

Tema 1:

Ecologia evolutiva e adattamento di *Saccharomyces cerevisiae* agli ospiti animali

- **Breve definizione del tema di ricerca**

Contesto scientifico

Saccharomyces cerevisiae, oltre al suo ruolo storico nei processi fermentativi, è oggi riconosciuto anche come membro di comunità microbiche complesse in ambienti naturali, inclusi i microbioti intestinali di animali come insetti sociali e mammiferi. In questi ecosistemi, *S. cerevisiae* interagisce con microrganismi di altri regni, come i batteri lattici, dando luogo a dinamiche che riflettono compatibilità ecologica, adattamento e potenzialmente simbiosi (1,2).

Il nostro gruppo di ricerca ha recentemente dimostrato che insetti sociali come le vespe (*Polistes dominula*) possono fungere da vettori ecologici di *S. cerevisiae*, contribuendo alla sua dispersione nell'ambiente e alla colonizzazione di nuovi habitat come i vigneti (3). Abbiamo inoltre mostrato che ceppi di lievito provenienti dal kefir sono in grado di instaurare interazioni cooperative con lattobacilli, modulando la produzione di metaboliti e la risposta immunitaria dell'ospite (4).

Queste evidenze suggeriscono l'esistenza di pressioni selettive specifiche associate all'ambiente intestinale e pongono le basi per un'indagine evolutiva e molecolare sull'adattamento di *S. cerevisiae* all'ospite animale, con particolare attenzione alle interazioni inter-microbiche e all'elaborazione bioinformatica dei dati omici.

Obiettivi

Il progetto di dottorato dovrà essere strutturato sui seguenti obiettivi:

- Esplorare l'evoluzione e l'adattamento di *S. cerevisiae* in ambienti associati a ospiti animali, con particolare attenzione all'intestino di insetti sociali;
- Caratterizzare le interazioni ecologiche tra *S. cerevisiae* e altri membri del microbiota intestinale (es. lattobacilli);
- Integrare dati genomici, trascrittomici ed ecologici per individuare tratti funzionali associati alla colonizzazione e alla coesistenza microbica.

Metodologie

Il progetto potrà includere:

1. Analisi comparative di genomi e trascrittomi di ceppi isolati da ospiti animali e ambienti fermentativi;
2. Esperimenti di co-cultura in condizioni controllate che simulano l'ambiente intestinale;
3. Analisi della composizione comunitaria tramite metabarcoding;
4. Integrazione dei dati mediante approcci bioinformatici e tecniche di machine learning per l'inferenza di pattern adattativi.

- **Theme 1:**

Evolutionary Ecology and Adaptation of *Saccharomyces cerevisiae* to Animal Hosts

Brief Project Outline and Scientific background

Beyond its historical role in fermentation, *Saccharomyces cerevisiae* is increasingly recognized as a member of complex microbial communities in natural environments, including the gut microbiota of animals such as social insects and mammals. Within these ecosystems, *S. cerevisiae* interacts with microorganisms from other kingdoms, such as lactic acid bacteria, engaging in ecological dynamics that may reflect compatibility, adaptation, or even symbiosis (1,2).

Our research group has recently shown that social insects such as wasps (*Polistes dominula*) act as ecological vectors of *S. cerevisiae*, contributing to its dispersion and colonization of new environments such as vineyards (3). We have also demonstrated that kefir-derived yeast strains can form cooperative interactions with lactobacilli, modulating metabolite production and the host immune response (4).

These findings suggest the existence of specific selective pressures associated with the host environment and provide a foundation for exploring the evolutionary and molecular mechanisms underlying *S. cerevisiae* adaptation to animal hosts, with a particular focus on microbe–microbe interactions and multi-omic data analysis.

Objectives

This PhD project will have to address the following objectives:

- Investigate the evolution and adaptation of *S. cerevisiae* in host-associated environments, with a focus on the gut of social insects;
- Characterize ecological interactions between *S. cerevisiae* and other members of the gut microbiota (e.g., lactobacilli);
- Integrate genomic, transcriptomic and ecological data to identify functional traits associated with colonization and microbial coexistence.

Methodologies

The project may include:

- Comparative analysis of genomes and transcriptomes of strains isolated from animal hosts and fermented environments;
- Co-culture experiments under controlled conditions mimicking the gut environment;
- Microbial community profiling using metabarcoding approaches;
- Multi-omic data integration through bioinformatics and machine learning techniques to infer adaptive patterns.

Bibliografia/References

1. Frey-Klett, P., Burlinson, P., Deveau, A., Barret, M., Tarkka, M., & Sarniguet, A. (2011). Bacterial-fungal interactions: hyphens between agricultural, clinical, environmental, and food microbiologists. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.*, 75(4), 583–609. <https://doi.org/10.1128/MMBR.00020-11>
2. Coyte, K. Z., Schluter, J., & Foster, K. R. (2015). The ecology of the microbiome: Networks, competition, and stability. *Science*, 350(6261), 663–666. <https://doi.org/10.1126/science.aad2602>
3. Di Paola, M., Gori, A., Stefanini, I., et al. (2023). Using wasps as a tool to restore a functioning vine grape mycobiota and preserve the mycobial “terroir”. *Sci. Rep.*, 13, 16544. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-43541-9>
4. Nenciarini, S., Amoriello, R., De Filippo, C., et al. (2024). Functional and immunomodulatory properties of yeast–lactobacilli co-cultures from kefir. *Front. Immunol.*, 15, 1399842. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2024.1399842>

Tema 2:

Decifrare l'Epigenoma Batterico nell'Interazione Ospite-Microorganismo

Contesto

Le informazioni epigenetiche (cioè la metilazione del DNA e la modificazione post-traduzionale degli istoni) si sono dimostrate fondamentali nel controllo di numerosi fenomeni biologici negli eucarioti, come la differenziazione cellulare, lo sviluppo e la patogenesi (Madhani, 2025; Passeri et al., 2024). Nei procarioti, la metilazione del DNA rappresenta il principale mezzo di regolazione epigenetica dei geni ed è stata coinvolta in numerosi meccanismi molecolari come la riparazione del DNA, le interazioni DNA-proteina, l'espressione genica, la progressione del ciclo cellulare e il riconoscimento del self DNA mediato dai sistemi di Restrizione-Modificazione (R-M) (Kommireddy & Valakunja, 2013; Sánchez-Romero & Casadesús, 2020). Le conoscenze acquisite negli ultimi anni sulla metilazione del DNA nei procarioti, in particolare nei batteri, stanno approfondendo la nostra comprensione dei fenomeni di regolazione trascrizionale e di formazione di varianti fenotipiche cellulari (Oliveira & Fang, 2021). Un altro attore chiave nel controllo epigenetico è rappresentato dalle Proteine Associate al Nucleoide (NAPs); sono sempre più numerose le prove che indicano le NAPs come elementi critici nell'organizzazione e regolazione del cromosoma batterico. Esse contribuiscono a compattare il DNA in una forma strutturata, consentendo una replicazione, trascrizione e riparazione efficienti del DNA (Browning et al., 2010). Le NAPs influenzano anche l'accessibilità del DNA, facilitando le interazioni con le proteine regolatrici.

In un modello di interazione ospite-microorganismo, abbiamo recentemente riscontrato un'elevata variabilità dell'epigenoma tra ceppi della stessa specie, suggerendo che il comportamento simbiotico del ceppo possa essere parzialmente legato alla diversità epigenomica (Passeri et al., 2025). Possiamo quindi ragionevolmente ipotizzare che fenomeni altamente regolati, come le interazioni ospite-microorganismo, possano dipendere strettamente anche da cambiamenti epigenetici.

Obiettivi

Il progetto di dottorato si propone di indagare la diversità e il ruolo funzionale degli epigenomi batterici in modelli di simbiosi ospite-microorganismo, dalle prime fasi dell'interazione fino al differenziamento batterico all'interno dell'ospite. La ricerca esplorerà in che modo le modificazioni epigenomiche batteriche, come la metilazione del DNA e la struttura della cromatina, influenzino il comportamento batterico durante l'interazione con l'ospite e come abbiano contribuito all'evoluzione delle simbiosi batteriche.

Attività previste

Si prevede lo sviluppo di un ambiente di ricerca integrato per affrontare le sfide legate alla comprensione dell'epigenetica nell'ambito della simbiosi ospite-microorganismo. In particolare, sono attese attività di genetica molecolare, inclusa la costruzione di mutanti knockout e l'editing genomico, accompagnate dall'uso di metodi di sequenziamento per l'analisi della metilazione del DNA e della struttura tridimensionale della cromatina, nonché metodi computazionali per l'analisi epigenomica (Riccardi et al., 2023) al fine di elaborare i dati provenienti dal sequenziamento. Tali analisi permetteranno di mappare e dissezionare l'epigenoma batterico, fornendo informazioni sulla metilazione e sulle modificazioni della cromatina durante la simbiosi e di esaminare come l'epigenoma regoli l'espressione genica sia in condizioni di vita libera che simbiotica.

Theme 2

Title: Decoding the Bacterial Epigenome in Host-Microbe Interaction

Background

Epigenetic information (i.e. DNA methylation and post-translational modification of histones) has been shown to be pivotal in the control of several biological phenomena in eukaryotes, such as cellular differentiation,

development and pathogenesis (Madhani, 2025; Passeri et al., 2024). In prokaryotes, DNA methylation is the primary means of epigenetic gene regulation and has found to be involved in many molecular mechanisms such as DNA repair, DNA–protein interactions, gene expression, cell cycle progression and self-DNA recognition mediated by Restriction-Modification (R-M) systems (Kommireddy & Valakunja, 2013; Sánchez-Romero & Casadesús, 2020). Novel information gained in recent years on DNA methylation in prokaryotes, especially in bacteria, are delving into transcriptional regulation and the formation of phenotypic cell variants (Oliveira & Fang, 2021). Another important key player of epigenetic control is represented by Nucleoid-Associated Proteins (NAPs). Evidence is accumulating on NAPs playing a critical role in organizing and regulating the bacterial chromosome. They help compact the DNA into a structured form, enabling efficient DNA replication, transcription, and repair (Browning et al., 2010). NAPs contribute also to DNA accessibility, facilitating interactions with regulatory proteins. In a model of host-microbe interaction, we recently found a large variability in epigenome among strains, suggesting strain's symbiotic behaviour may be partially linked to epigenome diversity (Passeri et al., 2025). We could then likely argue that highly regulated phenomena, such as host-microbe interactions, could strongly rely on epigenetic changes also.

Objectives

The PhD project aims to investigate the diversity and functional role of bacterial epigenomes in models of host-microbe symbiosis, which includes bacterial differentiation programs inside the host. The research will explore how bacterial epigenomic modifications, such as DNA methylation and chromatin structure, influence bacterial behaviour during host-microbe interaction and contributed to evolution of bacterial symbioses.

Expected activities

An integrated research environment is expected to be developed to address the challenge related to understanding the epigenetics of host-microbe symbiosis. Specifically, molecular genetics, including construction of knockout mutants and genome editing are expected, coupled with the use of sequencing methods for DNA methylation and 3D chromatin structure analysis and computational methods for epigenomic analysis (Riccardi et al., 2023) to process data from sequencing. Such analyses will allow to map the bacterial epigenome, providing insights into methylation and chromatin modifications during symbiosis and to examine how the epigenome regulates gene expression under both free-living and symbiotic conditions.

References/Bibliografia

- Browning, D. F., Grainger, D. C., & Busby, S. J. W. (2010). Effects of nucleoid-associated proteins on bacterial chromosome structure and gene expression. *Current Opinion in Microbiology*, 13(6), 773–780. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2010.09.013>
- Kommireddy, V., & Valakunja, N. (2013). Diverse Functions of Restriction-Modification Systems in Addition to Cellular Defense. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 77(1), 53–72. <https://doi.org/10.1128/mmbr.00044-12>
- Madhani, H. D. (2025). Mechanisms of Inheritance of Chromatin States: From Yeast to Human. *Annual Review of Biophysics*, 54. <https://doi.org/10.1146/annurev-biophys-070524-091904>
- Oliveira, P. H., & Fang, G. (2021). Conserved DNA Methyltransferases: A Window into Fundamental Mechanisms of Epigenetic Regulation in Bacteria. In *Trends in Microbiology* (Vol. 29, Issue 1, pp. 28–40). Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2020.04.007>
- Passeri, I., Cangioli, L., Fondi, M., Mengoni, A., & Fagorzi, C. (2025). The Complex Epigenetic Panorama in the Multipartite Genome of the Nitrogen-Fixing Bacterium *Sinorhizobium meliloti*. *Genome Biology and Evolution*, 17(1). <https://doi.org/10.1093/gbe/evae245>

- Passeri, I., Vaccaro, F., Mengoni, A., & Fagorzi, C. (2024). Moving toward the Inclusion of Epigenomics in Bacterial Genome Evolution: Perspectives and Challenges. In *International journal of molecular sciences* (Vol. 25, Issue 8). <https://doi.org/10.3390/ijms25084425>
- Riccardi, C., Passeri, I., Cangilioli, L., Fagorzi, C., Fondi, M., & Mengoni, A. (2023). Crossing Bacterial Genomic Features and Methylation Patterns with MeStudio : An Epigenomic Analysis Tool. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(1), 159. <https://doi.org/10.3390/ijms24010159>
- Sánchez-Romero, M. A., & Casadesús, J. (2020). The bacterial epigenome. In *Nature Reviews Microbiology* (Vol. 18, Issue 1, pp. 7–20). Nature Research. <https://doi.org/10.1038/s41579-019-0286-2>

Tema 3

Titolo : Studio delle risposte transgenerazionali della memoria a stress abiotici e biotici in legumi

Contesto e Obiettivi

La gestione sostenibile degli stress biotici e abiotici rappresenta una delle più importanti sfide attuali di una moderna agricoltura che mantenga una elevata produttività delle colture in un scenario di rapidi cambiamenti climatici. Comprendere gli effetti transgenerazionali dello stress di stress abiotici (ad es. siccità) e biotici (funghi, batteri, virus) sul comportamento delle colture è fondamentale per lo sviluppo di colture “intelligenti” e cioè resilienti ai cambiamenti climatici. Questo progetto indagherà la risposta transgenerazionale alla siccità e/o stress da patogeni (funghi, batteri, virus) utilizzando il cece (*Cicer arietinum* (L.)), come modello di studio per tutti i legumi da granella. Questa coltura rappresenta uno dei legumi più importanti a livello mondiale in termini di produzione e fonte di proteine vegetali destinate alla alimentazione umana. Precedenti lavori nel nostro laboratorio hanno dimostrato che piante di questa specie sottoposte a stress da siccità mostrano risposte adattative a questo tipo di stress trasmesse nella generazione filiale, tra cui una ridotta altezza della pianta, una diminuzione dell’area fogliare e un’alterata architettura delle radici ed altre strategie di memoria ed adattamento allo stress fisiologico tipiche dello stress idrico. In questo studio ci proponiamo di indagare tali effetti a livello transgenerazionale mediante il confronto tra le generazioni G0, G1 e G2. Saranno utilizzati approcci omici (metiloma, trascrittoma e metaboloma) integrati con analisi specifiche fisiologiche e biochimiche (ad es. fotosintesi, contenuto di clorofilla, marcatori biochimici di stress). Dati precedenti suggeriscono che cambiamenti fenologici transgenerazionali potrebbero riguardare la crescita del sistema radicale, lo spessore delle foglie e l’alterazione dell’architettura dei germogli, la modalità di fioritura. Una analisi molecolare preliminare effettuata recentemente nel nostro laboratorio e che ha utilizzato l’immunoprecipitazione della cromatina seguita dalla reazione a catena della polimerasi quantitativa (ChIP-qPCR) ha fornito ulteriori approfondimenti sui meccanismi molecolari alla base degli effetti della memoria dello stress idrico in cece. I risultati a livello intergenerazionale (confronto tra G0 e G1) hanno indicato una maggiore attività dei geni legati allo stress da siccità nella generazione filiale di genitori stressati rispetto a quella proveniente da genitori coltivati in condizioni di controllo. Questa evidenza molecolare supporta l’ipotesi di una trasmissione transgenerazionale della memoria dello stress ed ha evidenziato (seppur in maniera parziale) meccanismi regolatori coinvolti in questo fenomeno. L’obiettivo principale di questo progetto di dottorato sarà non solo di fare più luce su geni, meccanismi chiave (genetici ed epigenetici) che regolano la memoria delle piante a tale stress a livello transgenerazionale ma anche di indagare allo stesso modo altri tipi di stress (stress biotici) in modo da evidenziare geni e networks genetici in comune o specifici tra diversi tipi di stress ambientali. I dati ottenuti mediante approcci non supervisionati potranno essere validati mediante l’utilizzo di popolazioni mutanti di cece allo scopo di fornire una maggiore confidenza sul ruolo di geni chiave in questi meccanismi utilizzandoli come marcatori molecolari per un futuro

miglioramento genetico sostenibile. La comprensione degli effetti della memoria dello stress nelle piante rappresenta un importante passo per lo sviluppo di nuovi genotipi più resilienti ai cambiamenti climatici mediante metodi biotecnologici e tradizionali di incrocio e selezione.

Research Theme 3

Title: Shedding lights into transgenerational memories to abiotic and biotic stresses in legumes

1) Abstract of research project

Sustainable management of biotic and abiotic stresses is one of the most important current challenges of modern agriculture aiming at maintaining high crop productivity in a scenario of rapid climate change. Understanding the transgenerational effects of abiotic (e.g. drought) and biotic (fungi, bacteria, viruses) stress on crop behavior is essential for the development of climate-“smart” crops (more resilient to climate change). This project will investigate the transgenerational response to drought and/or pathogenic stress (fungi, bacteria, viruses) using chickpea (*Cicer arietinum* (L.)), as a model for all grain legumes. This crop is one of the most important legumes worldwide in terms of production and source of plant proteins for human consumption. Previous work in our laboratory has shown that plants of this species subjected to drought stress show adaptive responses to this type of stress transmitted in the filial generation, including reduced plant height, decreased leaf area and altered root architecture and other memory and adaptation strategies to physiological stress typical of water stress. In this study we aim to investigate these effects at the transgenerational level by comparing generations G0, G1 and G2. Omics approaches (methyloome, transcriptome and metabolome) integrated with specific physiological and biochemical analyses (e.g. photosynthesis, chlorophyll content, biochemical stress markers) will be used. Previous data suggest that transgenerational phenological changes could involve root system growth, leaf thickness and shoot architecture alteration, and flowering patterns. A preliminary molecular analysis recently performed in our laboratory using chromatin immunoprecipitation followed by quantitative polymerase chain reaction (ChIP-qPCR) provided further insights into the molecular mechanisms underlying the effects of drought stress memory in chickpea. The results at intergenerational level (comparison between G0 and G1) indicated a higher activity of drought stress-related genes in the filial generation of stressed parents compared to parents grown in control conditions. This molecular evidence supports the hypothesis of a transgenerational transmission of stress memory and highlighted regulatory mechanisms involved in this phenomenon. The main aim of this research project will be not only to shed more lights on genes, key mechanisms (genetic and epigenetic) that regulate plant memory to this stress at a transgenerational level but also to investigate similarly other types of stress (biotic) in order to highlight genes and genetic networks in common or specific between different types of stress. The data obtained through unsupervised approaches can be validated using chickpea mutant populations in order to provide greater confidence on the role of key genes in these mechanisms using them as molecular markers for future sustainable genetic improvement. Understanding the effects of stress memory in plants represents an important step for the development of new genotypes more resilient to climate change through biotechnological and traditional methods of crossing and selection.

References

- 1) Dobranszki J, Agius DR, Berger MMJ, Moschou PN, Gallusci P, **Martinelli F**. 2025. Plant memory and communication of encounters. **Trends in plant science** 30 (2): 199-212. (ISSN: 1878-4372).

- 2) Gallusci P, Agius DR, Moschou PN, Dobranski J, Kaiserli E, **Martinelli F.** 2022. Deep inside the epigenetic memories of stressed plants. **Trends in plant science** 28 (2): 142-153. Doi: 10.1016/j.tplants.2022.09.004 (ISSN: 1878-4372)
- 3) Negussu M, Karalija E, Vergata C, Buti M, Subašić M, Pollastri S, Loreto F, **Martinelli F.** 2023. Drought tolerance mechanisms in chickpea (*Cicer arietinum* L.) investigated by physiological and transcriptomic analysis. **Environmental and Experimental Botany** 215: 105488. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2023.105488> (ISSN: 0098-8472)
- 4) Basso MF, Contaldi F, Celso FL, Karalija E, Paz-Carrasco LC, Barone G, Ferrante A, **Martinelli F.** 2023. Expression profile of the NCED/CCD genes in chickpea and lentil during abiotic stress reveals a positive correlation with increased plant tolerance. **Plant Science** 336: 111817. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2023.111817> (ISSN: 1664-462X)
- 5) Karalija E, Vergata C, Basso MF, Negussu M, Zaccai M, Grossi-de-Sa MF, **Martinelli F.** 2022. Chickpeas' Tolerance of Drought and Heat: Current Knowledge and Next Steps. **Agronomy** 12 (10), 2248. Doi: 10.3390/agronomy12102248 (ISSN: 2073-4395).

Tema 4: Impatto e ruolo delle formiche nelle dinamiche legate alla colonizzazione del legno in ambiente forestale.

Breve definizione del tema di ricerca e contesto scientifico

L'Italia rappresenta un importante hotspot di biodiversità dovuto alla sua posizione geografica, alla vasta estensione latitudinale e alla sua complessità orografica. A tale biodiversità contribuisce una estesa e diversificata copertura forestale che occupa il 37% del territorio nazionale. All'interno di questi differenti ecosistemi le trasformazioni a cui va incontro il legno nonché la sua degradazione rappresentano processi ecologici di fondamentale importanza per il riciclo della materia organica e quindi per le dinamiche forestali. L'analisi delle successioni ecologiche che caratterizzano la colonizzazione del legno da parte di molti organismi in relazione a differenti specie arboree e specifiche caratteristiche fisico chimiche e ambientali, rappresenta un elemento essenziale non solo per comprendere queste dinamiche all'interno delle foreste, ma anche per pianificare pratiche di gestione e conservazione della loro biodiversità. In questo contesto, l'impatto della colonizzazione del legno nelle sue diverse forme da parte delle formiche è poco conosciuto e scarsamente studiato. La presente linea di ricerca si prefigge di contribuire a colmare in modo significativo queste lacune, con particolare riguardo alle dinamiche di colonizzazione del legno da parte di diverse specie di formiche e delle loro interazioni con differenti organismi presenti in questi ambienti, ciò anche in relazione alla varietà di ecosistemi forestali e al gradiente climatico che li caratterizza.

Obiettivi

Il progetto di dottorato dovrà essere strutturato sui seguenti obiettivi:

- 1) Studio delle dinamiche di colonizzazione del legno in relazione a differenti ambienti e specie forestali.
- 2) Studio delle associazioni durante le fasi di colonizzazione e costruzione del nido.
- 3) Studio etologico nell'ambito dei processi sopra descritti.

Metodologie:

- 1) Attività di monitoraggio mediante differenti tecniche di campionamento.

- 2) Analisi comportamentale in campo e in laboratorio funzionale e valutare la natura e gli effetti delle interazioni sui processi studiati.
- 3) Analisi chimico-fisiche, messa a punto e utilizzo di nuove tecnologie utili a valutare le successioni ecologiche in relazione a differenti caratteristiche del legno e localizzazione all'interno dell'ecosistema forestale.

Bibliografia

Lach L., Parr C.L., Abbott K.L. (eds) (2015). *Ant Ecology*. Oxford University Press: Oxford, UK, 2010.

Hölldobler, B.; Wilson, E.O. *The Ants*, 1st ed.; Harvard University Press: Cambridge, MA, USA, 1990; p. 746.

Hölldobler B, Wilson EO (2008) *The superorganism: the beauty, elegance and strangeness of insect societies*. Harvard University Press, Cambridge

Seifert, B. *The Ants of Central and North Europe*, 1st ed.; Lutra Verlags Vertriebsgesellschaft: Tauer, Germany, 2018; p. 408.

Rico-Grey, V.; Oliveira, P.S. *The Ecology and Evolution of Ant-Plant Interactions*, 1st ed.; The University of Chicago Press: Chicago, IL, USA, 2007; p. 320.

Theme 4: Impact and role of ants in dynamics related to wood colonization in forest environments

Brief Project Outline and Scientific background

Italy is an important biodiversity hotspot due to its geographical position, its vast latitudinal extension and its orographic complexity. A large and diversified forest cover that occupies 37% of the national territory contributes to this biodiversity. Within these different ecosystems, the transformations that wood undergoes as well as its degradation represent ecological processes of fundamental importance for the recycling of organic matter and therefore for forest dynamics. The analysis of ecological successions that characterize the colonization of wood by many organisms in relation to different tree species and specific physical, chemical and environmental characteristics, represents an essential element not only to understand these dynamics within forests, but also to plan management and conservation practices of their biodiversity. In this context, the impact of the colonization of wood in its various forms by ants is little known and scarcely studied. The present line of research aims to contribute to significantly fill these gaps, with particular attention to the dynamics of wood colonization by different ant species, their interactions and relationships with different organisms present in these environments, also in relation to the variety of forest ecosystems and the climatic gradient that characterizes them.

Objectives

The project must be structured on the following objectives:

- 1) Study of wood colonization dynamics in relation to different forest environments and species.
- 2) Study of associations during the colonization and nest-building phases.
- 3) Ethological investigation within the processes described above.

Methodologies:

The project will include:

- 1) Monitoring activities using different sampling techniques.
- 2) Behavioral analysis in the field and in lab conditions functional to evaluate the nature and effects of interactions on the investigated processes.
- 3) Chemical-physical analyses, development and use of new technologies useful for evaluating ecological successions in relation to different characteristics of wood and location within the forest ecosystem.

References

Lach L., Parr C.L., Abbott K.L. (eds) (2015). *Ant Ecology*. Oxford University Press: Oxford, UK, 2010.

Hölldobler, B.; Wilson, E.O. *The Ants*, 1st ed.; Harvard University Press: Cambridge, MA, USA, 1990; p. 746.

Hölldobler B, Wilson EO (2008) *The superorganism: the beauty, elegance and strangeness of insect societies*. Harvard University Press, Cambridge

Seifert, B. *The Ants of Central and North Europe*, 1st ed.; Lutra Verlags Vertriebsgesellschaft: Tauer, Germany, 2018; p. 408.

Rico-Grey, V.; Oliveira, P.S. *The Ecology and Evolution of Ant-Plant Interactions*, 1st ed.; The University of Chicago Press: Chicago, IL, USA, 2007; p. 320.

Tema 5:

Applicazioni dell'intelligenza artificiale per il monitoraggio e la salvaguardia della biodiversità

- **Breve definizione del tema di ricerca**
Contesto scientifico

Gli algoritmi di machine learning (ML) e deep learning (DL) sono branche dell'intelligenza artificiale (AI) che hanno dimostrato la capacità di catalogare e organizzare con un buon livello di accuratezza diversi tipi di informazione, come immagini, video o suoni. Questi approcci non solo consentono di automatizzare ed efficientare *preprocessing* dei dati tipicamente *time-consuming*, ma possono anche mettere in luce pattern non evidenti all'interno dei dati.

Lo studio della biodiversità, ad ogni livello, dagli individui agli ecosistemi, necessita di avere a disposizione e analizzare grandi quantità di dati. L'obiettivo è quello di poter inferire processi e dinamiche che mettano in luce le relazioni che esistono tra e dentro livelli.

ML si è dimostrato uno strumento più potente dei tradizionali metodi statistici multivariati per fare previsioni a partire dalle osservazioni, in particolar modo quando il dataset è molto ampio e in presenza di interazioni non lineari complesse. Inoltre, diversi algoritmi possono essere allenati su un determinato dataset, ma la loro applicazione può essere generalizzata.

Il nostro gruppo di ricerca ha già applicato tecniche di ML in diversi campi della ricerca ecologica, in particolare nell'analisi della distribuzione e della classificazione di specie di invertebrati acquatici e terrestri e di mammiferi marini.

Obiettivi

Il progetto di dottorato si propone di utilizzare tecniche di ML e DL per l'analisi di dati ambientali e biologici di diversa natura, per migliorare la ricerca nell'ambito del monitoraggio e della conservazione della biodiversità. Le tematiche possono spaziare dall'utilizzo dei PAM (Passive Acoustic Monitoring) all'inferenza di andamenti di popolazione e fenologia a partire da campionamenti morfometrici.

Metodologie

- Immagini satellitari e telerilevamento, reti di sensori e Citizen science per il monitoraggio e la mappatura delle specie e degli habitat
- Apprendimento supervisionato e non supervisionato di immagini e suoni nella classificazione delle specie, nel monitoraggio degli ecosistemi marini e della copertura del suolo
- Reti neurali e deep learning per la valutazione della deforestazione, della perdita di habitat e previsione dell'impatto del cambiamento climatico sulla distribuzione delle specie

Theme 5:

Artificial Intelligence Applications for Biodiversity Monitoring and Protection

Brief Project Outline and Scientific background

Machine learning (ML) and deep learning (DL) algorithms are branches of artificial intelligence (AI) that demonstrated their ability in classifying and organizing different types of information, such as images, videos or sounds, with a good level of accuracy. These approaches not only allow for the efficient and automated pre-processing of data, which is typically time-consuming, but can also highlight non-obvious patterns within the data.

The study of biodiversity, at every level, from individuals to ecosystems, requires access to and the analysis of large amounts of data. The goal is to infer processes and dynamics that could highlight existing relationships between and within levels.

ML has proven to be a more powerful tool than traditional multivariate statistical methods in order to make predictions from observations, especially when dealing with very large datasets and in the presence of complex non-linear interactions. Furthermore, different algorithms can be trained on a given dataset, but their application can be generalized.

Our research group has already applied ML techniques in several fields of ecological research, such as the analysis of the distribution and classification of aquatic and terrestrial invertebrate species and marine mammals.

Objectives

The PhD project aims to use ML and DL techniques for the analysis of different type of environmental and biological data, to improve research in the field of biodiversity monitoring and conservation. Topics can range from the use of PAM (Passive Acoustic Monitoring) to the inference of population trends and phenology out of morphometric sampling.

Methodologies

- Satellite images and remote sensing, sensor networks and citizen science for species and habitats monitoring and mapping
- Supervised and unsupervised learning in images and sounds processing for species classification, marine ecosystems and land cover monitoring

- Neural networks and deep learning for deforestation and habitat loss assessment and prediction of the impact of climate change on species distribution

Bibliografia/References

Bellin, N., Calzolari, M., Callegari, E., Bonilauri, P., Grisendi, A., Dottori, M., Rossi, V., 2021. Geometric Morphometrics and Machine Learning as tools for the identification of sibling mosquito species of the *Maculipennis* complex (*Anopheles*). *Infection, Genetics and Evolution*, 95, 105034.

Bellin, N., Calzolari, M., Magoga, G., Callegari, E., Bonilauri, P., Lelli, D., Dottori, M., Montagna, M., Rossi, V., 2022. Unsupervised machine learning and geometric morphometrics as tools for the identification of inter and intraspecific variations in the *Anopheles Maculipennis* complex. *Acta Tropica*, 106585

Bellin, N., Rossi, V., 2024. Modeling the effects of climate change on the habitat suitability of Mediterranean gorgonians. *Biodiversity and Conservation* 33, 1027–1049. <https://doi.org/10.1007/s10531-024-02779-z>.

Bellin, N., Tesi, G., Marchesani, N., Rossi, V., 2022. Species distribution modeling and machine learning in assessing the potential distribution of freshwater zooplankton in Northern Italy. *Ecological Informatics*, 69, 101682

Borowiec, M. L., Dikow, R. B., Frandsen, P. B., McKeeken, A., Valentini, G., & White, A. E. (2022). Deep learning as a tool for ecology and evolution. *Methods in Ecology and Evolution*, 13(8), 1640–1660. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13901>

Brodrick, P. G., Davies, A. B., & Asner, G. P. (2019). Uncovering Ecological Patterns with Convolutional Neural Networks. *Trends in Ecology & Evolution*, 34(8), 734–745. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2019.03.006>

Bzdok, D., Altman, N., & Krzywinski, M. (2018). Statistics versus machine learning. *Nature Methods*, 15(4), 233–234. <https://doi.org/10.1038/nmeth.4642>

Calzolari, M., Bellin, N., Dottori, M., Torri, D., Di Luca, M., Rossi, V., Magoga, G., Montagna, M., 2024. Integrated taxonomy to advance species delimitation of the *Anopheles maculipennis* complex. *Scientific Reports*. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-81767-3>

Cominelli, S., Bellin, N., Brown, C. D., Rossi, V., & Lawson, J., 2024. Acoustic features as a tool to visualize and explore marine soundscapes: Applications illustrated using marine mammal passive acoustic monitoring datasets. *Ecology and Evolution*, 14, e10951. <https://doi.org/10.1002/ece3.10951>

Sainburg, T., Thielk, M., & Gentner, T. Q. (2020). Finding, visualizing, and quantifying latent structure across diverse animal vocal repertoires. *PLOS Computational Biology*, 16(10), e1008228. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1008228>

Tema 6:

Relazione fra il metabolismo del solfato e la tolleranza al cromo in alghe unicellulari d'acqua dolce

Contesto scientifico

L'assimilazione riduttiva del solfato ha un ruolo fondamentale nella tolleranza allo stress indotto da metalli pesanti. Il fenomeno è noto come SED (Sulfur Enhanced Defence) e si basa in gran parte sulla maggior sintesi di cisteina e glutathione ridotto (GSH). Queste molecole sono, a loro volta, direttamente coinvolte nella chelazione di vari ioni metallici, cromo compreso, e nella riduzione dello stress ossidativo (Holland et al., 2011; Fang et al., 2016; Hasanuzzaman et al. 2017; He et al 2018; Faizan et al., 2024). Il nostro gruppo di ricerca sta da lungo tempo studiando le relazioni che esistono fra la tolleranza al cromo ed il metabolismo dello zolfo (Gorbi et al., 2007; Marieschi et al., 2015) in due ceppi dell'alga verde unicellulare *Scenedesmus acutus* con diversa tolleranza al cromo, ed ha recentemente dimostrato come fra i due ceppi esistano differenze a livello dell'assorbimento (Ferrari et al., 2022) e dell'assimilazione del solfato (Sardella et al 2019). Il metabolismo del solfato nelle alghe è ancora relativamente poco studiato e data la diversa origine filogenetica dei differenti taxa algali, lo studio dei geni coinvolti nei meccanismi di tolleranza allo stress indotto dalla presenza di metalli riveste particolare importanza anche dal punto di vista evolutivo (Giordano and Prioretti, 2016).

Obiettivi

Il progetto si propone di valutare l'effetto del metabolismo del solfato nell'acquisizione di una tolleranza degli organismi algali nei confronti dei metalli pesanti, indagando, inoltre, i meccanismi di adattamento degli organismi target lungo gradienti da contaminazione da metalli (sia su base naturale sia su base antropica). A tale scopo saranno campionati organismi algali provenienti da diverse sorgenti di ambienti ricchi in metalli quali sorgenti cromifere/metallifere in particolar modo in contesti ofiolitici dell'Appennino responsabili dell'innalzamento del fondo naturale di cromo esavalente nei suoli.

Attività previste

Gli organismi isolati in ambienti contaminati da cromo saranno purificati e identificati con metodi tradizionali e/o molecolari, parallelamente saranno valutati i parametri ambientali degli habitat di campionamento per valutare se esista un definito pattern spaziale delle specie rilevate. Successivamente gli organismi identificati saranno analizzati per valutare se una diversa espressione degli enzimi del pathway del solfato possa essere alla base di una diversa tolleranza al cromo e costituire un adattamento ambientale allo stress abiotico. Particolare riguardo sarà dedicato allo studio dei geni del pathway del solfato coinvolti nella sintesi di cisteina e alla sua conversione in molecole solforate che possono contribuire allo stoccaggio dello zolfo in forma organica e al suo utilizzo in risposta agli stress (glutathione ridotto, D-cisteina, fitochelatine). Organismi di riferimento per l'analisi del pathway metabolico saranno due ceppi di *Scenedesmus acutus* con diversa sensibilità al cromo, utilizzati come organismo modello. Le analisi sugli enzimi del pathway saranno condotte attraverso lo studio di espressione genica mediante RT-PCR e attraverso saggi enzimatici su alghe coltivate in differenti condizioni sperimentali.

Theme 6:

Relationship between sulphate metabolism and chromium tolerance in unicellular freshwater algae

Brief Project Outline and Scientific background

Sulfate reductive assimilation plays a fundamental role in tolerance to stress induced by heavy metals. The phenomenon is known as SED (Sulfur Enhanced Defense) and is largely based on the increased synthesis of cysteine and reduced glutathione (GSH). These compounds are directly involved in the chelation of various metal ions, including chromium, and in the reduction of oxidative stress (Holland et al., 2011; Fang et al., 2016; Hasanuzzaman et al. 2017; He et al 2018; Faizan et al., 2024). Our research group has been studying for a long time the relationships between chromium tolerance and sulfur metabolism (Gorbi et al., 2007; Marieschi et al., 2015) in two strains of the unicellular green alga *Scenedesmus acutus* with different chromium tolerance. We have recently demonstrated how differences exist between the two strains in terms of sulfate uptake (Ferrari et al., 2022) and assimilation (Sardella et al 2019). Sulfate metabolism in algae is still relatively poorly studied and given the different phylogenetic origin of the algal taxa, the study of the genes

involved in tolerance mechanisms to heavy metal stress is particularly relevant also from an evolutionary point of view (Giordano and Prioretti, 2016).

Objectives

The project aims to evaluate the effect of sulphate metabolism on the acquisition of tolerance of algal organisms towards heavy metals, also investigating the adaptation mechanisms of target organisms along metal contamination gradients (both natural and anthropogenic). For this purpose, algal organisms will be sampled from different sources of metal-rich environments such as chromiferous/metalliferous sources, particularly in ophiolitic contexts of the Apennines, responsible for the increase in the natural background of hexavalent chromium in soils.

Expected activities

Organisms isolated in chromium-contaminated environments will be purified and identified with traditional and/or molecular methods, in parallel the environmental parameters of the sampling habitats will be evaluated to assess the existence of a defined spatial pattern of the detected species. Subsequently, the identified organisms will be analyzed to assess whether a different expression of the sulphate pathway enzymes may be the basis of a different tolerance to chromium and constitute an environmental adaptation to abiotic stress. Particular attention will be paid to the study of the sulfate pathway genes involved in the synthesis of cysteine and its conversion into sulfur-containing molecules possibly contributing to sulfur storage in organic molecules and its use in response to stress (reduced glutathione, D-cysteine, phytochelatins). Reference organisms for the metabolic pathway analysis will be two strains of *Scenedesmus acutus* with different chromium sensitivity, used as a model organism. The study of the pathway enzymes will be conducted through gene expression analyses by RT-PCR and through enzymatic assays on algae grown in different experimental conditions.

Bibliografia/References

- Faizan, M., et al. (2024). Phytochelatins: Key regulator against heavy metal toxicity in plants. *Plant Stress* 11 (2024) 100355
- Fang, H., Liu, Z., Jin, Z., Zhang, L., Liu, D., Pei, Y., (2016). An emphasis of hydrogen sulfide-cysteine cycle on enhancing the tolerance to chromium stress in *Arabidopsis*. *Environmental Pollution* 213: 870-877
- Ferrari, M., Cozza, R., Marieschi, M., Torelli, A., (2022). Role of Sulfate Transporters in Chromium Tolerance in *Scenedesmus acutus* M. (Sphaeropleales). *Plants* 2022, 11(2), 223; <https://doi.org/10.3390/plants11020223>
- Giordano, M. & Prioretti L. (2016). Sulphur and Algae: Metabolism, Ecology and Evolution. in *The Physiology of Microalgae*, M.A. Borowitzka et al. (eds.), *Developments in Applied Phycology* 6,
- Gorbi, G., Zanni, C., & Corradi, M. G. (2007). *Aquatic Toxicology*, 84(4), 457–464.
- Hasanuzzaman, M., Nahar, K., Anee, T. I., Fujita, M., (2017). Glutathione in plants: biosynthesis and physiological role in environmental stress tolerance. *Physiol Mol Biol Plants* 23(2):249–268
- He, H., Li, Y., He, L-F. (2018) The central role of hydrogen sulfide in plant responses to toxic metal stress. *Ecotoxicology and Environmental Safety* 157 403–408
- Holland, S. L., & Avery, S. V. (2011). Chromate toxicity and the role of sulfur. *Metallomics* (11), 1119–1123.

Marieschi, M., Gorbi, G., Zanni, C., Sardella, A., & Torelli, A. (2015). Increase of chromium tolerance in *Scenedesmus acutus* after sulfur starvation: chromium uptake and compartmentalization in two strains with different sensitivity to Cr(VI). *Aquatic Toxicology*, 167, 124–133.

Sardella, A., Marieschi, M., Mercatali, I., Zanni, C., Gorbi, G., & Torelli, A. (2019). The relationship between sulfur metabolism and tolerance of hexavalent chromium in *Scenedesmus acutus* (Spheropleales): Role of ATP sulfurylase. *Aquatic Toxicology*, 216(July), 105320.

Borsa a Tematica Vincolata CON GRADUATORIA SEPARATA 1: Fondazione Edmund Mach – Centro Ricerca e Innovazione: GET CYANO **Fioriture di cianobatteri nei laghi alpini: caratterizzazione genomica e funzionale.**

Outline del Tema di ricerca:

Lo sviluppo di cianobatteri tossici rappresenta un grave problema per l'utilizzo delle acque e costituisce un rischio per la salute di persone e animali. Le cianotossine sono prodotte da diverse specie di cianobatteri e comprendono diverse classi di composti. Le fioriture di cianobatteri sono favorite dall'aumento dei carichi di nutrienti algali e dai cambiamenti climatici. Il progetto di dottorato mira a utilizzare i più avanzati approcci genomici, metagenomici e metabolomici per studiare le caratteristiche tassonomiche e funzionali dei cianobatteri responsabili delle fioriture cianobatteriche in un bacino della Provincia di Trento, il Lago di Serrai. Il lago è situato ad un'altitudine di 974 m s.l.m. e presenta una superficie e profondità massima rispettivamente di 0.5 km² e 18 m. Il lago è un importante sito di valenza naturalistica ed ecologica, e importante meta di soggiorno e pesca sportiva. Nel corso dell'ultimo decennio, il lago ha visto un aumento delle fioriture di cianobatteri, in particolare *Dolichospermum* spp. e *Microcystis aeruginosa*. Quest'ultima specie, in particolare, si è sviluppata con ceppi fortemente tossici (in grado di produrre microcistine) portando alla chiusura delle attività di balneazione nel corso dei mesi tardo estivi.

• Obiettivi e metodologie:

Il progetto si articola su diversi obiettivi, nello specifico:

1. Caratterizzazione genomica, filogenomica e funzionale dei cianobatteri del Lago di Serrai utilizzando sistemi allo stato dell'arte di sequenziamento long-reads ad alta precisione (PacBio HiFi) e fullshotgun. L'annotazione sarà indirizzata all'identificazione di complessi genici implicati nel metabolismo primario e secondario, compresa la produzione di tossine e composti tossici emergenti e antibiotic resistant genes (ARGs).
2. Inquadramento dei genomi del Serrai in un contesto globale, rilevando le specificità delle popolazioni (dovute p. a processi di trasferimento genetico orizzontale) utilizzando un approccio pangenomico.
3. Caratterizzazione dell'intera comunità batterica nel periodo estivo interessato dalle fioriture utilizzando tecniche di full-shotgun sequencing (e possibilmente PacBio HiFi) su campioni superficiali e profondi. In particolare, lo studio della comunità microbica nella zona anossica

permetterà di approfondire il funzionamento dei cicli biogeochimici nei sistemi lacustri caratterizzati da ipossia e rilascio di fosforo e nutrienti dai sedimenti. Inoltre, l'interesse sarà rivolto anche alla ricerca di batteri in grado di degradare le microcistine.

4. Identificazione e quantificazione dello spettro completo di cianotossine (peptidi epatotossici e alcaloidi neuro- e citotossici) (analisi svolte dalla piattaforma di Idrochimica dell'Unità Idrobiologia FEM). Le analisi saranno svolte nei ceppi in coltura, nei campioni di acqua raccolti su scala annuale nello strato superficiale (0-5 m, in collaborazione con l'APPA di Trento), e in occasione delle fioriture. La presenza di tossine sarà verificata anche nei tessuti dei pesci.

I risultati di questo progetto multidisciplinare saranno valorizzati con la pubblicazione di articoli su riviste internazionali, partecipazione a congressi nazionali e internazionali, e organizzazione di eventi divulgativi locali e nazionali. Inoltre, il progetto si inserisce in collaborazioni internazionali e nelle attività di consorzi di ricerca impegnati nel controllo e gestione dei cianobatteri tossigeni (COST CyanoAction; Cyanuco).

SPECIFIC RESEARCH TOPICS SCHOLARSHIP 1 Fondazione Edmund Mach – Centro Ricerca e Innovazione:
GET CYANO Cyanobacterial blooms in Alpine lakes: genomic and functional characterisation

- **Brief Thematic Project Outline and Scientific background**

The development of toxigenic cyanobacteria is a severe problem for water use and poses a health risk to humans and animals. Cyanotoxins are produced by different species of cyanobacteria and comprise several classes of toxic compounds. Cyanobacterial blooms are favoured by increasing algal nutrient loads and climate change. The PhD project aims to use state-of-the-art genomic, metagenomic and metabolomic approaches to study the taxonomic and functional characteristics of cyanobacteria responsible for cyanobacterial blooms in a basin in the Province of Trento, Lake Serrai. The lake is located at an altitude of 974 m a.s.l. and has a maximum surface area and depth of 0.5 km² and 18 m, respectively. The lake is an important naturalistic and ecological site, and an important destination for recreation and sports fishing. Over the past decade, the lake has seen an increase in the blooms of cyanobacteria, particularly *Dolichospermum* spp. and *Microcystis aeruginosa*. The latter species, in particular, has developed highly toxic strains (microcystins producing) leading to the closure of bathing activities during the late summer months.

- **Objectives and methodology:**

The thematic research line has the following objectives and methodologies, which include:

- (i) Genomic, phylogenomic and functional characterisation of the cyanobacteria of Lake Serrai using state-of-the-art high-precision long-reads sequencing systems (PacBio HiFi) and fullshotgun metagenomics. Annotation will allow the identification of gene complexes involved in primary and secondary metabolism, including production of cyanotoxins, emerging biological contaminants and antibiotic resistant genes (ARGs).

- ii) Study and interpretation of the cyanobacterial Serraia genomes in a global context, highlighting population specificities (e.g., due to horizontal gene transfer) using a pangenomic approach.
- iii) Characterisation of the entire bacterial community during the summer period using full-shotgun sequencing techniques (and possibly PacBio HiFi) on surface and deep samples. The study of the microbial community in the anoxic zone will allow an in-depth study of the functioning of biogeochemical cycles in lake systems characterised by hypoxia and the release of phosphorus and nutrients from sediments. In addition, interest will also be directed towards the search for bacteria capable of degrading microcystins.
- (iv) Identification and quantification of the full spectrum of legacy cyanotoxins (hepatotoxic peptides and neuro- and cytotoxic alkaloids) (analyses carried out by the Hydrochemistry platform at the FEM Hydrobiology Unit). Analyses will be carried out in cultured strains, in water samples collected on an annual scale in the surface layer (0-5 m, in collaboration with the Trento APPA), and during blooms. The presence of toxins will also be tested in fish tissues.

The results of this multidisciplinary project will be disseminated through the publication of articles in international journals, participation in national and international congresses, and the organisation of local and national dissemination events. Furthermore, the project is part of international collaborations and activities of research consortia engaged in the control and management of toxigenic cyanobacteria (COST CyanoAction; Cyanuco).

BORSA A TEMATICA VINCOLATA CON GRADUATORIA SEPARATA 2: *“Manifestazione di interesse per l’acquisizione di proposte di tesi di dottorato di ricerca sul tema del contributo delle donne in ambito scientifico e tecnologico nel corso della storia”*. **N.B. la borsa verrà assegnata SOLO in caso di concessione del finanziamento.**

Tematica: Enrica Calabresi nacque a Ferrara il 10 novembre 1891. Laureatasi nel 1914 in Scienze Naturali presso il Regio Istituto di Studi Superiori e di Perfezionamento di Firenze, fu assunta prima di laurearsi come Assistente presso il Museo della Specola di Firenze. Nel 1924 ottenne il diploma di abilitazione alla docenza e nel 1926 il posto di Aiuto universitario, che ricoprì fino al 1933, quando fu costretta a lasciare l’Università di Firenze, per far spazio ad un collega. Dopo l’allontanamento forzato, insegnò al Regio Istituto tecnico Galilei di Firenze, poi al Liceo-Ginnasio omonimo, dove ebbe allieva Margherita Hack. Tra il 1936 e il 1938 ebbe la cattedra di Entomologia Agraria presso la Facoltà di Agraria dell’Università di Pisa. Nel dicembre 1938, alla promulgazione delle leggi razziali fasciste, fu dichiarata decaduta dall’abilitazione alla Libera Docenza in Zoologia perché «appartenente alla razza ebraica». Non abbandonò Firenze e insegnò scienze nella scuola ebraica di Firenze. Nel gennaio del 1944 fu arrestata dai tedeschi nella sua abitazione e trasferita al carcere fiorentino di Santa Verdiana, dove morì suicida.

Il progetto di ricerca si propone di evidenziare la vicenda umana, la rigerosità scientifica e l’ecletticità degli studi di Enrica Calabresi, attraverso una rilettura della sua biografia e dei suoi lavori scientifici, conservati presso i musei e le biblioteche dell’Ateneo fiorentino.

SPECIFIC RESEARCH TOPICS SCHOLARSHIP 2 on *“Manifestazione di interesse per l’acquisizione di proposte di tesi di dottorato di ricerca sul tema del contributo delle donne in ambito scientifico e tecnologico nel corso della storia”*, by Presidenza del Consiglio dei Ministri – Dipartimento per le Pari Opportunità for the funding of the following scholarship. **Please note: the scholarship will be awarded ONLY if the funding is granted.**

Thematic: “Enrica Calabresi: passionate zoologist, scientist and teacher of the first half of the 20th century”.

Enrica Calabresi was born in Ferrara on November 10, 1891. She graduated in 1914 in Natural Sciences at the Royal Institute of Advanced Studies and Specialization in Florence, and was hired before graduating as an

Assistant at the Museo della Specola in Florence. In 1924 she obtained a teaching qualification diploma and in 1926 the position of University Assistant, which she held until 1933, when she was forced to leave the University of Florence to make room for a colleague. After her forced departure, she taught at the Royal Technical Institute Galileo in Florence, then at the Liceo-Ginnasio of the same name, where her student was Margherita Hack. Between 1936 and 1938 she held the chair of Agricultural Entomology at the Faculty of Agriculture of the University of Pisa. In December 1938, with the promulgation of the fascist racial laws, she was declared deprived of her qualification for Libera Docenza in Zoology because she "belonged to the Jewish race". She did not abandon Florence and taught science in the Jewish school of Florence. In January 1944, she was arrested by the Germans in her home and transferred to the Florentine prison of Santa Verdiana, where she committed suicide.

The research project aims to highlight the human story, the scientific rigor and the eclecticism of Enrica Calabresi's studies, through a rereading of her biography and her scientific works, preserved in the museums and libraries of the University of Florence.

Titolo: Rewilding di ambienti abbandonati mediante l'uso di cavalli ferali. **Nota Bene questa tematica è senza borsa.**

- **Breve definizione del tema di ricerca**

Contesto scientifico

I mammiferi erbivori di grandi dimensioni hanno un impatto sproporzionato sugli ecosistemi terrestri rispetto ad altre specie, svolgendo ruoli ecologici unici come quelli di ingegneri ambientali, controllando la biomassa della vegetazione e contribuendo alla regolazione delle cascate trofiche (1). Tuttavia, a partire dal Pleistocene, queste specie chiave hanno subito una massiccia estinzione, con eradicazioni locali e drammatici cali di popolazione ancora in corso (2). Negli ultimi anni, gli sforzi di conservazione sono stati dedicati al ripristino degli ecosistemi degradati attraverso la reintroduzione ponderata di diverse specie erbivore. Tali attività di “rewilding” mirano a promuovere la formazione ed il mantenimento di ecosistemi ricchi di biodiversità (3). In Europa, uno degli obiettivi principali del rewilding consiste nel recupero delle dinamiche piante-erbivori per ripristinare ambienti aperti abbandonati (4). I grandi erbivori, come i cavalli (*Equus ferus*), sono ottimi candidati per le attività di rewilding. Tuttavia, la nostra comprensione delle dinamiche erbivori-risorse è ancora parziale. Inoltre, non è del tutto chiaro come la loro presenza possa influenzare la distribuzione spazio-temporale delle specie autoctone, soprattutto se la reintroduzione non è pianificata e non è controllata. Il nostro gruppo di ricerca ha recentemente avviato un progetto di ricerca sulla popolazione di cavalli selvatici che occupano una catena montuosa dell'Italia centrale (La Calvana), fornendo una prima serie di informazioni sulle interazioni ecologiche con la fauna locale e un'analisi preliminare della situazione. Il numero di popolazioni simili in Europa è molto basso, anche se mancano dati precisi. L'obiettivo generale di questo progetto di ricerca è raccogliere informazioni sull'ecologia di questa e di altre popolazioni simili, che possono servire come sistemi modello per comprendere meglio le dinamiche consumatori-risorse e l'affidabilità delle attività di rewilding su scala più ampia.

Obiettivi

Il progetto di dottorato dovrà essere strutturato sui seguenti obiettivi:

- Eseguire un'analisi preliminare per raccogliere dati su popolazioni simili esistenti in Italia (due) e in Europa (sconosciute);
- Valutare i modelli di movimento dei branchi nella popolazione di studio, per quantificare la distribuzione spaziale dell'impatto degli erbivori;
- Valutare il tipo di risorse consumate nei diversi periodi dell'anno, per comprendere meglio l'impatto dei cavalli sulle comunità vegetali;
- Indagare la genetica di popolazione delle mandrie, chiarendo le relazioni tra i loro membri e valutando il grado di inbreeding;
- Quantificare i parametri che descrivono la dinamica di popolazione, per prevedere la crescita della popolazione in futuro.

Metodologie

Il progetto potrà includere:

- Tecniche di analisi di genetica delle popolazioni
- Tecniche di censimento e verifica della distribuzione spaziale dei branchi (es. camera-trapping);
- Tecniche di remote sensing per monitoraggio della vegetazione a scale spaziali differenti

Title: Rewilding of an abandoned landscape using feral horses

Please note: this project has not a scholarship assigned.

Brief Project Outline and Scientific background

Large mammalian herbivores have a disproportionately high impact on terrestrial ecosystems compared to other species, playing unique ecological roles as environmental engineers, controlling vegetation biomass, and contributing to regulation of trophic cascades (1). However, since the Pleistocene, such keystone species have undergone massive extinction, with local extirpation and dramatic population declines still ongoing (2). In recent years, conservation efforts have been dedicated to restoring degraded ecosystems through the thoughtful reintroduction of several herbivorous species. Such “rewilding” aims to promote biodiverse and functionally self-managing ecosystems using extant species (3). In Europe, one of the goals is the recovery of plant-herbivore dynamics to restore abandoned grass-based landscapes (4). Large herbivores, like horses (*Equus ferus*) are excellent candidates for rewilding activities, as they can contribute to reducing loss of open landscapes. However, our understanding of herbivore-resources dynamics is still partial. Moreover, it is not completely clear how their presence could affect the spatio-temporal distribution of autochthonous species, especially if the reintroduction is unplanned and uncontrolled. Our research group has recently started a research project on population of feral horses occupying a mountainous range in Central Italy (La Calvana), providing a first set of information about the ecological interactions with the local fauna, and a preliminary assessment of the dynamic of this population. The number of similar populations in Europe is very low, although exact figures are lacking. The general aim of this research project is to gather information on the ecology of this population, which may serve as a model system to better understand consumer-resource dynamics, and the reliability of rewilding activities on a wider scale.

Objectives

This PhD project will have to address the following objectives:

- Perform a preliminary analysis to collect data on similar populations existing in Italy (two), and Europe (unknown);
- Assess the movement patterns of the herds in the study population, to quantify the spatial pattern of herbivory;
- Assess the type of resources consumed at different times of the year, to better understand horse impact on plant communities;
- Investigate the population genetic of the herds, elucidating the relationships between their members, and assess the degree of inbreeding;
- Quantify the parameters describing the population dynamics, to forecast the growth of population in the future.

Methodologies

The project may include:

- Basic population genetics techniques;
- Ecological census techniques, and methods to assess the spatial distribution of the herds (e.g. camera-trapping);
- Remote sensing techniques to assess vegetation dynamics at different spatial scales.

Bibliografia/References

- 1) Pringle, R. M., J. O. Abraham, T. M. Anderson, T. C. Coverdale, A. B. Davies, C. L. Dutton, A. Gaylard, J. R. Goheen, R. M. Holdo, M. C. Hutchinson, et al. 2023. Impacts of large herbivores on terrestrial ecosystems. *Current Biology* 33:R584–R610.
- 2) Naundrup, P. J., and J.-C. Svenning. 2015. A geographic assessment of the global scope for rewilding with wild-living horses (*Equus ferus*). *PLOS ONE* 10:e0132359.
- 3) Lundgren, E. J., D. Ramp, J. Rowan, O. Middleton, S. D. Schowanek, O. Sanisidro, S. P. Carroll, M. Davis, C. J. Sandom, J.-C. Svenning, and A. D. Wallach. 2020. Introduced herbivores restore Late Pleistocene ecological functions. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 117:7871–7878.
- 4) Navarro, L. M., and H. M. Pereira. 2015. *Rewilding abandoned landscapes in Europe*. Springer, New York, New York, USA.