoli; ii) l'attività antiossidante e iii) la quantità dei  $\beta$ -glucani. Il contenuto totale dei polifenoli è risultato essere molto variabile tra i ceppi di *P. eryngii* analizzati. In particolare, un elevato contenuto di polifenoli totali è stato trovato nei campioni freschi liofilizzati sia dei ceppi selvatici che commerciali in confronto ai campioni secchi degli stessi ceppi. L'attività

antiossidante (IC50 di ABTS) è stata maggiore nei ceppi 'Muro Lucano 139' e 'V160' di *P. eryngii* sia nei campioni freschi liofilizzati che secchi. Il potere antiradicale PAR (100 g secco) è stato superiore nei campioni freschi liofilizzati e secchi di 'Muro Lucano 139' e 'V 160'. Infine, il contenuto dei  $\beta$ -glucani è risultato essere più elevato nei campioni freschi liofilizzati dei ceppi selvatici se paragonato ai valori riscontrati negli stessi ceppi commerciali. Lo studio svolto ha permesso di identificare alcuni ceppi commerciali e selvatici di *P. eryngii* con un elevato contenuto di composti bioattivi.

Lavoro pubblicato *in extenso* su *Sustainability*, nell'ambito dell'accordo tra il Convegno "Biodiversità 2021" e la rivista: Calabretti A., Mang S. M., Becce A., Castronuovo D., Cardone L., Candido V., Camele I. 2021. Comparison of bioactive substances content between commercial and wild-type isolates of *Pleurotus eryngii*. *Sustainability*, 13(7), 3777; <https://doi.org/10.3390/su13073777>



# Ser vi zi ecosistemici

## ed impatto economico-sociale



## Il ruolo della valutazione multicriteriale per sostenere la transizione verso un'agricoltura sostenibile basata sulla diversificazione colturale

Iocola I.<sup>1\*</sup>, Angevin F.<sup>2</sup>, Bockstaller C.<sup>3</sup>, Catarino R.<sup>3</sup>, Curran M.<sup>4</sup>, Messéan A.<sup>2</sup>, Schader C.<sup>4</sup>, Stilmant D.<sup>5</sup>, Van Stappen F.<sup>5</sup>, Vanhove P.<sup>5</sup>, Ahnemann H.<sup>6</sup>, Berthomier J.<sup>7</sup>, Colombo L.<sup>8</sup>, Dara Guccione G.<sup>8,9</sup>, Mérot E.<sup>7</sup>, Palumbo M.<sup>10</sup>, Virzì N.<sup>10</sup>, Canali S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>CREA Centro di Ricerca Agricoltura ed Ambiente, via della Navicella 2-4, 00184 Roma

<sup>2</sup>INRAE - Eco-Innov, F-78850 Thiverval, Grignon, Francia

<sup>3</sup>Università di Lorraine, INRAE, LAE, F-68000 Colmar, Francia

<sup>4</sup>Istituto di ricerca per l'agricoltura biologica, FiBL, Dipartimento di scienze socioeconomiche, Ackerstrasse 113 CH-5070 Frick, Svizzera

<sup>5</sup>Centro della Vallonia per la ricerca agronomica, CRA-W, 9 Rue de Liroux, 5030 Gembloux, Belgio

<sup>6</sup>Camera dell'Agricoltura della Bassa Sassonia, Nienburg office, Vor dem Zoll 2, 31582 Nienburg, Germania

<sup>7</sup>Camera regionale dell'Agricoltura dei Paesi della Loira (CRA-PDL), Rue André Brouard 49000 Angers, Francia

<sup>8</sup>Fondazione italiana per la ricerca in agricoltura biologica e biodinamica, FIRAB, Via Pio Molajoni 76, 00159 Rome

<sup>9</sup>CREA Centro di Ricerche Politiche e Bioeconomia, Via Libertà, 203 90143 Palermo

<sup>10</sup>CREA Centro di Ricerche Cerealicoltura e Colture industriali, Corso Savoia 190, 95024 Acireale

\*Autore corrispondente: [ileana.iocola@crea.gov.it](mailto:ileana.iocola@crea.gov.it)

Parole chiave: diversificazione colturale, indicatori, sostenibilità, *trade-off*

La diversificazione colturale nello spazio e nel tempo, accrescendo le interazioni benefiche tra le specie, è considerata un elemento chiave per migliorare la sostenibilità degli agroecosistemi (Kremen et al. 2012). Tuttavia, esistono molteplici barriere che ostacolano la diffusione di sistemi agricoli diversificati e che sono legate al funzionamento complessivo del sistema agroindustriale dominante (Kleijn et al. 2019). Le politiche pubbliche, l'organizzazione delle filiere produttive a monte e a valle del sistema colturale, la formazione e la ricerca hanno contribuito a promuovere e diffondere i sistemi agricoli altamente specializzati, i cui effetti negativi sono sempre più evidenti (emissioni di gas serra, perdita di biodiversità, riduzione dei servizi eco-sistemici, ecc.). L'agricoltura europea ha bisogno di configurare nuovi modelli produttivi capaci di considerare, oltre alla componente economica, anche la dimensione socio-ambientale della sostenibilità, rimanendo allo stesso tempo competitiva nel mercato. Esistono inoltre delle conoscenze limitate sugli effetti sinergici e sui possibili compromessi (*trade-off*) generati dall'integrazione spaziale e temporale di diverse strategie di diversificazione come le rotazioni complesse, la consociazione e policoltura. Questa scarsa conoscenza è aggravata dal fatto che le misure delle *performance* dei sistemi agricoli sono incentrate prevalentemente sulle singole colture piuttosto che sull'analisi dell'intera rotazione. Con l'obiettivo di ridurre questo vuoto di conoscenza, il progetto H2020 DiverIMPACTS (2017-2022) ha costituito un network multi-attoriale di 25 Casi di Studio (CS) per identificare ed analizzare gli elementi di forza e di debolezza di una ampia gamma di esperienze di diversificazione colturale già poste in opera in diversi contesti europei. Integrando un approccio scientifico con le prospettive e le necessità degli attori dei CS e raggiungendo un compromesso tra accuratezza e facilità di misurazione, è stato sviluppato un nuovo set di 32 indicatori per la

valutazione dei sistemi colturali diversificati, che considerano le dimensioni ambientale, economica e sociale della sostenibilità. Gli indicatori, appositamente disegnati per considerare l'intera rotazione e catturare gli effetti della diversificazione nel tempo e nello spazio, sono stati testati in Francia, Germania ed Italia per valutare i sistemi colturali diversificati e quelli di riferimento, esistenti prima della diversificazione. Gli indicatori sono stati inoltre usati per una diagnosi *ex-post* dei sistemi esistenti e per valutazioni *ex-ante* di potenziali scenari. I risultati preliminari hanno dimostrato che la diversificazione può determinare diversi effetti: un miglioramento economico, ma una riduzione delle *performance* ambientali (Francia), o un miglioramento ambientale con uno svantaggio delle prestazioni economiche (Germania). Vi sono anche esempi di soluzioni "*win-win*" in cui si osserva un miglioramento di tutte le dimensioni della sostenibilità (Italia). Ulteriori valutazioni sono necessarie in questi e altri CS per confermare la generalità e la frequenza di tali condizioni. La raccolta di dati aggiuntivi nei prossimi anni del progetto e l'uso degli indicatori anche in altri CS, caratterizzati da una diversità di contesti ambientali e socio-economici, offriranno l'opportunità di validare questi risultati.

### Bibliografia

Kremen et al. 2012. *Ecol Soc*, 17, 44.

Kleijn et al. 2019. *Trends Ecol Evol*, 34, 154-66.

Lavoro pubblicato *in extenso* su *Sustainability*, nell'ambito dell'accordo tra il Convegno "Biodiversità 2021" e la rivista: Iocola I., Angevin F., Bockstaller C., Catarino R., Curran M., Messéan A., Schader C., Stilmant D., Van Stappen F., Vanhove P., Ahnemann H., Berthomier J., Colombo L., Dara Guccione G., Mérot E., Palumbo M., Virzì N., Canali S. 2020. An actor-oriented multi-criteria assessment framework to support a transition towards sustainable agricultural systems based on crop diversification. *Sustainability*, 12(13), 5434; <https://doi.org/10.3390/su12135434>

## Valutazione della biodiversità agricola negli allevamenti biologici in Italia

Migliorini P.<sup>1\*</sup>, Merante P.<sup>2</sup>, Moschini V.<sup>3</sup>, Rosi S.<sup>2</sup>, Bassignana C.F.<sup>1</sup>, Vazzana C.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Università di Scienze Gastronomiche, Piazza Vittorio Emanuele, 9, Frazione Pollenzo – 12042 Bra (CN)

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali, Università di Firenze, Piazzale delle Cascine 18 – 50144 Firenze

<sup>3</sup>ICEA, Bologna, Via Giovanni Brugnoli, 15, 40122 Bologna

\*Autore corrispondente: p.migliorini@unisg.it

Parole chiave: *agrobiodiversity, livestock farming, agroecological indicators, ecosystem services, planned biodiversity*

L'allevamento è spesso considerato uno dei sistemi di produzione alimentare più impattanti sull'ambiente a causa delle emissioni di gas serra e del degrado dell'uso del suolo (Layman, 2018). Tuttavia negli ultimi anni un numero crescente di studi sottolinea i benefici impatti ambientali, sociali ed economici dell'allevamento, come la fornitura di servizi ecosistemici, l'aumento della biodiversità e il miglioramento della cattura del carbonio da parte del suolo e delle piante (Dumont et al. 2018; Eisler e Lee, 2014, Gill et al. 2018; Martin et al. 2015). L'allevamento biologico, ad esempio, implica la coltivazione di leguminose in rotazioni colturali, pascoli stabili e prati, che fornisce foraggio di qualità, fonti alternative di proteine e migliora il contenuto di azoto del suolo attraverso la fissazione dell'azoto (Sundrum, 2001). Al di là delle benefiche interazioni agroecologiche con le colture, l'allevamento offre forme di reddito alternative e aggiuntive fornendo materie prime (es. carne, latte e fibre) e può essere gestito in aree marginali dove non sarebbe possibile coltivare (Martin et al. 2020). Inoltre, la zootecnia estensiva (cioè l'agricoltura mista) può svolgere un ruolo importante nel determinare la biodiversità di un agroecosistema e concorre al mantenimento dei paesaggi bio-culturali (Herrero et al. 2018; Wezel e Petters, 2014). La moltitudine di approcci alla gestione del bestiame, ciascuno con ripercussioni completamente diverse su atmosfera, suolo e biodiversità, richiede urgentemente strumenti di valutazione specifici per informare e orientare i decisori politici, le pratiche agricole e le scelte dei consumatori (Kazemi et al. 2018). Questo studio propone un set innovativa di indicatori agroecologici

per valutare lo stato dell'agrobiodiversità strutturale/pianificata nei sistemi di allevamento del bestiame. L'agrobiodiversità pianificata svolge un duplice ruolo nell'ecosistema, promuove direttamente le funzioni dell'ecosistema (es. regolazione dei parassiti, ciclo dei nutrienti, ecc.) e crea indirettamente le condizioni per la presenza della biodiversità associata che, a sua volta, promuoverà ulteriori servizi dell'ecosistema (Kazemi et al. 2018, Altieri, 1999). La metodologia proposta deriva dall'affermato quadro di indicatori proposto da Pacini (Pacini et al. 2009) per valutare la sostenibilità dei sistemi di allevamento, adattando quest'ultimo specificamente ai sistemi di allevamento. La serie di indicatori è stata raggruppata rispetto ai servizi ecosistemici che descrivono. La nostra metodologia è stata applicata e validata su una selezione di allevamenti biologici italiani; i vantaggi e gli aspetti critici dei sistemi agricoli selezionati sull'agrobiodiversità strutturale sono identificati confrontando ogni indicatore con soglie specifiche.

### Bibliografia

- Altieri 1995. *Westview Press*  
Dumont et al. 2018. *Animal*, 12(s2), S210–S219.  
Gill et al. 2018. *Animal*, 12(8), 1696–1698.  
Kazemi et al. 2018. *Ecological Indicators*, 93(June), 1126–1135.  
Layman 2018. *Nutrition Today*, 53(4), 160–165.  
Martin et al. 2020. *Agricultural Systems*, 181.  
Pacini et al. 2009. *It. J. Agron.*, 2009, 4 (1), 23-40.  
Sundrum 2001. *Livestock Production Science*, 67(3), 207–215.  
Wezel e Petters 2014. *Options Méditerranéennes*, A, 109, 753-767.

## Sostenibilità economica delle varietà vitivinicole autoctone pugliesi

Petrontino A.<sup>2</sup>, Fucilli V.<sup>1,2</sup>, Sardone L.<sup>1\*</sup>, Bozzo F.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agro-Ambientali e Territoriali dell'Università di Bari

<sup>2</sup>Sinagri srl Spin-Off dell'Università di Bari

\*Autore corrispondente: l.sardone17@gmail.com

Parole chiave: sostenibilità economica, varietà autoctone, viticoltura, biodiversità agricola

Il mantenimento di un alto tenore di biodiversità in territori ad elevata specializzazione agricola transita anche dalla capacità dei sistemi agricoli di trarre benefici economici da colture autoctone. La verifica della convenienza alla coltivazione di talune varietà ed il confronto in termini economici e finanziari diventa un aspetto cruciale nel determinare la scelta degli agricoltori a favore o a scapito di un maggior livello di biodiversità agricola. Questo aspetto è di vitale importanza in particolar modo nel comparto vitivinicolo in cui il potere decisionale della fase primaria si riduce essenzialmente alla scelta della varietà e delle tecniche di coltivazione in grado di influenzare la quantità prodotta e la resa, mentre il prezzo di vendita viene perlopiù imposto dagli attori a valle della filiera produttiva. Oggetto del contributo consiste nella valutazione della sostenibilità economica e finanziaria relativa alla coltivazione di vigneti di varietà autoctone pugliesi le cui uve sono utilizzate per la produzione di vini DOC e IGP in cantine cooperative partner del progetto Domina Apuliae finanziato dalla Regione Puglia (Programma PO FESR). In particolare, vengono analizzati i dati economici di 4 varietà locali confrontate con cultivar a diffusione nazionale. L'analisi della sostenibilità economica ha riguardato la capacità dei vigneti di generare un livello di redditività adeguato alle aspettative dell'agricoltore. La sostenibilità finanziaria esamina la capacità dei nuovi impianti di generare flussi monetari in grado di garantire una adeguata remunerazione dei mezzi investiti. I risultati emersi dall'analisi evidenziano come, relativamente alla distribuzione di costi e ricavi, le varietà considerate presentino comportamenti differenti indotti principalmente dalle diverse performance in termini di resa ottenuta e prezzo liquidato dalle rispettive cantine di riferimento. I risultati economici appaiono convincenti giacché nell'analisi è stata

sistematicamente scelta una linea alquanto prudenziale sia nella stima delle rese che in quella dei prezzi (valori mediani). Anche alla luce di una analisi di sensitività, si può affermare che l'adozione di specifiche varietà tipiche, se associate ad una produzione di qualità e se supportate da un regime di prezzi adeguatamente differenziato sulla base degli aspetti qualitativi delle uve, possa far propendere i viticoltori per la scelta di varietà autoctone, contribuendo a mantenere un alto livello di biodiversità agricola senza però trascurare condizioni di sostenibilità economica.

### Bibliografia

- Adusumilli et al. 2016. *Agric. Water Manage.* 174, 61–65.  
Altieri 2004. *Ecol. Environ.* 2, 35–42.  
Bennouna et al. 2010. *Manage. Decis.* 48, 225–247.  
Brussaard et al. 2007. *Agric. Ecosyst. Environ.* 121, 233–244.  
Clemen et al. 2008. *Manage. Sci.* 54 (4), 835–851.  
Copeland et al. 2005. *Journal of The World Aquac. Soc.* 36, 489–497.  
Di Trapani et al. 2014. *Small Bus.* 21, 155–164.  
Gailly 2011. *Europe. Energy Policy* 38, 592–597.  
Hartman e Schafrick 2004. *Eng. Econ.* 49 (2), 139–158.  
Jackson et al. 2013. *Academic Press pp.* 126–135.  
Kalhoefer 2010. *Financial Innovations* 7, 81–86.  
Krsteva et al. 2009. *Biodiversity International*, Rome, Italy, pp. 53–68.  
Lin 1976. *Eng. Econ.* 21, 237–247.  
Meinard e Grill 2011. *Ecol. Econ.* 70, 1707–1714.  
Nunes e Van den Bergh 2001. *Ecol. Econ.* 39, 203–222.  
Pascual e Perrings 2007. *Agric. Ecosyst. Environ.* 121, 256–268.  
Pascual et al. 2013. *Academic Press pp.* 31–44.  
Perrings et al. 2006. *Conserv. Biol.* 20, 263–264.  
Sardaro et al. 2016. *Biol. Conserv.* 201, 210–219.  
Sgroi et al. 2015. *Sustainability* 7, 947–961.  
Smale et al. 2001. *Econ. Devel. Cult. Ch.* 50, 201–225.  
Testa et al. 2015. *Ecol. Eng.* 83, 227–232.



## Conservazione della biodiversità e gestione della Rete Natura 2000 nelle aree agricole e forestali: analisi delle misure di conservazione in rapporto agli habitat ed alle specie obiettivo

Gioiosa M.<sup>1\*</sup>, Servadei L.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Esperto CREA Centro di Politiche e Bioeconomia – Roma; Museo di Storia Naturale, Via G. Di Vittorio, 31 – 71121 Foggia

<sup>2</sup>Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali; CREA Centro di Ricerca Politiche e Bioeconomia – Roma

\*Autore corrispondente: maurizio.gioiosa.it@gmail.com

Parole chiave: Rete Natura 2000, conservazione biodiversità, gestione naturalistica, aree agricole e forestali

Rete Natura 2000 è il più vasto e importante sistema europeo di siti finalizzati alla conservazione della natura e della biodiversità (specie e habitat). Politiche efficaci di Conservazione della Natura non possono prescindere da una corretta pianificazione e gestione dei Siti della Rete Natura 2000 e di habitat e specie ivi presenti. La presente ricerca, nata nell'ambito del Programma Rete Rurale Nazionale, ha l'obiettivo di realizzare un focus sulle misure di conservazione vigenti nelle aree agricole e forestali dei siti Natura 2000 mettendole in relazione con gli aspetti di tutela naturalistica e paesaggistica, gestionali e di pianificazione integrata in quattro regioni campione (Basilicata, Lazio, Lombardia e Umbria). Dall'analisi degli habitat obiettivo (tipologia ambientale) presenti nelle Zone di Protezione Speciale (ZPS), risulta che Basilicata, Lazio e Lombardia mostrano una maggiore diversità di habitat obiettivo. Inoltre la tipologia ambientale più ricorrente come obiettivo delle misure di conservazione in Basilicata, Lombardia e Umbria è quella delle *zone umide*, seguita dagli *ambienti fluviali* in Basilicata e Umbria e dagli *ambienti agricoli* in Lombardia. In Lazio le maggiori occorrenze sono state registrate per gli *ambienti forestali delle montagne mediterranee* e per gli *ambienti agricoli*. Dall'analisi degli habitat obiettivo (habitat elencati nella Direttiva Habitat) e presenti nelle ZSC, risulta che in tutte le regioni gli habitat obiettivo più frequenti in assoluto sono quelli *forestali* ai quali seguono le *praterie*. Tuttavia la stessa analisi ha evidenziato due diversi modelli che vedono da una parte Lazio e Lombardia e dall'altra Basilicata e Umbria che mostrano, rispettivamente, una maggiore o minore diversificazione negli habitat obiettivo delle misure. Al contrario si registra una sostanziale omogeneità tra tutte le regioni in merito all'incidenza delle misure di conservazione su almeno un habitat obiettivo. Analogamente a quanto osservato per gli habitat in direttiva "Habitat", in tutte le regioni l'analisi degli habitat obiettivo effettuata in base agli "ecosistemi MAES" (*Mapping and Assessment of Ecosystems and their Services*) i più frequenti in

assoluto sono le foreste, seguono i prati permanenti, ad eccezione della Basilicata dove troviamo le brughiere ed arbusteti. Interessante notare come nelle regioni i seminativi si attestino tra la terza e la sesta posizione. L'analisi delle misure di conservazione con specie obiettivo, rivela una sostanziale uniformità delle regioni con circa un terzo di misure associate ad almeno una categoria sistematica (specie, gruppo) ad eccezione dell'Umbria dove nessuna misura era riferita a specie obiettivo. Quindi dalle analisi effettuate risulta che in tutte le regioni considerate dal 41% al 52% delle Misure di Conservazione vigenti nei siti Natura 2000 riguardano specie e ambienti naturali e seminaturali di grande importanza conservazionistica e paesaggistica. Tra quelli ritenuti prioritari dalle regioni vi sono: Zone umide, Ambienti fluviali, Ambienti forestali montani e Ambienti Agricoli (per le ZPS) e Foreste e Prati permanenti (per le ZSC). Dal punto di vista gestionale, gran parte delle elaborazioni dei dati rilevati su ZPS e ZSC, primo tra tutti il numero di misure di conservazione attivate nelle quattro regioni, mostrano una spiccata eterogeneità tra i territori che sembra essere solo parzialmente, e non sempre, giustificata dalle loro caratteristiche (superficie, geomorfologia, n° siti Natura 2000). Ciò premesso è evidente quanto influiscano le politiche di conservazione locali, frutto delle diverse scelte effettuate a livello regionale e che di fatto producono diversi "modelli" regionali, alcuni più "rigoristi" come il Lazio, con misure di conservazione per i siti Natura 2000 basate su Divieti e Obblighi, misure di Regolamentazione e meno sull'Incentivazione, mentre altri sono basati più su quest'ultima. Infine tutte le regioni considerate hanno attivato norme di Condizionalità e Misure PSR vigenti nei siti Natura 2000, rispettivamente con interventi di tutela (divieti e obblighi) e gestione (incentivi) che costituiscono importanti presupposti per una corretta gestione finalizzata alla conservazione della Biodiversità nelle aree Natura 2000.

## Analisi quali-quantitativa della letteratura internazionale sui prodotti forestali non legnosi

Sacchelli S.<sup>1\*</sup>, Bernetti I.<sup>1,2</sup>, Fratini R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali, Università di Firenze, P.le delle Cascine 18, 50144 Firenze

<sup>2</sup>Istituto Nazionale di Agribusiness e Sostenibilità, P.le delle Cascine 18, 50144 Firenze

\*Autore corrispondente: [sandro.sacchelli@unifi.it](mailto:sandro.sacchelli@unifi.it)

Parole chiave: servizi di approvvigionamento, analisi di letteratura, *big data*, *text mining*, Europa

Il lavoro riporta un'analisi di letteratura focalizzata sui Prodotti Forestali Non Legnosi (PFNL). Nonostante infatti tali prodotti rivestano un ruolo di rilievo nel marketing forestale e nello sviluppo rurale, il loro completo potenziale deve essere ancora esaminato. A livello internazionale le analisi di letteratura si sono spesso concentrate sulle ricerche legate ai PFNL con particolare attenzione agli impatti socio-economici e ambientali di prodotti singoli o gruppi di essi a diverse scale territoriali. Tuttavia la categorizzazione della letteratura è un obiettivo complesso da raggiungere a causa dell'elevato numero di articoli scientifici e del loro drastico aumento verificatosi negli ultimi anni. Un metodo diffuso per superare tale limite è quello dell'analisi di Big Data. In quest'ottica, gli articoli possono essere selezionati tramite database elettronici (ad es. ISI Web of Science, Scopus, Google Scholar) e valutati dal punto di vista quantitativo con analisi testuali. L'analisi dei testi (o *text mining*) è infatti in grado di ridurre l'informazione derivante da corpus testuali complessi e restituire in forma automatizzata dati utili per l'analisi di letteratura. Con queste premesse, lo scopo del presente lavoro è stato quello di sviluppare una metodologia per l'analisi quantitativa di letteratura dei PFNL. La tradizionale analisi qualitativa è stata applicata per inquadrare la terminologia e le definizioni connesse ai PFNL a livello internazionale. L'approccio quantitativo è stato quindi concentrato sull'area europea per estrapolare le metodologie di analisi maggiormente applicate, la relazione dei

PFNL con i pilastri della sostenibilità (sociale, economica e ambientale) e infine la differenziazione geografica. Titoli, riassunti e parole chiave sono stati estratti per circa 1000 articoli scientifici derivanti dal database Scopus e in seguito elaborati tramite il software T-Lab. I risultati evidenziano il forte incremento nella produttività scientifica a partire dalla fine degli anni '90. Le ricerche sono distribuite tra diverse nazioni con una prevalenza dell'area mediterranea (in particolare Spagna e Portogallo) e della Scandinavia (principalmente Finlandia e Svezia). Molti PFNL sono esaminati in letteratura, con una prevalenza di funghi, resina, sughero e altri frutti minori. L'impatto degli stessi sulle realtà locali e le possibilità di miglioramento socio-economico sembrano essere tra gli argomenti principalmente trattati. La metodologia proposta applica specifici algoritmi facilmente aggiornabili per la comparazione dei risultati attuali e futuri. Ad esempio, i topic-trend e le lacune nella valutazione di prodotti e metodologie possono essere adeguatamente analizzati. Vengono infine evidenziate le possibili implicazioni e applicazioni del lavoro per professionisti, *policy-makers* e mondo della ricerca.

Lavoro pubblicato *in extenso* su *Sustainability*, nell'ambito dell'accordo tra il Convegno "Biodiversità 2021" e la rivista: Sacchelli S., Borghi C., Fratini R., Bernetti I. 2021. Assessment and valorization of non-wood forest products in Europe: a quantitative literature review. *Sustainability*, 13(6), 3533; <https://doi.org/10.3390/su13063533>

## Biodiversità delle comunità batteriche in un suolo sottoposto a biorisanamento in microcosmo

Catania V.<sup>1\*</sup>, Greco L.P.<sup>2</sup>, Fiore V.<sup>1</sup>, Cappello A.<sup>1</sup>, Viviani G.<sup>2</sup>, Quatrini P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche Chimiche e Farmaceutiche, Università di Palermo, Viale delle Scienze Ed. 16

<sup>2</sup>Dipartimento di Ingegneria, Università di Palermo, Viale delle Scienze Ed. 8

\*Autore corrispondente: [valentina.catania@unipa.it](mailto:valentina.catania@unipa.it)

Parole chiave: batteri idrocarburo-ossidanti, *biostimulation*, *bioventing*, *landfarming*

Gli idrocarburi (HC) sono uno dei principali inquinanti ambientali. Una tecnologia promettente per il trattamento di siti contaminati si basa sulla biodegradazione degli inquinanti da parte di popolazioni microbiche capaci di utilizzare HC come fonte di carbonio ed energia (Biorisanamento). La necessità di risanare siti contaminati richiede da una parte la caratterizzazione delle comunità microbiche coinvolte nella biodegradazione, dall'altra lo sviluppo di interventi volti a migliorare il potenziale metabolico dei microrganismi degradatori. La nostra attività di ricerca ha avuto come obiettivo quello di caratterizzare e analizzare la biodiversità di comunità microbiche di un suolo contaminato da HC, verificarne il potenziale di biorisanamento, e valutare in microcosmo l'efficacia di un trattamento di biorisanamento. La comunità microbica di un suolo proveniente dal centro Italia contaminato da idrocarburi (HC) è stata caratterizzata mediante tecniche colturali e molecolari. La stima della contaminazione da *n*-alcani (C<sub>10</sub>-C<sub>40</sub>) è stata effettuata mediante analisi GC-FID. Batteri idrocarburo-ossidanti sono stati isolati su C<sub>16</sub> e identificati mediante sequenziamento del gene 16SrRNA. L'intera comunità microbica è stata identificata tramite sequenziamento Illumina Miseq. Le potenzialità degradative delle comunità sono state valutate mediante amplificazione del gene *alkB*. Il suolo contaminato è stato sottoposto ad un trattamento di biorisanamento in microcosmo per 120 giorni, tramite *biostimulation* con C, N, P (100:10:1). Contestualmente i microcosmi sono stati areati con due sistemi differenti: *landfarming* o *bioventing*. L'efficacia è stata valutata tramite analisi degli HC residui (GC-FID) e identificazione delle comunità batteriche (sequenziamento Illumina) al termine dell'incubazione. Il suolo presenta elevati livelli di HC (4532,722 mg kg<sup>-1</sup>). 26 ceppi batteri capaci di crescere su HC sono stati isolati, l'identificazione tassonomica di 18 ceppi mostra una predominanza di Proteobatteri, seguiti da Actinobacteria. Gli isolati appartengono a generi degradatori di idrocarburi policiclici aromatici (IPA) o alifatici (*Pseudomonas*, *Nocardia*, *Hydrogenophaga*, *Stenotrophomonas*, *Delftia*, *Rhodococcus*). L'analisi metagenomica mostra una comunità microbica HC-degradante

piuttosto ricca e diversificata. I phyla più rappresentati sono costituiti da Acidobacteria, Actinobacteria e Alphaproteobacteria; a livello di genere i più abbondanti degradatori di alcani sono *Parvibaculum*, *Flavobacterium*, *Pseudoxantamonas*, e *Solimonas*; i più abbondanti degradatori di IPA appartengono al genere *Streptomyces* e *Ralstonia*. La presenza del gene *alkB* conferma il catabolismo degli alcani alifatici nel suolo. Gli esperimenti di biorisanamento in microcosmo mostrano non solo un abbattimento del 30-35% di HC ma anche uno *shift* nella struttura e composizione delle comunità microbiche rispetto al suolo non trattato. Si osserva un aumento dell'abbondanza di batteri del Phylum dei Actinobacteria e Proteobacteria; questi ultimi diventano la componente predominante nel microcosmo sottoposto a *bioventing*. A livello di genere si osserva una maggiore diversità di batteri idrocarburo ossidanti, noti per degradare soprattutto IPA, rispetto al suolo non trattato. In termini di composizione e abbondanza le comunità microbiche dei microcosmi appaiono distinte tra loro. Nel microcosmo sottoposto a *landfarming* si osserva la predominanza del genere *Enhydrobacter*, *Propionibacterium*, *Staphylococcus*, *Methylobacterium*, mentre nel microcosmo sottoposto a *bioventing* si osserva la predominanza di *Phenylobacterium*, *Gordonia*, *Ralstonia*, *Pseudoxanthomonas*, *Sphingobium*. I risultati ottenuti mostrano che il suolo analizzato presenta un potenziale intrinseco di biorisanamento, dato dalla presenza di batteri idrocarburo-ossidanti altamente efficienti. I trattamenti di biorisanamento basati sulla tecnologia del *landfarming* e *bioventing* risultano efficaci per la rimozione degli HC da suolo e hanno un effetto sulla biodiversità delle comunità batteriche idrocarburo-ossidanti. L'abbattimento di HC osservato è da attribuire alla comunità microbica che cambia composizione e struttura quando il suolo è sottoposto a biorisanamento; favorendo i membri della comunità con metabolismo più attivo nelle condizioni testate, e portando alla formazione di un microbiota altamente specializzato nella degradazione di HC e adatto a crescere, prosperare e degradare in quelle condizioni ambientali.

## Incremento delle rese e della sostenibilità del processo di digestione anaerobica mediante l'utilizzo dei funghi

Zanellati A.<sup>1\*</sup>, Spina F.<sup>1</sup>, Poli A.<sup>1</sup>, Rollè L.<sup>2</sup>, Dinuccio E.<sup>2</sup>, Varese G.C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Mycotheca Universitatis Taurinensis (MUT), Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi - Università di Torino, Viale Mattioli 25, 10125 Torino*

<sup>2</sup>*Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari (DISAFA), Sezione ULF Meccanica - Università di Torino, via Leonardo da Vinci 44, 10095 Grugliasco*

\*Autore corrispondente: [andrea.zanellati@unito.it](mailto:andrea.zanellati@unito.it)

Parole chiave: biogas, biomasse lignocellulosiche, digestato, funghi, pretrattamento

La biodiversità fungina svolge un ruolo chiave nella regolazione dei cicli naturali e rappresenta una fondamentale risorsa per lo sviluppo di un gran numero di applicazioni biotecnologiche, che spaziano dall'ambito farmaceutico e nutraceutico, fino alla produzione di bioenergia. Nel presente studio, i funghi sono stati utilizzati per sviluppare un processo volto ad incrementare le rese e la sostenibilità del processo di digestione anaerobica. Un miglioramento della sostenibilità ambientale ed economica del processo può essere ottenuto attraverso una strategia di valorizzazione del sottoprodotto degli impianti di biogas, per esempio il digestato. Precedenti studi mostrano che, utilizzando la frazione solida del digestato (FSD) come materia prima per alimentare gli impianti di biogas, sarebbe possibile abbattere le emissioni di gas serra in atmosfera durante le fasi di stoccaggio con il concomitante recupero di energia (biometano). Tuttavia, la FSD è composta da materia organica non facilmente biodegradabile e convertibile in biogas in quanto composta in larga misura da residui lignocellulosici recalcitranti. Molti funghi sono noti per la capacità di produrre enzimi lignocellulolitici in grado di degradare efficacemente i componenti strutturali delle cellule vegetali: questa peculiarità può essere sfruttata per sviluppare un processo di pretrattamento della FSD mirato ad aumentarne l'efficienza di utilizzo da parte della comunità microbica del digestore. A seguito di un processo di *screening* sulla comunità fungina isolata da scarti agro-industriali, 3 ceppi appartenenti alle specie *Coprinopsis cinerea*, *Cyclocybe aegerita* e *Cephalotrichum stemonitis* sono stati selezionati per effettuare il pretrattamento sulla FSD non sterilizzata.

Gli effetti del tempo di pretrattamento (10 e 20 giorni) sui polimeri della parete cellulare vegetale e sulla successiva produzione anaerobica di biogas e metano sono stati investigati. I funghi hanno mostrato la capacità di degradare lignina e cellulosa della FSD con diversi profili di degradazione a seconda del fungo utilizzato e della durata del pretrattamento. Valutando il potenziale metanigeno in prove in *batch*, risulta che tutti i pretrattamenti fungini migliorano la digeribilità anaerobica della FSD, portando a un significativo ( $p < 0,05$ ) aumento della produzione giornaliera e cumulativa di biogas e metano nei campioni pretrattati rispetto ai controlli non trattati. In particolare, il pretrattamento più efficace risulta quello effettuato per 20 giorni con *C. stemonitis*, che porta quasi a triplicare le rese cumulative (+182 ±12% biogas e +214 ±16% metano) rispetto ai controlli. La tecnologia sviluppata non richiede la sterilizzazione della materia prima, quindi consente di avere significativi risparmi energetici. Inoltre, il processo potrebbe favorire in futuro il riutilizzo della FSD come materia prima per l'impianto di digestione anaerobica, portando ad un potenziale miglioramento delle rese totali dell'impianto e contribuendo allo sviluppo di una strategia di gestione del sottoprodotto in accordo ad un concetto di *circular economy* e *zero waste*.

Lavoro pubblicato *in extenso* su *Sustainability*, nell'ambito dell'accordo tra il Convegno "Biodiversità 2021" e la rivista: Zanellati A., Spina F., Rollè L., Varese G.C., Dinuccio E. 2020. Fungal pretreatments on non-sterile solid digestate to enhance methane yield and the sustainability of anaerobic digestion. *Sustainability*, 12(20), 8549; <https://doi.org/10.3390/su12208549>

## Strumenti di *decision support system* al servizio dell'apicoltura produttiva e dell'ambiente: il progetto NOMADI APP

Grassi C.<sup>1\*</sup>, Vivoli R.<sup>1</sup>, Mancini M.<sup>1</sup>, Orlandini S.<sup>1</sup>, Truschi S.<sup>2</sup>, Napoli M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali-Università di Firenze, Piazzale delle Cascine 18, 50144, Firenze

<sup>2</sup>Fondazione per il Clima e la Sostenibilità-Via G. Caproni 8, 50145 Firenze

\*Autore corrispondente: chiara.grassi@unifi.it

Parole chiave: apicoltura, monitoraggio da remoto, cambiamenti climatici, essenze mellifere

L'apicoltura come parte integrante del settore agricolo, è elemento essenziale per la sua sopravvivenza. Le api, oltre a essere fonte di reddito per chi le gestisce, sono sentinelle ambientali, strettamente legate al territorio ed essenziali per il loro ruolo di impollinatori a salvaguardia della biodiversità degli agroecosistemi. A seguito della crescente consapevolezza del ruolo che gli impollinatori hanno nel mantenere la biodiversità e nel garantire la sicurezza alimentare, negli ultimi anni l'apicoltura sta acquisendo sempre più attenzione sia a livello nazionale che internazionale. Contemporaneamente, il settore apistico sta attraversando un periodo di crisi a seguito di molteplici fattori, tra cui la moria di api, l'inquinamento ambientale e i cambiamenti climatici (Christmann, 2020; Fuentes et al. 2016). Questi ultimi in particolare, portano alla alterazione sia dell'ecosistema e delle sue funzioni, che del ciclo fenologico e biologico di piante e api (Bezerra et al. 2019). Questi fattori vanno ad aggiungersi alle difficoltà che spesso l'apicoltore professionale incontra nello svolgere la propria attività, in quanto la conoscenza della effettiva condizione delle famiglie di api e della situazione ambientale e climatica degli apiari posti lontano dal centro aziendale, è spesso limitata. Tutto ciò concorre a una gestione aziendale non efficiente, a un ritardo da parte del professionista nel rispondere tempestivamente alle problematiche che si presentano negli apiari, con potenziali perdite di famiglie di api, di produzione di miele e quindi di perdite in termini economici e di biodiversità. L'innovazione e la tecnologia hanno assunto negli ultimi anni un ruolo fondamentale nella tutela e gestione delle api. In particolare, i sistemi di monitoraggio da remoto a supporto delle decisioni dedicati all'apicoltura, grazie ai dati che acquisiscono, sono in grado di fornire all'apicoltore informazioni su ciò che accade in apiario, e forniscono informazioni meteorologiche utili a comprendere il comportamento delle famiglie, la fenologia delle piante e l'interazione

tra questi fattori. Inoltre, sempre di più l'applicazione di buone pratiche agricole per il ripristino e mantenimento degli agro-ecosistemi, giocano un ruolo essenziale per la salvaguardia di questi impollinatori. È in questo contesto che si inserisce il progetto NOMADI-APP (Nuove Opportunità nel Monitoraggio A Distanza dell'Apicoltura Produttiva), progetto PSR GO\_PEI Agri, finanziato dalla Regione Toscana, e in cui è stata realizzata una rete di monitoraggio regionale formata da nodi composti ciascuno da un apiario con arnie informatizzate fornite di sensori (peso, temperatura e umidità interna all'arnia) e da una stazione meteorologica completa. I dati raccolti dai sensori e inviati a una piattaforma visitabile dall'apicoltore, serviranno a razionalizzare la gestione dell'azienda apistica, e allo stesso tempo a conoscere la situazione climatica delle postazioni di apiari. Le informazioni fornite dai dagli strumenti serviranno ad approfondire le relazioni che intercorrono tra l'ambiente, i cambiamenti climatici e le api al fine di tutelarne la sopravvivenza e l'ecosistema in cui operano. Al fine di valutare lo stato ambientale del territorio, l'analisi dei prodotti dell'alveare fornirà utili informazioni sugli inquinanti presenti nell'areale di volo delle api. Infine, per favorire l'agro-biodiversità e la diffusione di buone pratiche agricole a favore degli insetti impollinatori, all'interno delle attività del progetto, sono state allestite parcelle sperimentali, con semine distribuite nel tempo, di essenze nettariifere in miscuglio e in purezza da poter inserire nelle normali pratiche agricole, affinché vadano a vantaggio sia delle api e quindi dell'apicoltore, ma anche dell'agricoltore che di conseguenza contribuisce a incrementare l'agrobiodiversità.

### Bibliografia

- Bezerra et al. 2019. *Agr Syst.*, 169, 49-57.  
Christmann 2020. *Curr Opin Plant Biol.*, 56, 162-167.  
Fuentes et al. 2016. *Atmos Environ.*, 141, 361-374.

## I siti di coltivazione delle varietà locali in Europa

Raggi L.<sup>1</sup>, Pacicco L.C.<sup>1</sup>, Caproni L.<sup>1,2</sup>, Álvarez-Muñiz C.<sup>3</sup>, Annamaa K.<sup>4</sup>, Barata A.M.<sup>5</sup>, Batir-Rusu D.<sup>6</sup>, Díez M.J.<sup>7</sup>, Heinonen M.<sup>8</sup>, Holubec V.<sup>9</sup>, Kell S.<sup>10</sup>, Kutnjak H.<sup>11</sup>, Maierhofer H.<sup>12</sup>, Poulsen G.<sup>13</sup>, Prohens J.<sup>7</sup>, Ralli P.<sup>14</sup>, Rocha F.<sup>5</sup>, Rubio Teso M.L.<sup>3</sup>, Sandru D.<sup>6</sup>, Santamaria P.<sup>15</sup>, Sensen S.<sup>16</sup>, Shoemark O.<sup>10</sup>, Soler S.<sup>7</sup>, Sträjeru S.<sup>6</sup>, Thormann I.<sup>16</sup>, Weibull J.<sup>17</sup>, Maxted N.<sup>10</sup>, Negri V.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie Alimentari e Ambientali (DSA3), Università di Perugia, Borgo XX Giugno 74, Perugia, 06121, Italy

<sup>2</sup>Institute of Life Sciences, Scuola Superiore Sant'Anna, Piazza Martiri della Libertà 33, Pisa, 56127, Italy

<sup>3</sup>Área de Biodiversidad y Conservación, Dpto. de Biología, Geología, Física y Química Inorgánica, ESCET, Univ. Rey J. Carlos, Spain

<sup>4</sup>Estonian Crop Research Institute (ECRI), J. Aamiseppa 1, Jõgeva, 48309, Estonia

<sup>5</sup>Banco Português de Germoplasma Vegetal (BPGV), Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P. (INIAV, I.P.), IP, Quinta S. José, S. Pedro de Merelim, Braga, 4700-859, Portugal

<sup>6</sup>Genebank, Suceava, 720224, Romania

<sup>7</sup>Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana, Universitat Politècnica de València, Valencia, 46022, Spain

<sup>8</sup>Natural Resources Institute Finland (Luke), Production Systems, Plant Genetics, Myllytie 1, Jokioinen, 31 600, Finland

<sup>9</sup>Department of Gene Bank, Department of Molecular Biology, Crop Research Institute Prague, Drnovská 507, Prague 6, Czech Republic

<sup>10</sup>School of Biosciences, University of Birmingham, Birmingham, B15 2TT, United Kingdom

<sup>11</sup>University of Zagreb, Faculty of Agriculture, Department of field crops, forage and grassland, Svetošimunska cesta 25, Zagreb, Croatia

<sup>12</sup>Arche Noah, Seed Savers Association in Central Europe. Schiltern, Austria

<sup>13</sup>Danish Seed Savers, Tjele, Denmark

<sup>14</sup>Institute of Plant Breeding and Genetic Resources, N.AG.RE.F., Hellenic Agricultural Organization - DIMITRA, Thermi, Thessaloniki, Greece

<sup>15</sup>Department of Agricultural and Environmental Science, University of Bari Aldo Moro, Via Amendola 165/A, Bari, 70126, Italy

<sup>16</sup>Federal Office for Agriculture and Food, Bonn, 53179, Germany

<sup>17</sup>Board of Agriculture, Alnarp, Sweden

\*Autore corrispondente: [valeria.negri@unipg.it](mailto:valeria.negri@unipg.it)

Parole chiave: Catalogo Europeo delle varietà locali *in situ*, varietà locali in aree protette in Europa

In tempi recenti la progressiva sostituzione delle varietà locali di piante coltivate con varietà altamente produttive, ottenute grazie al miglioramento genetico vegetale formale, ha determinato un forte incremento delle rese produttive unitarie ma, allo stesso tempo, una forte riduzione della diversità genetica *in situ* in tutta Europa. Se è noto che le varietà locali sono in parte sopravvissute a questo processo, la loro conoscenza, così come quella dei siti di coltivazione, è spesso frammentaria; la difficoltà di ottenere un quadro completo sull'argomento dipende da diversi fattori tra i quali: i) numero potenzialmente molto elevato di varietà locali e siti di coltivazione, ii) difficoltà di accesso e catalogazione degli orti familiari dove le varietà locali sono comunemente utilizzate, iii) dinamicità del processo della scelta varietale iv) carenza di risorse economiche ed umane e v) mancanza di azioni concertate a livello transnazionale. In questo contesto è tuttavia necessario ricordare che alcuni paesi europei si sono muniti di cataloghi nazionali e l'Italia è uno di questi. Nel tentativo di aumentare la conoscenza delle varietà locali di piante coltivate ancora presenti *in situ* in Europa, e gettare così le basi per lo sviluppo di un Catalogo Europeo, nell'ambito del progetto finanziato dalla Commissione Europea dal titolo *Farmer's Pride* (G.A. number 774271), ed in alcuni casi grazie al contributo dei Coordinatori Nazionali dell' *European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources* (ECPGR), sono state collezionate informazioni dettagliate circa la distribuzione geografica ed i materiali coltivati in 19.335 siti distribuiti in 14 differenti paesi europei tra cui Italia. Sulla base dei dati raccolti è stato possibile stimare che circa 200 specie di piante diverse sono ancora coltivate

utilizzando varietà locali in Europa. Il frumento spelta, il fagiolo comune, il pomodoro, il grano saraceno, la segale, il mais ed il melone sono risultate tra le specie erbacee maggiormente coltivate mentre il melo, il pero ed il ciliegio tra quelle arboree. Grazie all'elaborazione con programmi GIS delle coordinate geografiche dei siti di coltivazione è stato possibile identificare circa 1,200 celle (25 × 25 km) all'interno delle quali ricade la totalità dei siti identificati; tali celle sono risultate principalmente distribuite nelle aree biogeografiche Mediterranea e Continentale. È stato infine possibile evidenziare che circa il 20% dei siti di coltivazione ricada all'interno di aree protette della rete europea Natura 2000. I dati raccolti in questo lavoro dimostrano che le varietà locali sono sopravvissute in coltivazione in diversi paesi europei ed aree biogeografiche. Tuttavia la nostra conoscenza di tali materiali è ancora frammentaria ed incompleta e sono necessarie azioni volte ad aumentarla allo scopo di promuovere una efficace conservazione ed uso sostenibili delle varietà locali *in situ*. In questo contesto, lo sviluppo di una Rete Europea che porti allo stesso tavolo i diversi attori della conservazione *in situ* in Europa, potrebbe risultare un mezzo efficace a porre rimedio alla frammentazione del processo di conservazione, aumentare la conoscenza delle varietà locali a maggior rischio e, ove richiesto, favorire un migliore accesso ai soggetti che si occupano di miglioramento genetico delle colture. Aumentare la diversità degli stock genetici alla base del miglioramento genetico, anche grazie ad un uso maggiore delle varietà locali, è una necessità attuale ed urgente per fare fronte alle sfide poste dall'attuale scenario di cambiamento climatico.

## Impatto socio-economico dei servizi ecosistemici nell'area marina protetta di Porto Cesareo applicando un approccio di contabilità ambientale

Visintin F.<sup>1\*</sup>, Tomasinsig E.<sup>1</sup>, Marangon F.<sup>2</sup>, Troiano S.<sup>2</sup>, D'Ambrosio P.<sup>3</sup>, Muscogiuri L.<sup>3</sup>, Fai S.<sup>3</sup>, Spoto M.<sup>4</sup>, Samec D.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>eFrame s.r.l., Parco Scientifico e Tecnologico Danieli di Udine, via J. Linussio 51, 33100 Udine

<sup>2</sup>Dipartimento di Scienze Economiche e Statistiche, Università di Udine, via Tomadini 30/A, 33100 Udine

<sup>3</sup>Consorzio di Gestione Area Marina Protetta Porto Cesareo, via Manzoni angolo via Leopardi, 73010 Porto Cesareo (LE)

<sup>4</sup>WWF Oasi soc.unipersonale a r.l., via Po 25C, 00198 Roma

\*Autore corrispondente: francesca.visintin@eframe.it

Parole chiave: servizi ecosistemici, contabilità ambientale, CICES, Area marina protetta Porto Cesareo, eValue

I vincoli di bilancio cui è sottoposta la finanza pubblica impongono una progressiva e continua riduzione dei finanziamenti pubblici destinati alle aree protette. Tale scelta viene effettuata dal decisore senza considerare pienamente gli impatti ambientali, economici e sociali ad essa correlati e senza la necessaria documentazione e informazione che potrebbe essere utilizzata per migliorare l'allocazione delle risorse. Tale scelta risponde anche all'enfasi su temi quali l'accountability ovvero all'aumentato interesse verso la rendicontazione, trasparenza e alla dimostrazione del "value for money". Al fine di supportare, da un lato, il decisore pubblico nelle sue scelte di allocazione delle risorse e, dall'altro, di sostenere il gestore delle aree protette nella dimostrazione del valore prodotto grazie alla presenza di un'area protetta sul territorio, è stato sviluppato un modello di contabilità ambientale che potesse dimostrare la ricchezza (value) prodotta a fronte dell'investimento pubblico (money). Il modello di contabilità ambientale, sviluppato da eFrame e noto come eValue, è stato applicato su scala locale alle Aree Marine Protette (AMP) italiane nell'ambito del progetto di ricerca Ecorendiconto finanziato dal Ministero dell'Ambiente e della Tutela del Territorio e del Mare. Il modello di contabilità eValue assume la configurazione di un bilancio distinto in una dimensione patrimoniale o di stock (conto del capitale naturale) e una dimensione di flusso o conto dei flussi ambientali. Nell'applicazione del modello all'AMP di Porto Cesareo è stato stimato il conto dei flussi. Da un punto di vista metodologico, il modello si basa sull'approccio Analisi costi-benefici. Il modello integra la contabilità monetaria basata su costi e ricavi con la contabilità ambientale, che riflette non solo i costi ambientali ma anche i ricavi ambientali, vale a dire i benefici ambientali. I costi ambientali sono calcolati attraverso la stima degli impatti ambientali attraverso la metodologia del Life Cycle Assessment. Tale approccio è stato applicato oltre che alle attività istituzionali dell'Ente anche ad alcune attività

antropiche autorizzate all'interno dell'AMP (pesca professionale e sportiva, balneazione, diving, diportismo) valutate in termini di emissioni di CO<sub>2</sub> equivalente utilizzando l'approccio del ciclo di vita. I benefici ambientali sono stati valutati stimando il valore di alcuni servizi ecosistemici tra quelli elencati dalla classificazione *Common International Classification of Ecosystem Services* per l'ecosistema marino costiero, come: Fauna selvatica a fini alimentari, Stabilizzazione e controllo dell'erosione costiera, Regolazione globale del clima mediante riduzione delle concentrazioni di gas serra, Fruizione turistica, Ricadute economiche, Produzione scientifica e Attività didattico-educativa. Sistemizzando i dati nel conto dei flussi è stato possibile calcolare alcuni indicatori sintetici. La differenza tra costi e benefici, sia economici che ambientali, ha consentito di stimare il valore prodotto dall'AMP di Porto Cesareo. In termini di comunicazione, il modello ha dimostrato che l'AMP di Porto Cesareo non costituisce un fattore limitante dello sviluppo economico locale in quanto la comunità percepisce rilevanti benefici netti frutto della valorizzazione dei servizi ecosistemici forniti dall'AMP pari a circa 80 milioni di euro considerando il valore medio del triennio 2014-2016 ed il rapporto tra i benefici ed i costi è dell'ordine di 89; in termini di policy, la ricchezza prodotta dall'AMP a fronte di un euro di finanziamento pubblico è di 130; in termini ambientali, il sequestro del carbonio rispetto alle emissioni è in rapporto di 0,3; ed infine, in termini di accettazione sociale, l'effetto riserva, ovvero la risposta a livello di popolazioni e di comunità alla quale si assiste quando una porzione di ambiente terrestre o acquatico viene sottoposta a regimi di gestione o di conservazione, ha dimostrato un efficace effetto di protezione sui popolamenti ittici costieri esercitato dall'area protetta, così come la maggiore attrazione turistica esercitata per la presenza di valori ambientali.

## Teoria e metodi per la valutazione dei principali servizi ecosistemici nell'area del Parco Nazionale del Gargano

Pisani D.<sup>1</sup>, Pazienza P.<sup>1\*</sup>, De Lucia C.<sup>1</sup>, Perrino E.V.<sup>2</sup>, Caporale D.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Economia, Management e Territorio, Università di Foggia, Via Da Zara, 71100 Foggia

<sup>2</sup>CIHEAM-Istituto Agronomico Mediterraneo di Bari, Via Ceglie 9, 70010 Valenzano (BA)

<sup>3</sup>Dipartimento di Scienze e Politiche Ambientali, Università di Milano La Statale, Via Festa del Perdono 7, 20122 Milano

\*Autore corrispondente: [pasquale.pazienza@unifg.it](mailto:pasquale.pazienza@unifg.it)

Parole chiave: servizi ecosistemici, valutazione ambientale, conservazione della biodiversità, Parco Nazionale del Gargano

Le aree protette svolgono un ruolo importante per la preservazione e conservazione della biodiversità e protezione dei servizi ecosistemici. Nel 2008, l'Unione Internazionale per la Conservazione della Natura (IUCN, 2008) definisce un'area protetta lo spazio geografico, riconosciuto e gestito legalmente, o attraverso altri mezzi, per la conservazione della natura, dei servizi ecosistemici e valori culturali. Le aree protette sono, quindi, progettate per la sicurezza e la protezione di siti importanti per preservare la biodiversità che esse contengono. Inoltre, la Risoluzione A/RES/73/284 adottata dalle Nazioni nel 2019, definisce il periodo 2021-2030 come il Decennio per il Ripristino dell'Ecosistema (United Nations, 2019). Questo decennio 'mira a sostenere e aumentare gli sforzi per prevenire, arrestare e invertire il degrado degli ecosistemi in tutto il mondo e aumentare la consapevolezza dell'importanza del ripristino degli ecosistemi di successo (United Nations, 2019). Tuttavia, le questioni di cui sopra, da cui si evince l'importanza del valore intrinseco della biodiversità e dei benefici associati in termini di servizi ecosistemici di un'area protetta, non sembrano sufficienti a prevenire la minaccia di perdita di biodiversità e il ridimensionamento delle aree protette. La valutazione dei servizi ecosistemici e della biodiversità diventa un valido contributo al benessere umano preservando il degrado e rispettando l'Agenda 2030 per lo sviluppo sostenibile (United Nations, 2012; Costanza e Liu, 2014). Lo scopo del presente lavoro è quello di fornire una revisione sistematica della valutazione economica dei benefici derivanti dai servizi ecosistemici e dalla protezione della biodiversità per il Parco Nazionale del Gargano (PNG) nel sud Italia. Il PNG è stato istituito nel 1991 e copre un'area di 1.181,4 ha. È il

quarto parco nazionale (MATTM, 2010) per estensione ed è considerato uno speciale *hot spot* di biodiversità a livello globale (Perrino et al. 2013). Costanza et al. (2014), stimano tra 125-140 trilioni di dollari il valore economico globale di biodiversità e dei servizi ecosistemici. Questo valore sembrerebbe molto maggiore (1,5 volte) di quello del PIL globale nello stesso anno. Ciò dà una indicazione dell'enorme importanza su scala mondiale della biodiversità, rispetto alla produzione di beni e servizi. Il presente lavoro, passa in rassegna l'approccio economico per la valutazione dei servizi ecosistemici e della biodiversità nell'area protetta del PNG. Questo approccio supporta il confronto tra diverse forme di capitale che contribuiscono al benessere umano (Liu et al. 2010). Infine, lo studio fornisce una guida utile per la valutazione dei *trade-offs* a supporto dei decisori politici al fine di un'allocazione efficiente delle risorse pubbliche necessarie per la conservazione e l'uso sostenibile degli ecosistemi nelle aree protette.

### Bibliografia

- Costanza e Liu 2014. *Asia & the Pacific Pol. Stud.*, 1, 1-11.  
Costanza et al. 2014. *Environ. Change*, 26, 152-158.  
MATTM 2010.  
<https://www.gazzettaufficiale.it/eli/id/2010/05/31/10A06507/sg>.  
IUCN. 2008. <https://www.iucn.org/theme/protected-areas/about>  
Liu et al. 2010. *Ann. N. Y. Acad. Sci.*, 1185, 54-78.  
Perrino et al. 2013. *Plant Biosyst.*, 147, 1006-1028.  
<http://dx.doi.org/10.1080/11263504.2013.860052>.  
United Nations 2012.  
[https://www.un.org/ga/search/view\\_doc.asp?symbol=A/RES/66/288&Lang=E](https://www.un.org/ga/search/view_doc.asp?symbol=A/RES/66/288&Lang=E).  
United Nations 2019. <https://undocs.org/A/RES/73/284>.



## Strategie innovative di conservazione *in situ* ed *ex situ* dell'Abete delle Madonie (*Abies nebrodensis*)

Danti R.<sup>1\*</sup>, Della Rocca G.<sup>1</sup>, Barberini S.<sup>1</sup>, Emiliani G.<sup>1</sup>, Secci S.<sup>1</sup>, Frascella A.<sup>1</sup>, Lambardi M.<sup>2</sup>, Benelli C.<sup>2</sup>, Tarraf W.<sup>2</sup>, Izgù T.<sup>2</sup>, Schicchi R.<sup>3</sup>, Germanà M.A.<sup>3</sup>, Jouini N.<sup>3</sup>, Amato F.<sup>3</sup>, Di Noto G.<sup>3</sup>, La Placa G.<sup>3</sup>, Bonomo P.<sup>4</sup>, Montserrat A.<sup>5</sup>, Balao F.<sup>5</sup>, Terrab A.<sup>5</sup>, Del Valle J.C.<sup>5</sup>, Lo Meo V.<sup>6</sup>

<sup>1</sup>CNR, Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante, Via Madonna del Piano 10, Sesto Fiorentino (FI)

<sup>2</sup>CNR, Istituto per la Bioeconomia, Via Madonna del Piano 10, Sesto Fiorentino (FI)

<sup>3</sup>Università di Palermo, Dipartimento Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali, Via delle Scienze, Ed. 4 Palermo

<sup>4</sup>Ente Parco delle Madonie, Corso Paolo Agliata 16, Petralia Sottana (PA)

<sup>5</sup>Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Sevilla, Apdo-1095, 41080 Sevilla, Spain

<sup>6</sup>Regione Sicilia, Dipartimento per lo Sviluppo Rurale e Territoriale, Via della Regione Siciliana nord ovest 4600, Palermo

\*Autore corrispondente: roberto.danti@ipsp.cnr.it

Parole chiave: erosione genetica, rischio di estinzione, habitat, incroci controllati, criobanca

La causa principale della perdita di biodiversità in natura è dovuta all'intervento indiscriminato dell'uomo, responsabile in larga misura dei cambiamenti climatici, della perdita e frammentazione degli habitat, dell'inquinamento, dell'introduzione di specie aliene e del sovrasfruttamento o uso non sostenibile delle risorse naturali. L'Abete delle Madonie è uno dei casi più interessanti tra le conifere italiane, per la sua condizione di specie relictta, dovuta a un utilizzo indiscriminato del legname e alla modificazione dell'habitat verificatosi in passato e fino agli anni '60 del secolo scorso. *Abies nebrodensis* (Lojac.) Mattei è una specie endemica della Sicilia in grave pericolo di estinzione, riportata nella 'IUCN red list' ad un livello di rischio critico. La popolazione residua è costituita da soli 30 alberi adulti ed è altamente vulnerabile per le seguenti cause: 1) la drammatica erosione genetica e la frammentazione dell'areale; 2) la scarsa rinnovazione naturale e l'elevato tasso di autofecondazione; 3) il suolo superficiale e roccioso; 4) l'erosione localizzata; 5) il pascolo di erbivori selvatici, soprattutto daini e cinghiali. L'habitat di *A. nebrodensis* fa parte della rete Natura 2000 (habitat 9220\*, ZSC Ita 020004, ZPS 020050), una rete di siti ed aree di interesse ecologico e naturalistico creata dalla UE per la protezione e la conservazione delle specie di flora e fauna minacciati e di alcuni habitat rari identificati come prioritari dagli Stati membri in base alla Direttiva 92/43/CEE Habitat. LIFE4FIR (2019-2023) è un progetto del programma LIFE, settore Natura e Biodiversità, il cui obiettivo è migliorare lo stato di conservazione di *A. nebrodensis* e scongiurare il rischio di estinzione di questa specie. Il progetto mette in pratica una strategia innovativa e integrata, basata sull'implementazione delle seguenti misure:

1. Sostegno e protezione della popolazione residua (alberi adulti e rigenerazione naturale) attraverso il

monitoraggio e il controllo di disturbi biotici e abiotici.

2. Incremento della diversità genetica delle progenie attraverso un piano di incroci controllati tra gli individui della popolazione naturale e attraverso la selezione di piantine derivate da esogamia, verificate mediante analisi genetiche (*OpenArrays SNPs genotyping*). In tale ambito è prevista la costituzione di un arboreto clonale per favorire la fecondazione incrociata e ottenere in futuro seme migliorato.

3. Allevamento in vivaio delle progenie selezionata, e produzione di postime sano e vigoroso, attraverso la micorrizzazione e l'ottimizzazione del protocollo di allevamento.

4. Riforestazione con l'impiego di 4000 piantine selezionate in dieci aree rispondenti all'ecologia della specie, selezionate all'interno del Parco delle Madonie, in modo da creare nuclei di re-diffusione.

5. Conservazione *ex situ* con tecniche innovative, attraverso l'implementazione di una banca del seme e di una criobanca per il mantenimento a lungo termine di semi, pollini, embrioni isolati e linee di callo embriogenico ottenuti dalle piante adulte in loco.

Il LIFE4FIR si propone di sviluppare un modello di riferimento di buone pratiche da seguire per la protezione di altri abeti del Mediterraneo minacciati di estinzione, attraverso la definizione di un piano di replicabilità. Obiettivo del progetto è anche quello di promuovere e incentivare l'educazione e la politica ambientale, la formazione, il lavoro, il turismo e l'inclusione sociale, attraverso attività di divulgazione e sensibilizzazione e la creazione di una rete di stakeholder (comunità locali, scuole primarie e secondarie, Università ed Enti di ricerca, Associazioni turistiche e escursionistiche, Associazioni di cacciatori e pastori, Cooperative sociali, Carabinieri forestali, Parchi, Agenzie per la protezione della biodiversità ecc.).

## Biodiversità e sviluppo rurale: attori e territori di due distinti sistemi fluviali

Belliggiano A.<sup>1\*</sup>, Ievoli C.<sup>1</sup>, Marandola D.<sup>2</sup>, Palombo C.<sup>1</sup>, Iaffaldano N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento Agricoltura, Ambiente e Alimenti (DiAAA) – via De Sanctis, 86100 Campobasso

<sup>2</sup>Consiglio per la ricerca in agricoltura e per l'analisi dell'economia agraria (CREA), Via Po, 14, 00198 Roma

\*Autore corrispondente: [belliggi@unimol.it](mailto:belliggi@unimol.it)

Parole chiave: sviluppo rurale, territorio, sistemi fluviali, conflitto, trota mediterranea

Il lavoro illustra le prime evidenze di carattere socio-economico derivanti dal progetto Life Nat.Sal.Mo che è in corso di svolgimento in due importanti bacini fluviali della regione Molise (fiumi Biferno e Volturno), nei quali si stanno sperimentando pratiche di recupero e conservazione di popolazioni autoctone di trota mediterranea (*Salmo macrostigma*), fortemente ridimensionate negli ultimi anni dalla presenza di una specie alloctona di origine nord-europea (*Salmo trutta*) particolarmente invasiva, la cui introduzione è dovuta ad un improvvido tentativo di miglioramento della capacità di pesca dei due fiumi in oggetto. Da qualche anno la pervasività di tale specie ha destato un certo allarme tra gli attori sociali e territoriali maggiormente sensibili e consapevoli delle conseguenze della perdita di biodiversità, quali le associazioni ambientaliste e di promozione locale, nonché tra le stesse organizzazioni di pesca sportiva, che registrano da tempo il progressivo deterioramento degli habitat fluviali, con inevitabili implicazioni sulla biodiversità (introgressione genetica e perdita degli habitat naturali). Al di là dell'intrinseco indirizzo naturalistico del progetto, lo stesso è stato rivolto anche all'approfondimento delle questioni che attengono alle inevitabili conflittualità tra i diversi attori e/o tra le comunità che mostrano espliciti (o impliciti) interessi nella conservazione degli habitat fluviali, di cui il presente lavoro propone i primi risultati. A tale aspetto è collegata la valutazione dell'impatto economico e sociale delle attività del progetto, concentrate soprattutto in contesti rurali fragili e fortemente colpiti da problemi di spopolamento, il cui contenimento necessiterebbe di azioni finalizzate alla rigenerazione economica degli stessi, che potrebbero essere utilmente associate a quelle di ripristino ecologico attuate nei due bacini fluviali. La delimitazione dei territori potenzialmente

interessati da tali processi, così come l'individuazione del profilo degli attori coinvolti e degli interessi di cui i medesimi risultano portatori, nonché le ragioni delle conflittualità osservate e le possibili modalità di composizione delle stesse, costituiscono i principali temi affrontati nella presente proposta. L'approccio di analisi è sostanzialmente qualitativo ed è riconducibile all'utilizzazione della tecnica del focus group, sebbene una preliminare analisi desk di tipo quantitativo ha permesso la ricostruzione dei contesti osservati. L'originalità dello studio è riconducibile all'utilizzazione dei risultati di una ricerca sul campo, che ha permesso di colmare la sostanziale carenza di dati empirici capaci di fornire elementi utili all'interpretazione delle dinamiche sottese alle questioni economico-sociali relative alla perdita (e al recupero) della biodiversità. Il lavoro si inserisce nell'ambito sullo sviluppo rurale sostenibile e mira a fornire analisi e valutazioni utili tanto ai policy maker per l'impostazione di nuove politiche territoriali o regionali, quanto alle organizzazioni economiche che intendano sperimentare iniziative imprenditoriali per la valorizzazione delle risorse ambientali locali.

### Bibliografia

- Belliggiano 2018. In Margiotta B., Laghetti G., Piergiovanni R. (a cura di) *Leguminose, cereali e foragere: un catalogo della biodiversità pugliese*. Bari: Cacucci.
- Belliggiano et al. 2014. In Nardone G. e De Gennaro B. (eds.) *Sustainability of the agri-food system: Strategies and Performances*, 323-332.
- Cejudo e Navarro (eds.) 2019. *Perspectives on Rural Development*, 3(1), ESE, Università del Salento.

### Ringraziamenti

Lavoro finanziato grazie al progetto LIFE Nat.Sal.Mo. (LIFE17 NAT/IT/000547)

## Rapporto tra attività estrattive, biodiversità e connettività ecologica: il caso del polo di Ternate (VA)

Ferrario A.<sup>1\*</sup>, Monti A.<sup>2</sup>, Cerabolini B.E.L.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Studio F.A. Natura – via Fagnana 3/C, 22078 Turate (CO)

<sup>2</sup>Studio Tu.G.A. – via Marchese Pagani 28, 22070 Rovello Porro (CO)

<sup>3</sup>Università dell'Insubria, Dipartimento di Biotecnologie e Scienze della Vita (DBSV) – via J.H. Dunant 3, 21100 Varese

\*Autore corrispondente: fanatura14@gmail.com

Parole chiave: attività estrattiva, biodiversità, ripristini ambientali, esotiche, monitoraggio

Il polo estrattivo di Ternate, localizzato in Provincia di Varese nei comuni di Ternate e Travedona Monate, si estende su un'area di 45 ha ed è costituito dalla Miniera di S. Marta, oggi inattiva, e dalla Cava Faraona, ancora in attività. L'area è sotto la gestione della società Holcim (Italia) Spa per l'estrazione di marne e calcari. La politica aziendale prevede la realizzazione dei ripristini ambientali in parallelo alle attività estrattive, progredendo con l'esaurimento di alcuni settori, per poi concludere i recuperi al termine della produzione. Gli interventi prevedono l'inerbimento delle scarpate con semina di fiorume autoctono, mediante idrosemina, prodotto direttamente dalla società da prati stabili di sua proprietà. L'autoproduzione, avviata nel 2012, ha permesso ad oggi la raccolta di oltre 2,3 t di fiorume con particolari macchine spazzolatrici. L'impianto forestale viene realizzato con l'impiego di specie autoctone, in modo da predisporre una vegetazione in evoluzione verso il Querceto meso-acidofilo (Blasi, Ed. 2010 *La Vegetazione d'Italia*. Palumbo Editori). A integrazione del progetto di Recupero Ambientale, la società ha redatto il Biodiversity Action Plan (BAP), ovvero una serie di interventi programmati per favorire l'incremento della biodiversità e per indirizzare il polo estrattivo verso il ruolo di *stepping stone* funzionale alle reti ecologiche regionali e provinciali. In tal senso di recente sono state realizzate traslocazioni di specie nemorali nelle aree recuperate a bosco da oltre 15 anni, due aree umide ciascuna di circa 50 m<sup>2</sup>, per la riproduzione di anfibi e rettili, un muretto a secco e bat box per garantire la presenza di cavità idonee alla chiroterofauna. Inoltre, come previsto dal BAP, dal 2015 viene svolto un monitoraggio continuo della vegetazione e della fauna selvatica per valutarne l'evoluzione e l'efficienza ecologica. I monitoraggi hanno permesso di evidenziare sviluppi positivi sotto tutti i profili. I ripristini condotti con fiorume consentono di ricreare cenosi prative ricche di specie in 4-5 anni. Gli sfalci di manutenzione, per contenere le specie esotiche e favorire il rinnovamento delle autoctone, consentono di ricreare in pochi anni vegetazioni sempre più coerenti alle dinamiche naturali. Dal 2016 è in atto anche uno specifico monitoraggio di *Reynoutria spp.* che aveva mostrato una rapida

diffusione; in seguito al monitoraggio è stato avviato un programma di eradicazione con protocolli sperimentali di contenimento che hanno consentito la devitalizzazione di numerosi nuclei e una riduzione del 72% delle superfici occupate. Il monitoraggio della fauna ha riguardato diversi gruppi target. Quello degli Odonati ha permesso di verificare una ricca presenza di specie (23) malgrado l'alterazione dei siti. Tra gli anfibi sono state censite 4 specie, tra cui un'endemica (*Hyla perrini*), che hanno prontamente utilizzato le nuove aree umide per la riproduzione. Tre specie di rettili sono state monitorate nel corso della termoregolazione. Le fototrappole hanno consentito di ricostruire la presenza/assenza delle specie e i flussi ecologici più utilizzati. In tal modo è stato possibile assistere, a causa del recente arrivo del cinghiale (*Sus scrofa*), a incidenze negative sulla presenza e frequentazione di altri mammiferi. Punti di ascolto fissi con bat detector hanno consentito di verificare negli anni la costante presenza della chiroterofauna che impiega l'area come sito di foraggiamento, prediligendo le aree del sito estrattivo recuperate. La recente redazione di un nuovo progetto di ampliamento di Cava Faraona ha consentito di proporre una maggiore diversificazione delle vegetazioni per il ripristino, prevedendo anche vegetazioni igrofile e aree di brughiera, e un nuovo modello di impianto impostato su reiterati "moduli di base". Inoltre saranno raccolti più dati di dettaglio riguardo agli indicatori faunistici per l'elaborazione di modelli evolutivi del sito. Infine verrà posta ancor più attenzione al controllo dell'espansione delle specie esotiche. L'integrazione di attività estrattive con ripristini ambientali funzionali alla biodiversità dimostrano che il loro impatto può essere notevolmente ridotto. Una volta cessata l'attività estrattiva le aree recuperate in senso naturalistico possono effettivamente incrementare la connettività ecologica di territori già fortemente frammentati da insediamenti e infrastrutture.

### Bibliografia

Blasi (Ed.), 2010. *La Vegetazione d'Italia*. Palombi & Partner Roma, pp. 540.



# Bio div ers ità e politiche europee, nazionali e regionali



# Biodiversità e politiche europee, nazionali e regionali

Fabbri F.<sup>1</sup>, Nardone G.<sup>2</sup>, Trotta L.<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Regione Toscana

<sup>2</sup>Regione Puglia

\*Autore corrispondente: [l.trotta@regione.puglia.it](mailto:l.trotta@regione.puglia.it)

Parole chiave: ecosistemi, agroecosistemi, rischio di estinzione, risorse genetiche locali

La tutela e la valorizzazione dell'agrobiodiversità sono temi nell'agenda delle Regioni e delle Province Autonome da alcuni decenni: la Rete Interregionale per la Ricerca Agraria – organo tecnico consultivo riconosciuto dalla Conferenza delle Regioni e delle Province Autonome – è da tempo al lavoro sulla biodiversità animale e vegetale di interesse agrario con uno specifico gruppo di competenza interregionale. Una fattiva collaborazione tra le Regioni e tra esse e il Ministero delle Politiche Agricole si è realizzata nella redazione e attuazione del Piano Nazionale della Biodiversità di interesse Agricolo, approvato dalla Conferenza delle Regioni e Province Autonome nel 2008; il 'Piano' ha, tra l'altro, consentito di definire le Linee guida nazionali per la conservazione in situ, on farm ed ex situ della biodiversità vegetale, animale e microbica di interesse agrario, approvato con un Decreto Ministeriale del 6 luglio 2012, tutt'ora vigenti. Le Linee guida, esempio unico a livello dei Paesi dell'UE, hanno rappresentato la base di confronto nell'ambito degli Accordi di partenariato per la programmazione dello Sviluppo rurale per il periodo 2014-2020, consentendo la definizione delle misure di intervento finanziate nei PSR regionali. In vista dell'attuale fase di programmazione riguardante la strategia nazionale della nuova PAC per il periodo post-2022, appare sempre più necessaria l'affermazione di uno sviluppo sostenibile del settore agricolo finalizzato agli obiettivi ambientali delineati dal New Green deal europeo: la

perdita di biodiversità rappresenta un fattore di rischio per l'equilibrio degli ecosistemi e quindi degli agroecosistemi, e di conseguenza per la trasmissione, anche pandemica, di malattie batteriche, virali e parassitarie pericolose per l'uomo, per le specie animali e vegetali, nonché per le reazioni dei sistemi agro zootecnici alle conseguenze delle modificazioni del clima ai livelli territoriali. Appare pertanto fondamentale deviare dalla strada della semplificazione di questi sistemi, che passa necessariamente attraverso la riduzione di diversità genetica, ma difendere invece la numerosità e complessità delle sue componenti e delle loro interazioni, facendo base sulla ricchezza intrinseca delle risorse ancora disponibili nelle realtà territoriali del nostro Paese. Questa ricchezza, oggetto di conservazione, tutela e la valorizzazione, è ad oggi censita nelle 2.141 risorse genetiche locali a rischio di estinzione iscritte all'Anagrafe nazionale della biodiversità di interesse agricolo e alimentare, istituito dalla Legge 194/2015 e gestita dal Ministero. Sul tavolo della relazione istituzionale tra le Regioni e il MiPAAF, vi è infine la definizione del nuovo Piano Nazionale della Biodiversità di interesse Agricolo e Alimentare, istituito con la Legge 194/2015, nel quale si attualizza il quadro giuridico e strategico per costruire gli interventi futuri cui il Paese deve assolvere, nel rispetto degli impegni definiti dal Trattato Internazionale FAO sulle risorse genetiche per l'alimentazione e l'agricoltura del 2001.

# Ta vo le rotonde



**Sessione 39 | Tavola rotonda: Politiche regionali future per la biodiversità**

**Sessione 40 | Tavola rotonda: Le razze ovine di ceppo Merino in Europa: risorse locali da non dimenticare**

**Sessione 41 | Tavola rotonda: Semi e informazioni: accesso facilitato alle RGVAAs e impatto per la ricerca e il miglioramento genetico**

## Politiche regionali future per la biodiversità

---

Pentassuglia D.

---

*Assessore Agricoltura, Industria agroalimentare, Risorse agroalimentari, Riforma fondiaria, Caccia e pesca, Foreste - Regione Puglia*

*Autore corrispondente: [d.pentassuglia@regione.puglia.it](mailto:d.pentassuglia@regione.puglia.it)*

---

Parole chiave: agrobiodiversità, Piano Strategico Nazionale, nuova PAC, paesaggio, tradizioni, tessuto socioeconomico

Nell'ultima delle tre giornate del XIII Convegno nazionale sulla biodiversità organizzato dall'Università di Foggia, l'Assessore all'Agricoltura della Regione Puglia Donato Pentassuglia, apre un confronto con alcuni Assessori all'Agricoltura delle Regioni italiane, a partire dai temi affrontati nelle diverse sessioni, sulle prospettive inerenti le politiche per l'agrobiodiversità a cura delle Regioni e Province autonome italiane, anche in riferimento agli interventi che saranno previsti attraverso il Piano Strategico Nazionale, a valere sulla nuova PAC per il periodo post-2022. Le esperienze e le conoscenze finora maturate nella comunità scientifica e accademica, oggetto delle comunicazioni nelle sezioni scientifiche del Convegno, saranno infatti le fondamenta per un breve confronto circa le priorità e le strategie future per la tutela, la conservazione e la valorizzazione delle risorse genetiche vegetali, zootecniche, forestali

e microbiologiche. Il momento attuale, di attivo confronto sul tema dell'agroecologia quale modello in grado di soddisfare i principali requisiti di sostenibilità del sistema agroalimentare, in quanto in grado di assicurare la produzione di cibo in linea con il rispetto dell'ambiente, della salute e dei diritti degli agricoltori e dei consumatori, è quello opportuno per aprire nuove prospettive rispetto alle azioni già intraprese con le risorse degli attuali PSR regionali, considerando le specificità dei territori. La politica europea e nazionale a tutela del paesaggio, delle tradizioni, della economia dei territori dovrà, inoltre, necessariamente dialogare con le politiche regionali e locali in difesa della biodiversità di interesse agricolo e alimentare, a sostegno di un tessuto socio economico, quello agricolo, le cui attività sono sempre più funzionali alla difesa dei territori e alla salute dei cittadini.



# Le razze ovine di ceppo Merino in Europa: risorse locali da non dimenticare

Marzi V.<sup>1</sup>, Pilla F.<sup>2</sup>, Danchin C.<sup>3</sup>, Delgado Bermejo J.V.<sup>4</sup>, Russo S.<sup>5</sup>, Albenzio M.<sup>5\*</sup>

<sup>1</sup>Accademia dei Geografi

<sup>2</sup>Università del Molise

<sup>3</sup>European Regional Focal Point for animal genetic resources (ERFP)

<sup>4</sup>University of Cordoba, Spain

<sup>5</sup>Università di Foggia

\*Autore corrispondente: [marzia.albenzio@unifg.it](mailto:marzia.albenzio@unifg.it)

Parole chiave: Gentile di Puglia, Sopravissana, erosione genetica, risorse genetiche

Gli ovini di razza Merino, e le popolazioni da esse derivate, hanno costituito per secoli in Europa una preziosa risorsa dal punto di vista commerciale e continuano a costituire oggi una ricca eredità culturale e biologica, particolarmente rappresentata anche sul territorio nazionale, nello specifico attraverso le razze Gentile di Puglia e Sopravissana. La complessità e la crisi del mercato della lana europea, ancor più che di quella mondiale, hanno costituito seri elementi di minaccia per tali popolazioni europee che oggi, in gran parte, versano in condizioni di rischio, più o meno marcato, di erosione genetica. L'obiettivo di questa tavola rotonda è richiamare l'attenzione sull'importanza di garantire azioni di salvaguardia ed identificare percorsi di valorizzazione attiva (ed innovativa) di risorse genetiche uniche e dal valore storico inestimabile che bene si coniugano a strategie di sostenibilità e circolarità dell'allevamento ovino.

Alla tavola rotonda partecipano, oltre agli allevatori ed ai loro rappresentanti di categoria, esperti in storia, in genetica e conservazione animale, in caratterizzazione e innovazione di prodotti di origine

animale, in politiche e misure di sviluppo rurale, assicurando un momento di confronto pluridisciplinare sul tema.

## Relazioni programmate:

**Fabio Pilla**, Università del Molise "*Le razze ovine Merino in Europa tra storia e genetica*";

**Coralie Danchin**, European Regional Focal Point for animal genetic resources (ERFP) "*The preservation and valorization of Merino genetic resources*";

**Juan Vicente Delgado Bermejo**, University of Cordoba, Spain "*Merino in Spain*";

**Saverio Russo**, Università di Foggia "*Il valore culturale della Gentile di Puglia: la transumanza*";

**Marzia Albenzio**, Università di Foggia "*The valorization of Gentile di Puglia products*";

**Elena Ciani**, Università di Bari "*Un nuovo futuro per la lana merino in Italia e in Europa*";

**Modesto Pedote**, Regione Puglia "*Interventi del PSR PUGLIA 2014-2020 a sostegno della Biodiversità delle razze ovine*".

# Semi e informazioni: accesso facilitato alle RGVAA e impatto per la ricerca e il miglioramento genetico

Cardi T.<sup>1\*</sup>, Cattivelli L.<sup>2</sup>, Goritschnig S.<sup>3</sup>, Manzella D.<sup>4</sup>, Marino M.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>CREA Centro di ricerca per Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo 84098 Pontecagnano Faiano, SA

<sup>2</sup>CREA- Centro di ricerca per la genomica e la bioinformatica, via San Protaso 302, 29017 Fiorenzuola d'Arda

<sup>3</sup>The European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR), Roma

<sup>4</sup>Food and Agriculture Organization (FAO) Roma

\*Autore corrispondente: [teodoro.cardi@crea.gov.it](mailto:teodoro.cardi@crea.gov.it)

Parole chiave: Risorse Fitogenetiche Vegetali per l'Alimentazione e l'Agricoltura, Protocollo di Nagoya

Un gran numero di risorse genetiche vegetali è conservato nelle banche del germoplasma in tutto il mondo. L'accesso ad esse e la ripartizione dei benefici che possono derivare dal loro uso è attualmente regolamentato a livello globale dall'ITPGRFA e dal Protocollo di Nagoya all'interno della CBD (Convenzione sulla Diversità Biologica), e a livello locale da numerose leggi nazionali e regionali. Attualmente, però, tali risorse sono solo parzialmente caratterizzate ed una maggiore conoscenza è auspicabile non solo per ottimizzare la conservazione, ma anche per l'uso diretto in agricoltura, nel miglioramento genetico o nella ricerca scientifica. Le nuove tecnologie "omiche" e bioinformatiche consentono una dettagliata caratterizzazione a livello genotipico e fenotipico di dette risorse. Tutto ciò apre nuovi orizzonti e potenzialità per i diversi attori potenzialmente interessati a condividere le informazioni disponibili (curatori di Genebanks, ricercatori, breeder,

agricoltori), ma anche interrogativi sulla regolamentazione al loro accesso. Nella Tavola Rotonda, quattro esperti evidenzieranno gli aspetti più importanti della moderna gestione delle RGVAA e delle informazioni relative, alla luce delle possibilità offerte dalle nuove tecnologie, dei trattati vigenti e dello scambio delle conoscenze.

## Relazioni programmate:

**Luigi Cattivelli**, CREA: *"Nuovi strumenti genomici e utilizzazione delle RGVAA nel miglioramento genetico"*;

**Sandra Goritschnig**, ECPGR: *"Caratterizzazione e valutazione delle RGVAA di banche europee mediante partenariati pubblico-privati: il progetto EVA"*;

**Daniele Manzella**, FAO: *"Informazioni digitali e Access and Benefit-Sharing"*;

**Mario Marino**, FAO: *"L'accesso facilitato alle RGVAA nel Trattato FAO."*

## INDICE PER AUTORE

Abate A.	238	Batir-Rusu D.	310	Cagnazzo G.	163
Acella M.	266	Battaglia V.	39	Calabretti A.	299
Acquasanta F.	211	Battistelli N.	183, 195	Calabria G.	238
Addis M.	171	Becce A.	299	Calandrelli M.M.	245, 259
Adinolfi P.P.	74	Bechir S.	148	Caldara M.	222
Agarbatì A.	132, 185, 186	Beghè D.	104, 106	Camele I.	209, 299
Ahmed M.O.	166	Beleggia R.	77, 78	Campanelli G.	71
Ahnemann H.	302	Bellachioma L.	297	Campaniello D.	170, 173
Aiello D.	15	Belliggiano A.	314	Campiotti A.	248
Akkak A.	102, 107	Bellino L.	257	Campiotti C.A.	248, 258
Alba V.	120, 127	Benedettelli S.	285, 292	Canali S.	302
Albanese D.	34	Benelli C.	106, 241, 313	Candido V.	62, 299
Albenzio M.	298, 321	Bergamini C.	120, 127	Canella M.	264
Alberico G.	184, 191	Bernardi M.	63	Canepari S.	213
Aldini A.	97	Bernetti I.	272, 306	Canobbio S.	251
Alduina R.	252	Berthomier J.	302	Canonico L.	132, 185, 186
Alfeo V.	177	Bertocchi M.	251	Cantalupo R.	25
Alfonzo A.	189, 199	Bertone A.	71	Canuti V.	194
Alicandri E.	73	Bevilacqua A.	170, 173	Capece A.	184, 191
Alisi C.	205	Bevilacqua V.	35	Capelli E.	231
Altamura G.	111	Bevivino A.	222	Capezzuto F.	159
Altieri C.	170, 173	Bianchi G.	71	Capo C.	24
Altieri D.	137, 138	Bianco A.	200, 214, 215	Caporale D.	312
Álvarez-Muñiz C.	310	Biasioli F.	188	Capozzi V.	188, 269
Amato D.	88, 268	Biffani S.	137, 138	Cappa A.	191
Amato F.	313	Bignami C.	278	Cappelletti C.	244
Ambrosino P.	222	Bilia A.R.	288	Cappello A.	307
Amodio M.L.	114, 115	Bitocchi E.	77, 78	Caproni L.	310
Amoruso F.	67	Biundo E.S.	208	Caputo A.R.	120, 127, 128
Anaclerio M.	80	Blaiotta G.	192	Caputo M.	36, 218, 225, 229
Ancona V.	211	Blanco A.	44	Caranfa D.	57, 58
Andrenelli L.	285	Blanco E.	72, 100, 101	Carboni G.	198
Angevin F.	302	Bockstaller C.	302	Carchedi G.	155
Anichini M.	104	Bonanno A.	141	Cardi T.	68, 322
Annamaa K.	310	Bonasia A.	82, 83, 84	Cardiello C.	36
Antenucci E.	151, 162	Bonciarelli U.	56	Cardinali G.	150, 202, 203, 212
Antonucci S.	224	Bonetti A.	106	Cardone L.	62, 299
Apuzzo S.	225	Bongiorno G.	77, 78	Carlucci A.	122
Aquino R.	257	Bonomo P.	313	Carlucci R.	158, 161
Arancio W.	210	Bonzanini F.	104	Carluccio A.	159
Ardenghi N.M.G.	264	Bordesani V.	153	Carmignano P.	211
Arduin M.	270, 277	Bordonaro S.	140, 141	Carnio D.	152
Arfelli G.	183	Borromeo I.	24, 282	Caroprese M.	298
Armenio I.	208	Borruso L.	15	Carosi A.	165
Arsuffi F.	129	Bottalico G.	91, 107, 108, 109, 110, 111, 112	Carpani G.	208
Assandri D.	200, 214	Boukhary A.O.M.S.	166	Carraro R.	118, 129
Attanasio F.	226	Bozzo F.	304	Carrubba A.	33
Aversano R.	79	Bramante G.	155	Caruso G.	64, 92
Avondo M.	140, 141	Branca F.	68, 71	Casadei G.	130, 131
Bacchetta L.	282	Branca L.	225	Casagrande	
Bacchetti T.	284, 297	Broccolini A.	262	Pierantoni D.	150, 202, 203, 212
Bacchi S.	231	Brunetti C.	250, 288	Cascione D.	158, 161
Baiano S.	42	Brunori A.	222	Caser M.	249
Balao F.	313	Bruscella V.	278	Casorri L.	254
Balconi C.	26	Brusoni M.	231	Castaldi S.	252
Baldacchino F.	126	Bua C.	190	Castronuovo D.	62, 299
Balena P.	253	Budroni M.	169, 174, 198, 200, 214, 215	Castronuovo I.	294
Barata A.M.	310	Bulgari R.	266	Catania V.	210, 252, 307
Barba Capote C.J.	148	Buonpane P.	233	Catarcione G.	23, 73
Barbaccia P.	204	Buscaroli C.	97	Catarino R.	302
Barberini S.	223, 313	Busconi M.	31, 32, 99	Cattivelli L.	322
Barbieri F.	172	Buzzini P.	15	Cecchi G.	231
Barile G.	276	Caboni E.	103, 113	Cecchini F.	125, 127
Barra L.	22, 25	Caffarelli M.	165, 274	Ceccobelli S.	146
Bartolini S.	92	Caggia C.	175, 176, 177, 178, 190	Celano R.	226
Baruchello M.	152			Cerabolini B.E.L.	315
Bassi D.	172			Cerantola L.	105
Bassignana C.F.	237, 303			Cerbino D.	100, 101

Cermola M.	39	Cusaro C.M.	231	Di Salvo R.	171
Cersosimo I.M.C.	244	D'Acunzo F.	69	Di Serio E.	51
Cesarani A.	14, 134	D'Agaro E.	164	Di Silvestro D.	85
Chaouch		D'Agostino N.	51, 101	Di Stefano V.	283
Khouan A.	102	D'Alessandro A.	34	Didonna A.	273
Chessa L.	171	D'Ambrosio P.	160	Diez M.J.	310
Chiavazza P.M.	228, 249	D'Angelo G.	178	Digiovinazzo P.	251
Chillemi G.	136	D'Angiolillo F.	287	Dinuccio E.	308
Chiocchini F.	267	D'Aqui L.	106	Direnzo P.	30, 255
Chiodaroli I.	231	D'Onghia G.	159	Djebaili R.	63, 121, 206
Chiofalo V.	178	Da Silveira B.R.	252	Dolci R.	264
Chitarra W.	193	Daga E.	169, 171	Domizio P.	194
Ciaffi M.	23, 73	Dall'Osso N.	172	Donna P.	123
Ciani E.	135, 139, 145, 146, 147, 154, 155, 166	D'Ambrosio P.	311	Ducange M.	54, 105
Ciani M.	132, 185, 186	Danchin C.	321	Dupré I.	171
Ciccarese G.	163	Danti R.	223, 313	Egea-Gilabert C.	67
Ciccarese L.	18	Dara Guccione G.	302	Elia A.	82, 83, 84
Cicco N.	62	Dattoli M.A.	70	Emiliani G.	223, 313
Cichelli A.	195, 254	Dazzi C.	204	Englezos V.	182
Cilardi A.M.	279	De Angelis M.	176, 178	Enotrio T.	37, 40, 41, 42
Ciliberti M.G.	298	De Benedetti L.	85	Ercole C.	121, 207
Cimmino R.	137, 138	De Chiara M.L.V.	114, 115	Ertani A.	266
Cipriano G.	158, 161	De Falco E.	36, 225, 226, 229, 257, 276	Espen L.	76
Cirigliano P.	120	De Francesco G.	255	Esposito S.	46, 52, 53, 162
Ciutti F.	244	De Giudici G.	205	Esposito S.	295
Claps S.	136	De Lucia C.	253, 312	Fabbri F.	318
Clark J.	267	De Masi L.	245	Fai S.	160, 311
Cocconcetti P.	172	de Palma L.	119	Failla S.	136
Cocetta G.	76	De Palo P.	147	Falabella P.	230, 294
Cocolin L.	182	De Paola D.	211	Falchi L.	134
Codianni P.	59, 291	De Pascale S.	64	Fancello F.	174, 200, 214, 215
Colatosti G.	130, 131	de Pinto R.	57, 58	Fania F.	52, 53, 55
Colecchia S.	46	De Riso L.	127, 128, 275	Fanigliulo A.	39, 290
Colelli G.	114, 115	De Rossi P.	217, 248, 258	Fanizza C.	161
Coller E.	244	De Santis G.	48	Farda B.	206, 207, 216
Colombani C.	76	De Simone N.	188	Farneselli M.	56
Colombo L.	302	De Vita P.	45, 46, 51, 52, 53, 55	Farris E.	242
Colonna D.	255	Debiase G.	286	Fascella G.	33, 287
Colonna M.A.	273	Deiana P.	174	Fascetti S.	242
Columba P.	189, 199	Del Fiore A.	222	Fatchurrahman D.	114, 115
Comini B.	251	Del Gallo M.	24, 63, 121, 206, 207, 216	Favale S.	125
Comitini F.	132, 185, 186	Del Lungo A.	73	Favaro A.	164
Comunian R.	169, 171	Del Lungo S.	120, 127, 265, 267	Favia M.F.	268
Concezzi L.	165, 243, 274, 295	del Piano L.	37, 40, 41, 42	Fellin A.	105
Conti A.	150, 202, 203, 212	Del Valle J.C.	313	Feniello M.R.	25
Contò M.	136	Delgado		Fernández J.A.	67
Conversa G.	82, 83, 84	Bermejo J.V.	148, 321	Ferrante A.	76
Converso R.	54	dell'Aglio M.	268	Ferrara G.	89, 90
Convertini S.	211	della Malva A.	298	Ferrario A.	315
Coppi A.	242	Della Rocca G.	223, 313	Ferretti G.	284, 297
Corbo M.R.	170, 173	Demasi S.	249	Ferrini F.	250, 288
Cornacchia M.	255	Deplano M.	169	Ficcadenti N.	70, 71
Corso G.	152	Derradji H.	148	Ficco D.	46
Corte L.	150, 202, 203, 212	Dessena L.	93, 96	Ficociello B.	254
Corvino A.	53	Detti C.	288	Figliolo G.	88, 268
Cosentino S.	169	Dettori S.	174	Finocchiaro M.	175
Cossio F.	102	Devecchi M.	256, 263	Fiore A.	205, 222
Costanza M.T.	22, 23	di Bella M.C.	71	Fiore V.	307
Cotugno P.	211	Di Bonito R.	217	Fiorillo F.	48
Covino S.	73	Di Filippo V.	70	Flora V.R.	175
Cozzolino E.	64	Di Gianvito P.	182	Fontana C.A.	172
Craparo V.	189, 199	Di Giovannantonio		Fontana M.	264
Crepaldi P.	145, 146	C.	124, 262	Fontanive L.	152
Crescente M.F.	260	Di Giuseppe L.P.	77, 78	Forleo L.R.	286
Crescenzi A.	39, 290	Di Iorio M.	151, 162	Forni C.	24, 103, 282
Crisà A.	136	Di Liddo S.	65	Foti P.	175, 190
Cruciata I.	208, 210	Di Lonardo S.	106	Fragasso M.	188, 269
Crupi P.	127	Di Luigi M.	254	Francesca N.	189, 199
Cucci G.	57	Di Noto G.	313	Francesco G.	34
Cuciniello A.	64	Di Pinto A.	163	Franchetti B.	76
Curran M.	302			Franciosi E.	187
				Franco A.	230, 294
				Frascella A.	223, 313

Fратиани F.	34	Guidoni S.	240	Lorusso L.	273
Fratini R.	272, 306	Gulli M.	222	Losacco D.	211
Frattarelli A.	113	Guzzon F.	264	Losavio F.	50, 72
Frusciante E.L.	22, 25, 74	Guzzon R.	179, 187	Lovallo C.	136
Frusciante S.	222	Hartings H.	26	Lucentini L.	165
Fucilli V.	304	Heinonen M.	310	Lucioli S.	103, 113
Furno M. F.	219	Hemery G.E.	267	Lugli S.	278
Gadaleta A.	57, 58, 90, 296	Hett J.	222	Lupo F.	36
Gaglio R.	204	Holubec V.	310	Maccioni O.	282
Galante M.	55	Iacoponi V.	73, 130, 131	Macciotta N.	14
Galante M.A.	38	Iaffaldano N.	151, 162, 314	Macciotta N.P.P.	134
Galieni A.	70	Iannucci A.	59, 291	Macellaro M.	290
Galli E.	132, 185, 186	Ievoli C.	314	Maestri E.	222
Gallo V.	72	Iglesias		Maghrebi M.	76
Gambacorta G.	83	Pastrana C.	148	Maglietta L.	161
Ganino T.	106	Ingresso M.	158, 161	Maierhofer H.	310
Gaouar S.	148	Iocola I.	302	Maioli F.	194
Gardiman M.	118, 129	Isocrono D.	240	Maiorano P.	159
Gardini F.	172	Izgù T.	241, 313	Malacarne M.	187
Garfi V.	224	Jouini N.	241, 313	Malvolti M.E.	267
Garozzo Zannini		Kell S.	310	Mammano M.	287
Quirini E.	47, 48	Kontarini D.	76	Mancini M.	309
Garzoli L.	231	Korneykova M.	213	Mang S.M.	209, 299
Garzoli S.	95	Kutnjak H.	310	Manganiello G.	226
Gasparro M.	120, 127, 128, 286	Ia Mantia T.	252	Mangini G.	44, 45
Gatti F.	123, 236	La Notte P.	91	Mania E.	240
Gatti L.	248, 258	La Placa G.	313	Mannazzu I.	169, 174, 194, 198, 200, 214
Gatto A.	88, 268	La Rotonda P.	82, 83, 84	Manzella D.	322
Gavrichkova O.	213	Lacolla G.	57	Manzi D.	231
Gentile A.	103, 113	Lafiandra D.	52	Mapelli S.	267
Germanà M.A.	113, 241, 313	Laghetti G.	30, 50	Marandola D.	314
Gherzi A.	256	Lahoz E.	39	Marangon F.	311
Ghiglieno I.	123, 236	Lama M.	97	Marchetti M.	17, 224
Ghiselli L.	285, 292	Lamaj F.	126	Marchionna C.	268
Giagnacovo G.	248, 258	Lambardi M.	241, 313	Marchitelli C.	136
Giannandrea M.A.	128, 286	Landi V.	135, 139, 145, 146, 147, 148, 154, 166	Marconi O.	56
Giannatiempo M.	25, 74	Lanubile A.	31, 32	Marcotuli I.	90, 296
Giannico F.	145, 146	Lanuti P.	195	Maresca D.	184
Giannini M.	270, 277	Lanzanova C.	26	Margiotta B.	44
Giannino D.	69	Larcher R.	187	Mariani S.	248, 258
Giardina G.	287	Lasagna E.	135, 146	Marin Navas C.	148
Gilioli G.	123, 236	Latini A.	248, 258	Marino G.	22
Giménez A.	67	Latorraca A.	38, 55, 77, 78	Marino M.	322
Gioia T.	35, 38, 55, 77, 78, 242	Laurino L.	257	Marino R.	298
Gioiosa M.	239, 305	Lazzara S.	33	Marletta D.	140, 141
Giordano C.	104, 106	Lazzizera C.	82, 83, 84	Marmioli N.	222
Giordano M.	64	Lekweiry K.M.	166	Marmo P.	136
Giordano S.	253	Lencioni L.	194	Marocco A.	31, 32
Giorelli F.	163	Leoni B.	65, 66, 273	Marsia M.	151
Giovaniello V.	46	Leteo F.	71	Marsico A.D.	286
Giovannetti G.	222	Licheri G.F.	285	Marsico G.	145, 146
Giove S.L.	57, 58	Liguori L.	34	Martínez-Ballesta	
Gombia Y.	137, 138	Liotta L.	178	M.C.	67
Gómez M.M.	137, 138	Lo Meo V.	313	Martino M.	31, 32, 99
Gómez P.A.	67	Lo Papa G.	204	Marzario S.	35, 38, 55, 77, 78, 242
Gonnella M.	69	Lo Scalzo R.	71, 293	Marzi V.	321
Gori A.	250, 288	Locatelli S.	26	Masciarelli E.	254
Goritschnig S.	322	Lodetti S.	264	Masi G.	127
Gorlier A.	144	Logiurato A.	238	Masoero G.	222
Gramaccia M.	243, 274, 295	Logoluso V.	101	Massarelli C.	211
Graniglia C.	85	Logozzo G.	35, 38, 55, 77, 78, 242	Massaro S.	255
Grassi C.	309	Logrieco A.F.	168	Mastrandrea L.	114, 115
Grasso F.	75	Lolli V.	104	Mastrangelo A.M.	26
Gratani L.	260	Lombardi G.	144	Mastrangelo S.	139, 154
Graziano S.	222	Lonati M.	144	Mastrorilli P.	72
Grazioli C.	231	Longa C.M.O.	244	Matassino D.	145
Greco L.P.	307	Longo V.	69	Matos Sirgado S.	232
Gregorio R.	275	Lops F.	94	Matraxia M.	189, 199
Grieco F.	188	Lorenzoni M.	165	Mattioni C.	213, 267
Grilli E.	252	Lorusso G.	255	Mattiussi S.	164
Guarnieri A.	230			Mauriello G.	184
Guffanti D.	76				

Maxted N.	310	Nicosia F.	176	Petrucelli R.	104, 106
Mazzeo A.	89	Niero M.	118	Petrucci L.	170, 173
Mazzone F.	127	Nigro D.	57, 58	Petruzzello E.	192
Medda S.	93, 96	Nota G.	144	Petruzzino G.	26
Mele G.	69	Nota P.	103	Pica G.	130, 131
Mele M.	22	Notarangelo L.	286	Picchi M.	194
Melilli M.G.	283	Novello V.	119	Picchi V.	71
Mello A.	223	Nunziata A.	245	Piccinelli A.	226
Mennella G.	34	Nuzzaci M.	35, 38, 230	Picco A.M.	231
Merante P.	303	Nuzzo V.	88, 230, 268	Pieragostini E.	155
Mercati F.	23	Occhipinti P.	175	Piergiovanni A.R.	38, 271
Mérot E.	302	Occhiuto D.	213	Pietrafesa R.	184, 191
Messéan A.	302	Odintsov-		Pietrini F.	24
Mezzasoma A.	15	Vaintrub M.	149	Pietromarchi P.	125, 130, 131
Miazzi M.M.	45, 51	Oliva D.	189	Pietrucci D.	136
Micheletti A.	284	Oliviero A.	25	Piga C.	171
Migliaro D.	120	Ombra M.N.	34	Pignatelli V.	217
Migliore G.	205	Oneto F.	251	Pihlanto A.	222
Migliori C.A.	293	Onofaro Sanaja V.	34	Pili G.	98
Migliorini P.	49, 237, 303	Orlandini S.	309	Pilla F.	135, 139, 146, 154, 321
Milanesi M.	136	Orlando V.	238	Pilo A.	256
Milella R.A.	127, 128, 286	Paba A.	171	Pino A.	176, 177, 178, 190
Minelli A.	278	Pace A.	208	Piombini I.	278
Modestia F.	37, 40, 41, 42	Pace L.	63, 216	Piras F.	98
Molina R.V.	62	Pacicco L.C.	310	Piredda R.	163
Moltisanti V.	140	Pacucci C.	89	Pirrone A.	189, 199
Monroy F.	85, 232	Padiglione V.	262	Pisani D.	312
Montanari C.	172	Paganin P.	205	Pistillo A.	76
Montanaro G.	88, 268	Pagliari A.	283	Pittarello M.	144
Montemurro C.	91, 108, 109, 110, 111, 112	Palasciano M.	101	Pizzo B.	104
Montesano V.	50	Palma D.	71	Platamone G.	282
Monti A.	315	Palmisano D.	91, 107	Platani C.	70
Montilon V.	107, 108, 109, 110, 111, 112	Palmisano F.	107, 108, 109, 110, 111, 112	Polegri L.	274
Montserrat A.	313	Palmitessa O.D.	65, 66	Poli A.	219, 308
Morante V.	77, 78	Palombi M.A.	125	Pollegioni P.	213, 267
Morassut M.	125, 127	Palombieri S.	52	Pompili M.	238
Morelli R.	244	Palombo C.	314	Portaro L.	194
Moretti A.	168	Palumbo M.	283, 302	Poulsen G.	310
Morgese A.	72, 100, 101	Pane C.	218, 226	Prestiani R.	189, 199
Morresi C.	284, 297	Paolacci A.R.	23, 73	Prigione V.	219
Moschetti G.	189, 199	Paoletti S.	73	Procacci S.	282
Moschini V.	303	Paone S.	59	Prohens J.	310
Mottola A.	163	Papa R.	16, 35, 38, 68, 77, 78	Pulina G.	14
Mozzanini E.	249	Papagni I.	258	Quadraccia D.	262
Mulas M.	93, 96	Papalini S.	77, 78	Quaglia A.	135
Müller R.	267	Parisi F.	224, 233	Quatrini P.	208, 210, 252, 307
Multineddu C.	174	Parisi M.	79, 293	Raggi L.	56, 310
Muntoni M.	98	Pasquini D.	250	Ragni M.	145, 146
Mura M.	171	Passato S.	222	Raimo F.	37, 39, 40, 41, 42
Muscogiuri L.	160, 311	Pati F.	73	Raimondo M.L.	227
Musio B.	72	Pavia G.	285	Ralli P.	310
Musmeci D.	257	Pazienza P.	253, 312	Rampa A.	251
Najar O.	126	Pecchioni N.	26, 52	Randazzo C.	175, 178
Napoli M.	309	Pecorella I.	52, 53	Randazzo C.L.	176, 177, 190
Napoli M.C.	25	Pellegrini M.	63, 121, 206, 207, 216	Rantsiou K.	182
Napolitano F.	136	Pellegrino T.	275	Rao R.	75
Nardi T.	193	Pentangelo A.	79	Rascio A.	47, 48
Nardone G.	318	Pepe A.	71	Ravasio A.	31, 32, 264
Nascimento L.B.S.	288	Pepe M.	260	Ravetto Enri S.	144
Naselli V.	189, 199	Pepe R.	28, 36, 81	Rea R.	22, 23
Natale A.	243	Perniola M.	62	Renau-Morata B.	62
Navas		Perniola R.	286	Renna M.	65, 66, 69, 80, 273
González F.J.	148	Perpetuini G.	183, 195	Renzi G.	136
Nazzaro F.	34	Perretti G.	56	Riccardi R.	28
Nebauer S.G.	62	Perrino E.V.	29, 312	Ricci P.	158, 161
Negri V.	56, 310	Perrone G.	168, 188	Ridolfi M.	106
Negro D.	50	Petassuglia D.	320	Rillo L.	145
Nerva L.	193	Petriccione M.	102	Rinaldi A.	225
Neuhoff D.	222	Petrini A.	266	Rinaldi S.	136
Niccolai M.	200, 215	Petrontino A.	304	Ristorini M.	213
Nicola S.	256, 263, 266			Riti R.	210
				Roatta F.	49

Roccotelli S.	120, 127, 128	Secci S.	223, 313	Tarricone S.	145, 146
Rocha F.	310	Sedda P.	98	Tasso F.	205
Rodolfi M.	104	Selvi F.	242	Taticchi A.	295
Rollè L.	308	Senczuk G.	139, 154	Taviani P.	23
Romagnoli S.	285, 292	Sensen S.	310	Tempesti S.	264
Roman T.	179	Serafini M.	258	Terlizzi A.	160
Romano P.	169, 184, 191	Serio F.	65, 80	Terrab A.	313
Ronchi C.	105	Serra E.	215	Testone G.	69
Ronchi L.	264	Serra M.C.	125	Thormann I.	310
Rosati L.	242	Serratore G.	22	Tiberi D.	125, 130, 131
Roscini L.	150, 202, 203, 212	Servadei L.	239, 305	Tittarelli F.	195
Roseti V.	91, 109	Sestili F.	52	Todisco M.C.	101
Rosi S.	303	Sestili S.	71	Todisco S.	72
Rossano R.	290	Settanni L.	204	Tofalo R.	183, 195
Rossetti A.P.	183, 195	Sevi A.	298	Toffanin A.	92, 187
Rossi D.	137, 138	Sgueglia A.	113, 287	Tognetti R.	224
Rossi G.	31, 32, 264	Shivasuriya S.	231	Tomasi D.	193
Rossi M.	24, 282	Shoemark O.	310	Tomasinsig E.	311
Rossi P.	274	Sica R.	35, 38, 55, 77, 78	Tonni M.	123
Rouphael Y.	64	Sicignano M.	37, 40, 41, 42	Tosoroni A.	77, 78
Rovelli G.	135	Siesto G.	184, 191	Tranchida-	
Rozzarin G.	264	Signore A.	66, 273	Lombardo V.	75
Rubio Teso M.L.	310	Silletti M.R.	107, 108, 109, 110, 111, 112	Tripodi P.	28, 75, 81
Rusco G.	151, 162	Simeone R.	44	Triunfo M.	230
Russo A.	289	Simonetto A.	123, 236	Troiano S.	311
Russo N.	175, 177, 178	Sinigaglia M.	170, 173	Trotta L.	279, 318
Russo P.	188	Sion L.	159	Trotta N.	22, 25, 74
Russo S.	321	Sobolev A.	69	Truschi S.	309
Sacchelli S.	272, 306	Soffiantini G.	231	Tucci M.	75
Sacchi G.A.	76	Soffritti G.	31, 32, 99	Tufariello M.	188
Sachet G.	153	Soler S.	310	Tumino S.	140, 141
Salerno G.	257	Solieri L.	177	Tumolo M.	211
Salvia A.	230	Soligo S.	118	Turchetti B.	15
Salvia R.	230, 294	Sollima L.	283	Tursi A.	158, 161, 211
Sandru D.	310	Somma A.	65, 66	Ughini V.	99
Sannino C.	15	Sonnante G.	72, 100, 101	Urbani S.	295
Sanson S.	54	Sorrentino G.	47, 48	Urbano M.	30, 50
Santalucia P.	225	Sosso D.	76	Urbinati G.	103, 113
Santamaria P.	65, 66, 80, 273, 279, 310	Sozzo S.	228	Uricchio V.F.	211
Santillo A.	298	Spagnolo S.	49	Vaccalluzzo A.	176, 177
Santona M.	174	Spagnolo A.	273	Vaccarelli I.	206, 207
Santopuoli G.	224	Spano G.	188	Vairo F.	36
Santoriello A.S.	257	Spano G.	188	Valenti B.	140
Saponari A.	107, 108, 109, 110, 111, 112	Spera D.M.	63, 121	Valenti L.	123
Sardone L.	304	Sperandei M.	248, 258	Valoti P.	26
Sarli A.	100, 101	Sperandio G.	123	Van Stappen F.	302
Sarti F.M.	146	Speranza B.	170, 173	Vanhove P.	302
Sartoretti V.	243	Spigno P.	28	Vanti G.	288
Sartori A.	152, 153	Spina F.	219, 308	Varela A.G.	217
Savino V.N.	91, 107, 108, 109, 110, 111, 112	Spina P.	224	Varese G. C.	219
Sbarra F.	135	Sprocati A.R.	205	Varese G.C.	308
Scaffaro R.	210	Staffolani P.	284	Varone L.	260
Scalisi M.	178	Stagnari F.	70	Vazzana C.	303
Scalora M.	264	Stagnati L.	31, 32, 99	Velasco R.	286
Scandurra S.	283	Stefano E.	231	Venerito P.	91, 102, 107, 108, 109, 110, 111, 112
Scariot V.	249	Stevanato P.	45	Venice F.	223
Schader C.	302	Stilmant D.	302	Ventura M.	123, 236
Schiavitto M.	151	Stimolo L.	50	Venuda M.	152
Schiavon E.	153	Strajeru S.	310	Verrastro C.	55
Schiavon S.	179	Suriano S.	291	Vignati S.	76
Schicchi R.	313	Susca A.	168	Vignoli V.	278
Schippa G.	68	Suzzi G.	183	Villani F.	267
Sciacca F.	283	Tabacchioni S.	222	Virzi N.	283, 302
Scieuzo C.	230, 294	Tabanelli G.	172	Visintin F.	311
Sciré		Tacchi L.	262	Vitale P.	46, 52, 53
Calabrisotto L.	208, 210	Tafi E.	230	Vitti A.	36, 226, 276
Scognamiglio G.	37, 40, 41, 42	Tallarico R.	285, 292	Viviani G.	307
Scotti R.	218	Tallarita A.	64	Vivoli R.	309
Scrano L.	209	Tarantino A.	89	Vizzini A.	223
Sebok A.	266	Taranto F.	45, 46, 51, 52, 53, 55	Wagensommer	
		Tarraf W.	241, 313	R.P.	29
		Tarricone L.	127	Weibull J.	310

Woeste K.E.	267
Zaccagnino D.	294
Zaccardelli M.	27, 28, 36, 81, 218, 229
Zambianchi S.	99
Zambuto F.	231
Zanellati A.	308
Zannoni J.	105
Zanoni S.	244
Zanzotti R.	244
Zara G.	174, 198, 200, 214, 215
Zara S.	174, 198, 200, 214
Zienna P.	100
Zito D.	22, 25
Zulli C.	195
Zullo G.	137, 138
Zuluaga D.L.	100, 101



**Editore:**

Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimenti, Risorse Naturali e Ingegneria (DAFNE)  
Università degli Studi di Foggia

**Impaginazione:** Leader, Soc Coop. Consortile, viale Einaudi 15 – Bari

**Progettazione e realizzazioni grafiche:** Alfonso Elia

**Pubblicato online:** 7 settembre 2021

**ISBN:** 9788874271016

