

Progetti di Ricerca Dottorato di Ricerca in Biologia Evoluzionistica ed Ecologia 39 ciclo.

Progetto 1_Project 1

CURRICULUM GENETICA ED EVOLUZIONE -Sede Università di Ferrara-

Titolo: Impatto delle varianti strutturali del genoma sul carico genetico in specie a rischio di estinzione

Nuove varianti alleliche possono essere introdotte in una popolazione in seguito ad eventi mutazionali. Nella maggior parte dei casi la mutazione produce sostituzioni nucleotidiche nelle quali una singola base azotata viene sostituita con un'altra, non alterando la lunghezza finale del locus impattato. In altri casi invece, possono essere aggiunti, rimossi o riordinati decine o addirittura milioni di nucleotidi in particolari punti del genoma (Sudmant et al 2015; Mahmoud et al 2019; Ho et al 2020) generando quelle che vengono categorizzate come varianti strutturali (SV). Sebbene il ruolo positivo delle SV nell'adattamento all'ambiente sia stato osservato in numerose specie animali e vegetali (Pokrovac & Pezer 2022), è stato ipotizzato che in altri casi possano avere un impatto negativo sulla fitness degli individui colpiti andando ad alterare la funzionalità o l'espressione genica, con un conseguente aumento del carico genetico (Rogers & Slatkin 2017; Wu et al 2021). Studiare l'effetto delle SV sulla fitness risulta di particolare interesse soprattutto in specie a rischio di estinzione, caratterizzate da una fitness ridotta a causa di mutazioni deleterie già presenti nel loro genoma e da attività antropiche (van Oosterhout 2020; Khan et al 2021; Bertorelle et al 2022; Mathur et al 2023). Il/la candidato/a si occuperà di caratterizzare le inserzioni, delezioni, inversioni e traslocazioni in specie di vertebrati a rischio di estinzione attraverso l'analisi bioinformatica di dati di sequenziamento del genoma. Inoltre, il/la candidato/a svilupperà un nuovo approccio analitico per quantificare il carico genetico per ogni classe mutazionale osservata nei dati empirici utilizzando sia le informazioni di struttura genica sia principi di conservazione evolutiva. Simulazioni in silico verranno inoltre utilizzate per validare i risultati ottenuti e quantificare i tassi di errore. Questi risultati verranno utilizzati per ottenere una migliore caratterizzazione del carico genetico individuale, e di popolazione, al fine di implementare azioni di conservazione più efficienti in specie a rischio di estinzione.

Title: Impact of genomic structural variants on the genetic load in critically endangered species

Breve descrizione del progetto di dottorato:

New allelic variants can be introduced within a population as a result of mutational events. In most cases, the mutation process produces nucleotide substitutions in which a single nucleotide is replaced with another not changing the final length of the mutated locus. In other cases, tens or even millions of nucleotides can be inserted, deleted, or rearranged at specific points of the genome (Sudmant et al 2015; Mahmoud et al 2019; Ho et al 2020), generating a class of mutations called structural variants (SV). Although the positive contribution of SVs in the adaptation to a new environment has been observed in several animal and plant species (Pokrovac & Pezer 2022), it has been hypothesized that SVs may also have a negative impact on the fitness of the affected individuals by altering gene functionality or expression, resulting in an increased genetic load (Rogers & Slatkin 2017; Wu et al 2021). Studying the effect of SVs on fitness is of particular interest especially in endangered species that are generally characterized by a reduced fitness due to the accumulation of deleterious mutations in their genome and to human activity (van Oosterhout 2020; Khan et al 2021; Bertorelle et al 2022; Mathur et al 2023). The candidate will characterize insertions, deletions, inversions and translocations in threatened vertebrate species through ad-hoc bioinformatic analysis of genome sequencing data. Additionally, the candidate will develop a new analytical framework to quantify the genetic load for each observed mutational class in empirical data using gene structure information from genome annotations and evolutionary conservation theory. In silico simulations will also be performed to validate the obtained results and to quantify error rates. Globally, the results will be used to obtain a better estimate of the genetic load at the individual and at the population level in order to implement more efficient conservation actions in threatened species.

References

1. Bertorelle G, Raffini F, Bosse M, Bortoluzzi C, Iannucci A, Trucchi E, et al. Genetic load: genomic estimates and applications in non-model animals. *Nat Rev Genet* [Internet]. 2022;23(8):492–503. Available from: <https://doi.org/10.1038/s41576-022-00448-x>
2. Ho SS, Urban AE, Mills RE. Structural variation in the sequencing era. *Nat Rev Genet* [Internet]. 2020;21(3):171–89. Available from: <https://doi.org/10.1038/s41576-019-0180-9>

3. Khan A, Patel K, Shukla H, Viswanathan A, van der Valk T, Borthakur U, et al. Genomic evidence for inbreeding depression and purging of deleterious genetic variation in Indian tigers. *Proceedings of the National Academy of Sciences* [Internet]. 2021 Dec 7;118(49):e2023018118. Available from: <https://doi.org/10.1073/pnas.2023018118>
4. Mahmoud M, Gobet N, Cruz-Dávalos DI, Mounier N, Dessimoz C, Sedlazeck FJ. Structural variant calling: the long and the short of it. *Genome Biol* [Internet]. 2019;20(1):246. Available from: <https://doi.org/10.1186/s13059-019-1828-7>
5. Pokrovac I, Pezer Ž. Recent advances and current challenges in population genomics of structural variation in animals and plants. *Front Genet* [Internet]. 2022;13. Available from: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2022.1060898>
6. Rogers RL, Slatkin M. Excess of genomic defects in a woolly mammoth on Wrangel island. *PLoS Genet* [Internet]. 2017 Mar 2;13(3):e1006601-. Available from: <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1006601>
7. Mathur S, Tomeček JM, Tarango-Arámbula LA, Perez RM, DeWoody JA. An evolutionary perspective on genetic load in small, isolated populations as informed by whole genome resequencing and forward-time simulations. *Evolution (N Y)* [Internet]. 2023 Mar 1;77(3):690–704. Available from: <https://doi.org/10.1093/evolut/qqac061>
8. Sudmant PH, Rausch T, Gardner EJ, Handsaker RE, Abyzov A, Huddleston J, et al. An integrated map of structural variation in 2,504 human genomes. *Nature* [Internet]. 2015;526(7571):75–81. Available from: <https://doi.org/10.1038/nature15394>
9. van Oosterhout C. Mutation load is the spectre of species conservation. *Nat Ecol Evol* [Internet]. 2020;4(8):1004–6. Available from: <https://doi.org/10.1038/s41559-020-1204-8>
10. Wu Z, Jiang Z, Li T, Xie C, Zhao L, Yang J, et al. Structural variants in the Chinese population and their impact on phenotypes, diseases and population adaptation. *Nat Commun* [Internet]. 2021;12(1):6501. Available from: <https://doi.org/10.1038/s41467-021-26856-x>

Progetto 2_Project 2

CURRICULUM GENETICA ED EVOLUZIONE -Sede Università di Firenze-

Titolo: Processi microevolutivi nelle popolazioni umane in Italia al passaggio tra Pleistocene e Olocene.

Scopo del progetto è lo studio dei processi microevolutivi a cui andarono incontro i gruppi umani durante la transizione tra Pleistocene e Olocene, tramite ricerche di antropologia dentaria. È noto che la “Transizione Neolitica”, ebbe un grande impatto sulla dieta, sulla salute e sugli andamenti demografici. Studi di antropologia dentaria dimostrano un aumento delle ipoplasie dentali, delle carie, delle malattie periodontali e della perdita in vita dei denti. In questo contesto, inoltre, l’analisi delle dimensioni e della morfologia dei denti forniscono indicazioni sui processi microevolutivi innescati dalla Transizione Neolitica.

Il progetto prevede l’analisi delle strutture interne dei denti per valutare l’ipotesi che la riduzione delle dimensioni e della complessità dei denti nel Neolitico sia legata alla pressione selettiva in seguito all’aumento dell’usura dei denti molari dovuta ai cambiamenti alimentari.

Il progetto prevede l’impiego di tecniche di antropologia virtuale per analizzare la struttura interna dei denti tramite TAC a risoluzione micrometrica (μ CT scan), di individui adulti e subadulti per ottenere informazioni sui cambiamenti nei patterns di crescita e di sviluppo, dieta e pratiche di svezzamento, malattie, morfologia adattativa dei denti, affinità/distanze biologiche dei gruppi umani al passaggio Pleistocene-Olocene. I dati ottenuti saranno incrociati con informazioni provenienti dai contesti archeologici (es. rituale funerario). L’effetto della neolitizzazione sarà indagato su serie scheletriche appartenenti alla fine del Paleolitico, al Mesolitico e al Neolitico provenienti da contesti italiani.

Title: Microevolutionary processes in human populations in Italy at the transition between the Pleistocene and Holocene.

Aim of the project is the study of the micro-evolutionary processes that human groups underwent during the transition between the Pleistocene and Holocene, through dental anthropology research. It is known that the

"Neolithic Transition" had a great impact on diet, health and demographic trends. Dental anthropology studies show an increase in dental hypoplasia, caries, periodontal disease and loss of teeth during life. Furthermore, in this context, the analysis of the dimensions and morphology of the teeth provide indications on the micro-evolutionary processes triggered by the Neolithic Transition.

The project involves the analysis of the internal structures of the teeth to evaluate the hypothesis that the reduction in size and complexity of the teeth in the Neolithic is linked to the selective pressure following the increase in wear of the molar teeth due to dietary changes.

The project involves the use of virtual anthropology techniques to analyze the internal structure of the teeth through micrometric resolution CT scan (μ CT scan), of adult and sub-adult individuals to obtain information on changes in growth and developmental patterns, diet and weaning, diseases, adaptive morphology of teeth, biological affinities/distances of human groups at the Pleistocene-Holocene transition. The data obtained will be integrated with information from archaeological contexts (e.g. funerary ritual). The effect of neolithization will be investigated on skeletal series belonging to the end of the Palaeolithic, the Mesolithic and the Neolithic from Italian contexts.

References

1. Sparacello VS, Dori I, Rossi S, Varalli A, Riel- Salvatore J, Gravel-Miguel C, Riga A, Seghi F, Goude G, Palstra SWL, Starnini E, Formicola F, Moggi Cecchi J. (2021). New human remains from the Late Epigravettian necropolis of Arene Candide (Liguria, northwestern Italy): Direct radiocarbon evidence and inferences on the funerary use of the cave during the Younger Dryas. QUATERNARY SCIENCE REVIEWS, vol. 268, p. 107131, ISSN: 0277-3791, doi: 10.1016/j.quascirev.2021.107131
2. Ottoni C, Dušan B, Cheronet O, Sparacello VS, Dori I, Coppa A, Antonovic D, Vujevic D, Price TD, Pinhasi R, Cristiani E (2021). Tracking the transition to agriculture in Southern Europe through ancient DNA analysis of dental calculus. PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES OF AMERICA, vol. 118, ISSN: 0027-8424, doi: 10.1073/pnas.2102116118
3. Larsen CS, Knüsel CJ, Haddow SD, Pilloud MA, Milella M, Sadvari JW, Pearson J, Ruff CB, Garofalo EM, Bocaege E, Betz BJ, Dori I, GlenCross B (2019). Bioarchaeology of Neolithic Çatalhöyük reveals fundamental transitions in health, mobility, and lifestyle in early farmers. PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES OF AMERICA, p. 12615-12623, ISSN: 1091-6490, doi: 10.1073/pnas.1904345116
4. Riga A, Dori I, Vierin S, Boschian G, Tozzi C, Willman JC, Moggi-Cecchi J (2018). At the upper Palaeolithic - Mesolithic Boundary: revision of the human remains from Riparo Fredian (Molazzana, Lucca, Italy). ALPINE AND MEDITERRANEAN QUATERNARY, vol. 31, p. 49-57, ISSN: 2279-7335, doi: 10.26382/AMQ.2018.04
5. Dori I, Varalli A, Seghi F, Moggi Cecchi J, Sparacello VS (2020). Environmental correlates of growth patterns in Neolithic Liguria (northwestern Italy). INTERNATIONAL JOURNAL OF PALEOPATHOLOGY, vol. 28, p. 112-122, ISSN: 1879-9817, doi: 10.1016/j.ijpp.2019.12.002
6. Goude G, Dori I, Sparacello VS, Starnini E, Varalli A (2020). Multi-proxy stable isotope analyses of dentine microsections reveal diachronic changes in life history adaptations, mobility, and tuberculosis-induced wasting in prehistoric Liguria (Finale Ligure, Italy, northwestern Mediterranean). INTERNATIONAL JOURNAL OF PALEOPATHOLOGY, vol. 28, p. 99-111, ISSN: 1879-9817, doi: 10.1016/j.ijpp.2019.12.007
7. Orellana-Gonzalez E., Sparacello V. S., Bocaege E., Varalli A., Moggi-Cecchi J., Dori I. (2020). Insights on patterns of developmental disturbances from the analysis of linear enamel hypoplasia in a Neolithic sample from Liguria (northwestern Italy). INTERNATIONAL JOURNAL OF PALEOPATHOLOGY, vol. 28, p. 123-136, ISSN: 1879-9817, doi: 10.1016/j.ijpp.2019.12.005

Progetto 3_Project 3

CURRICULUM BIOLOGIA E BIOTECNOLOGIE VEGETALI – Sede Università di Firenze.

Titolo Studio di strategie innovative per implementare il fitorimedio di contaminanti diffusi in Toscana

Il progetto si propone di studiare sistemi di fitodepurazione e fitorimedio innovativi per migliorare l'efficienza di rimozione da acque reflue e da fanghi di depurazione di alcuni inquinanti selezionati per la loro particolare rilevanza ambientale in Toscana. Nell'ottica di un'economia circolare e di una maggiore sostenibilità, sarà valutata la potenzialità di utilizzo di un biostimolante naturale innovativo, il distillato di legno, che rappresenta un sottoprodotto dalla pirolisi di biomassa legnosa che viene impiegata per la produzione energetica. Il distillato di legno, grazie alla naturale ricchezza in tannini e polifenoli, può avere un effetto corroborante sulla resistenza delle piante agli stress biotici ed abiotici. Il prodotto, già molto studiato su diverse specie agronomiche, non è mai stato utilizzato in campo ambientale, pertanto sarà testato per valutare il suo eventuale effetto migliorativo sull'efficienza di fitorimedio. Gli inquinanti oggetto di studio saranno selezionati sulla base dell'ampia diffusione del loro uso nel territorio toscano e quindi della loro ampia rilevanza nei reflui in arrivo ai principali impianti di depurazione della regione. In particolare, saranno studiati sia inquinanti organici come glifosato e composti farmaceutici, che inquinanti inorganici come cromo, antimonio e cloruri. Particolare attenzione sarà posta anche sulle microplastiche, recentemente rilevate in concentrazioni estremamente rilevanti e preoccupanti nei reflui e nei fanghi di depurazione. Il progetto si propone quindi di studiare la possibile applicazione di tecniche di fitorimedio per la rimozione dalle acque di questi contaminanti di ultima generazione, ormai altamente diffusi e che rappresentano un problema ambientale di estrema rilevanza.

Title: Study of innovative strategies to improve the phytoremediation of widespread contaminants in Tuscany

The project aims at studying innovative constructed wetland and phytoremediation systems to improve the removal efficiency from wastewater and sewage sludge of some pollutants particularly relevant in Tuscany. With a view to a circular economy and greater sustainability, the potential use of an innovative natural biostimulant, namely wood distillate, will be evaluated. The wood distillate is a by-product of the pyrolysis for energy production of woody biomass and, thanks to its natural richness in tannins and polyphenols, can have a positive effect on the plant resistance both to biotic and abiotic stresses. Despite this product has already extensively used on several agronomic species, it has never been tested for environmental application, therefore it will be studied to evaluate its possible improving effect on the phytoremediation efficiency of different contaminants. Such pollutants will be selected based on their wide diffusion in the Tuscan territory and in the wastewater arriving at the main purification plants of the region. In particular, both organic pollutants such as glyphosate and pharmaceutical compounds, and inorganic pollutants such as chromium, antimony and chlorides will be studied. Moreover, particular attention will also be focus to microplastics, recently detected in extremely significant and worrying concentrations in wastewater and sewage sludge. Therefore, the project aims at also investigating the possible application of phytoremediation techniques for the removal from wastewaters of microplastics, that represent a highly widespread and extremely important environmental problem.

Progetto 4-Project 4

CURRICULUM BIOLOGIA E BIOTECNOLOGIE VEGETALI – Sede Università di Firenze.

Titolo: I cambiamenti del paesaggio vegetale: ricerche sull'interazione tra modelli gestionali, invasioni biologiche ed il cambiamento climatico.

Negli ultimi decenni il paesaggio vegetale di molte aree agricole e pastorali dell'Europa e del Mediterraneo ha subito importanti modifiche in seguito all'abbandono delle pratiche tradizionali di gestione del territorio e importanti cambiamenti nell'intensità dell'uso antropico. Successioni secondarie, processi di invasione di arbusti e di *rewilding* sono attualmente fenomeni estremamente frequenti nel bacino del Mediterraneo, che si sommano agli effetti dell'invasione di specie aliene ed al cambiamento climatico. L'abbandono delle pratiche agro-pastorali e degli usi antropici tradizionali del territorio è riconosciuto come uno dei fattori più importanti di cambiamento della vegetazione nelle aree semi-aride del Mediterraneo, con notevoli mutamenti nella struttura del paesaggio.

La ricerca proposta ha come oggetto l'interazione tra modelli gestionali e teorie ecologiche, l'invasione di specie aliene ed il cambiamento climatico, focalizzandosi su: 1) i processi che determinano la coesistenza delle specie nelle comunità locali, e la loro variazione nel tempo, comprendendo sia i processi dinamici naturali che la risposta delle specie ai diversi modelli di gestione; 2) la diversità floristica, genetica e morfologico-funzionale delle specie che compongono queste comunità, e le variazioni indotte da fenomeni di disturbo (es. pascolo/taglio), stress (es. oligotrofia) o effetti di competizione/esclusione; 3) l'eventuale ingresso di specie aliene nella costituzione delle comunità e lo studio delle interazioni con le specie native; 4) la messa in evidenza degli effetti del cambiamento climatico con particolare riguardo alle comunità più soggette a questa pressione (ambienti di quota, zone sottoposte ad aridità crescente, ecc.). La ricerca affronterà le tematiche su più fronti, dal monitoraggio sul campo, compreso il confronto con eventuali dati pregressi (resurvey), alla realizzazione di esperimenti di campo e di laboratorio. Le ricerche potranno essere svolte in Toscana (es. Arcipelago Toscano, Appennino), ma anche partecipando a ricerche interregionali o internazionali.

Title: The changing vegetation landscape: investigations on the interaction between management models, biological invasions and climate change.

The vegetation landscape of agricultural and pastoral areas of Europe (including the Mediterranean area) has undergone major modifications in recent decades because of the abandonment of traditional land management practices, or has undergone major changes in the intensity of anthropogenic use. Secondary succession, shrub encroachment and rewilding processes are currently extremely frequent phenomena in the Mediterranean basin, increasing the effects of biological invasions and climate change. The abandonment of traditional agro-pastoral practices and anthropogenic land uses is recognised as one of the most important factors of vegetation change in the semi-arid areas of the Mediterranean, with significant changes in the landscape structure. The proposed research addresses the interaction between management models and ecological theories, yet encompassing the role of biological invasions and climate change, focusing on: 1) the processes that determine the coexistence of species in local communities, and their variation over time, including both natural dynamic processes and the response of species to different management models; 2) the floristic, genetic and morphological-functional diversity of the species that make up these communities, and the variations induced by disturbance phenomena (e.g. grazing/mowing), stress (e.g. oligotrophy) or competition/exclusion effects; 3) the possible arrival of alien species into the communities and their interactions with native species; 4) highlighting the effects of climate change with particular regard to the communities most subject to this pressure (altitude environments, areas subject to increasing aridity, etc.). The research will address the issues on several viewpoints, from field monitoring, including comparison with any previous data (resurvey), to the realisation of field and laboratory experiments. The research may be carried out in Tuscany (e.g. Tuscan Archipelago, Apennines), but also by participating in inter-regional or international st

1. Antrop, M. (2005). Why landscapes of the past are important for the future. *Landscape and Urban Planning*, 70(1–2), 21–34.
2. de Bello F, Šmilauer P, Diniz-Filho JAF, Carmona CP, Lososová Z, Herben T, Götzenberger L (2017) Decoupling phylogenetic and functional diversity to reveal hidden signals in community assembly. *Methods Ecol Evol* 8(10):1200–1211
3. Dengler J, Janišová M, Török P, Wellstein C (2014) Biodiversity of palaeartic grasslands: a synthesis. *Agr Ecosyst Environ* 182:1–14
4. Falcucci, A., Maiorano, L., & Boitani, L. (2007). Changes in land-use/land-cover patterns in Italy and their implications for biodiversity conservation. *Landscape Ecology*, 22, 617–631. doi:10.1007/s10980-006-9056-4
5. Götzenberger L, de Bello F, Bråthen KA et al (2012) Ecological assembly rules in plant communities—approaches, patterns and prospects. *Biol Rev* 87(1):111–127
6. Lazzaro, L., Bolpagni, R., Buffa, G., Gentili, R., Lonati, M., Stinca, A., ... & Lastrucci, L. (2020). Impact of invasive alien plants on native plant communities and Natura 2000 habitats: State of the art, gap analysis and perspectives in Italy. *Journal of Environmental Management*, 274, 111140.
7. Mugnai M, Trindade DP, Thierry M, Kaushik K, Hrček J, Götzenberger L (2022) Environment and space drive the community assembly of Atlantic European grasslands: insights from multiple facets. *J Biogeogr* 49(4):699–711
8. Napoleone F, Giarrizzo E, Burrascano S (2021) Habitat conservation state and plant diversity respond to different drivers in semi-natural grasslands. *J Veg Sci* 32(4):e13055

Progetto 5-Project 5

CURRICULUM Ecologia ed Etologia- Sede Università di Parma.

Titolo: Biodiversità, stress multipli e risposta dell'ecosistema

La conservazione e la gestione efficiente degli ecosistemi richiede una sempre migliore comprensione del loro funzionamento, che dipende dalla biodiversità che essi sostengono. La perdita di biodiversità è spesso innescata dall'azione di drivers che agiscono su specie bersaglio (es. l'eccessiva pressione di pesca), ma la diversità delle interazioni che costituisce lo spettro di relazioni ecologiche tra le specie nelle comunità media l'azione di questi drivers modulandone gli effetti così che specie ed ecosistemi rispondono spesso in maniera imprevedibile. Gli sforzi per la conservazione e, più in generale, per la gestione delle risorse eco-sistemiche deve prendere in esame la diversità delle interazioni per capire come essa amplifichi o limiti le conseguenze degli interventi attraverso la comprensione dei feedback che si generano dalla molteplicità di connessioni ecologiche. Perciò gli effetti delle politiche, siano esse di sfruttamento o improntate alla conservazione sono spesso nascosti dalla diversità delle interazioni che rende difficile legare cause ed effetti, con conseguenze sulla nostra capacità decisionale. Studiare la diversità delle interazioni in un ecosistema può contribuire alla nostra capacità di comprendere le connessioni causali, aumentando la nostra possibilità di fare previsioni.

Questo progetto di dottorato si prefigge lo scopo di investigare l'effetto della diversità delle interazioni nell'influenzare la risposta delle singole componenti (le specie) e dell'intero ecosistema all'azione dei drivers multipli, dovuti a pratiche di sfruttamento e/o politiche di conservazione che agiscono contestualmente. Nell'ambito del progetto si utilizzeranno database relativi a ecosistemi acquatici, in particolare lacustri e marini costituiti da elenchi di specie e dati di abbondanza sviluppati in serie storiche di varia lunghezza. Dalle abitudini alimentari si dovranno ricostruire i networks delle interazioni, che saranno poi studiati con metodi di analisi qualitativa (loop analysis) e quantitativa (food webs, network analysis) e le previsioni modellistiche validate sulle serie temporali per ottenere informazioni relative al rapporto tra struttura delle interazioni e risposta ai drivers esterni. Lo scopo è di evidenziare il ruolo della diversità delle interazioni nella risposta ai drivers e associare agli elementi strutturali (le specie) un ruolo in funzione del network interattivo in cui sono inserite. Questo tipo di analisi può fornire anche nuovi criteri per monitorare le specie che giocano un ruolo chiave nel funzionamento degli ecosistemi sia dal punto di vista della distribuzione dell'energia nella catena trofica (bottom up) sia dal punto di vista dell'azione regolativa (top down).

Title: Biodiversity, multiple stress and the response of the ecosystems

The efficient conservation and management of ecosystems requires a better understanding of their functioning, which is driven by the biodiversity they sustain. Biodiversity loss is associated to the action of specific drivers upon target species (e.g. overfishing) and the diversity of the interactions in the ecosystem mediates the action of these drivers so that species respond to them often in unpredictable ways. Also, efforts to restore biodiversity must take into account the diversity of the interactions to understand how it can amplify or buffer the consequences of the interventions. Thus, the effects of policies, irrespective of whether they are exploitative or restoration-oriented, are often masked by the diversity of the interactions, which makes it difficult to link causes and effects, with consequences on our capability to predict and make decisions accordingly. Investigating the diversity of the interactions may thus contribute to tame complexity and increase the predictability of ecological models.

This PhD project will investigate the effect of interaction diversity on the response of species and the whole ecosystem to multiple drivers that are produced by exploitation as well as conservation policies. In this project the most complete databases of aquatic ecosystems, specifically lacustrine and marine, will be used, in which list of species and abundances are collected to form time series, possibly long term. From dietary habits interactive schemes will be reconstructed so that networks will take shape to be analyzed using by both qualitative (loop analysis) and quantitative (food web analysis, network analysis) techniques. Model predictions will be validated using temporal series so that information about the relationship between the structure of the interaction and the response to external drivers could be hypothesized. The main goal is to highlight the role of the diversity of interactions on the response to drivers and to find the link between structural elements (the species) and their functional role in relation to the type of interacting network they belong and contribute to. This type of analysis may provide new criteria for monitoring as it can emphasize the importance of the species both as energy providers (bottom up) and controlling factors (top down).

References

1. Allesina, S., Bodini, A. 2004. Who dominates whom in the ecosystem? Energy flow bottlenecks and cascading extinctions. *J. Theor. Biol.* 230, 351-358.
2. Allesina, S., Bodini, A., Bondavalli, C. 2005. Ecological subsystems via graph theory: The role of strongly connected components. *Oikos* 110, 164--176.
3. Allesina, S., Bodini, A., Pascual, M. 2009. Functional links and robustness in food webs. *Phil. Trans. Roy. Soc. L. B* 364, 1701-9.
4. Batista, M.I., Henriques, S., Pais, M.P., Cabral, H.N. 2014. Assessment of cumulative human pressures on a coastal area: Integrating information for MPA planning and management. *Ocean & Coastal Management* 102, 248-257.
5. Bodini, A., Rocchi, M., Scotti, M. 2018. Insights into the ecology of the Black Sea through the qualitative loop analysis of the community structure. *Limnol. Oceanogr.* 63, 968-984.
6. Curtsdotter, A. et al. 2011. Robustness to secondary extinctions: comparing trait-based sequential deletions in static and dynamic food webs. *Basic Appl. Ecol.* 12, 571-580.
7. Eklöf, A., Ebenman, B. 2006. Species loss and secondary extinctions in simple and complex model communities. *J. Anim. Ecol.* 75, 239-246.
8. Giacomuzzo, E., Jordán, F. 2021. Food web aggregation: effects on key positions. *Oikos* 130, 2170-2181.
9. Gray, C., Baird, D.J., Baumgartner, S., Jacob, U., Jenkins, G.B., O'Gorman, E.J., Lu, X., Ma, A., Pocock, M.J., Schuwirth, N., Thompson, M. 2014. Ecological networks: the missing links in biomonitoring science. *J. Appl. Ecol.* 51, 1444-1449.
10. Heymans, J.J., Ulanowicz, R.E., Bondavalli, C. 2002. Network analysis of the South Florida graminoid marshes and comparison with nearby cypress ecosystems. *Ecol. Model.* 149, 5-23.
11. Jordán, F., Scotti, M., Mike, Á., Ortiz, M. 2014. Strong asymmetry indicating causality in food web simulations. *Marine Ecol. Progr. Ser.* 512, 89-98.
12. Kortsch, S., Primicerio, R., Aschan, M., Lind, S., Dolgov, A.V., Planque, B. 2019. Food-web structure varies along environmental gradients in a high-latitude marine ecosystem. *Ecography* 42, 295-308.
13. Rodriguez, M., Bodini, A., Escobedo, F.J., Clerici, N. 2021. Analyzing socio-ecological interactions through qualitative modeling: Forest conservation and implications for sustainability in the peri-urban Bogota (Colombia). *Ecol. Model.* 439, 109344.
14. Wootton, T. J. 2002. Indirect effects in complex ecosystems: recent progress and future challenges. *J. Sea Res.* 48, 157-172.

Progetto 6-Project 6

CURRICULUM CURRICULUM GENETICA ED EVOLUZIONE Sede- Università di Parma.

Titolo: SVILUPPO DI UN APPROCCIO GENOMICO PER LA CONSERVAZIONE DEI SALMONIDI AUTOCTONI MEDITERRANEI

Nell'ambito dell'ittiofauna autoctona italiana, alcune specie di trote mediterranee sono oggi inserite nelle maggiori categorie di rischio IUCN, principalmente in conseguenza di eventi di ibridazione derivati dall'introduzione di *Salmo trutta* (trota fario di origine atlantica) nei loro habitat originali. La situazione ha subito un ulteriore peggioramento negli ultimi 5 anni a causa delle frequenti transfaunazioni anche di linee genetiche mediterranee, utilizzate per ripopolamenti effettuati al di fuori della loro corretta collocazione biogeografica. Le trote autoctone oggi sono rare nella maggior parte dei torrenti alpini ed appenninici, con popolazioni effettive decisamente limitate e non in grado di supportare un'adeguata riproduzione naturale.

Con lo scopo di portare un miglioramento delle conoscenze sulla biologia riproduttiva e l'ecologia delle principali specie di salmonidi italiani, il progetto di dottorato propone un approccio multidisciplinare per valutare la struttura di popolazione e il ruolo di geni adattativi nelle specie *Salmo marmoratus* (alpina), *S. cettii/ghigi* (appennino) e *S. fibreni* (endemita del Lago di Posta Fibreno) in relazione all'introggressione apportata nel corso degli anni da ceppi atlantici.

Il/la candidato/a opererà un monitoraggio esteso a livello geografico cercando di identificare sulla base di un approccio genomico, le popolazioni più conservate da sottoporre ad azioni di tutela. L'approccio genomico si baserà in primo livello sull'analisi classica di regioni mitocondriali e nucleari, rispettivamente D-LOOP e LDH per dare un orientamento preliminare e consentire uno screening iniziale degli esemplari da sottoporre ad analisi di ddRAD-seq (double digest restriction-site associated sequencing). L'obiettivo metodologico è quello di genotipizzare un ampio numero di SNP markers utili in ambito tassonomico e di genetica di popolazione.

L'approccio metodologico-molecolare sarà integrato con un'approfondita analisi bioinformatica congruente con la tecnica di laboratorio applicata.

Oltre agli aspetti sopracitati, l'estensione a marcatori genomici altamente polimorfici consentirà di valutare il ruolo adattativo di alcuni geni sottoposti a selezione naturale, in relazione alle diverse regioni biogeografiche; non solo per quanto concerne le problematiche derivate da ripopolamenti massivi, ma anche per le recenti modificazioni degli habitat portate dai cambiamenti climatici. A tal riguardo le ricerche saranno condotte in alcuni corsi d'acqua del distretto ittiogeografico padano-veneto (bioregione continentale) e di quello italico-peninsulare (bioregione mediterranea).

I risultati del progetto avranno implicazioni rilevanti per la conservazione delle 3 specie, anche nell'ottica della continuità nella raccolta dati di lungo termine e nella gestione di interventi migliorativi già avviati negli ultimi anni, sugli stessi corsi d'acqua, nell'ambito di importanti finanziamenti comunitari.

Title: DEVELOPMENT OF A GENOMIC APPROACH FOR THE CONSERVATION OF NATIVE MEDITERRANEAN SALMONIDS

Native fish fauna of Italy is nowadays undergoing several threats and pressures. Despite taxonomy uncertainties, all Mediterranean trout species are now listed in the major IUCN risk categories, mainly due to hybridization events derived from the introduction of *Salmo trutta* (Atlantic brown trout) into their original habitats. In addition, recent massive translocation of Mediterranean strains outside their proper biogeographical location has furtherly complicated the original distribution. Nowadays, native trouts are rare in most Alpine and Apennine streams, and the limited effective population hardly supports natural reproduction.

With the aim of improving the knowledge on the reproduction biology and ecology of the main Italian salmonid species, the PhD project proposes a multidisciplinary approach to evaluate the population structure and the role of adaptive genes in the species *Salmo marmoratus* (alpine), *S. cettii/ghigi* (Apennine) and *S. fibreni* (endemic to Lake Posta Fibreno) in relation to the introgression brought by Atlantic trouts over the past decades.

The candidate will carry out geographically extensive monitoring and genetic analysis, in order to identify the best conserved populations to be submitted to conservation measures. The genomic approach will be performed starting from first level classic analysis of mitochondrial and nuclear regions, respectively D-LOOP and LDH to perform a preliminary selections of populations. In fact, these techniques enable a preliminary orientation and allow a first screening of the specimens, identifying the samples for the subsequent more costly and sophisticated ddRAD-seq (double digest restriction-site associated sequencing analysis). The methodological aim is to genotype a large number of SNP markers useful in taxonomy and population genetics. The methodological-molecular approach will be enriched with high-level bioinformatic analysis, congruent with the laboratory technique performed.

The high polymorphic genomic markers will also allow to evaluate the adaptive role of some genes related to natural selection, in relation to different biogeographical regions; not only with regard to problems derived from massive restocking, but also to recent habitat modifications due to climate changes. Investigations will be carried out in different water courses of the so called Padano-Veneto (continental bio-region) and Italico-Peninsulare (mediterranean bio-region) districts.

The project results will contribute to a better management of conservation issues applied to the three species, also in the framework of long-term data collection coupled to recently executed European projects for the improvement of environmental conditions of the investigated water basins.

References

1. Chiesa, S., Filonzi, L., Ferrari, C., Vaghi, M., Bilò, F., Piccinini, A., ... & Nonnis Marzano, F. (2016). Combinations of distinct molecular markers allow to genetically characterize marble trout (*Salmo marmoratus*) breeders and stocks suitable for reintroduction plans. *Fisheries Research*, 176, 55-64.
2. D'Agaro, E., Gibertoni, P., Marroni, F., Messina, M., Tibaldi, E., & Esposito, S. (2022). Genetic and Phenotypic Characteristics of the *Salmo trutta* Complex in Italy. *Applied Sciences*, 12(7), 3219.
3. Leitwein, M., Guinand, B., Pouzadoux, J., Desmarais, E., Berrebi, P., & Gagnaire, P. A. (2017). A dense brown trout (*Salmo trutta*) linkage map reveals recent chromosomal rearrangements in the *Salmo* genus and the impact of selection on linked neutral diversity. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 7(4), 1365-1376.

4. Magris, G., Marroni, F., D'Agaro, E., Vischi, M., Chiabà, C., Scaglione, D., ... & Morgante, M. (2022). ddRAD-seq reveals the genetic structure and detects signals of selection in Italian brown trout. *Genetics Selection Evolution*, 54(1), 8.
5. Pujolar, J. M., Lucarda, A. N., Simonato, M., & Patarnello, T. (2011). Restricted gene flow at the micro- and macro-geographical scale in marble trout based on mtDNA and microsatellite polymorphism. *Frontiers in Zoology*, 8(1), 1-10.
6. Pujolar, J. M., Vincenzi, S., Zane, L., Jesensek, D., De Leo, G. A., & Crivelli, A. J. (2011). The effect of recurrent floods on genetic composition of marble trout populations. *PLoS One*, 6(9), e23822.
7. Splendiani, A., Berrebi, P., Tougard, C., Righi, T., Reynaud, N., Fioravanti, T., ... & Caputo Barucchi, V. (2020). The role of the south-western Alps as a unidirectional corridor for Mediterranean brown trout (*Salmo trutta* complex) lineages. *Biological Journal of the Linnean Society*, 131(4), 909-926.
8. Splendiani, A., Fioravanti, T., Ruggeri, P., Giovannotti, M., Carosi, A., Marconi, M., ... & Caputo Barucchi, V. (2020). Life history and genetic characterisation of sea trout *Salmo trutta* in the Adriatic Sea. *Freshwater Biology*, 65(3), 460-473.
9. Splendiani, A., Palmas, F., Sabatini, A., & Caputo Barucchi, V. (2019). The name of the trout: considerations on the taxonomic status of the *Salmo trutta* L., 1758 complex (Osteichthyes: Salmonidae) in Italy. *The European Zoological Journal*, 86(1), 432-442.
10. Tiberti, R., & Splendiani, A. (2019). Management of a highly unlikely native fish: The case of arctic charr *Salvelinus alpinus* from the Southern Alps. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 29(2), 312-320.

Progetto 7-Project 7

CURRICULUM BIOLOGIA E BIOTECNOLOGIE VEGETALI – Sede Università di Parma.

Titolo: Formazione del sistema di conduzione: un processo fisiologico auxina-dipendente coinvolto nell'organogenesi degli organismi vegetali

Il sistema di conduzione è essenziale per gli organismi vegetali terrestri dato che permette alle piante la traslocazione a lunga distanza di acqua, nutrienti e molecole segnale. Questo sistema di conduzione ramificato e continuo è necessario allo sviluppo dell'organismo vegetale e nel corso dell'evoluzione ne ha consentito lo sviluppo in altezza. Principale responsabile del differenziamento xilematico è l'auxina, tramite un trasporto diretto, mediato dalle proteine PINFORMED (PINs), carriers di efflusso dell'auxina, nelle cellule che si differenzieranno in elementi vascolari. Scopo del presente progetto di ricerca è quello di indagare se, ed eventualmente in che modo, molecole naturali e/o di sintesi, che migliorino o inibiscano gli effetti auxinici, possano interferire con il processo di xilogenesi. Tramite un ampio approccio sperimentale, utilizzando la pianta modello *Arabidopsis*, verranno svolte analisi di tipo istologico, biochimico, molecolare al fine di studiare l'eventuale interazione delle molecole in esame con il recettore dell'auxina, le proteine di efflusso ed altre proteine transmembrana che regolano la localizzazione o l'espressione delle proteine PIN.

Title: Vascular pattern formation: an auxin-dependent physiological process involved in plant organogenesis

The vascular system is essential for land plants by providing a long distance transport of water, nutrients and signaling molecules. This continuous branching conductive system is necessary to allow plant development and in the course of evolution has enabled them to develop in height. Auxin is the key factor guiding the vascular network differentiation. Vein pattern is established by directed auxin transport, facilitated by the PINFORMED (PIN) proteins, auxin-efflux carriers, in that cells that will differentiate in vascular ones. Aim of the research project is to verify if and how natural and/or synthetic molecules, magnifying or inhibiting auxin effects, could interfere with xylogenesis. By a multifaceted experimental approach, histological, biochemical, molecular analyses will be performed in the *Arabidopsis* model system to study their involvement with auxin binding receptor, auxin-efflux proteins or other transmembrane proteins that regulate PIN localization or expression.

1. Sidorenko A.D., Omelyanchuk N.A., Zemlyanskaya E.V. (2022) Molecular mechanisms of vascular tissue patterning in *Arabidopsis thaliana* L. roots. *Systems Computational Biology* 26:721-732
2. Gelová Z., Gallei M., Pernisová M., Brunoud G., Zhang X., et al.. (2021) Developmental roles of Auxin Binding Protein 1 in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Science* 303: 110750 10.1016/j.plantsci.2020.110750. hal-03030481
3. Yanagisawa M., Poitout A., Otegui M.S. (2021) *Arabidopsis* vascular complexity and connectivity controls PIN-FORMED1 dynamics and lateral vein patterning during embryogenesis. *Development* 148: dev197210. doi:10.1242/dev.197210
4. Biedroń M., Banasiak A. (2018) Auxin-mediated regulation of vascular patterning in *Arabidopsis thaliana* leaves. *Plant Cell Reports* 37:1215–1229 <https://doi.org/10.1007/s00299-018-2319-0>
5. Mariyamma N.P., Clarke K.J., Yu H., Wilton E.E., Van Dyk J., Hou H., Schultz E.A. (2018) Members of the *Arabidopsis FORKED1-LIKE* gene family act to localize PIN1 in developing veins *JXB* 69: 4773–4790, doi:10.1093/jxb/ery248
6. Erland L.A.E., Saxena P.K. (2017) Beyond a neurotransmitter: the role of serotonin in plants. *Neurotransmitter* 4: e1538. doi: 10.14800/nt.1538
7. Carland F., Defries A., Cutler S., Nelson T. (2016) Novel Vein Patterns in *Arabidopsis* Induced by Small Molecules. *Plant Physiol.* 170: 338–353
8. Ricci A., Rolli E., Brunoni F., Dramis L., Sacco E., Fattorini L., Ruffoni B., Diaz-Sala C., Altamura M.M. (2016) 1,3-di(benzo[d]oxazol-5-yl)urea acts as either adventitious rooting adjuvant or xylogenesis enhancer in carob and pine microcuttings depending on the presence/absence of exogenous indole-3-butyric. *PCTOC* 126: 411-427, DOI 10.1007/s11240-016-1010-9
9. Grones P., Friml J. (2015) Auxin transporters and binding proteins at a glance. *Journal of Cell Science* 128: 1–7 doi:10.1242/jcs.159418
10. [Wenzel](#) C.L., [Schuetz](#) M., [Yu](#) Q., [Mattsson](#) J. (2007) Dynamics of *MONOPTEROS* and PIN-FORMED1 expression during leaf vein pattern formation in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Journal* 49: 387-398