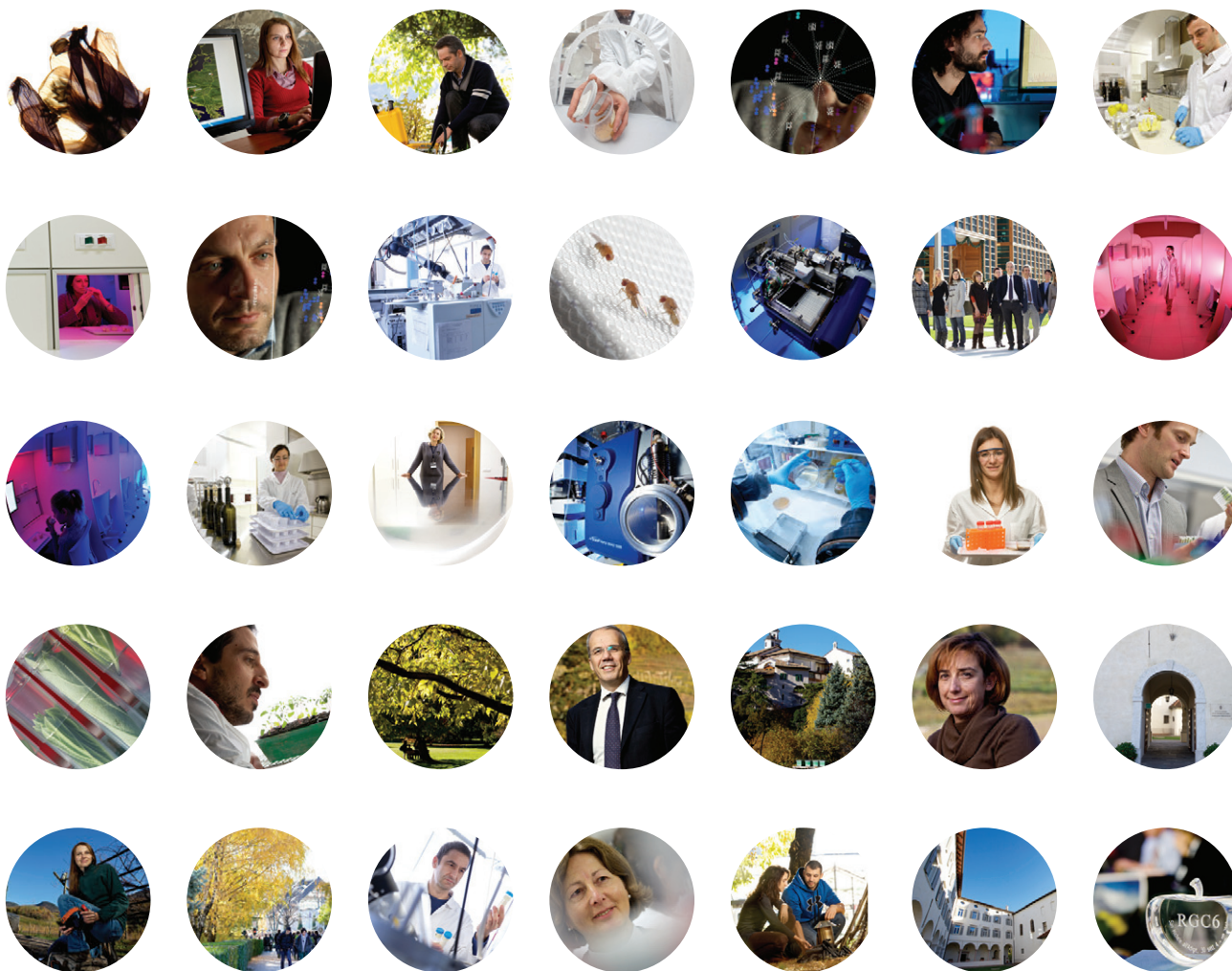




CENTRO
RICERCA E
INNOVAZIONE

FONDAZIONE
EDMUND MACH

REPORT 11 / 12



Indice

Indice

il nostro mondo: in breve	p. 05
+ Prefazione	p. 07
+ La Fondazione Edmund Mach	p. 08
+ Il Centro Ricerca e Innovazione	p. 09
+ First	p. 10
 la nostra ricerca: key subjects	p. 11
part_1 Beyond the genome / Introduzione	p. 13
+ 1.1 Cosa ci insegna il genoma del melo	p. 14
Autori / Riccardo Velasco Fabrizio Costa Dan Sargent Michela Troggio	
+ 1.2 L'analisi genetica per svelare la storia delle famiglie enzimatiche	p. 16
Autore / Stefan Martens	
+ 1.3 Evoluzione della biodiversità	p. 18
Autore / Claudio Varotto	
+ 1.4 Risolvere il puzzle della struttura dei genomi delle piante con la bioinformatica	p. 20
Autore / Alessandro Cestaro	
+ 1.5 L'altra faccia del genoma / Metagenomica comparativa e l'evoluzione delle simbiosi	p. 22
Autore / Duccio Cavalieri	
+ 1.6 Biostatistica e gestione dei dati	p. 24
Autore / Ron Wehrens	
+ Highlights	p. 26
 part_2 Our natural capital / Introduzione	p. 31
+ 2.1 La collezione varietale della FEM per conservare e utilizzare la biodiversità della vite	p. 32
Autore / M. Stella Grando Francesco Emanuelli	
+ 2.2 Risorse acquatiche alpine: ricerca ecologica e utilizzo sostenibile	p. 34
Autori / Nico Salmaso Adriano Boscaini Maria Cristina Bruno Leonardo Cerasino Giovanna Flaim Bruno Maiolini Ulrike Obertegger Monica Tolotti	
+ 2.3 La conservazione della biodiversità genetica	p. 36
Autore / Cristiano Vernesi	
+ 2.4 Biodiversità e salute	p. 38
Autore / Annapaola Rizzoli	
+ 2.5 La modellistica per la ricerca ecologica e sul clima	p. 40
Autori / Markus Neteler Duccio Rocchini Roberto Zorer Luca Delucchi Markus Metz	
+ 2.6 Rispondere tempestivamente alle nuove affezioni fitopatologiche delle piante	p. 42
Autori / Gianfranco Anfora Omar Rota Stabelli Ilaria Pertot	
+ 2.7 Preservare la qualità del suolo per uno sviluppo sostenibile	p. 44
Autori / Ilaria Pertot Mirco Rodeghiero	
+ 2.8 FoxLab	p. 46
Autore / Franco Miglietta	
+ Highlights	p. 48

part_3	Food for life / Introduzione	p. 53
+ 3.1	Il resveratrolo ed i suoi derivati proteggono la vite dagli attacchi fungini Autori / Giulia Malacarne Claudio Moser	p. 54
+ 3.2	Il benessere umano passa anche dal cibo: i microorganismi intestinali sanno discernere tra le diete Autore / Kieran Tuohy	p. 56
+ 3.3	Quando il vino respira: la chimica della micro-ossigenazione Autori / Fulvio Mattivi Panagiotis Arapitsas Daniele Perenzoni Urska Vrhovsek	p. 58
+ 3.4	Metodologie chimiche avanzate per certificare l'autenticità dei formaggi italiani Autore / Federica Camin	p. 60
+ 3.5	Come può essere misurata la qualità percepibile della mela? Autore / Flavia Gasperi	p. 62
+ 3.6	La piattaforma "Composti Volatili": un differente approccio a un problema classico Autore / Franco Biasioli	p. 64
+	Highlights	p. 66
la nostra ricerca: facts & figures		p. 69
part_1	Il Campus FEM	p. 70
part_2	Il nostro Network Internazionale	p. 72
part_3	Progetti di Ricerca	p. 76
part_4	Affiliazioni a società scientifiche	p. 78
part_5	Presenza nei comitati editoriali	p. 80
part_6	Premi	p. 81
part_7	Tesi accademiche svolte presso FEM	p. 82
part_8	Articoli pubblicati su riviste con Impact Factor	p. 84
part_9	Copertine di riviste con Impact Factor dedicate a ricerche del CRI	p. 88
part_10	Organigramma / Staff data	p. 90

il nostro mondo : in breve

Prefazione



Alessandro Carlo
DINI
Direttore Generale FEM

Francesco
SALAMINI
Presidente FEM

Roberto
VIOLA
Direttore del Centro Ricerca e Innovazione

Il intento del Report del Centro Ricerca e Innovazione (CRI) è rappresentare accuratamente i fatti principali che hanno segnato il biennio 2011/12, “aprendo le porte dei nostri laboratori” e condividendo con il Lettore gli obiettivi, le attività ed i risultati conseguiti. Allo scopo abbiamo operato la scelta innovativa, rispetto al passato, di offrire due livelli di lettura per raggiungere efficacemente anche il destinatario non esperto mantenendo la necessaria dimensione “tecnica” nella descrizione dei contenuti di dettaglio. Si vuole così valorizzare il più possibile il lavoro instancabile del nostro staff – quasi 300 persone di cui circa 175 ricercatori – fornendo al cittadino una comunicazione efficace e trasparente delle attività svolte.

A pochi mesi dalla notizia del sequenziamento del Genoma di melo pubblicata su Nature Genetics, il 2011 si è aperto con l’annuncio della decodifica di un altro genoma a cui i nostri ricercatori hanno contribuito: quello di fragola selvatica. A inizio estate 2012 abbiamo presentato i primi dati sul sequenziamento del genoma del moscerino dei piccoli frutti *Drosophila suzukii*. Il ruolo prominente di FEM nel campo della genomica ha avuto un riconoscimento internazionale ulteriore con l’assegnazione dell’incarico di organizzare in Trentino la sesta edizione della Conferenza Mondiale sulla Genomica delle Rosacee (RGC6), svoltasi nell’autunno 2012. Qui è stato annunciato il sequenziamento dei genomi di pero e lampone a cui, ancora una volta, abbiamo collaborato attivamente.

Il tutto reso possibile anche grazie ad un’infrastruttura di circa 2.000 metri quadri per laboratori ed uffici e per le attività di formazione a livello accademico, più di 200 metri quadri di serre a contenimento e 3000 metri quadri per la sperimentazione in campo delle biotecnologie vegetali. Un centro di biologia computazionale, inaugurato nel 2012, con competenze di prim’ordine nel campo della bioinformatica e statistica avanzata. Circa 130 pubblicazioni scientifiche su riviste con fattore d’impatto. Un’offerta formativa che con la Scuola di Ricerca Internazionale (FIRST), ha attratto al CRI nuove, giovani competenze da ogni parte del mondo. Sono questi, a mio avviso, requisiti essenziali per fare di S. Michele un riferimento autorevole nella produzione di conoscenza, nella promozione di innovazione e di concrete ricadute per il territorio.

Il mio auspicio è che questo Rapporto riesca nel suo intento di valorizzare l’attività condotta presso i laboratori del CRI, avvicinando il Lettore alla nostra mission ed ai valori in cui ci identifichiamo.

Roberto **Viola**
Direttore del Centro Ricerca e Innovazione



La Fondazione Edmund Mach

Il 12 gennaio 1874 la Dieta Tirolese di Innsbruck deliberò di attivare una scuola di agraria presso il monastero agostiniano di San Michele all'Adige. Nacque così l'Istituto Agrario di San Michele (IASMA). L'attività iniziò in autunno, sotto la guida del primo direttore, Edmund Mach. Fin da subito egli organizzò l'Istituto come una struttura innovativa, dove didattica e ricerca potessero interagire tra loro in maniera sinergica per contribuire allo sviluppo dell'agricoltura locale.

Dopo la Prima Guerra Mondiale, IASMA passò sotto l'egida del governo italiano, che a sua volta lo fece rientrare nelle competenze della Provincia autonoma di Trento.

Nel 1990 anche le attività di servizio al territorio furono integrate nel preesistente impianto basato su formazione e ricerca (Legge Provinciale n. 28).

Il 1 gennaio 2008 si è recepita la Legge di Riordino della Ricerca (L.P. 2 agosto 2005, n.14): strutture e attività dell'Istituto sono transitate nel nuovo soggetto giuridico rappresentato dalla Fondazione Edmund Mach (FEM) - un Ente di interesse pubblico con personalità giuridica di diritto privato.

Nella FEM i 3 centri ereditati dallo IASMA sono stati caratterizzati da una struttura organizzativa più flessibile e funzionale agli specifici obiettivi di Istruzione e Formazione, di Ricerca e Innovazione e di Trasferimento Tecnologico che, oltre a qualificarne le nuove denominazioni, rappresentano gli aspetti più salienti delle rispettive mission.



Il Centro Ricerca e Innovazione (CRI) è nato ufficialmente il 1 gennaio 2009, dall'unione dell'allora Centro di Ecologia Alpina e del Centro Sperimentale della FEM. Inizialmente era organizzato in tre aree di ricerca specializzate negli ambiti di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente. Nel gennaio 2011 ha subito una riorganizzazione. Ad oggi è composto da un Consorzio di Ricerca (condiviso con il Centro Nazionale di Ricerca) e cinque Dipartimenti, a loro volta articolati in Gruppi di Ricerca e Piattaforme Tecnologiche. I principali filoni di ricerca sono genomica e biologia delle piante da frutto, biologia computazionale, qualità alimentare e nutrizionale, biodiversità ed ecologia molecolare, agro-ecosistemi sostenibili e biorisorse.

Il CRI ospita ricercatori provenienti da tutto il mondo e collabora con le più importanti istituzioni scientifiche internazionali. Vanta laboratori con strumentazioni all'avanguardia, 200 mq di serre e 30 ettari di terreno coltivato. Accanto alla ricerca scientifica si occupa di formazione di alto livello. Il Programma Internazionale di Dottorato avviato nel 2010 coinvolge ogni anno una trentina di partecipanti dai cinque continenti.

Forte di queste caratteristiche il CRI si pone come un riferimento autorevole nella produzione di conoscenza, nella promozione di innovazione e di concrete ricadute per il territorio. Requisiti, questi, indispensabili per incentivare lo sviluppo di una economia sempre più basata sulla conoscenza e per sostenere una crescita socio-economica duratura e di qualità.

Il Centro Ricerca e Innovazione

FIRST

Title

La Scuola di Ricerca della Fondazione Edmund Mach



Tra le iniziative promosse dal Centro Ricerca ed Innovazione, con già quattro anni di attività alle spalle, c'è la FIRST. Una denominazione avviata nella primavera del 2012 che però vuole ricomprendere sotto una unica regia tutte le attività legate alla scuola di ricerca ospitata presso la Fondazione Edmund Mach.

Gli ambiti si sono ampliati rispetto all'originario Programma Internazionale di Dottorato in Genomica e Fisiologia delle Pianta da Frutto (GMPF) che era focalizzato sui temi della genomica, informatica, genomica funzionale, proteomica e metabolomica, genetica, miglioramento genetico e fisiologia molecolare delle specie arboree da frutto, includendo anche le scienze alimentari e della nutrizione, la biologia computazionale, scienze ambientali, climatologia e veterinaria.

I principi guida della FIRST sono quelli della ricerca applicata, di un ambiente di lavoro internazionale (i dottorandi provengono da infatti 24 paesi e collaborano in gruppi di ricerca multi-culturali) e di tecnologie di ultima generazione. Grazie alla fitta rete di collaborazioni internazionali i dottorandi sono incoraggiati alla mobilità, andando a maturare attività di ricerca presso alcuni dei più prestigiosi laboratori. In questo contesto sono stimolati a sviluppare una autonomia organizzativa che permetterà loro di essere pronti per entrare nel mercato della ricerca scientifica.

Proprio a questi ambiti il CRI conferisce il valore aggiunto di un'esperienza decennale e riconosciuta in tutto il mondo, maturata nel tempo attraverso una politica di ricerca attenta alle aspettative del mondo dei consumatori e della produzione.

La FIRST si è dotata di un percorso formativo interno nell'arco di dodici mesi consistente in almeno un paio di Summer o Winter Schools, Workshop specifici, due seminari con relatori di valenza internazionale al mese, corsi intensivi di scienze statistiche e di lingua italiana per gli stranieri, oltre ad attività di Journal Club e di confronto sui progressi nei progetti di dottorato.

Quasi novanta sono i dottorandi afferenti alla FIRST, con una popolazione prevalentemente femminile (60%), e che nel corso del 2012 ha registrato il conseguimento dei primi titoli di PhD.

la nostra ricerca : key subjects

part_1 Beyond the genome

part_2 Our natural capital

part_3 Food for life

BEYOND THE GENOME /

DOPO IL
SEQUENZIAMENTO
DEL GENOMA DI
PERO, FRAGOLA,
LAMPONE E DEL
MOSCHERINO *D.*
SUZUKI, CON LA
METAGENOMICA CI
ADDENTRIAMO ORA
NELL'AMBIENTE
CHE CI CIRCONDA
PIÙ INTIMAMENTE

part_1

Riccardo Velasco, Duccio Cavalieri

Andare oltre la conoscenza dei genomi per valorizzare la complessità biologica

I GENOMI. Oggi l'avvento di moderne tecnologie di sequenziamento del DNA consente di rendere disponibile l'informazione codificata dalla sequenza dei nucleotidi di molte specie di organismi viventi. Nel 2011 FEM ha sequenziato i genomi di pero, fragola e lampone, ottenendo informazioni cruciali per il miglioramento della produzione e della qualità. Nell'ultimo semestre del 2012 CRI-FEM ha anche completato la sequenza del genoma del moscerino *Drosophila suzuki*, un parassita molto pericoloso per le coltivazioni di piccoli frutti.

Una domanda che spesso ci viene rivolta è: che senso ha conoscere la struttura dei genomi? Per uno scienziato la risposta è semplice, come si può pensare di risolvere il problema di un sistema senza conoscere la struttura del sistema? Un meccanico sa bene quanto sia cruciale conoscere la struttura del motore del preciso modello di macchina che ha davanti per ripararla. La differenza è che la casa costruttrice della macchina ha gli schemi di costruzione di quel modello, nei sistemi biologici gli scienziati hanno il compito di scoprire quegli schemi, interrogando la natura con le tecnologie più moderne.

OLTRE I GENOMI. Nonostante le promesse iniziali di queste scoperte rivoluzionarie, la conoscenza della sequenza dei genomi non ha consentito ancora oggi di spiegare la ragione per cui stiamo in salute o ci ammaliamo o come vivere più a lungo, o cosa rende le piante resistenti ai patogeni o con caratteristiche aromatiche particolari. La risposta più probabile è che molte delle risposte che cerchiamo sono complesse, dipendono dalla funzione di molti geni e dalla loro interazione con l'ambiente. Quando parliamo di "ambiente" ci viene immediatamente da pensare al luogo in cui viviamo, al clima, all'inquinamento, al cibo; ma c'è un ambiente molto più vicino a noi e molto più "intimo" di cui solo oggi stiamo iniziando a comprendere l'importanza. Questo ambiente è plasmato dai microorganismi che ci accompagnano dalla nascita e che per millenni hanno accompagnato la nostra evoluzione. Oggi lo sviluppo di tecniche di metagenomica e la loro applicazione allo studio delle comunità microbiche dell'intestino umano, degli alimenti o delle radici e il corpo delle piante, o di insetti patogeni promette di andare oltre e di capire nel complesso come, intervenendo sui microorganismi, si possa veramente risolvere importanti problemi biotecnologici e mantenere uomini e piante in salute.

1.1

Title

Cosa ci insegna il genoma del melo

Due anni fa la Fondazione Edmund Mach (FEM) ha avuto l'onore e l'onere di guidare un team internazionale nel progetto di sequenziamento del genoma del melo. Lo sforzo prodotto e le sinergie con altri istituti internazionali hanno portato al completamento del lavoro in tempi decisamente rapidi rispetto ad altre iniziative simili del passato. Le esperienze maturate, le strumentazioni acquisite, i nuovi ricercatori ingaggiati a seguito dei successi scientifici ottenuti nel progetto supportano oggi presso FEM un team tra i più competenti al mondo nella genomica delle piante da frutto. Il sequenziamento del genoma della fragola nel 2011 (*Shulaev et al., Nature Genetics, 2012*) e quello di pero e lampone nel 2012 segnano ulteriori tappe di un percorso di collaborazioni scientifiche internazionali all'interno del quale FEM è soggetto di riferimento. Un riconoscimento che trova la sua espressione più tangibile nella scelta della nostra Istituzione come organizzatore del sesto congresso internazionale della Genomica delle Rosaceae (rgc6.org) che ha avuto luogo presso il Palari di Mezzocorona la prima settimana di ottobre 2012.

Accanto alle attività nel campo della genomica, FEM partecipa a progetti europei e nazionali sull'uso delle informazioni del genoma¹ a sostegno del miglioramento genetico². Tra questi, il progetto europeo Fruitbreedomics (www.fruitbreedomics.com) mira alla produzione di marcatori molecolari³ a partire dalle conoscenze del genoma e dalla loro associazione con caratteristiche innovative nel melo. Il progetto coinvolge 29 istituzioni di 9 paesi diversi ed ha l'obiettivo di produrre nuove varietà che associno alla qualità del frutto anche resistenze genetiche ai principali agenti patogeni, con una maggiore salvaguardia ambientale e minor impatto economico nella gestione aziendale.

FEM coordina inoltre il progetto nazionale AGER (progettoager.it). Focalizzato su aspetti salutistici e qualitativi del frutto, questo progetto punta alla correlazione tra dati molecolari (geni, proteine e metaboliti della mela) con caratteristiche nutritive (in collaborazione con Università di Trento ed INRAN di Roma), allergeniche (Università di Padova e Bologna), produttive (CRESO di Cuneo e Università di Padova), gestionali (Università di Bologna e Udine).

In entrambi i progetti citati, i genomi di numerose varietà coltivate con pedigree noto sono risequenziati e comparati tra di loro, associando le differenze rilevate a tratti specifici al fine di comprendere le basi biologiche che sottendono alle caratteristiche del frutto e le loro potenzialità d'uso nella gestione del frutteto, della produzione e conservazione della frutta, del miglioramento genetico.

Promettenti appaiono infine gli studi evolutivi condotti da FEM sulle piante da frutto e sul loro addomesticamento, in particolare le prospettive di sfruttamento di queste conoscenze di genomica comparata per l'identificazione di tratti comuni all'interno della stessa famiglia botanica delle Rosaceae (*Illa et al. BMC Evol. Biology 2011; Jung et al., BMC Genomics 2012*). Sono infatti emerse interessanti tesi sull'origine dell'assetto cromosomico delle specie in esame (melo, fragola, pesco) e delle caratteristiche condivise o uniche che le contraddistinguono. Nei prossimi anni, le conoscenze di base acquisite saranno fondamentali per reindirizzare la gestione della pianta e la produzione di varietà innovative, elementi cruciali per concepire una nuova frutticoltura sostenibile dal punto di vista umano, ambientale ed economico.

in short

Un team
tra i più competenti al mondo
nella genomica delle piante da frutto

More

Approfondimenti

Michela Troggio, Dan Sargent, Fabrizio Costa, Riccardo Velasco

1 / La tecnologia sottesa all'uso delle conoscenze del genoma

Nell'ambito del progetto Fruitbreedomics è stato sviluppato un chip ad alta densità di SNP utilizzando dati di risequenziamento di una serie di varietà comunemente utilizzate nei programmi di breeding di melo a livello europeo. Per produrre il chip sono stati selezionati 20.000 SNPs, uniformemente distribuiti nel genoma del melo e rappresentativi dei genomi delle varietà risequenziate. Il chip permette di identificare le associazioni tra marcatori genetici e tratti di interesse, per l'analisi della variabilità genetica (neutrale e funzionale) e per gli studi di genomic selection in melo. Il chip di melo è stato già utilizzato dai ricercatori FEM, in collaborazione con altri colleghi, per sviluppare la più densa mappa molecolare del melo pubblicata fino ad oggi. Si tratta della mappa di un incrocio fra due varietà portainnesto che contiene un totale di 2.856 marcatori molecolari che coprono i genomi di entrambe le varietà parentali.

Dan Sargent, Fabrizio Costa, Michela Troggio, Riccardo Velasco

2 / Miglioramento genetico

La disponibilità di un patrimonio genetico vario ed eterogeneo e l'informazione sull'associazione di geni a caratteristiche morfologiche sono elementi fondamentali per soddisfare le esigenze dei programmi di breeding attuali e futuri. A tale scopo, una collezione di 600 diverse varietà di melo è stata recentemente introdotta nel frutteto sperimentale di FEM. Queste varietà sono state caratterizzate per una serie di caratteri morfologici di valore per il breeding, tra cui la resistenza alle malattie e i tratti di qualità del frutto. In parallelo, le stesse varietà sono state caratterizzate con più di 10.000 marcatori molecolari utilizzando il chip di SNP disponibile per il melo. I dati saranno analizzati per identificare eventuali associazioni tra i marcatori SNP con specifici tratti fenotipici. I marcatori molecolari saranno poi utilizzati per selezionare le varietà migliori per il breeding del melo del futuro.

Fabrizio Costa, Michela Troggio, Riccardo Velasco, Dan Sargent

3 / Marcatori molecolari

La qualità del frutto è una delle caratteristiche più importanti per il consumatore ed è tra le priorità nei programmi di breeding del melo. Essa tuttavia è un carattere complesso, controllato da molti geni, per la cui comprensione la disponibilità della sequenza del genoma del melo è una risorsa ineguagliabile. Oltre alle tecnologie sviluppate per studiare la complessità fenotipica, il genoma ha permesso di individuare le regioni coinvolte nella regolazione di due tratti fondamentali per la qualità del frutto: la texture (componenti meccanici acustici) e l'aroma. La disponibilità del genoma ha inoltre permesso di sviluppare marcatori molecolari per il breeding di nuove varietà di melo migliorate nella loro qualità.

1.2

Title

L'analisi genetica per svelare la storia delle famiglie enzimatiche

La comparsa e lo sviluppo delle **vie metaboliche**¹ ha rappresentato un passaggio cruciale nell'evoluzione a livello molecolare e cellulare. Nel corso di tale processo, le piante ed altri organismi hanno sviluppato una varietà di meccanismi chimici utili all'adattamento a differenti condizioni di vita. Ciò ha portato all'evoluzione di molteplici gruppi di specifici metaboliti, selezionati per la loro funzione biologica. Nelle piante l'evoluzione di nuovi geni/enzimi, coinvolti nella sintesi di nuovi composti secondari, è un processo in corso e può essere alla base del differenziamento della maggior parte delle funzioni svolte dai geni presenti nei loro genomi. Nonostante il **metabolismo secondario delle piante**² interessi molteplici substrati e prodotti, pochi sono i tipi di reazioni alla base di tali processi. "L'evoluzione ripetuta" è una forma speciale di evoluzione convergente per la quale nuovi enzimi, con la medesima funzione, evolvono indipendentemente in linee genetiche separate di piante, pur partendo da un pool condiviso di enzimi correlati, aventi funzioni simili ma non identiche. Ciò sembra essere frequente nel metabolismo secondario e può creare confusione nell'assegnazione della funzione genica determinata unicamente in base alla sequenza genetica. In generale gli enzimi possono essere classificati in "generici" e "specifici". Tuttavia non è chiaro il motivo per cui tali enzimi generici permangano nel tempo. Gli enzimi specializzati, per contro, rispetto agli enzimi generici, i) sono spesso essenziali, ii) mantengono più elevato il flusso metabolico, iii) richiedono una maggiore regolazione dell'attività metabolica per controllare il flusso metabolico in ambienti dinamici. Inoltre tali caratteristiche sono conservate sia nel dominio degli archibatteri che in quello degli eucarioti.

Nell'ambito della post-genomica, l'utilizzo dell'**analisi filogenetica**³ nell'interpretazione dell'evoluzione a livello chimico e delle vie biosintetiche rappresenta un utile strumento per comprendere la genesi dei differenti enzimi e delle famiglie enzimatiche a livello molecolare. Differenti modelli sono stati proposti per spiegarne l'origine e la loro conseguente evoluzione nelle vie biosintetiche. Oltre a ciò, approcci "a network" associati alle analisi filogenetiche delle famiglie geniche (codificanti per proteine della

stessa famiglia) sono stati utilizzati con successo per studiare l'evoluzione degli enzimi in interi genomi. Blocchi funzionali di composti chimici simili si sono evoluti all'interno di network metabolici, grazie alla conservazione del tipo di reazione chimica catalizzata da enzimi evolutivamente correlati. Una delle possibili spiegazioni di tali osservazioni è che tale fenomeno di "evoluzione locale" possa causare un minore disordine a livello fisiologico globale nel metabolismo rispetto all'evoluzione di enzimi da altri enzimi che sono distanti da questi nel network metabolico.

Quindi, l'emergere di nuove vie metaboliche ha permesso ad organismi primitivi di diventare via via meno dipendenti da fonti esterne di composti organici. Analisi comparative di geni e genomi di differenti organismi hanno rivelato che, durante l'evoluzione, differenti forze e meccanismi molecolari potrebbero aver guidato la formazione dei genomi e lo sviluppo di nuove capacità metaboliche. Tra queste, l'allungamento della sequenza del gene, le duplicazioni dei geni e degli operoni hanno indubbiamente giocato un ruolo predominante poiché sono state alla base della immediata comparsa di nuovo materiale genetico che, a sua volta, può essere stato soggetto a divergenza evolutiva in grado di aumentare il numero di geni codificanti per nuove attività metaboliche. La duplicazione genica è stata invocata in differenti schemi proposti per spiegare come e perché le vie metaboliche esistenti si sono generate ed hanno preso forma. Sia le analisi di genomi completamente sequenziati che gli esperimenti di evoluzione guidata supportano fortemente l'ipotesi "del mosaico", secondo la quale le vie metaboliche sono state assemblate mediante il reclutamento di enzimi primitivi in grado di reagire con un ampio range di substrati correlati dal punto di vista chimico. Tuttavia, l'analisi della struttura e l'organizzazione di geni appartenenti a primitive vie metaboliche, come quelle riguardanti la biosintesi dell'istidina e la fissazione dell'azoto, hanno suggerito che ipotesi differenti, come ad esempio "l'ipotesi retrograda" o la teoria "semi-enzimatica", possano essere considerate per spiegare la nascita di alcune vie metaboliche.

More

Approfondimenti

1 / Identificazione e caratterizzazione dei geni precoci e tardivi delle via biosintetica degli ellagitannini in fragola (*F. vesca*)

Gli ellagitannini sono antiossidanti polifenolici presenti in alcuni tipi di frutta, noci, alberi, tè e piante medicinali. L'obiettivo finale è quello di identificare i geni, coinvolti nella biosintesi, in grado di codificare per quegli enzimi necessari alla pianta per produrre questi metaboliti utili alla salute dell'uomo. I geni putativi in grado di codificare per la scissione deidrogenasi, sintetizzanti i composti presenti nelle prime fasi della via metabolica, sono stati identificati e sono in fase di caratterizzazione per la sintesi di acido gallico. Inoltre sono stati identificati geni codificanti per putative galloil transferasi. Questi enzimi catalizzano la reazione di sintesi del penta-galloil glucosio, il precursore degli ellagitannini. La caratterizzazione di questi prodotti di sintesi genetica è in via di svolgimento, presso l'innovativa piattaforma per la metabolomica presente in FEM.

2 / Metabolismo di composti antiossidanti in lampone

I lamponi sono ricchi in metaboliti secondari con grande potere antiossidante come i polifenoli, e sono altamente apprezzati per il loro apporto benefico in termini di salute. Numerose varietà, comprese quelle di lampone giallo, sono state caratterizzate per la loro composizione in differenti antiossidanti inclusi i polifenoli (più di 50 differenti composti), carotenoidi e tocoferoli. In generale le varietà analizzate hanno mostrato un considerevole contenuto di tocoferoli e carotenoidi (per lo più luteina ed i suoi esteri), e in alcune di queste è stato evidenziato un contenuto molto più alto rispetto alle altre. Inoltre alcune varietà di lampone hanno mostrato di contenere una composizione peculiare in fenoli, risultando alcune più ricche in acido benzoico (Alpen Gold), o profili differenti per i flavonoli (Heritage).

3 / Applicazione della filogenomica e dell'analisi evolutiva nella comprensione delle funzioni proteiche

La disponibilità di differenti genomi vegetali rappresenta un'opportunità per avere una visione più ampia in termini di organizzazione ed evoluzione della famiglia delle 1 UDP glicosiltransferasi (UGT). Le UGT sono in grado di glicosilare diverse classi di metaboliti vegetali. L'approccio filogenetico ha permesso di ottenere una conoscenza più approfondita dell'evoluzione di questa famiglia multigenica durante il processo di adattamento alla vita sulla terra da parte delle piante. Come risultato di questo studio, sembra che la famiglia si sia espansa durante la transizione da alghe a piante vascolari e che nelle piante superiori l'associazione delle UGT in gruppi filogenetici sia stata conservata, nonostante la perdita e l'acquisizione di geni. È interessante evidenziare come siano stati scoperti due nuovi cluster filogenetici che non erano presenti in *Arabidopsis*.

1.3

Title

Evoluzione della biodiversità

A partire dalla scoperta di Charles Darwin che le specie evolvono una dall'altra tramite selezione naturale, ci si iniziò a chiedere come si origini la diversità biologica naturale. Con le ulteriori scoperte delle leggi dell'ereditarietà di Gregor Mendel e della struttura del DNA di Watson e Crick, è risultato chiaro che l'incredibile ricchezza di differenti adattamenti, dimensioni, colori e forme delle piante che hanno acceso la curiosità degli esseri umani per secoli sarebbero potuti in via teorica essere compresi leggendo l'informazione contenuta nel DNA di tutti i geni delle singole specie. Tuttavia, con l'eccezione di alcune rilevanti scoperte avvenute negli ultimi decenni, la decodifica dell'informazione genetica delle piante e quindi la spiegazione meccanicistica della biodiversità vegetale è rimasta un compito molto arduo. Solo recentemente la rivoluzione tecnologica che ha riguardato il sequenziamento del DNA ha consentito di decodificare, ad una velocità mai raggiunta prima, l'informazione genetica che controlla tutti gli aspetti della vita delle piante, dallo sviluppo alla risposta agli stress ambientali e che consente di identificarle con una accuratezza senza precedenti (**"Codici a barre del DNA¹"**). La completa decodifica di tutti i geni (il genoma) di un crescente numero di specie apre orizzonti completamente nuovi allo studio della biodiversità vegetale. Infatti non solo è oggi possibile ricostruire con estrema precisione la parentela (**filogenesi molecolare²**) di tutte le piante esistenti, ma, ancora più entusiasmante, è possibile leggere direttamente nei loro geni le tracce lasciate dalla selezione naturale nel corso dell'evoluzione. In altre parole le tecnologie di sequenziamento di ultima generazione consentono per la prima volta di identificare quali fra le centinaia di migliaia di varianti genetiche spontanee che si sono accumulate in milioni di anni di evoluzione hanno progressivamente creato la sorprendente diversità che ammiriamo oggi. Come una manciata di proverbiali aghi in un enorme pagliaio costituito da milioni o miliardi di steli di fieno, queste varianti genetiche consentono **l'adattamento³** di alcune specie alle condizioni estreme delle montagne più alte e di altre specie a quelle delle basse intensità di illuminazione del sottobosco, dove la competizione per la luce fa la differenza fra la vita e la morte.

Il maggior interesse nel capire i meccanismi che consentono a minute differenze nel DNA di generare specie di piante così diverse è, tuttavia, la possibilità in un futuro non troppo lontano di predire come le condizioni ambientali influenzino la sopravvivenza di specie di piante diverse, un argomento di estrema rilevanza alla luce degli attuali cambiamenti climatici. Studiando l'adattamento in specie di piante selvatiche possiamo anche imparare come migliorare le nostre piante domestiche per farle resistere a siccità, riscaldamento globale e nuovi patogeni, sfruttando le soluzioni fornite da milioni di anni di selezione naturale. Nel lungo periodo questi approcci promettono di aiutarci a sviluppare fonti biologiche di energia rinnovabili che sono di fondamentale importanza per consentire uno sviluppo sostenibile e per limitare i cambiamenti climatici causati dallo sviluppo umano (**progetto MAN-VIP⁴**).

in short

È possibile
leggere direttamente
nei geni delle piante
le tracce lasciate
dalla selezione naturale
nel corso dell'evoluzione

More

Approfondimenti

Claudio Varotto

1 / I “codici a barre” del DNA di piante selvatiche

Il sequenziamento del DNA rappresenta un potente approccio per l'identificazione di piante, perché può essere effettuato con una conoscenza molto limitata delle sottili differenze morfologiche usate dai botanici per distinguere diverse specie. Per migliorare lo standard per l'identificazione su base genetica, per le piante è stato recentemente proposto di usare sequenze di DNA dai due geni *matK* e *rbcL*. Analogamente ai codici a barre usati nei supermercati, potenzialmente questi codici a barre basati sul DNA identificheranno univocamente qualsiasi specie di piante di una regione. Ciò consentirà, per esempio, di identificare piante tossiche rapidamente e in modo affidabile, riducendo i rischi di avvelenamento.

Simone Fior, Claudio Varotto

2 / Le parentele delle piante tramite la filogenesi molecolare

Tradizionalmente la parentela fra specie vegetali era determinata dalle differenze di forma e colore, assumendo che specie più strettamente imparentate fossero più simili fra loro di altre. Tuttavia, questo approccio è poco affidabile, dal momento che forme simili possono originarsi indipendentemente in specie lontanamente imparentate. Invece, il numero pressoché illimitato di differenze nelle sequenze di DNA rende la ricostruzione delle parentele (o filogenesi) delle piante molto più precisa. Il sequenziamento di ultima generazione in particolare fornisce con una precisione senza precedenti la filogenesi di gruppi di piante precedentemente impossibili da risolvere.

Lino Ometto

3 / Come le piante si adattano al clima

L'evoluzione delle piante è fortemente influenzata dagli stress ambientali. Ad esempio, le piante di alta quota sono adattate per rispondere alle basse temperature e all'alta radiazione solare. Per chiarire le basi genetiche di questi adattamenti, abbiamo studiato il pattern di evoluzione molecolare nel genoma di *Cardamine resedifolia*, che abita in alta montagna, e di *C. impatiens*, che invece predilige ambienti di bassa quota. I risultati hanno evidenziato che l'evoluzione dei geni coinvolti nella risposta al freddo è stata particolarmente rapida solo in *C. resedifolia*, in accordo con il loro ruolo adattativo in questa specie d'alta quota.

Violeta Velikova, Claudio Varotto

4 / Il progetto MAN-VIP

L'uso di fonti energetiche rinnovabili e che producano tanta CO₂ quanta ne fissano è di fondamentale importanza per consentire uno sviluppo sostenibile e per limitare i cambiamenti climatici. Tramite sequenziamento di ultima generazione stiamo sviluppando delle risorse genomiche per *Arundo donax*, una specie di pianta che sta emergendo come modello per la produzione rinnovabile di biomassa e bioetanolo da terreni marginali. Il progetto MAN-VIP si prefigge di caratterizzare i processi de-assimilativi che causano una perdita netta di CO₂ in *Arundo* e di usare queste conoscenze per migliorare la produttività di questa specie.

1.4

Title

Risolvere il puzzle della struttura dei genomi delle piante con la bioinformatica

Le piante hanno un'enorme varietà di forme e dimensioni e differenti modalità di adattamento ai più disparati ambienti. Questa variabilità risiede, come in tutti gli esseri viventi, nel genoma. Tanto diverse sono due piante tra loro, così diverso sarà il loro DNA. Prendiamo ad esempio la dimensione: *Arabidopsis thaliana*, prima pianta a essere sequenziata, ha un genoma di 120 milioni di nucleotidi (Mbp), quello della vite consta di 480 Mbp, nel melo sono 750 Mbp, nella fragola 200 Mbp mentre il genoma del mais ne contiene 3 miliardi, quasi quanto quello umano. Per comprendere questa diversità è essenziale decodificare completamente il genoma, cioè conoscere l'intera sequenza di nucleotidi e studiarne la composizione.

Nonostante le tecniche di sequenziamento del DNA¹ migliorino costantemente, leggere un genoma intero resta un limite invalicato. Oggi la dimensione media di singola lettura raggiunge l'ordine delle centinaia di nucleotidi, molto lontana dalle milioni di basi di un genoma. Questo limite viene superato ricorrendo alle capacità di calcolo dei moderni computer; non potendo essere letto tutto in una volta, il DNA viene spezzato in centinaia e migliaia di piccoli frammenti e viene "riletto" varie volte. Sulla base della loro somiglianza questi pezzi vengono uniti, creando sequenze via via sempre più lunghe. Un po' come risolvere un puzzle mettendo assieme tutti i pezzi che provengono dalla stessa porzione della figura (dividendo, per esempio, i pezzi blu del cielo dal verde dell'erba). Per risolvere, in tempo ragionevole, questo enorme rompicapo i biologi sfruttano metodi presi a prestito dall'informatica, come la linguistica computazionale, o dalla matematica come la teoria dei grafi.

La sequenza del genoma è solo il primo passo per capirne la funzione². La sequenza in sé, infatti, non fornisce molte informazioni, è come un manuale d'istruzioni in cui siano stati levati spazi e punteggiatura rendendo incomprensibile il testo.

Ma continuiamo con la metafora del puzzle. Man mano che le tessere vengono unite appare chiaro come l'immagine sottostante sia più simile

ad un rebus che ad un normale disegno. Alcuni particolari importanti distinti dallo sfondo giocano un ruolo essenziale nella comprensione dell'immagine. Questi "particolari importanti" sono, per esempio, le regioni codificanti (cioè i geni) che, come suggerisce il nome, dovranno essere decodificate usando il codice genetico perché rivelino la propria funzione³. Prima di essere decodificate, però, dovranno essere trovate dato che rispetto ad un normale rebus, il DNA è disegnato utilizzando solamente quattro colori tutti molto simili tra loro. Una difficoltà ancor maggiore rispetto al cercare il proverbiale ago nel pagliaio. Potremmo dire che è più simile al cercare una particolare pagliuzza in un pagliaio!

Negli ultimi 20 anni algoritmi utilizzati per il riconoscimento del volto e del parlato sono stati applicati con successo all'individuazione dei geni. Questi algoritmi si basano su modelli matematici costruiti a partire da regioni codificanti del genoma e quindi applicati alle regioni ignote, per capire se sono anch'esse codificanti. Altri approcci sfruttano la similarità genetica tra le diverse piante, usando la conoscenza delle regioni codificanti di una pianta per la ricerca delle stesse in una pianta simile. Anche in questo caso l'informatica corre in aiuto ai biologi permettendo il confronto di migliaia di regioni in modo rapido ed efficiente.

in short

Per decifrare questo rompicapo si prendono a prestito metodi dall'informatica, come la linguistica computazionale, o dalla matematica, come la teoria dei grafi.

More

Approfondimenti

Luca Bianco

1 / Assemblare nella giusta direzione

Nonostante il continuo progresso delle tecniche di sequenziamento, la dimensione di qualunque genoma resta molto superiore alla risoluzione dei sequenziatori; per questo i genomi vengono ricostruiti a partire da frammenti molto più piccoli in un processo di assemblaggio. Le "pair ends" sono sequenze accoppiate, cioè derivanti entrambe da una singola molecola di DNA ad una distanza definita. Esse hanno un ruolo chiave nell'assemblaggio: sono i pezzi ad angolo nel puzzle che forniscono una posizione fissa e determinata che può essere usata come ancora per aggiungere le altre sequenze o per verificare la correttezza di una regione assemblata.

Marco Moretto

2 / Assemblaggio di pathways vegetali

La fotosintesi o l'accumulo di composti aromatici sono esempi di gruppi di reazioni biochimiche essenziali per le piante che avvengono in continuazione all'interno delle cellule e prendono il nome di *pathway*. Riuscire a distinguere quali molecole partecipano ad un *pathway* specifico e come interagiscono tra loro è tanto fondamentale quanto complesso. È paragonabile al tentare di seguire un trattato di filosofia durante un concerto rock! Per riuscire a distinguere ciò che è importante dal rumore di fondo, i ricercatori misurano l'attività cellulare e avvalendosi di metodologie statistiche ed informatiche ricostruiscono le complesse interazioni molecolari.

Paolo Fontana

3 / L'importanza delle ontologie per investigare la funzione dei genomi

L'avvento della Next Generation Sequencing ha portato ad un aumento esponenziale di dati. Per questo motivo sono necessari metodi automatici efficienti per annotare funzionalmente questa mole di dati al fine di supportare e direzionare il lavoro di laboratorio. L'uso di vocabolari strutturati (ontologie), come la Gene Ontology, sono particolarmente utili per descrivere la funzione dei geni permettendo inoltre di affrontare il problema informaticamente. Argot2 è un programma sviluppato nel nostro laboratorio, basato sulla Gene Ontology, capace di annotare interi genomi e al momento è uno dei migliori annotatori funzionali liberamente disponibili.

1.5

Title

L'altra faccia del genoma / Metagenomica comparativa e l'evoluzione delle simbiosi

Quando pensiamo ai microorganismi spesso li guardiamo con un preconcetto. Fin dai tempi della formulazione dei postulati di Koch, gli abitanti dell'infinitamente piccolo sono stati visti come responsabili di patologie, infezioni, a volte anche fatali. Più recentemente abbiamo iniziato a comprendere il ruolo benefico di molti microorganismi. La conoscenza del mondo microscopico ha trovato nuove grandi opportunità grazie allo sviluppo delle moderne tecniche di sequenziamento del DNA che hanno consentito di identificare i batteri che risiedono nel nostro intestino, negli alimenti, in simbiosi con piante e suoli, definendo le loro funzioni.

La stretta interazione simbiotica funzionale fra le cellule di piante, insetti e mammiferi e le cellule batteriche, suggerisce che ogni sistema multicellulare dovrebbe essere considerato come un "super-organismo", il cui metabolismo comprende processi metabolici codificati dal genoma ospite integrati con quelli del microbioma. Sono numerosi i fattori che condizionano la composizione del microbiota, quali i nutrienti, le condizioni ambientali e la localizzazione geografica. Studi recenti portati avanti dai ricercatori di CRI-FEM hanno dimostrato che la composizione del microbiota intestinale¹ umano è estremamente variabile sia tra persone sane che tra individui magri e obesi, che tra individui di diverse popolazioni. Questo argomento discusso in maniera approfondita nella sezione "Food for life" può essere considerato anche da una diversa prospettiva, ovvero quali sono i microorganismi presenti sugli alimenti e nell'ecosistema della pianta? In questa prospettiva uno studio guidato da Duccio Cavalieri ha scoperto il ruolo degli insetti come vettori² che portano i microorganismi sugli alimenti e in prodotti tradizionali quali il vino. Queste recenti scoperte suggeriscono che preservare la biodiversità dei microbiomi regionali, associati alle diete tradizionali, sia fondamentale sia per il mantenimento della tipicità dei prodotti che per il mantenimento in salute attraverso la conservazione degli equilibri fra uomo e ecosistema.

La capacità di sequenziare i genomi degli organismi superiori e dei batteri ha evidenziato l'importanza di conoscenze nuove, a ponte fra la biologia e l'informatica. La capacità di trasformare la complessità dell'interazione fra genomi e ambiente in conoscenza, passa attraverso un accurato processo di comparazione che richiede l'analisi evolutiva delle funzioni e combinazioni di geni³. I ricercatori di FEM stanno utilizzando l'evoluzione come lente per studiare i genomi e la loro associazione a fenomeni. Questo approccio è il solo in grado di utilizzare le conoscenze della genomica nelle applicazioni biotecnologiche e nel contenimento di emergenze agroalimentari in modo rispettoso dell'ambiente. Grazie a quest'analisi comparativa e funzionale saremo in grado di indirizzare nuove strategie per le biotecnologie agrarie e agroalimentari, innovando nel rispetto delle peculiarità dell'ambiente alpino e degli ecosistemi di cui è composto.

in short

Preservare la biodiversità
dei microbiomi regionali,
associati alle diete tradizionali,
è fondamentale per la salute
e per il mantenimento
della tipicità degli alimenti

More

Approfondimenti

Carlotta De Filippo

1 / Come la dieta, l'evoluzione e la geografia formano i metagenomi

Storicamente gli ecosistemi microbici del tratto gastro-intestinale erano considerati specifici di un'area geografica come anche la flora e la fauna di un luogo sono geograficamente distinti. Recentemente Carlotta De Filippo e Kieran Thuy hanno mostrato come popolazioni Africane che seguono una dieta praticamente vegetariana, ricca di fibre, abbiano microbiomi intestinali dominati dalla presenza di batteri del genere *Prevotella* e *Xylanibacter*. La combinazione di batteri specifici e fibre consente di liberare grandi quantità di metaboliti preziosi per la salute quali gli acidi grassi a catena corta. Il nostro scopo è adesso di preservare microbiomi umani in comunità che hanno contatti marginali con i cibi globalizzati, valorizzando il potenziale della biodiversità globale dei microorganismi.

Duccio Cavalieri

2 / La metagenomica evolutiva ed ecologica

Nonostante l'uomo produca da quasi tremila anni bevande fermentate non è ancora chiara l'associazione fra microrganismi e terroir. In una ricerca pubblicata sulla prestigiosa rivista PNAS abbiamo scoperto che i lieviti svernano nell'intestino dei calabroni e delle vespe sociali rappresentando quindi il loro vettore più importante. È sorprendente come il "microbiota" autunnale dei calabroni contenga le stesse specie che si trovano poi all'inizio della fermentazione. A livello genomico, i ceppi di lievito trovati nei calabroni, uve e vini di una determinata vigna, si assomigliano, identificando una biodiversità microbica caratteristica. Gli insetti sociali quindi svolgono un ruolo nel mantenimento della tipicità dei prodotti, in simbiosi con i lieviti caratteristici di quell'area.

Vadim Goremykin

3 / Usare l'evoluzione per interpretare genomi e metagenomi

Il trasferimento dei risultati della ricerca all'innovazione è possibile grazie allo sviluppo della biologia computazionale ed evolutiva. Il lavoro portato avanti dal Centro di Biologia Computazionale su ontologie e sulla ricostruzione dei pathway metabolici apre nuove prospettive nell'integrazione genotipo-fenotipo. Capire l'evoluzione di batteri e piante richiede di individuare quali geni possono essere usati come "orologi molecolari evolutivi". In questa direzione l'attività di ricerca di Vadim Goremykin ha prodotto metodi innovativi per stabilire correttamente la filogenesi di microorganismi e piante, consentendo una migliore classificazione di organismi diversi e la loro relazione con gli ecosistemi che occupano.

1.6

Title

Biostatistica e gestione dei dati

L'avvento delle tecnologie a high throughput e lo sviluppo delle metodologie analitiche hanno dato un forte impulso alle scienze della vita con la produzione di una quantità di dati di gran lunga superiore a quanto avveniva solo pochi anni fa. L'analisi dati, dunque, è divenuta via via più importante per trasformare queste informazioni in conoscenza.

La mission del gruppo di Biostatistica e Gestione Dati è quella di sviluppare nuovi algoritmi per analizzare i dati prodotti dalle varie linee di ricerca attive presso la Fondazione Edmund Mach (FEM). Tale obiettivo è perseguito da un lato svolgendo **ricerca di frontiera nel campo della statistica applicata¹**, dall'altro creando una vasta rete di collaborazioni con gruppi sperimentali attivi sia all'interno della FEM che altrove. Il gruppo si pone inoltre l'obiettivo di promuovere la collaborazione tra attività di laboratorio ed analisi dati organizzando una serie di corsi introduttivi di statistica ed analisi dati. Ciò viene fatto sia per permettere ai ricercatori di svolgere in autonomia la parte iniziale del lavoro di analisi dati, sia per sviluppare un linguaggio comune e stimolare lo scambio di idee e competenze.

Le collaborazioni scientifiche con il Gruppo di Ricerca FEM in Metabolomica rappresentano un buon esempio di come un lavoro di ricerca interdisciplinare possa stimolare la ricerca fondamentale nel campo dell'analisi statistica. In questo contesto si è collaborato nell'implementazione di una **pipeline automatica² di analisi dei dati di Spettrometria di Massa**. Tale sistema si occupa di tutte le fasi del pre-processamento dei dati, della selezione delle features, del controllo di qualità e, infine, dell'annotazione; la pipeline verrà completata nel 2013 e sarà dotata di un'interfaccia web per permettere ai ricercatori di effettuare analisi su dataset complessi in completa autonomia.

Spesso per comprendere a fondo i processi biologici vegetali oltre ad avere una misura globale della concentrazione di un metabolita è necessario poter studiare la distribuzione spaziale dei composti all'interno dei tessuti vegetali. Allo scopo è necessario sviluppare approcci come le **tecniche di Imaging³ basate su Spettrometria di Massa** che siano alternativi

ai metodi di preparazione, spesso distruttivi. Con queste tecniche le immagini non sono ricostruite registrando uno o più colori in corrispondenza di ciascun pixel; in ogni posizione viene invece misurato un intero spettro di massa e ciò fornisce una grande mole di dati con una limitata preparazione del campione.

In collaborazione con la Piattaforma FEM di Isotopi Stabili il gruppo di Biostatistica e Gestione Dati ha supportato lo sviluppo, validazione ed implementazione di una serie di metodi statistici per la verifica delle dichiarazioni di autenticità sulla base delle composizioni elementari e dei rapporti isotopici negli alimenti.

Il gruppo di Ricerca di Analisi e Gestione Dati, oltre a quelle citate, mantiene una serie di altre collaborazioni scientifiche che spaziano da incontri di confronto a corsi di formazione e che si estendono allo sviluppo di web-based tools per l'analisi dati. Le sinergie del gruppo all'interno della Fondazione verranno ulteriormente ampliate con la creazione del Dipartimento di Biologia Computazionale presso FEM.

in short

Gestire i grandi numeri:
la "pipeline" automatica
di analisi dei dati
di spettrometria di massa,
le tecniche di *Imaging*,
le verifiche statistiche di autenticità
dei prodotti alimentari

More

Approfondimenti

Ron Wehrens

1 / Selezione di bio-marcatori

L'individuazione di marcatori molecolari dalle nuove tecnologie-omiche è estremamente difficile a causa dell'enorme numero di variabili misurate contemporaneamente. Per affrontare questi problemi sono stati sviluppati alcuni approcci meta-statistici capaci di selezionare le variabili che maggiormente differiscono tra due classi di campioni. Una prima applicazione ha esteso al caso multivariato l'approccio di "higher criticism", capace di individuare i livelli di significatività più adatti per uno specifico dataset. La seconda applicazione, denominata "stability selection", permette di selezionare i bio-marcatori robusti.

Matthias Scholz

2 / Pipeline automatica per l'analisi di dati metabolomici

Lo sviluppo di un sistema integrato per l'analisi efficace ed automatica di dati metabolomici è indispensabile. In questa prospettiva, il gruppo di ricerca in Biostatistica e Gestione Dati ha implementato una pipeline automatica di analisi dati basata su codice open-source, in stretta collaborazione con l'attività della Piattaforma di Metabolomica FEM. Il sistema integrato di analisi si occupa di tutto il processamento dei dati: dall'analisi delle features sperimentali fino all'annotazione dei risultati. Il software di analisi è installato su una workstation accessibile attraverso una semplice interfaccia web.

Pietro Franceschi

3 / Imaging di metaboliti in Golden Delicious

I polifenoli sono una classe di importanti metaboliti secondari prodotti dalle piante. Accanto alla loro specifica funzione biologica essi sono caratterizzati anche da un elevato valore nutrizionale a causa delle loro proprietà anti-ossidanti. L'uso combinato di avanzate tecniche di spettrometria di massa e di specifici algoritmi di bio-statistica ha consentito di studiare la distribuzione di tali sostanze all'interno di sezioni di mela, permettendo di costruire una serie di "immagini molecolari" che evidenziano la distribuzione di differenti metaboliti nei diversi tessuti del frutto.

Highlights

1 / Svelata l'origine del Pinot bianco e del Pinot grigio

Silvia Vezzulli, Claudio Moser

La famiglia delle cultivar Pinot rappresenta un ottimo modello per studiare le basi genetiche del colore della bacca, dal momento che comprende genotipi altamente uniformi (varianti somatiche) che differiscono per il colore della buccia. Studiando il profilo genetico della regione responsabile per il colore, posizionata sul cromosoma 2, in diversi tessuti di Pinot nero, Pinot grigio e Pinot bianco, siamo stati in grado di identificare e caratterizzare una delezione molto ampia presente in un solo strato di cellule di Pinot grigio. Questo risultato ha messo in luce un nuovo modello evolutivo per la famiglia dei Pinot, secondo il quale il Pinot grigio e il Pinot bianco si sono originati indipendentemente dall'ancestrale Pinot nero.

2 / Lo studio della qualità della mela nell'era della Post-Genomica

Fabrizio Costa

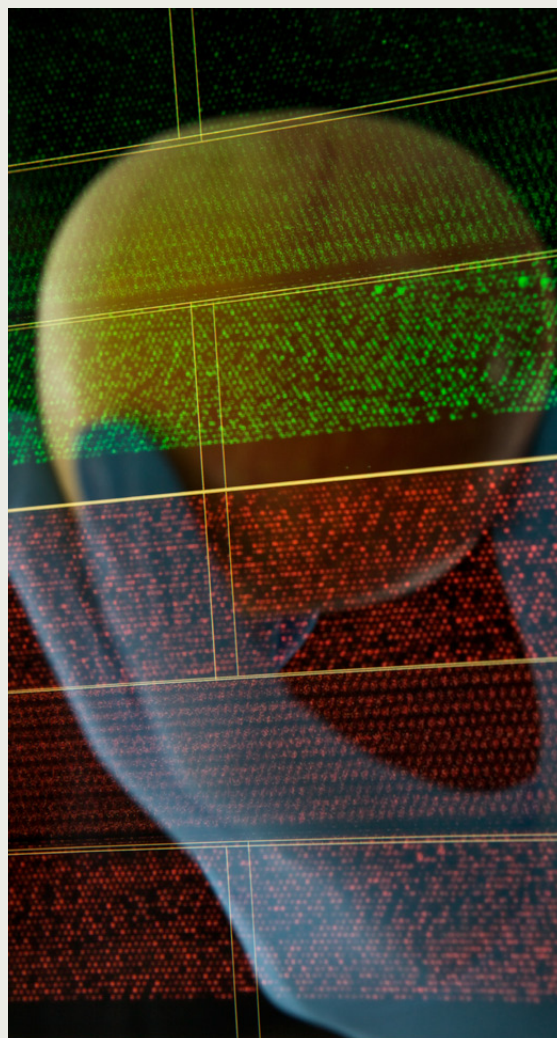
La qualità del frutto è generalmente rappresentata da caratteri a controllo poligenico, e le informazioni rese disponibili dal sequenziamento del genoma di melo costituiscono uno strumento indispensabile per la loro identificazione. Le analisi condotte sul genoma di melo hanno infatti consentito l'identificazione di un gene appartenente alla famiglia delle poligalatturonasi, responsabile della degradazione del complesso polisaccaridico dalla parete cellulare e lamella mediana.

Il risequenziamento dello stesso all'interno di una collezione di varietà di melo ha permesso la definizione di diverse varianti alleliche, e successivi studi di associazione hanno poi individuato gli aplotipi maggiormente associati alla variabilità fenotipica della fruit texture, definendo così un set di marcatori molecolari validi per la selezione anticipata della qualità del frutto. Il medesimo approccio è stato adottato anche per la ricerca di un marcatore associato alla componente aromatica (esteri), altro aspetto fondamentale della qualità della mela. Questi due casi studio sottolineano l'importanza della disponibilità del genoma come strumento necessario per lo sviluppo di marcatori utili al miglioramento genetico per la selezione di nuove accessioni caratterizzate da un'elevata qualità del frutto.

3 / Caratterizzazione delle varianti alleliche all'interno di una collezione varietale per il breeding assistito di melo

Fabrizio Costa

Per rispondere alle attuali esigenze del miglioramento genetico, la disponibilità di un ampio pool genico e l'associazione dei relativi alleli con le varie caratteristiche fenotipiche rappresenta un aspetto di fondamentale importanza. In quest'ottica è stata recentemente allestita un'ampia collezione varietale, appartenenti sia al gruppo delle *Malus x domestica* che al gruppo dei selvatici. Dall'intera collezione sono state considerate al momento circa 600 accessioni, che verranno in un prossimo futuro completamente caratterizzate sia fenotipicamente che genotipicamente.



L'obiettivo principale dell'analisi del fenotipo è lo studio della variabilità presente all'interno della collezione per tutti i caratteri ritenuti interessanti per il miglioramento genetico, dalla resistenza alle principali malattie (ticchiolatura e oidio) alla qualità del frutto (texture, acidi e zuccheri, aromi e dimensioni del frutto). La caratterizzazione molecolare della collezione verrà invece condotta con marcatori SSR e SNP, quest'ultimi testati mediante 20K-SNP, individuati dalle attività di risequenziamento del genoma di alcune varietà di melo. I dati fenotipici saranno infine associati alle varianti alleliche, che verranno in ultimo sfruttate per scegliere preventivamente all'incrocio i genitori potenzialmente più adatti all'ottenimento dell'ideotipo desiderato.

Luca Cappellin

4 / Caratterizzazione rapida e non invasiva dei cloni di mela

La caratterizzazione dei cloni è un problema di assoluta attualità nell'ambito dei brevetti vegetali e dell'applicazione di royalty. L'obiettivo è quello di individuare proprietà reali che differenzino gli individui mutati. Tali differenze possono risiedere nel profilo dei composti volatili emessi dai frutti. Metodi di spettrometria di massa ad iniezione diretta quali il PTR-TOF-MS risultano efficaci per una caratterizzazione rapida e non invasiva dell'emissione volatile. In questo modo è possibile individuare differenze rilevanti nel profilo di emissione di diversi cloni appartenenti a varietà quali per esempio Fuji, Golden Delicious e Gala.



Giulia Malacarne, Michele Perazzoli

5 / Nuova ipotesi sull'evoluzione del genoma di vite

Uno dei principali argomenti di ricerca dell'era post-genomica riguarda la caratterizzazione dei meccanismi che portano all'evoluzione di un genoma. Il nostro studio, pubblicato recentemente sulla rivista PLoS ONE, propone un nuovo modello evolutivo per l'origine del genoma della vite che sarebbe derivato dall'unione di due sub-genomi evolutisi indipendentemente a partire da un progenitore comune. L'ipotesi scaturisce dall'analisi in silico dei meccanismi per la formazione e l'evoluzione di geni di resistenza a dominio NBS. Tale conoscenza rappresenta il punto di partenza per correlare l'evoluzione indipendente dei due sub-genomi con tratti fenotipici di interesse.

Lisa Giacomelli, Claudio Moser

6 / Scoperta una famiglia di geni con potenzialità antimicrobica nella vite

Un'analisi bioinformatica del genoma della vite ha portato all'identificazione di una famiglia di geni "defensin-like" che codificano per piccoli peptidi con possibile funzione antimicrobica. La successiva caratterizzazione di alcuni di questi ha infatti dimostrato che esse hanno attività contro il fungo patogeno *Botrytis cinerea*, responsabile del marciume grigio nella vite. Queste proteine sono altamente espresse nelle infiorescenze e nei vinaccioli e potrebbero avere un ruolo di antibiotici naturali.

Floriana Marin, Alessandro Gretter, Natalja Nemcevicute

7 / Coordinamento FEM per la Sesta Conferenza Mondiale sulle Rosaceae

La prima settimana di ottobre 2012 si è svolta a Mezzocorona la sesta Conferenza Mondiale sulle Rosaceae (RGC6) organizzata dalla Fondazione Edmund Mach. L'evento, strutturato in 10 sessioni con presentazioni orali e poster, ha affrontato temi di studio legati alla genetica, biologia e genomica delle Rosaceae, la famiglia botanica di melo, pero, pesco, albicocco, susino, fragola e lampone. RGC6 è stata una preziosa occasione di confronto tra i principali esperti (più di 200 da tutto il mondo) nel settore. Durante l'evento è stato annunciato l'avvenuto sequenziamento dei genomi di pero e lampone, a cui anche FEM ha contribuito insieme al team di Nuova Zelanda e USA.



Eugenio Aprea

8 / Uso del PTR-ToF-MS per analisi rapida e non-invasiva di marcatori della dieta e delle malattie del fegato

Abbiamo testato le potenzialità del Proton Transfer Reaction - Time of Flight - Mass Spectrometry per il monitoraggio, attraverso l'analisi del respiro (breath analysis), dello stato fisiologico di ratti affetti da steatopatosi indotta dalla dieta (NASH). Nel respiro di questi ratti sono stati individuati diversi marcatori come metanolo, dimetil sulfide, dimetil sulfone e ammoniaca che è stato possibile associare alle condizioni fisiologiche degli animali ed alle interazioni con la dieta (regime iperlipidico e somministrazione di caffè).

9 / Il genoma della fragolina di bosco (*Fragaria vesca*)

La fragolina di bosco possiede svariate caratteristiche che la rendono un modello ideale per la ricerca sulle piante perenni. Una di esse è il suo genoma di piccole dimensioni, altamente omozigote e relativamente privo di regioni ripetute di DNA. Un team internazionale in cui gli scienziati FEM hanno giocato un ruolo significativo ha sequenziato il genoma di *F. vesca* varietà 'Hawaii 4'. Il genoma della fragola di bosco è stato sequenziato con tecnologie di seconda generazione, un fatto importante che rende l'intero progetto un riferimento per la genomica vegetale. La disponibilità delle sequenze del genoma ha accelerato lo studio delle regioni geniche, rendendo possibile lo sviluppo di markers, l'analisi genetica funzionale e la genomica comparativa. La sequenza genomica, pubblicata sulla rivista *Nature Genetics*, sarà inoltre di supporto per comprendere il genoma della fragola coltivata portando al miglioramento delle varietà di fragole commerciali.

**10 /** Sviluppo di una mappa di riferimento basata su SNP ad alta resa per il lampone

Gli avanzamenti nelle tecniche di sequenziamento hanno reso possibile la genotipizzazione ad alta resa con la possibilità di ri-sequenziamento per organismi che non disponevano di sequenza genica. Attraverso l'uso del protocollo di Elshire et al (2011), I ricercatori FEM in collaborazione con i colleghi degli USA hanno sviluppato una mappatura genetica basata su SNP per la progenie del lampone rosso costituita da 6.912 marcatori che costituisce la più completa mappatura ad oggi sviluppata per una specie della famiglia delle Rosaceae. Poiché ogni marcatore SNP è caratterizzato rispetto all'intera sequenza, sarà possibile utilizzare la mappa di linkage genetico nell'assemblamento e ancoraggio del genoma di lampone rosso.

11 / Convegno internazionale sulla *Drosophila suzukii* in Europa

Il 2 dicembre 2011 oltre 180 persone hanno partecipato al convegno internazionale "*Drosophila suzukii*: new threat for European fruit production" organizzato da FEM a Trento. L'incontro è stato una occasione unica per scambiare informazioni sulla diffusione e l'impatto di questo nuovo fitofago in Europa e per elaborare strategie per il futuro. Hanno partecipato ricercatori, produttori e rappresentanti di istituzioni locali da diversi paesi europei. È emerso come sia necessario organizzare una rete coordinata di collaborazioni, poiché *D. suzukii* si sta rapidamente diffondendo in tutta Europa e danni rilevanti sono riportati nella maggior parte dei paesi. Durante l'incontro sono stati presentati i più recenti avanzamenti nella ricerca su *D. suzukii* ed identificati i settori più importanti per gli studi futuri.

Omar Rota Stabelli

12 / Il genoma della *Drosophila suzukii*

Un team multidisciplinare del CRI, coordinato dal laboratorio di Chimica Ecologia del DASB, ha sequenziato il genoma della *Drosophila suzukii*. Il genoma è stato presentato alla stampa il 3 luglio 2011 alla presenza del Presidente della Provincia autonoma di Trento ed è stato reso pubblico alla comunità scientifica subito dopo il sequenziamento per accelerare la ricerca internazionale ed aumentare le possibilità di trovare rapidamente strumenti di controlli alternativi. L'analisi del genoma ha confermato che *D. suzukii* effettua una pausa riproduttiva invernale e che nel corso della sua evoluzione ha sviluppato un adattamento genetico ai climi temperati come quello Trentino. Il genoma getta le basi di varie linee di ricerca in corso al CRI.



Giovanna Carpi

13 / Sequenziamento del genoma e microbioma del vettore della malattia di Lyme in Europa

Si è concluso il progetto GENOTICK mirato all'analisi genomica della zecca *Ixodes ricinus*, sviluppato e coordinato da FEM (Dr. Giovanna Carpi) e finanziato all'interno del programma europeo *Marie Curie Action/Outgoing Cofund* Trentino. La sinergica applicazione di avanzate tecniche di sequenziamento e analisi computazionali realizzate in collaborazione con un consorzio internazionale di Università in Nord America e Singapore hanno permesso di ottenere risultati senza precedenti relativi al complesso e

ampio genoma di un vettore di tale rilevanza sanitaria. Tra i risultati conseguiti, il sequenziamento completo del genoma mitocondriale di 23 individui, la sequenza del genome nucleare, l'identificazione di 2 milioni di marker genomici (tipo SNPs) e l'identificazione del microbiota colonizzante *I. ricinus*. Questi risultati sono il primo contributo nella comprensione dell'evoluzione e della variabilità e stratificazione di popolazioni di *I. ricinus* mediante indagini genomiche, fornendo cruciali informazioni necessarie allo sviluppo di strategie di controllo di tale parassita.

Lukasz Grzeskowiak

14/ Azione COST FA1003 "GRAPENET"

Il gruppo di Genomica Applicata alla Vite partecipa attivamente all'azione COST FA1003, con l'obiettivo di sviluppare sinergie tra ricercatori dell'Europa occidentale e orientale, condividendo esperienze, responsabilità, informazioni e materiali al fine di aumentare l'impatto delle ricerche condotte da ciascun partner e favorire lo sviluppo di aree di ricerca innovative e di iniziative di conservazione a lungo termine. Scopo finale della collaborazione Est-Ovest sarà la mobilitazione di caratteri adattativi della vite per il miglioramento genetico delle varietà e l'uso sostenibile della specie.

Paolo Martinatti, Lara Giongo

15/ Progetto Liste Varietali Fragola (Mipaaf)

All'iniziativa ministeriale FEM-CRI aderisce dal 2009 con un'Unità Operativa nella sede di Pergine, che ha raggiunto la piena operatività con la concretizzazione di alcuni impianti-collezione. Questi permettono di monitorare il ciclo vegeto-produttivo delle piante di fragola, da vivaio a produzione, standardizzato per la tecnica colturale fuori suolo. Varietà e selezioni avanzate dei principali programmi di breeding nazionali ed internazionali vengono testate per parametri quali-quantitativi. I risultati, comparati alle altre unità operanti in Italia, sono annualmente presentati per ciascuna in meeting nazionali ed internazionali. Le indicazioni e gli scambi di conoscenze derivanti sono funzionali all'acquisizione e caratterizzazione di nuovi materiali genetici per FEM e sono stimolo per l'innovazione aziendale locale.

Lara Giongo

16/ Breeding di mirtillo e lampone

I programmi di breeding di mirtillo e lampone di FEM stanno negli anni iniziando a produrre selezioni avanzate interessanti. Entrambi sono integrati con programmi di genomica, volti all'identificazione di geni connessi con diversi tratti desiderabili e finalizzati allo sviluppo di marcatori molecolari. Per quanto riguarda il mirtillo (*Vaccinium* spp.) una prima fase di programma ha avuto come obiettivo l'ampiamiento della base genetica e gene pool disponibile. La selezione di linee d'élite, sia interspecifiche, sia intraspecifiche ha permesso di ottenere linee avanzate per il fresco e per diversi utilizzi di prodotto. Nel caso del lampone (*Rubus* spp.) l'attività si è focalizzata sulla produzione di linee con frutti di qualità nel rifiorante e di linee d'élite da ibridazione interspecifica con diversi obiettivi.

Lara Giongo, Paolo Loretto, Paula Poncetta, Paolo Martinatti, Marco Fontanari, Marcella Grisenti, Matteo Ajelli, Fabrizio Costa, Dan Sargent

17/ La qualità in piccoli frutti e fragola

La qualità in piccoli frutti e fragola è ciò che determina un carattere distintivo o identificativo della varietà ed ha un ruolo cruciale nell'apprezzamento di quello specifico frutto. In queste specie in particolare essa influenza fortemente l'accettabilità da parte dei consumatori, ma influenza anche pesantemente il post raccolta o utilizzi di trasformazione che si intendano per un prodotto. Per poter migliorare la qualità con il miglioramento genetico è quindi necessario riuscire ad ottenere profili di caratterizzazione più precisi ed informativi possibile dei diversi frutti delle differenti varietà e specie del germoplasma disponibile. Nel corso del 2011, si è ampliata l'informazione in particolare sulla texture di mirtillo e fragola, quale tratto fondamentale, insieme a parametri organolettici e biochimici, utile a poter caratterizzare al meglio la qualità del frutto e porre inoltre le basi per sviluppare marcatori molecolari.

Paula Poncetta, Lara Giongo

18/ Conservazione e micropropagazione di piccoli frutti e fragola

Presso FEM è disponibile una collezione di germoplasma di circa 1.200 accessioni dei generi *Rubus*, *Vaccinium*, *Ribes*, *Fragaria*, *Prunus* ed altre specie minori. Cultivar tradizionali, selezioni avanzate e selezioni selvatiche forniscono una risorsa importante sia per il miglioramento genetico sia per la salvaguardia della diversità genetica. La collezione di germoplasma ha finalità di conservazione e di utilizzo nello sviluppo del breeding e di marcatori molecolari, in particolare utili alla MAS. Diverse tecniche di propagazione e micropropagazione vengono testate ed utilizzate per ottimizzare il mantenimento del germoplasma ed implementare costantemente i protocolli specifici per il miglioramento genetico.

Paolo Martinatti, Paolo Zucchi, Lara Giongo

19/ Modellizzazione fenologica della pianta di fragola

Lo studio integrato CRI-CCT si svolge all'interno di un progetto di analisi dell'architettura e biologia florale ai fini della comprensione dei punti chiave del fenomeno di differenziazione a fiore e di estrinsecazione del potenziale produttivo in piante di fragola. Si vuol verificare la possibilità di classificare le piante sulla base di similitudini morfologiche e fisiologiche intrinseche. Successivamente, il rilievo dei parametri ambientali e l'analisi architetture permetterà la creazione e l'implementazione di modelli matematici predittivi di intervalli e punti critici fenologici. Ne deriva la possibilità di manipolare i cicli vegeto-riproduttivi della pianta.

OUR NATURAL CAPITAL /

NON ESISTE PIÙ
LA SINGOLA
AZIENDA, MA
UN AGRO-ECOSISTEMA
LOCALE COME PARTE
DELLA COMUNITÀ
GLOBALE

part_2

Ilaria Pertot, Heidi C. Hauffe

La biodiversità e lo sviluppo sostenibile

Il mondo di domani sarà il risultato degli investimenti di oggi. Con una popolazione sempre più numerosa ed un consumo di risorse che non ha avuto eguali nella storia dell'umanità, l'unico futuro possibile per la Terra è costituito dalla protezione dell'ambiente naturale e dall'uso sostenibile delle biorisorse. La sostenibilità si basa su un principio essenziale: i bisogni del presente devono essere perseguiti senza compromettere il benessere delle future generazioni. L'attività umana deve saper conciliare la salvaguardia dell'ambiente, il valore reale delle risorse sfruttate, la profittabilità economica e l'equità sociale. Solo l'uso responsabile delle risorse potrà quindi garantire che il capitale naturale - costituito da acqua, aria e suolo e dalle forme viventi che popolano e interagiscono in questi ambienti - possa essere lasciato in eredità a chi ci seguirà.

La biodiversità naturale è essenziale per la stabilità degli ecosistemi, il mantenimento della salute umana, la resistenza contro malattie sia degli animali che delle piante, e la resilienza ai cambiamenti globali, mitigando gli effetti di calamità naturali e di attività umane. Inoltre la biodiversità rappresenta per l'economia globale un capitale naturale di diverse centinaia di miliardi di euro che si concretizza nei cosiddetti servizi ecosistemici, (dall'inglese '*ecosystem services*'), quali ad esempio l'impollinazione, la fertilità del suolo e la qualità dell'acqua. La biodiversità costituisce anche un immenso patrimonio: le centinaia di migliaia di specie e geni rappresentano una miniera pressoché inesauribile per l'allevamento, la produzione agraria e forestale, le biotecnologie, l'industria farmaceutica ed il commercio mondiale.

La biodiversità contribuisce dunque in modo sostanziale alla sostenibilità delle attività umane. Essa è una delle maggiori priorità in Europa sia per mantenere i servizi ecosistemici, che i posti di lavoro. Nella Provincia autonoma di Trento non solo l'agricoltura, ma anche il turismo sono ancora dipendenti da ecosistemi naturali intatti e, di conseguenza, sarà cruciale agire al fine di preservarne l'integrità. I turisti scelgono il Trentino per l'offerta di vacanze attive in un ambiente naturale intatto e sono attratti da esperienze di 'ecoturismo' ed 'agriturismo' che offrono prodotti agricoli locali. L'agricoltura inoltre presidia da secoli il territorio contribuendo alla sua conservazione e miglioramento. Le richieste del mercato globale e la velocizzazione dei mutamenti economici e sociali potrebbero spingere a un uso indiscriminato delle risorse e dell'ambiente. Infatti, negli ultimi decenni la biodiversità si sta riducendo con tassi mai registrati prima, principalmente a causa del cambiamento climatico e delle attività umane. I rapidi cambiamenti si ripercuotono anche sulle comunità animali, vegetali e microbiche delle Alpi.

Per crescere in modo sostenibile e affrontare le sfide del mercato sarà necessaria conoscere, misurare e valorizzare la biodiversità ed avere una visione di sistema. Non esiste più la singola azienda, ma un agro-ecosistema locale come parte della comunità globale. Solo una conoscenza approfondita degli ecosistemi e dell'effetto delle pratiche umane potrà garantire una scelta consapevole e la valorizzazione del capitale naturale.

2.1

Title

La collezione varietale della FEM per conservare e utilizzare la biodiversità della vite

Conoscere il livello e la struttura della variabilità genetica nelle collezioni di germoplasma è molto importante per la conservazione e l'utilizzo della biodiversità delle piante. Lo è in modo particolare per le specie agrarie, nei confronti delle quali esiste una sempre maggiore aspettativa di novità da parte del mondo produttivo e dei consumatori.

La collezione di vite mantenuta presso la Fondazione Edmund Mach è nata nel secolo scorso come nucleo di vitigni d'interesse locale. Si è sviluppata nel tempo grazie all'introduzione di varietà italiane e internazionali, individui di vite selvatica europea, portinnesti e ibridi generati dai programmi internazionali di breeding post-fillosserici. Nella collezione sono catalogate circa 3.000 accessioni, ma questo numero da solo non è indicativo del contenuto della collezione. Occorre fare una valutazione della diversità di fenotipi e genotipi effettivamente presente. La scarsità d'informazioni diverse dal nome delle accessioni o dalla loro provenienza si traduce in un limitato utilizzo delle risorse genetiche e, in particolare, nella mancata considerazione del germoplasma come fonte di caratteri per il miglioramento genetico delle cultivar.

Per rendere più accessibile e utile la diversità genetica della vite conservata nella collezione FEM, negli ultimi anni è stata condotta un'estesa indagine con marcatori del DNA genomico (22 SSR e 384 SNP) su circa 2.300 accessioni. Queste sono state valutate anche per l'epoca di invaiatura come primo descrittore della variabilità di comportamento dei diversi vitigni nello stesso ambiente.

Lo studio ha permesso di stabilire che nella collezione esistono molte duplicazioni delle stesse cultivar, ma anche interessanti casi di accessioni che pur condividendo un identico background genetico presentano differenze di fenotipo e potrebbero costituire delle **varianti somatiche**¹. Nonostante l'alto livello di ridondanza della collezione (oltre il 50%), la variabilità genetica misurata in termini di eterozigosi attesa è risultata piuttosto elevata e comparabile con quella di altri grandi repository internazionali, a conferma

che nella vite molta diversità può essere ancora esplorata. Il database sviluppato con questo studio può giocare un ruolo importante nell'identificazione di genotipi con tratti genetici utili ai programmi di breeding. Per facilitare l'accesso a questo serbatoio di risorse genetiche, i dati molecolari sono stati utilizzati per definire **core collection**² che racchiudono un'ampia porzione della diversità e per approfondire i livelli di stratificazione presenti nell'intera popolazione di accessioni. Si è visto, per esempio, che una prima suddivisione riesce facilmente a distinguere le *Vitis vinifera* dalle *Vitis non-vinifera*, e che successivamente si ottiene una distinzione all'interno delle *vinifera* in viti selvatiche (*V. sylvestris*) e coltivate. Tra queste ultime, è chiaramente evidenziato come i vitigni raggruppino in accordo con la loro origine eco-geografica.

in short

L'elevata variabilità genetica riscontrata, indica che nella vite molta diversità può essere ancora esplorata



More

Approfondimenti

Laura Costantini

1 / Varianti somatiche

La variazione somatica è il risultato dell'accumulo di alterazioni genetiche o epigenetiche in uno strato cellulare a partire da una singola cellula. Costituisce un'importante fonte di variazione fenotipica, che può essere fissata in piante a propagazione vegetativa come la vite e che è alla base del miglioramento genetico via selezione clonale e della comprensione della funzione biologica dei geni. All'interno della collezione FEM sono state identificate parecchie varianti somatiche per tratti vegetativi, riproduttivi e di qualità del frutto, come la dimensione dell'acino, il colore, il contenuto di metaboliti e semi, l'epoca di maturazione.

Silvia Lorenzi, Paula Moreno-Sanz

2 / Core collections

Per facilitare l'accesso alle risorse genetiche è stato individuato un ristretto numero di genotipi che rappresentano la variabilità tra individui dell'intera collezione. Sono state costruite delle core collection genetiche massimizzando la diversità allelica tra accessioni di *V. vinifera* sulla base di 22 marcatori SSR. Cinquantotto cultivar (core G-58) sono risultate sufficienti per catturare tutti i 274 alleli presenti in più dello 0,5% dei campioni analizzati. La core G-58 è stata poi utilizzata per definire una core genetica contenente il 100% dei diversi alleli (362) in una dimensione ottimale di 110 individui.

2.2

Title

Risorse acquatiche alpine:
ricerca ecologica e utilizzo sostenibile

La biodiversità e la qualità delle acque nei corpi lacustri e fluviali delle regioni alpine e subalpine sono fortemente condizionate dalle attività umane nei bacini idrografici e dai cambiamenti climatici. I ricercatori del gruppo di ricerca Limnologia ed Ecologia Fluviale e della piattaforma Idrochimica studiano i cambiamenti a livello ecosistemico e di popolazioni, il loro impatto sull'utilizzabilità delle risorse acquatiche, le misure di mitigazione degli effetti e le possibili attività di ripristino.

Gli effetti delle alterazioni dei regimi termici e idrologici sulla fauna acquatica sono stati valutati in diversi corsi d'acqua. Nell'alto Noce sono in corso studi per la definizione delle caratteristiche eco-idrauliche finalizzate alla proposta di interventi di riqualificazione ambientale. È stata mappata la distribuzione attuale e storica del gambero indigeno *Austropotamobius italicus*-complex e dell'invasivo americano *Orconectes limosus*. Ceppi della specie indigena sono studiati con tecniche di biologia molecolare per sostenere progetti di reintroduzione. La biodiversità e biogeografia di crostacei specializzati di acque sotterranee italiane ed extraeuropee è stata studiata con descrizione di nuove specie e generi.

Nel 2012 il Lago di Tovel, studiato da S. Michele dal 1973, è diventato ufficialmente sito di ricerca LTER-Italia (Long Term Ecological Research). Gli studi sono rivolti ai cambiamenti climatici e ai processi fisici del lago e, a cascata, alla comunità planctonica e a tutto l'ecosistema lago. Le ricerche in campo vengono arricchite da studi fisiologici su alghe adattate alle basse temperature. Inoltre, con l'ausilio di tecniche molecolari, si cerca di capire la biodiversità nascosta nelle specie 'criptiche' sia nel lago sia nei laghi regionali utilizzando come modello i **rotiferi**¹ del genere *Synchaeta*.

Nel Garda e nei grandi laghi a sud delle Alpi le indagini LTER hanno documentato una stretta connessione tra eutrofizzazione, fluttuazioni climatiche a scala annuale/decennale e struttura delle comunità planctoniche. Studi recenti hanno evidenziato uno stretto legame tra modi di circolazione

atmosferica rilevanti per l'area mediterranea (East Atlantic pattern, Eastern Mediterranean Pattern) e lo sviluppo di organismi algali in grado di svilupparsi con ceppi tossici (**cianobatteri**²). L'impatto è mediato dalle dinamiche di mescolamento delle acque profonde e dalla conseguente fertilizzazione delle acque superficiali.

La diversità e le concentrazioni dei metaboliti tossici presenti nei cianobatteri sono valutate con tecniche di Cromatografia Liquida/Spettrometria di Massa (LC/MS). I metodi sono in grado di rilevare un ampio spettro di cianotossine, fornendo informazioni sull'impatto negativo dei cianobatteri sulla qualità delle acque destinate a uso potabile e ricreativo. A livello ecosistemico gli studi sono completati da sperimentazioni sul trasferimento delle cianotossine lungo le reti trofiche, inclusi pesci di elevato interesse commerciale (coregoni).

L'estensione dei dati LTER spesso non fornisce la prospettiva necessaria per affrontare i complessi effetti dovuti all'impatto antropico e al cambiamento climatico. I proxy geochimici e biologici conservati nei sedimenti lacustri offrono informazioni supplementari per la ricostruzione dell'evoluzione ecologica a scala secolare. Le ricerche paleolimnologiche riguardano la definizione di vulnerabilità e uso sostenibile di grandi laghi europei, l'impatto dello scioglimento del **permafrost alpino**³ e la definizione delle condizioni di riferimento di laghi trentini (tra cui Garda e Ledro).

in short

Due laghi trentini
nella rete "Long Term Ecological Research",
l'eutrofizzazione,
i cianobatteri tossici,
lo studio del passato
dai sedimenti lacustri

More

Approfondimenti

Ulrike Obertegger, Giovanna Flaim

1 / L'uso del "guild ratio" per caratterizzare le comunità di rotiferi

Rotiferi, una componente importante dello zooplancton dei laghi, hanno diversi tipi di *trophs*, e ancora poco si sa sul ruolo che essi rivestono per le dinamiche di comunità. Collaborando con il Ripon College (USA), si è applicato l'approccio innovativo del "guild ratio" per indagare le dinamiche di comunità ed evidenziare le leggi generali di assemblaggio di comunità. Esso consiste nel classificare i rotiferi in raptori e microfagi, considerando l'aspetto funzionale dell'acquisizione del cibo. Dallo studio è risultato che nei laghi di Caldonazzo (IT) e di Washington (USA) i rotiferi raptori e microfagi si alternano con una sovrapposizione dei microfagi con i concorrenti diretti dei rotiferi, i cladoceri.

Nico Salmaso, Shiva Shams, Jayant Ranjan, Adriano Boscaini, Leonardo Cerasino

2 / Un approccio multidisciplinare per lo studio degli impatti antropici e dei cambiamenti climatici sui laghi trentini

I progetti EULAKES (EU, Central Europe Programme) e LEDRO (PAT) studiano l'impatto di microalghe tossiche (cianobatteri) nei laghi Garda e Ledro. Le ricerche ecologiche – volte all'individuazione dei fattori che favoriscono lo sviluppo di cianobatteri – sono state affiancate da studi molecolari finalizzati ad approfondire la criptodiversità delle specie dominanti (*Planktothrix rubescens*) e ad analizzare l'impatto delle cianotossine sulle reti trofiche. Nel Garda, ambiente oligotrofo, i risultati indicano un trasferimento trascurabile di epatotossine lungo la catena alimentare. Dal 2012 la ricerca è inserita anche nel progetto CyanoCost (EU, COST).

Monica Tolotti, Manuela Milan

3 / Permafrost e laghi alpini

Il progetto Interreg IV Permaqua (2011-2014) studia gli effetti del progressivo scioglimento del permafrost alpino (diffuso sulle Alpi sopra i 2500 m) su biodiversità e funzionalità delle biocenosi acquatiche in Nord e Sud-Tirolo. Le acque di scioglimento di permafrost possono contenere alte concentrazioni di metalli pesanti (Ni, Al), talvolta superiori ai limiti per l'utilizzo potabile. Indagini paleolimnologiche di laghi alpini alimentati da permafrost permetteranno la ricostruzione a scala secolare delle dinamiche idrologiche e degli effetti del rilascio di metalli pesanti in relazione alla variabilità climatica.



2.3

Title

La conservazione della biodiversità genetica

Con l'aumento dell'interesse per le tematiche ambientali, il termine biodiversità è ormai di uso comune. Nell'opinione pubblica il concetto di biodiversità è generalmente associato alle diverse specie che si possono osservare o comunque censire in un determinato contesto geografico. Alla Convenzione sulla Diversità Biologica del 1992 a Rio molte nazioni hanno raggiunto un importante accordo su cosa debba effettivamente intendersi per biodiversità. La diversità biologica che si esplica fra tutti gli organismi viventi su tre livelli: diversità genetica, diversità fra specie e diversità fra ecosistemi. Gli ultimi due sono aspetti macroscopici: molte specie differenti in habitat fra loro diversi. La diversità genetica entro ciascuna specie non si può, invece, vedere ad occhio nudo. La sua importanza è subito evidente quando consideriamo che l'insieme delle specie e degli ecosistemi attuali è il risultato del lungo cammino dell'evoluzione, a partire dalla comparsa della vita sulla Terra, oltre circa 3,5 miliardi di anni fa. Grazie a Darwin prima e alle ripetute conferme scientifiche poi, sappiamo che ci può essere evoluzione solo in presenza di variabilità genetica fra gli individui di una specie. La selezione naturale è appunto un processo di scelta ed essa agisce proprio sul materiale ereditario di ogni individuo. Semplificando, potremmo dire che una specie evolve solo se al suo interno esiste sufficiente diversità genetica con cui fronteggiare i futuri cambiamenti ambientali. Inserendo la diversità genetica nella definizione di biodiversità si introduce, quindi, un'importante valutazione sul potenziale evolutivo delle specie. Questo ha importanti conseguenze nel pianificare le priorità da assegnare nelle azioni di conservazione della natura. Di fronte alla scarsità di risorse, la stima della diversità genetica fa meglio orientare le nostre scelte. Sappiamo, infatti, che una popolazione con ridotta variabilità genetica vede aumentare i rischi connessi con l'accoppiamento fra consanguinei, quali l'insorgenza di malattie ereditarie, ed è inoltre più sensibile all'azione della deriva genetica - la variazione casuale nella frequenza di alcune varianti del materiale ereditario - che, se protratta nel tempo, porta ad un'ulteriore riduzione della diversità. L'effetto finale è che le popolazioni con ridotta variabilità genetica, soprattutto se isolate,

possono presto, in termini di tempi evolutivi, divenire di dimensioni così piccole da rischiare l'estinzione. Per misurare la diversità genetica dobbiamo leggere in laboratorio alcuni tratti del DNA dei singoli individui di una specie e popolazione. Se un tempo questo era possibile solo disponendo di quantità discrete di tessuto biologico, di fatto impossibili da reperire senza, ad esempio, catturare l'animale, oggi la lettura del DNA può esser fatta dai pochi peli rinvenuti sul terreno, dalle feci, urine, piccoli frammenti di foglia. Animali elusivi e rari, **piante in serio pericolo di estinzione**¹ possono così essere caratterizzati a livello genetico, e in alcuni casi, grazie alle più recenti innovazioni tecnologiche, a livello dell'intero genoma. Nel CRI da anni vengono condotti **studi mirati**² alla stima e conservazione della biodiversità genetica in specie di piante ed **animali selvatici**³ che possono darci importanti indicazioni sugli ecosistemi montani, soprattutto in relazione ai cambiamenti climatici e dell'uso del suolo.

in short

Una specie evolve
solo se ha abbastanza
diversità genetica
per far fronte
a futuri cambiamenti ambientali

More

Approfondimenti

Claudio Varotto

1 / Archivio del DNA della flora del Trentino

Al fine di costituire un archivio di riferimento per l'identificazione delle specie di piante della regione, abbiamo raccolto in collaborazione con il Museo Civico di Rovereto alcune centinaia di specie di piante del Trentino e sequenziato i geni *rbcl* e *matK* per usarli come "codici a barre" basati sul DNA. Una volta completato, questo largo archivio costituirà una preziosa risorsa per la conservazione e la gestione della flora selvatica e potenzialmente anche per la certificazione di svariati prodotti commerciali derivati da piante selvatiche.

Cristiano Vernesi

2 / ConGRESS- Conservation Genetic Resources for Effective Species Survival

Il CRI è uno dei 14 partner europei del progetto triennale (2010-2013) EU FP7 ConGRESS. Con una serie di strumenti web, si vuole far conoscere a tutti coloro impegnati nella gestione delle risorse naturali le potenzialità delle analisi genetiche. Il riconoscimento delle specie, lo studio della connettività, l'identificazione degli ibridi sono solo alcuni dei casi in cui la genetica risulta determinante. ConGRESS mira a creare in Europa una comunità di ricercatori e professionisti della conservazione capace anche di far pressione perché la stima della diversità genetica sia inserita a pieno titolo nelle politiche comunitarie.

Barbara Crestanello

3 / Il progetto Gallo cedrone

I tetraonidi, uccelli terricoli caratteristici dell'ecosistema alpino, sono oggi minacciati dai cambiamenti d'uso del suolo, del clima e dal disturbo antropico. La loro presenza deve essere salvaguardata mediante un'attenta e costante gestione. Il DNA estratto da piume ed escrementi raccolti nelle arene di canto può essere importante per capire di più su queste creature sfuggenti. La "genetica di conservazione" contribuisce, tra l'altro, in modo decisivo alla conoscenza delle dimensioni delle loro popolazioni, del tasso di dispersione e del numero dei riproduttori. I dati che stiamo raccogliendo su pernice bianca, gallo forcello e cedrone saranno fondamentali per la gestione e l'uso sostenibile di queste specie.

2.4

Title

Biodiversità e salute

Secondo una definizione dell'Organizzazione Mondiale della Sanità, la salute è uno "Stato di benessere fisico, mentale e sociale non solo associato ad assenza di malattia o infermità". È una condizione quindi che dipende fortemente dallo stato di benessere e dalle condizioni di vita di ogni singolo essere vivente. Ne consegue che la salute umana, la salute animale, la salute delle piante e la salute ambientale sono fortemente interconnesse (One-Health), ed ogni perturbazione di una di esse produce delle conseguenze su tutte le altre. Un esempio in tal senso è fornito dalle relazioni esistenti tra perdita di biodiversità e salute umana e animale. La biodiversità di fatto svolge una funzione importante come, ad esempio, quella di mitigare la diffusione di malattie trasmissibili. Molti esempi in tal senso sono forniti dai patogeni e parassiti delle piante di interesse agronomico. Il numero di esempi risulta crescente anche nel caso dei patogeni di interesse medico e veterinario. Nel corso degli ultimi 50 anni infatti, il numero di eventi epidemici da microorganismi zoonotici (micro-organismi di origine animale che possono causare anche malattia umana) sono notevolmente aumentati e, sorprendentemente, soprattutto nei paesi più sviluppati. Tra esse si annoverano le malattie trasmesse da roditori (Hantavirus, Harenavirus) e le malattie da vettori. Stiamo dimostrando ad esempio, anche attraverso lo sviluppo di **modelli epidemiologici**¹, come alcune malattie abbiano potuto aumentare notevolmente di incidenza non solo in Europa, ma anche in Italia ed in Trentino. Tra le malattie trasmesse dalla zecca del bosco, oltre alla Borreliosi di Lyme e all'encefalite virale (TBE) che abbiamo studiato in passato, ci stiamo ora occupando dell'anaplasmosi, una malattia causata dall'*Anaplasma phagocytophilum* che colpisce sia gli animali domestici - come cani, cavalli e ruminanti (febbre da pascolo) - sia l'uomo. Questo batterio risulta molto diffuso nelle zecche, ma anche in tutti gli animali domestici e selvatici che stiamo analizzando. Attraverso **studi avanzati di biologia molecolare**², stiamo osservando come la variabilità genetica di questo batterio sia molto elevata, con ceppi diversi che si trovano ad esempio nei cervi e caprioli (di cui stiamo studiando con metodi innovativi

il comportamento; **progetto BIO-LOGGING**³), nei roditori selvatici (**Progetto ROCOALPS**⁴), negli uccelli nei cani e nelle pecore. Il nostro obiettivo è ora quello di analizzare le relazioni tra la variabilità genetica di questo batterio, diversità e comportamento di specie chiave necessarie allo sviluppo della zecca, ed il rischio di malattia con ceppi selvatici per gli animali al pascolo e per l'uomo. Un altro gruppo di malattie che stiamo studiando sia a livello europeo che regionale sono le malattie trasmesse dalle zanzare. Tra esse, la febbre del Nilo occidentale, causata da un virus (West Nile virus), risulta particolarmente preoccupante. Il virus, di origine africana, è implicato in una serie di epidemie che si stanno manifestando con frequenza crescente in molte regioni europee, tra cui l'Italia settentrionale. Oltre all'uomo, i cavalli risultano particolarmente suscettibili. Il virus, trasmesso soprattutto da zanzare infette, provoca un'infiammazione del sistema nervoso con esiti gravi e potenzialmente fatali. In Italia la malattia ha debilitato migliaia di cavalli, con un notevole tasso di mortalità. Come nel caso di numerose infezioni virali, non esiste cura specifica per la malattia ma i singoli cavalli possono essere protetti mediante la vaccinazione. Per proteggere invece le persone è attualmente in fase di studio un vaccino specifico. I progetti di ricerca in corso su questo tema sono co-finanziati dalla Comunità Europea (progetto EDENext www.edenext.eu, progetto Eurowestnile www.eurowestnile.org) e dalla Provincia autonoma di Trento (Progetto RocoAlps).

in short

Modelli epidemiologici
per studiare la diffusione
di malattie infettive
dalla diffusione
dei microorganismi zoonotici



More

Approfondimenti

Roberto Rosà

1 / Modelli epidemiologici

I modelli sono descrizioni matematiche di processi reali. In particolare, i modelli epidemiologici descrivono la diffusione di malattie infettive in popolazioni umane e animali e sono particolarmente utili per rispondere a specifici quesiti epidemiologici, oltre a costruire e testare ipotesi. Questi modelli possono essere usati per pianificare, valutare e ottimizzare diverse strategie di prevenzione e controllo di malattie. La modellistica epidemiologica può fornire un contributo importante nella fase di analisi delle indagini epidemiologiche, nel suggerire quali dati raccogliere sul campo, nel fare previsioni e nel valutarne l'accuratezza.

Giovanna Carpi

2 / Microbioma di artropodi vettori

La metagenomica è un settore di ricerca in rapida crescita mirato allo studio diretto di comunità microbiche senza la previa coltivazione dei microrganismi in laboratorio e rivolto all'identificazione del genoma collettivo dei batteri costituenti il microbiota di un organismo, che prende il nome di microbioma. L'avvento di metodi avanzati di sequenziamento di DNA ha consentito lo studio del microbioma di artropodi vettori, come le zecche (Progetto GENOTICK), per meglio comprendere la diversità microbica da un punto di vista tassonomico, funzionale, e di identificare la complessità delle interazioni microbiche. L'obiettivo ultimo è quello di elucidare il ruolo del microbioma sul fenotipo del vettore e sulle dinamiche di trasmissione delle malattie.

Francesca Cagnacci, Federico Ossi

3 / Biologging: capire gli animali e il loro ambiente

Il *biologging* è un recente campo di indagine interdisciplinare basato su informazioni originate da piattaforme multisensore con cui sono marcati singoli animali. In quanto tale, è al confine tra la tecnologia hardware, l'informatica e diverse discipline biologiche, tra cui la fisiologia, le scienze comportamentali e l'ecologia. FEM/ CRI è all'avanguardia nell'innovazione relativa al *biologging*: il DBEM/ Gruppo di Ecologia Animale, in collaborazione con l'Università di Trento (DISI) e la Fondazione Bruno Kessler (ESU), sta testando l'applicazione di reti di sensori wireless (WSN) per rilevare variabili ambientali e contatti tra animali.

Adam Konecny

4 / Il progetto ROCOALPS

Il progetto triennale ROCOALPS: "Comunità di roditori in un ambiente che cambia: implicazioni per la salute umana nelle Alpi" ha l'obiettivo di capire come la biodiversità delle comunità di piccoli mammiferi venga influenzata dal disturbo causato dall'uomo e come ciò si colleghi con la circolazione di virus trasmessi dai roditori. I dati ecologici utilizzati per fare modelli matematici sulla dinamica delle malattie sono stati ottenuti tramite campionamenti condotti negli ambienti più rappresentativi del Trentino (boschi a diverse quote e diverso livello di disturbo) negli anni 2011 e 2012. A tale scopo più di 1.500 topi selvatici dal collo giallo e arvicole rossastre sono stati trappolati a vivo. Sono state contate zecche e parassiti intestinali di ciascun individuo e, mediante screenings genetici, è stata controllata la presenza di virus trasmissibili all'uomo.

2.5

Title

La modellistica per la ricerca ecologica e sul clima

Un problema centrale nella modellizzazione spaziale è la **scarsa disponibilità di mappe**¹ ad alta risoluzione per aree remote, specialmente nel caso di terreni complessi dove i campionamenti a terra risultano spesso frammentati o distribuiti in modo irregolare.

Questo vale in particolare per dati meteorologici per i quali le stazioni meteo sono generalmente localizzate in zone concentrate, quali aree urbane o agricole. Per alcuni parametri, quali la temperatura a terra, una valida alternativa è rappresentata dall'uso di immagini termiche rilevate a distanza grazie a sensori montati su satelliti. Mappe di parametri climatici, ed in particolar modo della temperatura, hanno numerose **applicazioni**² come la stima e previsione dell'espansione di specie invasive o la vocazionalità del territorio per la viticoltura.

La mappatura e la modellizzazione degli ecosistemi e i loro cambiamenti del tempo rappresentano un campo fondamentale della ricerca in ecologia spaziale, in **ecotossicologia**³ ed in biogeografia. Il telerilevamento è stato riconosciuto come uno dei più validi metodi per mappare sia le **componenti biotiche**⁴ che quelle abiotiche degli ecosistemi (incluso l'uso del suolo, la vegetazione, la geologia) e per stimarne i cambiamenti nel tempo.

In aggiunta all'indubbia importanza dei dati telerilevati, gli algoritmi sviluppati per analizzare dati telerilevati e, più in generale, dati spaziali, devono essere robusti e riproducibili. Da questo punto di vista, l'uso di software libero e con codice aperto (Free and Open Source Software - FOSS) è essenziale per favorire la diffusione di idee scientifiche innovative.

La crescente disponibilità di dati ecologici aperti attraverso reti come la Global Biodiversity Information Facility (GBIF, www.gbif.org) o la Data Observation Network for Earth (DataONE, www.dataone.org) rende possibile testare teorie ecologiche all'avanguardia come la *dark diversity*, le nuove teorie evoluzionistiche, gli scenari di cambiamento climatico.

L'utilizzo di software libero e con codice aperto per l'analisi geografica e la statistica spaziale garantisce un'alta riproducibilità e robustezza degli approcci modellistici implementati. La Piattaforma GIS e Telerilevamento è impegnata nello sviluppo di algoritmi in ambiente libero e con codice aperto per il processamento e l'analisi statistica di dati geografici e climatici (www.grass.osgeo.org), la derivazione di indicatori, l'implementazione di modelli ecologici, di *landscape genetics*, eco-epidemiologici e fisiologici. Il gruppo persegue attivamente lo sviluppo di metodi innovativi in ambiente GIS includendo l'analisi di serie temporali di dati a terra e telerilevati.

in short

La crescente disponibilità di dati ecologici "aperti" facilita la verifica di teorie all'avanguardia, come gli scenari di cambiamento climatico o le nuove teorie evoluzionistiche

[More](#)

Approfondimenti

Emanuele Cordano, Emanuele Eccel

1 / Generare il tempo per stimare il clima

L'affidabilità dei modelli climatici nelle proiezioni future si può normalmente apprezzare solo alla larga scala e con scarsa risoluzione temporale. Viceversa, per diverse applicazioni si richiedono serie a risoluzione giornaliera. Abbiamo dunque sviluppato un algoritmo stocastico di generazione di temperature e piogge giornaliere (*weather generator*), basato su modelli vettoriali autoregressivi, rispettando la coerenza meteorologica tra i due fenomeni e la correlazione spaziale delle variabili. L'algoritmo - il "pacchetto R" RMAWGEN - è rilasciato come software libero sotto licenza GNU.

Duccio Rocchini, Markus Neteler

2 / Stima della distribuzione delle specie dallo spazio

Numerosi modelli predittivi sono stati sviluppati per individuare la distribuzione delle specie animali e vegetali nello spazio e la sua variazione nel tempo, attraverso l'uso di dati telerilevati. La Piattaforma GIS e Telerilevamento ha tra gli scopi di ricerca la misura dell'incertezza (ovvero dell'errore, *uncertainty*) legata a tali modelli. Attualmente la Piattaforma coordina la task "Integrative analyses of distribution status and trends" del progetto FP7 "EU BON - Building the European Biodiversity Observation Network", recentemente approvato dall'Unione Europea.

Elena Gottardini, Fabiana Cristofolini, Antonella Cristofori

3 / Ozono

L'ozono (O_3) è un inquinante altamente tossico per le piante. Conoscerne i livelli e la distribuzione spaziale è indispensabile per poter valutare il rischio potenziale a cui la vegetazione è esposta. In Trentino sono state realizzate mappe di rischio basate sulla modellizzazione di concentrazioni di O_3 misurate dal 2007 al 2011 su una rete di 20 siti forestali nell'ambito del progetto Ozone EFFORT. È emerso un diffuso superamento dei livelli critici definiti per la protezione della vegetazione. Sono stati riscontrati sintomi fogliari O_3 -specifici su alcune specie sensibili ma non effetti su salute ed accrescimento degli alberi forestali.

Monica Rinaldi, Ilaria Pertot

4 / Caratterizzazione della geometria e calcolo dell'indice di area fogliare della vite da dati LIDAR, per ottimizzare i trattamenti

Per rispondere alla richiesta della Direttiva 2009/128/EC sulla riduzione dell'uso e del rischio degli agrofarmaci, è necessario applicare con maggior precisione i trattamenti contro parassiti e malattie. Per regolare la portata e calcolare il volume da applicare (Tree Row Volume) si potrebbero utilizzare le misurazioni con lo scanner laser LIDAR per caratterizzare la geometria della vite e l'Indice di area fogliare in ogni fase della crescita. Sulla base di sperimentazioni in campo abbiamo ottenuto una buona correlazione su Chardonnay. Il LIDAR è un laser scanner divergente completamente automatico, ed il funzionamento è basato sulla misura del tempo impiegato dal momento dell'emissione del segnale al suo ritorno con una precisione di ± 15 mm in una singola misurazione. I risultati hanno mostrato che il LIDAR è un potente strumento che potrà aiutare a descrivere volume e forma della chioma e a calibrare meglio i trattamenti.

2.6

Title

Rispondere tempestivamente alle nuove affezioni fitopatologiche delle piante

I meccanismi dell'economia globale espongono le comunità locali, come il Trentino, al rischio di invasione da parte di nuovi parassiti e patogeni. Questo fenomeno è uno dei maggiori fattori di rischio per l'agricoltura e pone seri problemi in particolare in frutticoltura.

Insetti e patogeni sono spesso introdotti in nuove zone attraverso gli scambi commerciali ed il loro insediamento è facilitato dai cambiamenti climatici in atto. Alcuni organismi non sono ancora presenti in Europa, ma costituiscono una seria minaccia: se è probabilmente impossibile evitarne l'ingresso, sarebbe comunque fondamentale attuare programmi per la diagnosi precoce e per l'identificazione delle strategie di controllo più adatte. Queste azioni richiedono un approccio multidisciplinare e la cooperazione tra i paesi colpiti.

L'esempio più recente d'invasione devastante è quello della *Drosophila suzukii*, un moscerino endemico del Sud-Est asiatico. In pochi anni si è diffuso in gran parte di Europa ed America e sta causando enormi danni alla produzione di piccoli frutti in questi paesi. Il danno diretto causato da *D. suzukii* è causato dall'attività trofica delle larve nella polpa dei frutti in maturazione; questo facilita lo sviluppo di infezioni secondarie a carico di funghi, lieviti e batteri che accelerano il deterioramento dei frutti e provocano ulteriori danni. Oltre alle perdite in fase di raccolta vi è un incremento dei costi di produzione (monitoraggio, trattamenti insetticidi, incremento del lavoro per la selezione dei frutti, riduzione della conservabilità e di competitività). Per queste ragioni, ed a causa della mancanza di efficaci strumenti per monitoraggio e controllo per questa specie, gli agricoltori necessitano urgentemente della messa a punto di nuove **strategie di gestione**¹. La maggior parte di tali metodi fa uso del concetto di "Difesa Integrata": metodi di controllo convenzionali come i pesticidi vengono integrati con strategie maggiormente sostenibili come quelle basate su attrattivi specifici e sul controllo biologico con nemici naturali.

Altre specie invasive sono già presenti solo in alcuni stati europei o nei paesi confinanti. Stiamo prendendo in considerazione ad esempio *Monilinia fructicola*, la cui diffusione può essere favorita dalla stessa *D. suzukii* e da specie di mosche della frutta del genere *Bactrocera*. È stato calcolato che in seguito all'aumento delle temperature in corso, numerosi patogeni si diffonderanno in nuove aree geografiche dove verranno a contatto con nuovi potenziali ospiti. La biologia di insetti e patogeni può essere infatti direttamente influenzata da fattori ambientali e dalle attività umane. *Rosellinia necatrix*, l'agente causale di marciumi radicali in un grande numero di specie vegetali, è un problema crescente nel nord-est dell'Italia, dove potrebbe causare gravi perdite alla produzione di mele. *R. necatrix* è spesso presente nelle malattie di **reimpianto del melo**² e tale rischio può essere incrementato reimpiantando piante della stessa specie.

Lo sviluppo di strategie di contrasto alle nuove specie invasive non è un obiettivo semplice; esso richiede la conoscenza approfondita della loro biologia, in particolare delle numerose interazioni nell'agroecosistema. Questa conoscenza può essere ottenuta solo attraverso un **approccio multidisciplinare**³ che vada dalla chimica alla genetica e che rappresenta il punto di partenza per applicazione di procedure fitosanitarie e per il cambiamento delle pratiche agronomiche.

in short

Un approccio multidisciplinare,
dalla chimica alla genetica,
per l'innovazione
nelle pratiche agronomiche

More

Approfondimenti

Valerio Mazzoni, Gianfranco Anfora

1 / Interferenza con la comunicazione di *Drosophila suzukii*

Stiamo esplorando diversi approcci di ricerca, con particolare attenzione ai meccanismi di comunicazione dell'insetto, al fine di fornire possibili soluzioni pratiche ai crescenti problemi che sta provocando *Drosophila suzukii* alla frutticoltura europea.

Identificazione dei composti volatili vegetali che influenzano il comportamento di ricerca delle piante ospiti in *D. suzukii*. Tale conoscenza può permettere lo sviluppo di miscele attrattive più selettive ed efficaci applicabili in strategie di controllo come la cattura massale e la lotta attratticida.

Descrizione della comunicazione acustica utilizzata da *D. suzukii* nel comportamento riproduttivo, considerando sia la componente aerea che quella vibrazionale. La decifrazione di questo linguaggio può aprire nuove prospettive nel campo dei metodi di controllo alternativi, come la confusione sessuale acustica.

Ilaria Pertot, Sandro Pastorelli, Daniele Prodorutti

2 / La stanchezza del terreno

Il fenomeno noto come "stanchezza del terreno" si manifesta quando al melo si fa seguire immediatamente la stessa coltura. L'intensità del fenomeno varia da zona a zona. Si ritiene che i microrganismi ne siano la causa principale, visto che fumigazione e uso di agenti di biocontrollo (*Trichoderma* spp.) possono alleviarne i sintomi, anche se possono essere coinvolti nematodi e metaboliti prodotti dalla pianta stessa. Pure la gravità di alcuni patogeni come *Rosellinia necatrix* può aumentare in assenza di rotazione. In particolare abbiamo dimostrato che i residui di legno di melo nel suolo aumentano notevolmente la crescita di questo fungo.

Omar Rota Stabelli, Gianfranco Anfora

3 / La *Drosophila* come modello di studio

Oltre all'enorme importanza in ambito agricolo, *D. suzukii* è un interessante modello per studiare le basi genetiche e neurobiologiche dell'innovazione ecologica. *D. suzukii* è strettamente imparentata con *D. melanogaster*, uno dei più importanti modelli di studio in biologia; per cui ci sono numerosi strumenti analitici che possono essere utilizzati. Le analisi che stiamo effettuando sono di tipo comparativo e si stanno focalizzando sulla storia evolutiva del parassita e sul suo repertorio di geni usati per riconoscere la frutta su cui depone le uova, con l'obiettivo di individuare composti chimici che attivano geni specifici in *D. suzukii* e di utilizzarli per migliorare le trappole. Stiamo anche considerando l'uso di parassiti batterici tipici di *Drosophila* per la manipolazione ed il controllo delle popolazioni in campo.

2.7

Title

Preservare la qualità del suolo per uno sviluppo sostenibile

La FAO riporta che “nel 2050 la popolazione sarà pari a 9,1 miliardi, il 34% in più rispetto ad oggi, e per nutrire questa popolazione più numerosa, urbanizzata e ricca, la produzione di cibo dovrà aumentare del 70%”. Fino ad ora l'agricoltura è stata capace di far fronte alla rapida crescita della domanda globale di cibo e fibre grazie ad una continua crescita della produttività agricola. La meccanizzazione, la disponibilità di varietà più produttive, fertilizzanti e pesticidi chimici hanno giocato il ruolo principale. Si stima che un terzo dell'aumento della produzione mondiale di cereali negli anni settanta ed ottanta sia ascrivibile all'utilizzo di fertilizzanti. La monocoltura e l'eccessivo uso di pesticidi e fertilizzanti chimici aumentano però il rischio d'inquinamento ambientale e portano spesso ad una riduzione della biodiversità e ad un impoverimento della qualità del suolo. Nel mondo molti suoli mostrano già preoccupanti segni di degradazione.

Il suolo è una delle più importanti risorse naturali non rinnovabili. Inoltre fornisce importanti elementi nutritivi e sostegno per le piante ed è un habitat importante per numerosi macro e microorganismi. Il ruolo dei microrganismi è cruciale per la salute del suolo: alcuni formano simbiosi con le radici delle piante aiutandole ad estrarre i nutrienti dal suolo, altri sono fondamentali nel degradare la sostanza organica e partecipano al ciclo degli elementi nutritivi. I suoli coltivati sono a maggior rischio di erosione rispetto ai terreni naturali. La degradazione del suolo causata dall'uomo è aumentata negli ultimi decenni e la maggior parte del terreno agricolo, specialmente nei paesi sviluppati, contiene aree compromesse da erosione, salinizzazione, compattamento o compressione, perdita di nutrienti, riduzione della biodiversità o inquinamento. La degradazione del suolo è il principale fattore responsabile della riduzione della produttività agricola. Alcuni tipi di degradazione sono irreversibili, ma la maggior parte può essere prevenuta o risanata.

Il suolo è la più grande **riserva di carbonio**¹ della biosfera terrestre e la respirazione del suolo è la via principale attraverso cui la CO₂ fissata dalle piante

ritorna nell'atmosfera. Attualmente non è chiaro quanto carbonio possa essere assorbito e immagazzinato dal suolo. Tale capacità di assorbimento viene raramente quantificata negli studi ecologici ma è un fattore molto importante, che può addirittura invertire il bilancio del carbonio di un intero ecosistema. Le ricerche in corso stanno cercando di chiarire il potenziale di assorbimento in diversi tipi di ecosistemi (forestali e agrari) e nelle situazioni di cambiamento di uso del territorio. I tempi di turnover della sostanza organica e della vegetazione sono molto differenti, pertanto non è sempre semplice predire se un cambiamento nell'uso del territorio porti ad un accumulo o ad una perdita di carbonio.

I **processi biologici**² del suolo sono estremamente diversi e complessi. Le nuove tecniche molecolari indipendenti dalla coltura in vitro per lo studio delle **popolazioni microbiche**³ hanno aperto nuove prospettive nello studio della componente vivente del suolo. Lo sviluppo di **tecniche isotopiche**⁴ permetterà di quantificare le componenti eterotrofa ed autotrofa della respirazione, consentendo così di comprendere se il suolo assorba carbonio e fornendo nuove prospettive nella mitigazione del cambiamento climatico. Una migliore comprensione dei processi che avvengono nel suolo porterà di conseguenza ad un uso sostenibile di questa preziosa risorsa e alla protezione della sua qualità.

in short

Comprendere il ruolo del suolo
nell'assorbimento del carbonio
è fondamentale
per la mitigazione
del cambiamento climatico

More

Approfondimenti

Mirco Rodeghiero

1 / Il carbonio accumulato nel suolo

La sostanza organica è un elemento chiave della fertilità e della produttività sostenibile del suolo ed ha un ruolo fondamentale nell'ottica dei cambiamenti climatici, essendo il più grande serbatoio di carbonio degli ecosistemi terrestri. A livello globale i suoli contengono circa 1580 Pg di carbonio (fino a 1 m; Pg = 10^{15} g) a fronte dei 610 Pg della vegetazione e dei 750 Pg dell'atmosfera. Su base annuale la respirazione del suolo è stata quantificata in 80 Pg di carbonio, ovvero circa 10 volte quello emesso dai combustibili fossili (7,2 Pg) divenendo così il secondo maggior flusso di carbonio terrestre dopo la fotosintesi.

Paola Elisa Corneo, Claudia Longa, Ilaria Pertot

2 / Comprendere le comunità del suolo per una corretta gestione

Lo studio delle comunità microbiche del suolo attraverso metodiche di "fingerprinting" permette la comprensione dei fattori abiotici e biotici aventi un effetto sulle dinamiche dei microorganismi. In particolare lo studio delle comunità di batteri e funghi totali all'interno del vigneto ha portato ad identificare nella struttura chimica del suolo uno dei principali fattori aventi un effetto sulle comunità microbiche del suolo, mentre inaspettatamente i cambiamenti stagionali hanno un impatto molto basso. Inoltre le comunità microbiche presentano differenti strutture nei diversi sistemi produttivi (biologico e convenzionale).

Noemi Herrero, Michele Perazzolli, Ilaria Pertot

3 / Analisi trascrittomiche del microbioma del suolo

Il suolo è un ambiente complesso e popolato da numerosi microorganismi che possono avere effetti negativi o positivi per le piante. Per studiare le interazioni molecolari che avvengono tra i microorganismi del suolo è stata condotta un'analisi trascrittomiche su un modello artificiale di suolo. Ci siamo concentrati in particolare sui cambiamenti trascrizionali della comunità microbica in seguito all'inoculo di un agente di marciume radicale (*Armillaria mellea*) e/o di un agente di controllo biologico (*Trichoderma atroviride*). I risultati permetteranno di comprendere meglio il sistema microbico del suolo e gli equilibri che regolano le diverse comunità microbiche.

Alberto Pellegrini, Federica Camin, Ilaria Pertot

4 / Studiare le interazioni trofiche tra pianta e microorganismi antagonisti mediante l'uso di composti marcati con ^{13}C

Nel suolo sono presenti diversi livelli d'interazione trofica. Studiare le relazioni tra microorganismi in una catena trofica è molto difficile. Il parassitismo diretto può essere studiato utilizzando microorganismi marcati con isotopi stabili. Un microorganismo marcato con isotopo ^{13}C introdotto nell'ambiente può essere parassitizzato/degradato ed in questo caso il ^{13}C potrà essere rilevato nel parassita tramite spettrometria di massa isotopica (IRMS). Per identificare relazioni trofiche (parassitismo, degradazione/assimilazione) in un sistema a tre organismi è possibile usare una metodologia IRMS innovativa. Una pianta marcata con ^{13}C (ospite) è stata parassitizzata dal fungo *Armillaria mellea* (patogeno), a sua volta iperparassitizzata dal fungo *Trichoderma atroviride* (micoparassita).

Focus : on
part_2 Our natural capitalAutori
Ilaria Pertot | Mirco Rodeghiero

2.8

Title

FoxLab

FoxLab è un'iniziativa congiunta fra il Centro Ricerca ed Innovazione della Fondazione Edmund Mach (FEM) e cinque istituti del Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR). Nasce da un accordo firmato congiuntamente dall'allora Presidente del CNR, Prof. Luciano Maiani, dal Presidente della Provincia autonoma di Trento e dal Presidente della FEM, Prof. Francesco Salamini. L'"idea-forza" di FoxLab è quella di costruire, nel medio periodo, un polo di ricerca forestale in Trentino destinato a diventare un riferimento per l'Italia ma anche per l'Europa. Con questo ambizioso obiettivo FoxLab ha avviato, fin dalla sua nascita, importanti collaborazioni in campo nazionale ed internazionale. Ne sono esempi:

- il Progetto AIRFORS, finanziato dall'Unione Europea (VII Programma Quadro, IAPP-Industry Academy Partnership Program, 2012-15), che ha permesso di avviare una collaborazione con un'importante impresa austriaca di lavoro aereo (Airborne Technologies, AT) ed è finalizzato allo sviluppo di soluzioni innovative per il monitoraggio delle aree forestali mediante nuovi sensori aerotrasportati. L'obiettivo del progetto è quello di generare uno scambio bi-direzionale fra l'impresa, che si occuperà delle operazioni di rilevamento aereo e dell'addestramento del personale FoxLab alla gestione di missioni operative, e i ricercatori di FoxLab, che trasferiranno all'impresa conoscenze avanzate per l'implementazione di sistemi di misura innovativi e per l'interpretazione dei dati osservativi;
- la partecipazione attiva nei Progetti Europei EU-Expeer e Trees for Future (EU-T4F), nel cui ambito FoxLab gestisce il complesso sistema dell'accesso transnazionale di una estesa rete di ricercatori europei ai principali siti sperimentali di studio sugli ecosistemi terrestri e ad una rete di laboratori di eccellenza di genetica, ecofisiologia forestale e di tecnologia del legno;
- il coordinamento tecnico-scientifico del Project Centre MOUNTFOR, una sede operativa dell'European Forest Institute (EFI) che avrà sede a San Michele all'Adige, nel campus FEM, con il compito di creare un polo di ricerca avanzata sui sistemi forestali montani. L'iniziativa crea una rete internazionale di collaborazione nel campo forestale che non ha precedenti in

Italia: accanto a FoxLab, che gestirà la sede operativa del Project Centre, parteciperanno al Progetto il Consiglio per la Ricerca e Sperimentazione in Agricoltura (CRA) del Ministero delle Politiche Agricole e Forestali (MIPAF), le Università del Molise e della Tuscia e l'Università Libera di Bolzano (LUB), che saranno affiancate da partners internazionali di grande prestigio;

- il ruolo di Focal Point italiano nel progetto ANAEE (Analysis & Experimentation on Ecosystems) che, coordinato dall'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), creerà, nel prossimo quadriennio, la più avanzata rete europea delle infrastrutture di ricerca. Questo ruolo in ANAEE mette FoxLab al centro di un grande interesse nazionale per l'adeguamento e la modernizzazione della rete nazionale di sperimentazione agraria, forestale ed ambientale affidando ai suoi ricercatori e ai quadri della dirigenza FEM, il successo di una iniziativa importante di coordinamento internazionale.

Ma FoxLab non è solo questo. L'integrazione fra ricercatori CRI-FEM e CNR sta generando **nuove conoscenze**¹, anche grazie ad un forte effetto moltiplicatore anziché semplicemente addizionale. Ad oggi, questa nuova iniziativa congiunta fra CRI-FEM e CNR ha già generato oltre 12 pubblicazioni su riviste internazionali di prestigio, e molte altre verranno nei prossimi mesi.

in short

Una rete internazionale
di collaborazione nel campo forestale
che non ha precedenti in Italia

More

Approfondimenti

Franco Miglietta, Federico Carotenuto

1 / Sorgenti di materiale biologico in atmosfera: mettiamo a posto un puzzle complesso

Abbiamo ormai compreso bene che i microrganismi che vivono sulle foglie delle piante possono essere spesso trasportati in atmosfera da raffiche di vento o turbolenza. Un evento poco studiato in passato, quando si riteneva che tali microrganismi passivamente trasportati dal vento fossero in sostanza inerti, almeno fino a quando non si andavano a depositare su qualche altra pianta. Ricerche assai recenti hanno dimostrato che tale assunzione non è corretta, poiché si è capito che le proteine batteriche e fungine possono fungere da nuclei generatori per cristalli di ghiaccio e, di conseguenza, la loro presenza nelle masse d'aria può innescare la precipitazione. Il vapore acqueo presente in atmosfera richiede, infatti, nuclei di condensazione per la formazione dei cristalli di ghiaccio che, successivamente, cresceranno fino a formare neve, pioggia e grandine. FoxLab sta attualmente sviluppando, in collaborazione col suo partner industriale austriaco Airborne Technologies, con l'Università di Innsbruck e l'Università di Edimburgo, un nuovo sistema integrato che sarà capace di raccogliere materiale biologico dall'atmosfera, individuare la presenza di una varietà di specie microbiche e calcolare all'indietro, sulla base di misure concomitanti di velocità del vento e turbolenza, le traiettorie di tale materiale fino alle sue fonti d'origine. Qual è il contributo di specifici tipi di foresta a questi feedback atmosferici? È possibile che differenti tipi di uso del suolo stiano fornendo inaspettati servizi d'importanza critica per la nostra società innescando le precipitazioni?

Highlights

1 / Earth and Space Foundation Prize

Duccio Rocchini

Duccio Rocchini è il primo ricercatore italiano premiato dalla Earth and Space Foundation, un Ente internazionale senza scopo di lucro con sede in California, che si propone dal 1994 di riconoscere il lavoro effettuato da scienziati che utilizzano le immagini satellitari per studiare l'ambiente terrestre. Rocchini, che fa parte della piattaforma GIS e Telerilevamento coordinata da Markus Neteler del Centro Ricerca e Innovazione della FEM, si è distinto come miglior ricercatore nel campo della stima della biodiversità da immagini satellitari.

2 / Libro GIS Open Source: GRASS GIS, Quantum GIS e Spatialite

Markus Neteler

Le informazioni geografiche sono ormai diventate parte integrante della vita di tutti i giorni, grazie all'enorme sviluppo delle tecnologie legate alla navigazione satellitare, alle applicazioni cartografiche disponibili sul web o su smartphones. Il libro introduce il lettore all'utilizzo di software libero geografico. Nella prima parte si illustra l'installazione del software su sistema operativo MS-Windows, Mac OSX e Linux. Di seguito vengono introdotte le caratteristiche più importanti dei noti software QGIS e GRASS GIS, collegati all'uso di database relazionali (Spatialite). Sono riportati esempi applicativi che riguardano campi molto diversi quali analisi del paesaggio, geomorfologia, idrologia e geologia, accompagnati da risorse online gratuite di geodati.

3 / Open Source

Markus Neteler

La piattaforma GIS del DBEM collabora attivamente allo sviluppo di software libero (Open Source) GIS, in progetti a lungo termine quali lo sviluppo di GRASS GIS. Questo approccio è considerato perfettamente in linea con i requisiti della ricerca accademica grazie al modello *peer-review* applicato nello sviluppo del codice sorgente. Il termine "libero" in generale, si riferisce al metodo di sviluppo del software in cui viene mantenuto il codice sorgente in un *repository* pubblico, condiviso con un gruppo di sviluppatori, spesso volontari, su cui ci lavorano. L'obiettivo è quello di produrre software di qualità ad un costo inferiore, flessibile, interoperabile (grazie all'utilizzo di standard industriali per lo scambio di dati) e priva di qualsiasi tipo di dipendenza dal venditore.

4 / Visita di ricerca in Sud Africa

Roberto Zorer

L'ARC-Infruitec Nietvoorbij e la Stellenbosch University hanno invitato il Dr. Roberto Zorer (DBEM-PGIS) a svolgere attività di ricerca a Stellenbosch, Sud Africa. Lo studio ha riguardato la quantificazione della distribuzione della luce in vigneto in relazione all'orientamento dei filari. Obiettivo è lo sviluppo di modelli predittivi del microclima del grappolo (radiazione e temperatura), validi per tutti i *terroir* e *cultivar*, in relazione all'esposizione, alla temperatura dell'aria ed allo stato idrico. La ricerca è finanziata dal Consiglio Nazionale per la Ricerca in Agricoltura e dall'industria del vino del Sud Africa (Winetech).



5 / Il portale HarvAssist per il progetto P.I.C.A.

Roberto Zorer

Il progetto riguarda la realizzazione di una piattaforma integrata cartografica agriviticola (P.I.C.A.), lo studio e la caratterizzazione del territorio e delle potenzialità viticole dell'area di produzione delle cantine sociali afferenti a CAVIT. Nell'ambito del progetto il portale HarvAssist (www.harvassist.fmach.it/pica/web), sviluppato in collaborazione con CAVIT s.c., rappresenta lo strumento per la caratterizzazione di circa 30.000 particelle catastali, la gestione di dati pre-vendemmiali, la previsione dell'annata in corso e la valutazione della vocazionalità del territorio per la viticoltura.

Markus Neteler, Duccio Rocchini

6 / La FEM accanto i giganti di Europa: il progetto FP7 EU BON per la biodiversità in Europa

La FEM farà parte di uno dei più importanti progetti sul "tema ambiente" appena finanziati dalla comunità europea, il progetto FP7 EU BON, coordinato dal Museum für Naturkunde di Berlino. Duccio Rocchini, ricercatore della Piattaforma GIS e Telerilevamento guidata da Markus Neteler, coordinerà un gruppo di lavoro che avrà a che fare con le realtà più prestigiose del Vecchio Continente, dall'Università di Cambridge al Natural History Museum di Londra. Con un budget di 11 milioni di euro, il progetto si propone di integrare metodi innovativi di analisi della rete di dati europei sulla biodiversità, includendo l'uso di immagini satellitari.

Claudio Varotto

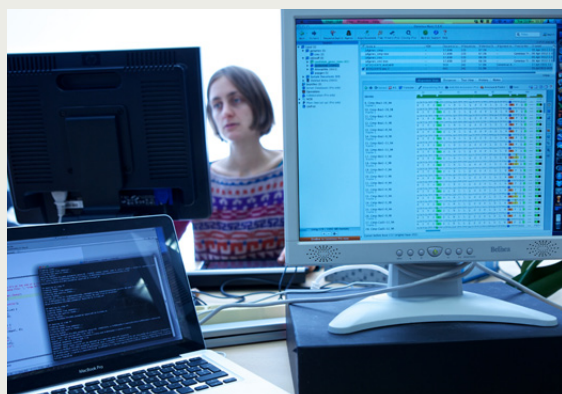
7 / Identificazione di due nuove specie di piante in Trentino e Friuli

Tramite l'uso di dati genetici per il complesso di specie di *Brassica repanda*, un gruppo di taxa morfologicamente simili dell'Europa del Sud, abbiamo dimostrato che due taxa di *Brassica* che crescono solo in poche località del Trentino e del Friuli sono specie a sé stanti. Abbiamo deciso di rinominare queste nuove specie *Brassica baldensis* e *Brassica glabrescens*. I nostri risultati mostrano come specie "criptiche" (identiche morfologicamente, ma geneticamente distinte) potrebbero essere più comuni di quanto pensiamo tra le piante, che sono una componente ancora poco caratterizzata della biodiversità alpina.

Margherita Lega

8 / Genetica della conservazione di *Aquilegia thalictrifolia* (Ranunculaceae)

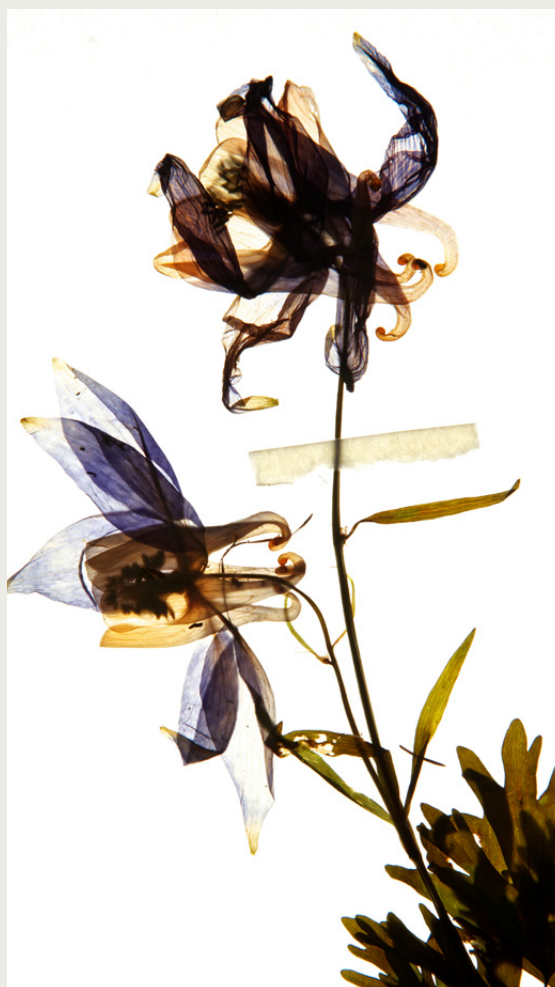
Aquilegia thalictrifolia è una rara pianta che cresce solo nella catena montuosa Tremalzo-Tombea (Alpi Orientali). Questa specie ha una nicchia ecologica molto specifica costituita da sottoroccia calcarei stillicidiosi, potenzialmente a rischio a causa del riscaldamento globale. Analisi genetiche hanno dimostrato che le popolazioni esistenti mantengono livelli di variazione genetica relativamente alti (importanti per adattamenti futuri), ma anche che sono isolate l'una dall'altra (lo scambio di polline e semi è limitato). Le azioni di tutela dovrebbero quindi interessare tutte e tre le popolazioni per evitare la perdita di una frazione importante della variabilità genetica di questa specie.



Simone Fior, Claudio Varotto

9 / La filogenesi del genere *Aquilegia*

Aquilegia è un comune genere di piante ornamentali che sono studiate come modello per la co-evoluzione di piante e impollinatori e per la loro morfologia. Nonostante l'imminente pubblicazione del suo genoma, non esiste ancora un'affidabile e ben risolta filogenesi di *Aquilegia*. Abbiamo fatto uso del sequenziamento di ultima generazione per ricostruire con una precisione senza precedenti la filogenesi (cioè parentela) delle specie del genere *Aquilegia*. Questo non solo ha consentito di ricostruirne la storia evolutiva, ma avrà anche importanti implicazioni per la conservazione di questo gruppo di magnifiche e commercialmente importanti piante.



Cristiano Vernesi

10 / Landscape genetics del leccio del lago di Garda

Le popolazioni di leccio trentine della zona dell'alto Garda sono al limite settentrionale dell'areale distributivo della specie. Sono, perciò, importanti dal punto di vista evolutivo e conservazionistico. Dall'analisi di 120 individui è emerso che, nonostante la stretta vicinanza geografica, si possono identificare tre gruppi geneticamente distinti, ciascuno con una variabilità genetica medio-alta se confrontata con quella di popolazioni centrali. La differenziazione osservata è correlata con caratteristiche climatiche ed ecologiche quali la profondità del suolo, l'umidità, l'altitudine e l'esposizione dei versanti.

11/ Conservazione genetica di lucertole e anfibî in Trentino

Luca Cornetti

Il rospo *Bombina variegata* e la lucertola *Zootoca vivipara* sono specie presenti sul territorio provinciale e strettamente legate ad habitat umidi come paludi o torbiere. A causa dei cambiamenti climatici e delle attività antropiche questi ecosistemi sono tra quelli maggiormente in declino, e, di conseguenza, le specie ad essi correlate sono minacciate. Per studiare lo stato di salute delle popolazioni di questi vertebrati, sono state effettuate indagini genetiche che hanno evidenziato come alcune popolazioni di entrambe le specie soffrano di ridotta variabilità genetica e scarsa capacità di dispersione. Sono quindi raccomandabili piani di conservazione che preservino le popolazioni di queste specie in Provincia.

12/ Progetto ABaTe – Genetica di Conservazione del Temolo Europeo e dei Barbi italiani

Andreas Meraner, Andrea Gandolfi

L'ittiofauna d'acqua dolce dell'Adriatico settentrionale è soggetta a varie minacce di origine antropica, incluso l'incrocio tra linee native ed esotiche conseguente a pratiche di immissione. Tale 'inquinamento genetico' ha un impatto anche su Temolo (*Thymallus thymallus*) e Barbi Italiani (ad es. *Barbus plebejus*). Il progetto ABaTe è focalizzato sullo stato di conservazione di questi pesci a rischio, studiandone i pattern e l'entità dell'introgresione. Ad oggi, sono state identificate tracce genetiche delle popolazioni, sia native che alloctone, e sono stati evidenziati complessi scenari di contatto secondario. I risultati genetici costituiscono una solida base scientifica per futuri piani di conservazione finalizzati ad arrestare l'ulteriore perdita di biodiversità nell'Adriatico Settentrionale.

13/ EURODEER workshop

Francesca Cagnacci

Da alcuni anni FEM/CRI promuove il progetto EURODEER (www.eurodeer.org), un'iniziativa di collaborazione scientifica per lo studio della risposta ecologica delle specie (in particolare il capriolo) ai gradienti ambientali a scala continentale. Il progetto ha radunato intorno a sé un numero crescente di enti di ricerca ai massimi livelli del panorama europeo, arrivando ai 24 attuali. Il III EURODEER meeting è stato ospitato dalla FEM nel 2012. All'incontro scientifico è stato associato (in coordinamento tra CRI e CIF/AAFF) l'evento "Il capriolo è in crisi? Esperienze dal panorama europeo", che ha riportato grande successo di pubblico.

14/ Premi della Wildlife Society per il numero monografico curato dal CRI "Sfide e opportunità dell'utilizzo di localizzazioni GPS in ecologia animale"

Francesca Cagnacci

Alcuni anni fa, FEM/CRI organizzò un workshop sull'utilizzo della tecnologia GPS negli studi di ecologia animale, a cui fu invitato un selezionato gruppo di esperti internazionali.

A tale incontro fece seguito la pubblicazione di un numero monografico della rivista scientifica "Philosophical Transactions of the Royal Society, B" (curato da F. Cagnacci et al.). A due articoli di tale monografia è stato assegnato per due anni consecutivi (2011 e 2012) il premio "Wildlife Publications Award - Outstanding Article" da parte della prestigiosa società scientifica americana "The Wildlife Society", confermando l'alto impatto scientifico di questa pubblicazione.



Roberto Rosà

15/ Impatto dei parassiti sulla coturnice alpina

La coturnice alpina (*Alectoris graeca saxatilis*) in Trentino mostra un trend di popolazione negativo associato a fluttuazioni cicliche con crash periodici nel numero di individui. Si può ipotizzare che i parassiti intestinali (elminti) influenzino negativamente la dinamica di questa specie. Le previsioni di un modello ospite-parassita, ben supportate da dati empirici osservati in popolazioni naturali, indicano carichi parassitari maggiori in popolazioni con dinamica ciclica rispetto a quelle non cicliche. L'effetto dei parassiti intestinali dovrebbe essere quindi tenuto in considerazione nella gestione di questa specie minacciata in Trentino.



Heidi Hauffe

16/ Test sierologico per il virus Ljungan

Nella versione del 2010 di questo report, era stato annunciato che il virus Ljungan, un virus dei roditori associato probabilmente a numerose malattie umane, era stato trovato per la prima volta in Italia dai ricercatori del CRI Hauffe et al. Questi campioni sono stati utilizzati insieme a dei colleghi finlandesi per sviluppare un test che può essere utilizzato per lo screening sierologico per questo virus in campioni di sangue, e permettendo così di dimostrare che il virus può infettare l'uomo e di stabilire per la prima volta la presenza del virus nei roditori finlandesi. Questi risultati sono stati recentemente presentati al meeting annuale della Società Europea di Virologia Clinica (ESCV) in Spagna.

Adam Konecny

17/ I risultati del progetto ROCOALPS

I risultati del progetto ROCOALPS indicano che la diversità dei micromammiferi è maggiore nelle foreste situate a quote più alte (1.200 m s.l.m.), dove sono presenti sia il topo selvatico dal collo giallo che l'arvicola rossastra, rispetto alle foreste delle quote inferiori (700 m s.l.m.) dove è presente solo il topo selvatico dal collo giallo. Inoltre i roditori alle quote più alte hanno più parassiti intestinali. La presenza di virus trasmissibili da roditori è stata evidenziata tre specie di roditori in tutte le aree monitorate, con maggiore prevalenza nel topo selvatico dal collo giallo rispetto alle arvicole rossastre.

Heidi Hauffe, Cristiano Vernesi

18/ Sopravvivenza dei toporagno nelle Alpi Orientali durante il picco massimo dell'ultima era glaciale

L'ultima era glaciale (18.000 anni fa) ha avuto notevoli effetti su molte specie di mammiferi alpini. Poiché il genoma mitocondriale accumula le mutazioni lentamente, l'analisi delle sue variazioni genetiche è un metodo comune per identificare le aree del centro Europa dove alcune specie sono potute sopravvivere (i cosiddetti "rifugi glaciali"). Uno studio su una specie comune di toporagno delle Alpi, pubblicato da Yannic et al. e che include alcuni ricercatori DBEM (Hauffe, Vernesi), suggerisce che *Sorex antinorii* è sopravvissuto all'ultima era glaciale non solo negli Appennini, ma anche in un rifugio nell'Italia nord orientale. Studi precedenti sulle piante alpine hanno evidenziato che il sud delle Alpi, incluso il Trentino, può avere avuto un'importanza strategica per la sopravvivenza di alcune specie durante il picco massimo dell'ultima era glaciale.

Heidi Hauffe

19/ Diversità cromosomica del topo domestico nel Lago di Garda

La perdita di biodiversità è stata oggetto di molti studi, al contrario la creazione di nuove specie è molto meno nota e studiata. Le popolazioni di topo domestico (*Mus musculus*) in Europa sono divise in più di 100 razze, ognuna delle quali presenta un gruppo diverso di fusioni cromosomiche. Quando le

razze si incrociano tra loro la discendenza è meno fertile dei genitori. La teoria dell'evoluzione predice che le razze che formano queste "zone ibride" dovrebbero cessare di riprodursi tra loro e diventare nuove specie. Hauffe et al. hanno studiato questo processo negli ultimi 20 anni in collaborazione con colleghi inglesi (Università di Oxford e York) e americani (Università di Cornell). Recentemente Hauffe ha scoperto una nuova zona ibrida del topo domestico lungo il margine occidentale del Lago di Garda. Questo lavoro è descritto in un articolo scientifico pubblicato in *Cytogenetic and Genome Research*.

Fabiana Cristofolini, Amelia Caffarra, Antonella Cristofori, Fabio Zottele, Luca De Lucchi, Elena Gottardini

20/ Mappe di rischio polline per Betula basate su modelli fenologici spazializzati

Per chi soffre di pollinosi è importante conoscere la concentrazione dei pollini presenti in aria. Utilizzare modelli fenologici per prevedere il rilascio di pollini può supportare il sistema standard di analisi aerobiologica. Partendo da un modello esistente elaborato per *Betula pubescens* (denominato DORMOPHOT), i ricercatori hanno spazializzato i predittori e applicato e calibrato il modello all'intera provincia di Trento. I dati ottenuti sono stati visualizzati come mappe di rischio polline betulla ad alta risoluzione spaziale e temporale, attraverso un'interfaccia web GIS, che ne permette un'efficace consultazione (www.pollenrisk.fem-environment.eu).

Ilaria Pertot

21/ Il cambiamento climatico e l'agricoltura trentina: parla il progetto Envirochange

È recentemente terminato il progetto ENVIROCHANGE che ha avuto gli obiettivi di capire quale sarà l'entità del cambiamento climatico e del suo l'impatto sull'agricoltura trentina e fornire strumenti per contrastare l'effetto di questi cambiamenti. Gli aspetti che preoccuperanno di più saranno il mutamento dell'importanza delle malattie e insetti e quindi l'impatto sulle strategie di difesa e piano dei trattamenti per gli agricoltori, la comparsa di nuove specie invasive e di patogeni legati allo stress e l'aumento del rischio di micotossine nell'uva. I risultati sono visibili nell'e-conference sul sito www.envirochange.eu.



FOOD FOR LIFE /

**CIBO E BEVANDE
PRODOTTI IN TRENTINO:
LE LORO QUALITÀ,
LE CONOSCENZE
ANALITICHE
PER LA LORO TUTELA,
LE LORO PROPRIETÀ
SULLA SALUTE UMANA
E SUI MICROORGANISMI
CHE DA SEMPRE CI
ACCOMPAGNANO** part_

3

Fulvio Mattivi, Duccio Cavalieri

Più conoscenza, meno cibo spazzatura

Le strategie per migliorare la qualità della vita a cui San Michele sta contribuendo sono indirizzate secondo cinque direttrici principali:

- lo studio dei composti presenti nei principali prodotti dell'agricoltura con potenziali attività positive sulla salute dell'uomo;
- l'arricchimento degli alimenti trentini e il miglioramento delle capacità di mantenersi in salute attraverso migliori alimenti;
- lo studio del ruolo dei microorganismi nel migliorare le capacità nutrizionali e salutistiche degli alimenti;
- lo studio delle proprietà sensoriali, dei comportamenti dei consumatori e delle tecnologie di produzione degli alimenti;
- lo sviluppo di tecnologie abilitanti indispensabili per produrre nuova conoscenza e supportare la ricerca in campo agroalimentare, favorendo sia la creazione di nuovi prodotti che la difesa del consumatore.

Agli inizi del nuovo millennio l'uomo ha letto per la prima volta il codice che contiene le istruzioni per duplicare ogni cellula del suo organismo e determinare la nostra vita. Negli ultimi cinque anni San Michele ha acquisito l'informazione del genoma anche per uva, mela e fragola. Nonostante le promesse di questa scoperta rivoluzionaria, la conoscenza della sequenza del genoma umano non ha ancora consentito di spiegare la ragione per cui stiamo in salute o ci ammaliamo, o come vivere più a lungo.

La risposta va cercata nella enorme influenza che l'ambiente, ed in particolare la alimentazione, esercita sulla salute umana. Molte delle risposte che cerchiamo sono complesse, dipendono dalla funzione di molti geni e dalla loro interazione con l'ambiente. Quando parliamo di **ambiente** ci viene da pensare al luogo in cui viviamo, al clima, all'inquinamento. Ma c'è un ambiente molto più vicino a noi, plasmato dal cibo e dai microorganismi che ci accompagnano dalla nascita e che per millenni hanno accompagnato la nostra evoluzione: il nostro **metagenoma**. Il microbiota intestinale, visto come organo indispensabile, fornisce all'ospite funzionalità metaboliche avanzate, la protezione contro agenti patogeni, l'educazione del sistema immunitario e la modulazione dello sviluppo del tratto gastrointestinale. I consumi di prodotti alimentari si stanno evolvendo guidati non certo da ciò che è buono, salutare e sostenibile, ma verso un incremento del cosiddetto "cibo-spazzatura".

Che si vende facilmente, ancora più rapidamente in tempi di crisi, globalizza i comportamenti alimentari, standardizza verso il basso la qualità delle produzioni, a scapito del cibo di qualità. San Michele usa le conoscenze prodotte per capire come utilizzare gli alimenti e i loro microorganismi per mantenere questo equilibrio e disseminare i risultati, puntando ad aumentare la consapevolezza di produttori e consumatori.

3.1

Title

Il resveratrolo ed i suoi derivati proteggono la vite dagli attacchi fungini

Vitis vinifera L., la specie più diffusa tra le viti coltivate, sebbene produca uva di alta qualità apprezzata dai consumatori sia come frutta fresca sia come prodotto trasformato, risulta molto suscettibile agli attacchi fungini. Le principali malattie sono l'oidio, causato dall'ascomicete *Erysiphe necator*, e la peronospora, causata dall'oomicete *Plasmopara viticola*. Per contrastare questi patogeni gli agricoltori sono obbligati a trattare le viti con antifungini ogni qualvolta le condizioni meteorologiche ne favoriscono la crescita, in pratica una quindicina di volte a stagione. La riduzione dei trattamenti è diventato quindi un requisito essenziale per rendere la viticoltura sostenibile dal punto di vista ambientale in una prospettiva di lungo termine.

Presso FEM-CRI stiamo sviluppando diverse strategie per raggiungere questo obiettivo. Tra le altre, la realizzazione di programmi di miglioramento genetico per trasferire i caratteri di resistenza presenti nelle specie selvatiche del genere *Vitis* nel background genetico di *Vitis vinifera*. Un meccanismo di difesa a largo spettro della vite è l'accumulo di stilbenoidi in seguito ad elicitazione da parte del patogeno. Gli stilbenoidi sono una classe di composti fenolici ad azione antimicrobica, derivati dal *trans*-resveratrolo, e la loro tossicità sembra essere strettamente legata alla struttura chimica.

Per questo motivo negli ultimi anni, abbiamo indagato la resistenza a *P. viticola* e l'accumulo di stilbenoidi¹ in una popolazione di vite derivata dall'incrocio tra Merzling, il parentale fonte di resistenza (un ibrido complesso di *V. vinifera* x *V. rupestris* x *V. lincecumii*), con Teroldego, una cultivar di *V. vinifera* tipica del Trentino. Abbiamo ottenuto dei risultati molto interessanti che sono stati recentemente pubblicati su riviste scientifiche internazionali (si veda il relativo approfondimento). L'analisi della risposta della popolazione ad infezioni artificiali con l'oomicete, ripetuta in tre annate, ha permesso di suddividere gli individui in nove classi da totale resistenza a totale suscettibilità, suggerendo che questo tratto è controllato da un numero limitato di geni. È stato interessante notare che la quantità e la tipologia di stilbenoidi accumulati nelle foglie degli

individui al momento dell'infezione erano molto diverse. In particolare, sono stati identificati degli individui alto produttori caratterizzati dalla presenza di monomeri di resveratrolo e di tredici diversi stilbenoidi oligomerici, nove dei quali identificati per la prima volta in vite. Queste piante hanno anche mostrato resistenza all'attacco fungino, indicando che la presenza di stilbenoidi può efficacemente contribuire alla risposta di resistenza.

Per selezionare i geni associati al carattere della resistenza, è stato confrontato il trascrittoma (insieme di trascritti) di individui selezionati come resistenti e suscettibili, a diversi tempi dall'infezione fungina, con una combinazione di tecniche quali AFLP-TP e microarray. Un gruppo di 57 geni è risultato esclusivamente modulato nel genotipo resistente, facendo ipotizzare un loro ruolo nell'interazione incompatibile vite-*P. viticola*.

Questi risultati² evidenziano l'importanza del resveratrolo e dei suoi derivati nella risposta della vite a *P. viticola*, anche se ulteriori indagini saranno necessarie per confrontare l'efficacia dei diversi stilbenoidi e per chiarire la loro modalità di azione.

Infine, è interessante notare che il resveratrolo, oltre a mostrare effetti benefici per la pianta, è una molecola molto interessante per la salute umana. In modelli animali è stata dimostrata una sua azione positiva contro cancro, diabete, malattie cardiache e neurodegenerative e contro gli stati di infiammazione.

in short

Trasferire le capacità difensive
presenti in specie selvatiche
di vite in *Vitis vinifera*
per una viticoltura più sostenibile

More

Approfondimenti

Giulia Malacarne, Claudio Moser

1 / Tecniche e metodologia usate nello studio

Identificazione, quantificazione e caratterizzazione strutturale degli stilbenoidi

HPLC-DAD-MS, High Performance Liquid Chromatography-Diod Array Detection-Mass Spectrometry, permette l'analisi di metaboliti tramite cromatografia liquida accoppiata a rivelatore a fotodiodi e spettrometro di massa.

NMR, Nuclear Magnetic Resonance, tecnica applicata in vari ambiti di ricerca. In biochimica viene utilizzata principalmente per caratterizzare la struttura delle molecole.

Analisi del trascrittoma

AFLP-TP, Amplified Eragments Length Polymorphism-Transcripts Profilng, permette di effettuare l'analisi del trascrittoma di un organismo senza informazioni preliminari di sequenza.

Microarray: collezione di microscopiche sonde di DNA attaccate ad una superficie solida ad elevata densità e geometria precisa utilizzate per analizzare il genoma o il trascrittoma di un organismo.

Giulia Malacarne, Claudio Moser

2 / Letteratura sullo studio condotto

- Malacarne, G. et al. (2011) Resistance to *Plasmopara viticola* in a grapevine segregating population is associated with stilbenoid accumulation and with specific host transcriptional responses. *BMC Plant Biol*, 11:114.

- Mattivi F. et al. (2011) Profiling of resveratrol oligomers, important stress metabolites accumulating in the leaves of hybrid *V. vinifera* (Merzling x Teroldego) genotypes infected with *Plasmopara viticola*. *J Agric Food Chem*, 59:5364-5375.

- Vrhovsek U. et al. (2012) Profiling and accurate quantification of trans-resveratrol, trans-piceid, trans-pterostilbene and eleven viniferins induced by *Plasmopara viticola* in partially resistant grapevine leaves, *Aust J Grape Wine Res*, 18:11-19.

3.2

Title

Il benessere umano passa anche dal cibo: i microorganismi intestinali sanno discernere tra le diete

La dieta è sempre più riconosciuta come un fattore determinante per la salute umana. Infatti, l'elevato consumo di alimenti tipici della nostra dieta moderna, altamente energetici, ricchi di grassi, carboidrati raffinati, ma poveri di nutrienti e in gran parte sterili, è stato collegato al crescente aumento di patologie croniche e autoimmuni quali obesità, diabete, malattie infiammatorie croniche intestinali, alcune forme di cancro e non ultime le allergie. Studi recenti, fra cui alcuni compiuti dal team di Nutrizione e Nutrigenomica (NN), hanno dimostrato che molte di queste patologie sono associate alla composizione e/o attività "aberrante" del microbiota intestinale. Studi epidemiologici hanno inoltre dimostrato che il consumo di alimenti vegetali integrali, in particolare frutta e cereali integrali, latticini, sono in grado di ridurre il rischio delle sopracitate patologie croniche associate alla dieta. Gli alimenti di origine vegetale contengono due importanti classi di composti che possiedono caratteristiche benefiche: i composti polifenolici biologicamente attivi e i carboidrati non digeribili o fibre alimentari. Entrambi questi componenti alimentari di origine vegetale, da una parte interagiscono in maniera sinergica con il microbiota intestinale umano, plasmando l'ecologia microbica dell'intestino, dall'altro possono divenire biologicamente disponibili grazie proprio alla bio-trasformazione operata dai microrganismi intestinali. Ciò suggerisce la possibilità che l'interazione dieta microbiota possa svolgere un ruolo importante nella patogenesi di malattie metaboliche croniche e autoimmuni.

Il gruppo di Nutrizione e Nutrigenomica sta indagando come queste interazioni dieta:microbiota possano essere sfruttate per modulare il rischio di patologie croniche. Usando una combinazione di sistemi modello *in vitro* e interventi dietetici, stiamo studiando come diversi alimenti di origine vegetale quali i cibi integrali (soprattutto frutta), frazioni di fibre o estratti polifenolici vegetali siano in grado di modulare sia la composizione che l'attività del microbiota intestinale. Il gruppo NN è parte della gruppo METAFOODBOOK costituitosi a livello locale, che si propone di studiare come sfruttare il ricco patrimonio biologicamente diversificato a livello microbiologico di **prodotti lattiero-caseari** e

della produzione vinicola (bevande fermentate) del Trentino, al fine di rimediare alla sempre più limitata esposizione a microrganismi "passeggeri" alimentari, fondamentali per una corretta educazione del sistema immunitario. Grazie a collaborazioni sia locali (FBK e CIBIO) che a livello nazionale e internazionale (IT, UK, NZ e USA) stiamo cercando di chiarire in che modo la dieta modula la composizione del **microbiota intestinale**, la produzione di metaboliti e la risposta immunitaria, sia studiando sistemi modello sia effettuando studi di intervento dietetici al fine di migliorare e potenziare gli effetti benefici degli alimenti di origine vegetale e dei cibi fermentati tradizionali. Il nostro lavoro si basa sullo studio della dimensione ecologica. In particolare siamo interessati alla comprensione della co-evoluzione dell'uomo e dei microrganismi commensali in relazione alla dieta, con un particolare attenzione alle diete ancestrali da cui ci siamo evoluti e che purtroppo abbiamo dimenticato. Tali studi ci permetteranno di progettare strategie nutrizionali ottimali che potranno essere applicate a livello di popolazione per combattere la diffusione di malattie croniche associate alla dieta moderna.

in short

Strategie nutrizionali ottimali
potranno essere applicate
a livello di popolazione
per combattere la diffusione
di malattie croniche

More

Approfondimenti

Elena Franciosi, Lorenza Conterno

1 / Studi sulla biodiversità microbica dei prodotti lattiero-caseari trentini

La provincia trentina ha una ricca produzione casearia da latte crudo che è attualmente oggetto di studio nei progetti TrentinoGut e FERMALGA. Con il primo sono state studiate le capacità probiotiche, come la tolleranza a bassi pH, ai sali biliari e la capacità di inibizione della crescita di pericolosi patogeni (*Escherichia coli* e *Listeria monocytogenes*), di ceppi batterici isolati da formaggi tradizionali di tipologia Nostrano, tipici dei diversi areali trentini.

Il progetto FERMALGA ha come oggetto produzioni casearie di malghe e si è posto l'obiettivo di fornire ai casari di malga, colture starter autoctone, messe a punto a partire dal pool microbiologico isolato e selezionato *in situ*, ovvero in malga. Questo progetto è inoltre una preziosa occasione per preservare l'ampia biodiversità microbica in un ambiente ancora incontaminato come quello delle malghe trentine. Un importante goal è stata l'applicazione delle tecnologie di high-throughput sequencing a campioni prelevati lungo la filiera casearia del Grana Trentino, dal latte crudo fino al formaggio a 18 mesi di stagionatura.

Carlotta De Filippo, Francesca Fava

2 / Metagenomica del microbiota intestinale: dall'uomo alle api

In collaborazione con altri colleghi alla FEM, stiamo studiando come gli stessi principi e tecnologie che si applicano allo studio del microbiota intestinale umano possano essere esportati ad altre specie di rilevanza per le economie del territorio del Trentino, fra cui bovini, pesci e api. Abbiamo infatti recentemente iniziato studi di metagenomica del microbiota intestinale delle api che sono ad alto rischio di sopravvivenza, con l'obiettivo di migliorare la loro salute, la produzione di miele, e di conseguenza salvaguardare il loro prezioso compito di impollinazione e, non ultimo, valorizzare la potenziale fonte di nuovi alimenti funzionali.

3.3

Title

Quando il vino respira: la chimica della micro-ossigenazione

La **metabolomica**¹ è un approccio scientifico innovativo, che punta ad analizzare ampi gruppi di metaboliti come un insieme. Sta diventando rapidamente una tecnologia abilitante in diversi settori scientifici, dalla diagnosi delle malattie fino alla tecnologia degli alimenti. In questo progetto in collaborazione tra la Fondazione Edmund Mach, l'Università di Padova ed il Consorzio Tuscania, si è investigata con tecniche metabolomiche la influenza della micro-ossigenazione su un vino Sangiovese. Il vino è una bevanda particolarmente complessa, che contiene molte centinaia di composti organici primari e secondari, le concentrazioni ed i rapporti tra i quali ne determinano la qualità ed il carattere.

L'effetto dell'ossigeno sulla qualità sensoriale dei vini rossi è un tipico caso di ormesi, con evidenti effetti positivi a piccole dosi, superate le quali la qualità del vino è penalizzata. Lo sviluppo tecnologico ha reso disponibili dispositivi automatizzabili, capaci di dosare con precisione la quantità di ossigeno rilasciato in continuo nel vino con appositi diffusori. La tecnica ha assunto forte rilevanza economica. La dose di ossigeno necessaria per ciascun vino viene però ad oggi stimata empiricamente dall'enologo. Vi è la necessità quindi di migliorare la comprensione del chimismo per trovare dei marcatori che, opportunamente misurati, permettano un domani di controllare con maggiore precisione il processo.

La micro-ossigenazione è stata sperimentata in condizioni tipiche di cantina, senza valori estremi, per diversi motivi. Non ultimo quello di preservare la qualità del vino, dato che la prova è stata condotta su 240 hl di prodotto.

Due prove separate di micro-ossigenazione sono state condotte prima e dopo la fermentazione malo-lattica. Per ciascuna prova, il vino è stato diviso in 24 vasche in acciaio da 10 hl e sottoposto a micro-ossigenazione controllata in 8 diverse condizioni, ciascuna condotta in triplicato.

Le variabili investigate sono state la quantità di ossigeno e la concentrazione di ferro. Tutte le altre condizioni sono state strettamente standardizzate e monitorate.

La **sperimentazione**² (i cui dettagli sono liberamente scaricabili a questo link: www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0037783) ha dimostrato che una singola analisi metabolomica, senza alcun tipo di preparazione dei campioni, ha permesso di valutare l'effetto combinato di ossigeno e metallo sulla concentrazione di circa 1.000 composti del vino Sangiovese. È stato possibile identificare e descrivere con precisione gli andamenti di oltre 250 metaboliti tra primari (e.g. carboidrati, amminoacidi) e secondari (pigmenti, tannini, acidi grassi, etc), già noti per la loro importanza in questa tecnica. Allo stesso tempo, la contemporanea misura di oltre 750 composti ignoti ha permesso di generare nuove ipotesi. Sono stati identificati numerosi composti (arginina, prolina, triptofano, raffinose, acido succinico, xantina, diversi acidi grassi, etc.) che non erano mai stati messi in relazione con questo processo, non essendo rilevabili con esperimenti precedenti condotti con tecniche analitiche convenzionali o su sistemi modello. Alcuni di questi composti, ed in particolare quelli che hanno un effetto bifasico in relazione alla dose di ossigeno, devono ora essere studiati per comprenderne il ruolo e validarne in futuro il possibile impiego come marcatori del processo di micro-ossigenazione.

in short

Descritti con precisione
oltre 250 metaboliti come marcatori
del processo di ossigenazione
del vino rosso,
e identificati altri 750 composti

More

Approfondimenti

Fulvio Mattivi

1 / Come funziona la metabolomica

Il sistema cromatografico induce una separazione tra i composti iniettati nello strumento. Questi raggiungono l'interfaccia dove generano degli ioni carichi che vengono accelerati e misurati nello spettrometro di massa. Di ciascun frammento generato viene rilevata una coppia univoca di valori di massa accurata e di tempo di ritenzione. Ottenibile per tutti i composti che lasciano una traccia nelle condizioni di analisi: inclusi quelli non ancora identificati! Questo genera però dei dati estremamente completi e complessi da analizzare, che devono essere analizzati con apposite tecniche informatiche.

Panagiotis Arapitsas, Matthias Scholz

2 / Metodologia di analisi

Le analisi sono state effettuate con un sistema cromatografico Acquity accoppiato ad uno spettrometro di massa Synapt Q-TOF-MS. Gli spettri di massa sono stati registrati utilizzando la tecnica di ionizzazione electrospray (ESI) sia in modalità positiva che negativa, a due livelli di energia, in un intervallo di massa fino a 3.000 Dalton. I dati sono poi processati dal software XCMS ed esportati per la successiva elaborazione verso R-package e CAMERA. Ad esempio, nei vini della micro-ossigenazione pre-MLF sono state osservate in modalità ESI positiva 8.526 features (raggruppate in 3.188 insiemi), e 5.620 features (2.151 insiemi) in ESI negativa.

3.4

Title

Metodologie chimiche avanzate per certificare l'autenticità dei formaggi italiani

In conformità alla normativa europea (Regolamento CE N. 510/2006), le indicazioni geografiche e le denominazioni d'origine dei prodotti agro-alimentari devono essere protette dalle contraffazioni, quali la falsa etichettatura. Questo risulta particolarmente importante per i formaggi **DOP¹** (Denominazione di Origine Protetta) italiani a pasta dura quali il Parmigiano Reggiano e il Grana Padano, che hanno un giro di affari annuo di circa 2,5 miliardi di Euro e un prezzo di mercato doppio rispetto ai similari non DOP. Produttori disonesti possono quindi essere tentati di utilizzare fraudolentemente le denominazioni DOP per formaggi similari soprattutto nel formato di grattugiato o bocconcini, per i quali non è possibile controllare il marchio impresso sulla crosta.

Al fine di tutelare sia il consumatore che il produttore onesto da tali contraffazioni, è necessario sviluppare metodi oggettivi e robusti in grado di determinare l'origine dei prodotti al commercio e quindi di verificarne l'autenticità.

Tra i metodi, l'analisi dei **rapporti tra isotopi stabili²** di bioelementi soprattutto se combinata con l'analisi del **contenuto di elementi minerali³** sembra essere uno dei migliori candidati.

In collaborazione con i Consorzi per la tutela dei due formaggi DOP e con il Centro Trasferimento Tecnologico di FEM, sono stati analizzati i rapporti isotopici di idrogeno, carbonio, azoto e zolfo e il contenuto di 50 elementi in 82 campioni autentici di Parmigiano Reggiano, 203 di Grana Padano e un numero totale di 184 formaggi a pasta dura non DOP prodotti in Italia - Gran Biraghi / Valgrana, Repubblica Ceca - Gran Moravia, Lituania - Goya / Dziugas, Germania - Reibekase, Austria, Lettonia - Monterigo, Polonia, Francia, Olanda, Cina e Stati Uniti. I formaggi DOP sono stati opportunamente selezionati dai consorzi e coprono tutte le zone tradizionali di produzione previste dal disciplinare, mentre i formaggi non DOP rappresentano i principali concorrenti commerciali.

La composizione isotopica e minerale di Grana Padano e Parmigiano Reggiano è risultata significativamente diversa da quella di tutti i similari. Con l'aiuto di **tecniche statistiche avanzate⁴**, sono stati creati dei modelli (Camin et al, 2012), che combinano le variabili analitiche più significative e che possono essere utilizzati come riferimento nelle verifiche di autenticità: se i risultati analitici del formaggio non sono conformi al modello, il campione viene considerato non autentico.

Il sistema ha ora anche una valenza legale. In primo luogo l'analisi del rapporto tra isotopi stabili è stata riconosciuta dalla normativa UE come analisi ufficiali di controllo qualità ed è stata inserita con questa veste nel disciplinare di produzione del formaggio Grana Padano DOP (Reg. CE 584/2011). Poi, i modelli e i valori di riferimento dei formaggi DOP sono stati depositati presso il Ministero Italiano delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali. Infine, i metodi sono stati validati sulla base dei risultati di uno studio collaborativo internazionale che ha coinvolto oltre 10 laboratori e ha riguardato 7 coppie di formaggio in doppio cieco.

Il sistema è quindi ora pienamente operativo e può essere utilizzato dagli organismi ufficiali e dai Consorzi di tutela per la certificazione di autenticità dei formaggi a pasta dura presenti sul mercato.

La combinazione delle 2 metodologie ha permesso di caratterizzare anche altri formaggi italiani DOP o tradizionali quali Asiago, Fontina, Montasio, Spressa, Toma, Puozzone e Vezzena (Bontempo et al., 2011).

in short

Un valido riferimento
per gli organismi ufficiali
ed i Consorzi di tutela
per la certificazione di autenticità

More

Approfondimenti

Federica Camin

1 / DOP, Parmigiano Reggiano, Grana Padano

Secondo il Rapporto 2011 ISMEA, il numero di prodotti a denominazione protetta ha superato il migliaio a livello europeo, con l'Italia al primo posto (239 prodotti). Il giro d'affari complessivo annuo è di 6 miliardi € alla produzione e 10 miliardi al consumo. Grana Padano e Parmigiano Reggiano sono le denominazioni italiane a più alto fatturato.

Federica Camin

2 / Rapporti tra isotopi stabili di bioelementi

Sono $^2\text{H}/^1\text{H}$, $^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$, $^{15}\text{N}/^{14}\text{N}$, $^{18}\text{O}/^{16}\text{O}$, $^{34}\text{S}/^{32}\text{S}$ e vengono misurati utilizzando uno Spettrometro di Massa Isotopica.

Nei prodotti animali dipendono dal tipo di dieta, dall'origine geografica (latitudine, altitudine, distanza dal mare) e dalle caratteristiche climatiche (temperatura, piovosità) dell'area di provenienza.

Robert Larcher

3 / L'analisi del contenuto di elementi minerali

Vengono misurati in spettrometria di massa a plasma accoppiato induttivamente dopo digestione acida del formaggio. I fattori di variabilità sono: mobilità e disponibilità nel suolo, assorbimento e deposito nel foraggio, assorbimento intestinale nell'animale, secrezione della ghiandola mammaria e impatto della tecnologia e delle contaminazioni nel processo di produzione del formaggio.

Ron Wehrens

4 / Tecniche statistiche avanzate per valutare l'autenticità degli alimenti

Usando tecniche statistiche multivariate è possibile discriminare tra classi, sulla base di parametri analitici. Metodi semplici quali l'analisi discriminante lineare riescono a dare risultati significativi. Con numeri importanti di variabili e campioni, è possibile adottare tecniche più innovative, quali Random Forest, ed affinare le possibilità di discriminazione.

3.5

Title

Come può essere misurata la qualità percepibile della mela?

Il gradimento è un fattore fondamentale nella scelta di un prodotto da parte del consumatore, che ne percepisce la qualità attraverso i sensi, elaborandola in base al contesto, alle informazioni esterne, a fattori cognitivi ed emozionali.

Le proprietà sensoriali delle mele sono determinate da fattori genetici ed agronomici, da cui dipendono le caratteristiche dei frutti alla raccolta, che continuano poi ad evolversi durante la conservazione.

Colore e forma del frutto sono le prime caratteristiche sensoriali ad essere valutate e guidano la scelta del prodotto creando un'aspettativa che influenzerà il giudizio all'assaggio. Un altro aspetto importante è la texture (insieme di proprietà meccaniche ed elastiche), strettamente correlata con la percezione della freschezza. La texture inoltre modula anche il rilascio dalla polpa dei composti responsabili di odori, flavour (la combinazione di gusti ed odori percepiti per via retronasale), ed altre sensazioni (come l'astringenza).

La qualità sensoriale è, tuttavia, misurata solitamente in maniera indiretta attraverso parametri pomologici: forma, colore, contenuto di solidi solubili, acidità titolabile e misure di durezza al penetrometro. Sebbene molti studi abbiano cercato di correlare la qualità sensoriale con questi parametri strumentali, spesso non si basano su valutazioni del profilo condotte applicando rigorosamente i principi dell'analisi sensoriale. Per di più, una semplice correlazione univariata risulta spesso inadeguata, a causa delle interazioni fra attributi sensoriali.

L'analisi descrittiva è l'approccio migliore per avere una rappresentazione completa e oggettiva della qualità sensoriale, in termini qualitativi e quantitativi: la valutazione fornita da un panel dovrebbe costituire l'unico riferimento valido per calibrare le analisi strumentali.

Nel 2010, grazie alle competenze multidisciplinari e alla disponibilità di un laboratorio sensoriale con un panel addestrato, è iniziata presso FEM una vasta **caratterizzazione sensoriale**¹ di cultivar di mela.

Sono state analizzate un ampio numero di varietà, tra cui le più diffuse sul mercato italiano. Nel 2011 sono stati, inoltre, considerati diversi nuovi genotipi sviluppati da FEM.

In parallelo con il panel, le stesse mele sono state sottoposte ad analisi strumentali per la valutazione di parametri fisico-chimici correlabili ai descrittori sensoriali relativi ad aspetto (colore), texture (analisi di parametri meccanici ed acustici), odore e flavour (composizione di base e metaboliti volatili). Tutto ciò con l'obiettivo di elaborare **modelli predittivi**² basati su caratterizzazioni strumentali, in grado di fornire una stima affidabile degli attributi sensoriali su estesi campionamenti per studiare il legame con genotipo e profili metabolici e che non potrebbero essere analizzati direttamente per l'intrinseca lentezza dell'analisi sensoriale e per la scarsa disponibilità di campioni. Gli incoraggianti risultati preliminari mostrano che la maggior parte delle proprietà di texture e alcuni descrittori dell'odore e del flavour possono essere predetti da misure strumentali.

Ad integrazione di questa caratterizzazione è stato condotto uno studio per indagare le **interazioni multisensoriali**³ durante il consumo della mela e un **test del consumatore**⁴ per valutare l'influenza sulla preferenza delle caratteristiche sensoriali intrinseche e il ruolo delle informazioni esterne.

La definizione ed il controllo della qualità percepibile della mela, resa possibile grazie all'approccio presentato vuole, dunque, essere un valido strumento per il miglioramento genetico della qualità delle mele che abbia come riferimento i consumatori.

in short

Metodi e
modelli di stima
delle proprietà sensoriali della mela

More

Approfondimenti

Maria Laura Corollaro

1 / Il profilo sensoriale

Il metodo sensoriale proposto per l'elaborazione del profilo sensoriale della mela si basa sull'analisi quantitativa descrittiva eseguita da un panel addestrato, composto da dipendenti FEM, che valuta i campioni secondo una serie di descrittori relativi a texture, odori, aromi e aspetto esteriore. Il metodo è validato valutando livello di accordo, coerenza, riproducibilità e capacità discriminante dei giudici. Analisi univariate e multivariate evidenziano le differenze esistenti fra le cultivar, i cambiamenti indotti da pratiche pre- e post-raccolta o sviluppati durante la conservazione, nonché le differenze fra nuove selezioni e genotipi parentali.

Eugenio Aprea

2 / Predire gli odori della mela

Combinando i profili dei composti volatili di circa 20 cultivar di mela, determinati tramite SPME-GC-MS, e i profili sensoriali delle stesse, descritte da un panel addestrato, è stato possibile raggruppare le cultivar in 5 categorie caratterizzate da specifici aromi. Sono stati quindi costruiti, e validati, dei modelli predittivi per gli odori da misure rapide di spazio di testa. Inoltre lo studio ha evidenziato come gli stessi composti volatili presenti in rapporto differente tra di loro possano generare sensazioni differenti all'olfatto.

M. Luisa Demattè

3 / L'interazione multisensoriale nella percezione della texture

La nostra esperienza del cibo è multisensoriale, poiché mangiare coinvolge la maggior parte dei nostri sensi. Per approfondire i processi di percezione della texture nella mela abbiamo condotto alcuni test psicofisici che hanno coinvolto complessivamente 63 persone. I risultati indicano che la manipolazione del suono di una mela che viene morsa modifica non solo la percezione della sua croccantezza, un parametro di texture basato su informazioni prettamente acustiche, ma anche della durezza, cioè di qualcosa considerato basarsi solo su informazioni cinestesiche.

Isabella Endrizzi

4 / I fattori che influenzano l'accettabilità dei consumatori

Attraverso un test che ha coinvolto 221 consumatori abbiamo studiato come l'accettabilità di alcune note varietà di mela è influenzata da differenti livelli di croccantezza e di gusto (dolce e acido) e nel contempo da informazioni estrinseche fornite appena prima dell'assaggio sull'ipotetico contenuto di fibre e di antiossidanti della mela in valutazione. Mediamente sono stati trovati effetti significativi per i fattori sensoriali che influenzano positivamente il gradimento, mentre i fattori estrinseci sembrano non avere effetto se non andando a considerare diversi segmenti di consumatori.

3.6

Title

La piattaforma “Composti Volatili”: un differente approccio a un problema classico

Ai primordi della vita, la chemorecezione di molecole disciolte nell'acqua era lo strumento principale per comunicare e per esplorare l'ambiente circostante. Per gli organismi che si sono avventurati sulla terraferma è stato necessario ricorrere a molecole più piccole e poco legate che possano diffondersi liberamente nell'atmosfera: i composti volatili. Spesso trascuriamo la loro importanza e quella del senso che li rileva, l'olfatto, il nostro senso più antico perché, soprattutto nell'uomo, hanno preso il sopravvento la vista e l'udito. Tuttavia la chemorecezione gioca un ruolo fondamentale in molti campi, alcuni anche di rilevanza per FEM: la percezione della qualità sensoriale degli alimenti e della qualità dell'aria, la comunicazione fra piante e insetti e, probabilmente, fra le stesse piante.

Le tecniche più avanzate per l'identificazione e la quantificazione dei composti volatili prevedono una fase di pre-concentrazione e una separazione cromatografica e sono, di conseguenza, lente e laboriose.

La neonata piattaforma “Composti Volatili”, al contrario, mette a disposizione di FEM metodologie rapide e non invasive che permettono la quantificazione dei composti volatili con sensibilità molto elevate attraverso tecniche di spettrometria di massa per iniezione diretta. Si tratta di cambiare prospettiva: sacrificare parzialmente l'informazione analitica per realizzare metodi con potenzialità nuove e complementari a quelli più consolidati. La piattaforma ha visibilità internazionale per quanto riguarda le applicazioni agrolimentari del PTR-MS (Proton Transfer Reaction Mass Spectrometry) e, in particolare, ha acquisito, prima in Italia e fra le prime nel mondo, una versione con analizzatore ** di volo che permette di raggiungere sensibilità e risoluzioni temporali elevatissime.

L'attività svolta ha permesso di identificare i punti di forza dell'approccio proposto. Da un lato esso permette lo screening di data set estesi in modo non distruttivo. Questo è determinante per il confronto con altre tecniche, ad esempio la biologia molecolare, o quando si vogliono valutare gli stessi campioni con

più tecniche. Possiamo citare come esempi la stima di caratteristiche sensoriali da rapide misure strumentali, l'identificazione di marcatori molecolari per i composti volatili o la [classificazione](#)¹ non distruttiva di prodotti agroalimentari e in particolare i cultivar e cloni di mela. Questo ultimo aspetto guida la collaborazione con altri gruppi FEM che prevede la possibilità di stimare le caratteristiche sensoriali di vaste popolazioni di melo grazie a modelli predittivi degli attributi sensoriali da dati strumentali. Dall'altro lato, la rapidità e la non invasività garantite dalla iniezione diretta permettono il monitoraggio in tempo reale di processi di rilevanza per la scienza e tecnologia degli alimenti come, ad esempio, la possibilità di quantificare i composti volatili emessi dagli alimenti direttamente nell'aria espirata durante la degustazione, la cosiddetta [analisi nose-space](#)².

La piattaforma studia anche aspetti di carattere fondamentale, come le proprietà chimico-fisiche di [composti organici solforati](#)³, e applicazioni in altri campi di possibile interesse FEM: il monitoraggio di processi biologici di rilevanza tecnologica (fermentazione, [biodigestione](#)⁴), la misura totalmente non invasiva dell'espirato (**breath analysis**) per scopi diagnostici o applicazioni in metabonomica.

in short

Con la spettrometria di massa
metodologie rapide e non invasive per
quantificare i composti volatili
con elevata sensibilità

More

Approfondimenti

Josè Sanchez del Pulgar Rico

1 / Caratterizzazione di prosciutto crudo iberico tramite PTR-ToF-MS

Il rapido fingerprint PTR-ToF-MS è stato utilizzato per la classificazione di prosciutti iberici in funzione della dieta degli animali durante il periodo di ingrasso. Questo è il principale fattore che influenza la qualità finale di questo prodotto di nicchia dal prezzo elevato. In questo lavoro è stato utilizzato, per la prima in campo agroalimentare, il sistema "Switching Reagent Ion" che permette di incrementare l'informazione analitica fornita dal PTR-MS sia permettendo la rilevazione di composti non ionizzabili per scambio di protone che la separazione di composti isobari quali aldeidi e chetoni, entrambi di grande rilevanza per flavour del prosciutto crudo.

Andrea Romano

2 / L'analisi nose-space fornisce nuove informazioni sull'interazione tra alimento e consumatore

Lo studio dell'interazione tra alimento e consumatore non sempre tiene conto delle differenze inter-individuali. La spettrometria di massa ad iniezione diretta (nel caso particolare la PTR-ToF-MS) può essere impiegata con successo per produrre un'"istantanea" in tempo reale dei composti volatili rilasciati durante la degustazione. La tecnica, comunemente chiamata Nose-Space, ha permesso di verificare l'esistenza di differenze riproducibili tra degustatori di caffè. L'obiettivo è quello di fornire una visione più completa delle basi fisiologiche di sensibilità e preferenze dei consumatori per quanto riguarda il caffè e/o altri alimenti.

Erna Schuhfried

3 / Caratterizzazioni chimico-fisiche di composti solforati

I composti organici solforati sono fra gli argomenti di indagine della Piattaforma Composti Volatili anche in cooperazione con l'Università di Innsbruck. Negli alimenti, e non solo, questi composti sono tipicamente associati a difetti ma, in qualche caso e a basse concentrazioni, possono anche dare note ricercate e peculiari come succede nel vino, nel formaggio e nel caffè. È quindi interessante e, vista la loro bassa soglia olfattiva, anche molto difficile sviluppare metodi per la loro misura. Per supportare la ricerca in questo senso sono stati quantificati importanti parametri chimico-fisici di rilevanza per l'applicazione del PTR-MS: la costante di Henry, la frammentazione indotta dalla protonazione e i meccanismi di reazione in condizioni di alta umidità.

Davide Papurello

4 / Monitoraggio del biogas prodotto durante la biodigestione anaerobica della frazione organica dei rifiuti solidi urbani

In collaborazione con il gruppo di Silvia Silvestri (CTT-FEM), SOFCpower e il Politecnico di Torino, abbiamo investigato la possibilità di produrre energia pulita dalla frazione organica del rifiuto solido urbano. L'idea è di produrre energia in modo biologico dai rifiuti in modo da generare energia elettrica e termica. L'efficienza delle pile a ossido solido (solid oxide fuel cell: SOFC) può però essere compromessa da altri composti volatili cogenere nel biogas (ad esempio alcuni composti organici solforati). Il PTR-MS permette il monitoraggio di questi composti direttamente nel digestore e nelle sezioni di filtraggio.

Highlights



Federica Camin

1 / Markers isotopici e chimici per la caratterizzazione di frutta biologica

Sono stati indagati una serie di parametri isotopici ($^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$, $^{15}\text{N}/^{14}\text{N}$, $^{18}\text{O}/^{16}\text{O}$, $^2\text{H}/^1\text{H}$, $^{34}\text{S}/^{32}\text{S}$) e chimico-fisici (pH, peso del frutto, resa in succo, acidità titolabile, solidi solubili totali, resistenza della buccia, consistenza della polpa, caratteristiche colorimetriche, perdita di peso dopo la raccolta, attività antiossidante, indice di precocità, azoto totale, acido ascorbico, sinefrina, antocianine, polifenoli, acido citrico, malico, saccarosio, glucosio e fruttosio) quali potenziali *markers* della produzione biologica di arance, mandarini, fragole e pesche. I parametri più significativi sono risultati il rapporto isotopico $^{15}\text{N}/^{14}\text{N}$, l'acido ascorbico e i solidi solubili totali.

Luana Bontempo

2 / Tracciabilità lungo la catena produttiva del pomodoro italiano sulla base della composizione isotopica e minerale

320 campioni di pomodoro e derivati (succo, passata, concentrato) prodotti in 3 regioni italiane (Piemonte, Emilia Romagna, Puglia) sono stati sottoposti ad analisi dei rapporti tra isotopi stabili di H, C, N, O, S e del contenuto in 50 metalli e in nitrati, cloruri, solfati e fosfati. La composizione isotopica e minerale del pomodoro è risultata diversa per le 3 origini regionali, e generalmente inalterata lungo la filiera produttiva (dal pomodoro al concentrato). A prescindere dalla tipologia di prodotto, oltre il 95% dei campioni è stata correttamente riclassificata alla zona di origine dall'analisi statistica multivariata in cross-validation. Lo studio è stato condotto in collaborazione con il Centro Trasferimento Tecnologico.



Valentina Catalano

3 / AGER-ENOLOGIA: Tracciabilità geografica e genetica della filiera enologica

Le fondazioni in rete per la ricerca agroalimentare (AGER) hanno finanziato il progetto "Nuove metodologie analitiche per la tracciabilità geografica e varietale dei prodotti enologici" che prevede la caratterizzazione di alcuni vini di alta qualità prodotti in Emilia Romagna e in Trentino Alto Adige. Il Centro Ricerca e Innovazione contribuisce con diverse competenze agli obiettivi del progetto, integrando analisi isotopiche, metabolomiche e genomiche.

Flavia Gasperi

4 / Il contributo della ricerca per la valorizzazione del Trentingrana

Grazie alla collaborazione tra Consorzio Trentingrana e ricercatori FEM è stato fatto un importante passo avanti verso la messa a punto di uno strumento affidabile per controllare lo standard qualitativo del principale formaggio trentino. Il sistema di controllo si basa sulla misura diretta della qualità sensoriale, quella che più saldamente crea il legame tra prodotto e consumatore. Si stanno inoltre studiando metodi di analisi di parametri fisici o chimici correlabili con gli aspetti sensoriali. La validità di questo duplice approccio è stata confermata di recente con uno studio su raccolta del latte e qualità finale del Trentingrana.

Isabella Endrizzi

5 / Nuovi strumenti statistici per la segmentazione della preferenza dei consumatori

Nello studio del consumatore è di primaria importanza capire e classificare le preferenze individuali in relazione alle caratteristiche del prodotto e dei consumatori stessi, allo scopo di sviluppare strategie di marketing di successo. In questi anni, abbiamo sviluppato due metodi innovativi per meglio interpretare la scelta del consumatore. Il primo metodo consiste in un algoritmo che segmenta in modo automatico i consumatori tenendo conto simultaneamente di tutta l'informazione disponibile (preferenze, caratteristiche dei prodotti e dei consumatori), il secondo, basato sull'analisi dei residui dell'ANOVA, permette di studiare le differenze individuali.

M. Luisa Demattè

6 / Quanto possono essere diverse le risposte agli odori!

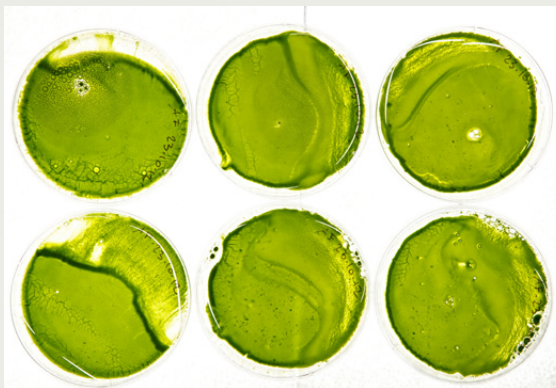
Dare un nome ad un odore è un compito difficile per l'uomo, e l'attenzione che prestiamo al nostro ambiente chemosensoriale varia tra individui. Nel corso di 3 anni, 171 volontari hanno partecipato ad un test di identificazione di odori familiari e la loro prestazione è stata analizzata considerando fattori personali e psico-attitudinali. In questo modo abbiamo trovato ad esempio che le donne sono più consapevoli degli odori degli uomini, e che questa consapevolezza aumenta con l'età. Abbiamo inoltre dimostrato che esiste un legame tra la riluttanza a consumare cibi nuovi o sconosciuti (neofobia) e la capacità di individuare il nome corretto di un odore.



Ulrike Obertegger, Federica Camin, Giovanna Flaim

7 / Adattamento di un dinoflagellato stenotermo freddo ai raggi UV

Abbiamo indagato le strategie fisiologiche adottate da *Borghiella dodgei*, un dinoflagellato di acque dolci, nei confronti dei raggi UV in condizioni di freddo. È stato registrato un generale aumento dell'attività fisiologica e una efficace detossificazione di radicali d'ossigeno per mitigare i danni provocati dai raggi UV. In un contesto di cambiamenti globali, gli effetti dell'interazione tra temperature più alte e raggi UV avranno delle conseguenze notevoli su tutta la catena alimentare. Questo lavoro è stato svolto in collaborazione con l'università di Trento, laboratorio di chimica organica.



Floriana Marin, Alessandro Gretter

8 / FEM porta in Trentino le giornate internazionali sulla Spettrometria di Massa

Sarà la FEM ad organizzare nell'ottobre 2013 il 3° appuntamento degli MS Food Days, evento di impatto internazionale promosso dalla Società di Chimica Italiana (divisione spettrometria di massa) con il supporto di attori importanti nel comparto "food" nazionale come Barilla e Illy caffè. Il convegno, per il quale sono attesi circa 200 partecipanti dal mondo della ricerca e dell'industria agro-alimentare, rappresenta un'occasione unica per affrontare tematiche come la qualità e la sicurezza alimentare, la tracciabilità, le tecnologie di produzione, aspetti per i quali le tecniche di spettrometria di massa si rivelano cruciali. Il ruolo prominente della FEM nella ricerca scientifica in questi ambiti è stato determinante sulla scelta del Trentino come sede per la terza edizione del Convegno.

la nostra ricerca : facts & figures

- part_1 Il Campus FEM
- part_2 Il nostro Network Internazionale
- part_3 Progetti di Ricerca
- part_4 Affiliazioni a società scientifiche
- part_5 Presenza nei comitati editoriali
- part_6 Premi
- part_7 Tesi accademiche svolte presso FEM
- part_8 Articoli pubblicati su riviste con Impact Factor
- part_9 Copertine di riviste con Impact Factor dedicate a ricerche del CRI
- part_10 Organigramma / Staff data

|| Campus FEM



1 /

Convitto

2 /

Cantina Storica

3 /

12 /
13 /

Laboratori

4 /

Centro
Istruzione e
Formazione +
Biblioteca

5 /

Amministrazione
FEM +
Presidenza

6 /

Foresteria
Maso
Kinderleit



7 /

Palazzina
Centro Ricerca
e Innovazione +
Direzione CRI

8 /

Palazzina CTT
(Centro
Trasferimento
Tecnologico)

9 /

Cantina di
Microvinificazione

10 /

14 /

Serre
sperimentali

11 /

Palazzo della
Ricerca e della
Conoscenza

Il nostro Network Internazionale

128

EUROPA /

- + Academy of Sciences of the Czech Republic, **Praha / CZ**
- + Agencia Estatal Consejo Superior de Investigaciones Científicas, **Madrid / ES**
- + Agenzia Nazionale per le nuove tecnologie, l'energia e lo sviluppo economico sostenibile (ENEA), **Roma / IT**
- + Agenzia Provinciale per la Protezione dell'Ambiente, **Trento / IT**
- + Agenzia Regionale Prevenzione e Ambiente dell'Emilia-Romagna, **Bologna / IT**
- + AlPlanta - Institute for Plant Research RLP AgroScience, **Neustadt/W / DE**
- + Arbeitsbereich Wildtierökologie und Wildtiermanagement, Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, **Freiburg / DE**
- + Aristotle University of Thessaloniki, Department of Botany, **Thessaloniki / EL**
- + Associazione Italiana per l'Agricoltura Biologica (AIAB), **Roma / IT**
- + Austrian Institute of technology, **Vienna / AT**
- + Austrian League of Nature Conservation Burgenland, **Eisenstadt / AT**
- + AVIA-GIS "Agriculture and Veterinary Information and Analysis", **Zoersel / BE**
- + Azienda Provinciale per i Servizi Sanitari (APSS), **Trento / IT**
- + Balatoni Adaptációs Mintaprojekt, **Siófok / HU**
- + Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL), **Erlangen / DE**
- + Cardiff School of Biosciences, **Cardiff / UK**
- + Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD), **Paris / FR**
- + Centre for Integrative Biology (CIBio), Università di Trento, **Trento / IT**
- + Centro de Estudios Ambientales del Mediterráneo (CEAM), **Valencia / ES**
- + Centro de Investigación Forestal (INIA), **Madrid / ES**

15

NORD AMERICA

USA

*California / Massachusetts /
New York / Pennsylvania /
Virginia / Washington*

Canada

Alberta / British Columbia

X

*Indicazione di posizione e numero
di partner per continente.*

- + Centro interdipartimentale di ricerche agro-ambientali "Enrico Avanzi", Università Di Pisa, **Pisa / IT**
- + Centro Interdipartimentale Mente e Cervello (CiMeC), Università di Trento, **Trento / IT**
- + + Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR) - Istituto di Biometeorologia, **Firenze / IT**
- + Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR) - Istituto di Genetica Vegetale, **Sesto Fiorentino, (FI) / IT**
- + Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR) - Istituto per la Protezione delle Piante, **Sesto Fiorentino, (FI) / IT**
- + Consiglio per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura (CRA), **Roma / IT**
- + Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR) - Istituto per la Valorizzazione del Legno e delle Specie Arboree (IVALSA), **San Michele all'Adige, (TN) / IT**



- + Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR) - Istituto per lo Studio degli Ecosistemi, **Verbania-Pallanza / IT**
- + Consiglio per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura, Unità di ricerca per il Monitoraggio e la Pianificazione Forestale (CRA-MPF) - **Villazzano, (TN) / IT**
- + Consorzio Olivicolo Italiano (UNAPROL), **Roma / IT**
- + Consorzio Parmigiano Reggiano DOP, **Reggio Emilia / IT**
- + Consorzio Tutela Grana Padano DOP, **Desenzano D.G. / IT**
- + Monari Federzoni, **Modena / IT**
- + Ponti, **Ghemme, (NO) / IT**
- + Dpto. de Genética Molecular de Plantas, CNB-CSIC, **Madrid / ES**
- + Eidgenössische Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL, **Birmensdorf / CH**

- + Eurofins Scientific, **Nantes / FR**
- + European Academy of Bozen/Bolzano (EURAC), **Bolzano / IT**
- + European Centre for Disease Prevention and Control, **Stockholm / SE**
- + European Synchrotron Radiation Facility, **Grenoble / FR**
- + Finnish Forest Research Institute, Vantaa Research Centre, **Vantaa / FI**
- + Fondazione Bruno Kessler, **Povo, (TN) / IT**
- + Friedrich-Alexander-Universität Erlangen - Nürnberg, Department Biologie, **Erlangen / DE**
- + Ghent University, **Ghent / BE**
- + Imperial College of London – Division of Ecology and Evolution, **London / UK**

Il nostro Network Internazionale

- + Institut für Ökologie, Universität Innsbruck, **Innsbruck / AT**
- + Institut für Vergleichende Tropenmedizin und Parasitologie Ludwig-Maximilians-Universität, **München / DE**
- + Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), **Paris / FR**
- + Institute of Biology, University of Copenhagen, **Copenhagen / DK**
- + Institute of Microbiology, Laboratory for zoonoses, Medical Faculty of Ljubljana, **Ljubljana / SLO**
- + Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (CSIC), Universidad de La Rioja, **Logroño / ES**
- + Instituto de Salud Carlos III, **Madrid / ES**
- + Institut für Forsttechnik – (BOKU), **Vienna / AT**
- + Instytut Meteorologii i Gospodarki Wodnej, **Warszawa / PL**
- + Instytut Nauk Geologicznych, Polskiej Akademii Nauk, **Warszawa / PL**
- + Ispettorato centrale della tutela della qualità e repressione frodi dei prodotti agroalimentari (ICQ-RF) - Ministero delle politiche agricole alimentari e forestali, **Roma / IT**
- + Istituto di Virologia Vegetale (CNR), Unità di Grugliasco, **Torino / IT**
- + Istituto Scienze della Terra, Scuola Universitaria Professionale della Svizzera Italiana (SUPSI), **Canobbio / CH**
- + Istituto Superiore di Sanità, Dipartimento Ambiente e connessa Prevenzione Primaria, **Roma / IT**
- + Istituto Superiore Protezione Ambiente (ISPRA), Laboratorio di Genetica, **Ozzano dell'Emilia, (BO) / IT**
- + Joint Research Centre of the European Commission, Institute for Health & Consumer Protection – Ispra, **Varese / IT**
- + Julius Kühn-Institut Bundesanstalt für Kulturpflanzen (JKI), **Quedlinburg / DE**
- + Laboratorio Arbitral Agroalimentario, Departamento Isótopos Estables, **Madrid / ES**
- + Laboratorio Biologico Provincia Autonoma di Bolzano, **Bolzano / IT**
- + Libera Università di Bolzano, Facoltà di Scienze e Tecnologie, **Bolzano / IT**
- + Ludwig Maximilian Universität München, Biochemie und Physiologie der Pflanzen, **München / DE**
- + Manchester Metropolitan University, Department of Environmental & Geographical Sciences, **Manchester / UK**
- + Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Interdisziplinäres Zentrum für Nutzpflanzenforschung, **Halle / DE**
- + Max Planck Institute for Chemistry, Department of Atmospheric Chemistry, **Mainz / DE**
- + Max Rubner Institut, Funktionelle Molekularbiologie, **Karlsruhe / DE**
- + METLA Finnish Forest Research Institute, **Vantaa, Helsinki / FI**
- + Mountain-eering S.R.L., **Trento / IT**
- + Museo Tridentino di Scienze Naturali (MUSE), **Trento / IT**
- + National Agricultural Research Foundation (NAGREF), **Heraklion, Crete / EL**
- + Osservatorio Trentino sul Clima, Provincia Autonoma di Trento, **Trento / IT**
- + Pannon Egyetem, **Veszprém / HU**
- + Parco Nazionale dello Stelvio, **IT**
- + Parco Tecnologico Padano, **Lodi / IT**
- + Queen Mary, University of London, Department of Geography, **London / UK**
- + Radboud University **Nijmegen / NL**
- + Royal Holloway, University of London, Centre for Systems and Synthetic Biology, **London / UK**
- + Russian Academy of Sciences, **Moscow / RUS**
- + School of Biosciences, Cardiff University, **Cardiff / UK**
- + School of Geography, Earth and Environmental Sciences, University of Birmingham, **Edgbaston / UK**
- + School of Life Sciences, Keele University, **Keele / UK**
- + Seinäjoki University of Applied Sciences (SEAMK), **Åthäri / FI**
- + Servizio Foreste Provincia Autonoma di Trento, **Trento / IT**
- + Swansea University, Department of Geography, **Swansea / UK**
- + Swedish University of Agricultural Sciences Sweden, **Uppsala / SE**
- + Technischen Universität München Biotechnology of Natural Products at the Center of Life and Food Sciences Weihenstephan, **München / DE**
- + TerraData environmetrics - Università degli Studi di Siena, **Siena / IT**
- + The Food and Environment Research Agency, **York / UK**
- + The Norwegian Forest and Landscape Institute, **Ås / NO**
- + Umeå University, Department of Ecology and Environmental Sciences, **Umeå / SE**
- + UMR Diversité et Adaptation des Plantes Cultivées, INRA **Montpellier Cedex / FR**

- + Università Cattolica del Sacro Cuore di Brescia, **Brescia / IT**
- + Università degli Studi di Bologna, Dipartimento di Scienze e Tecnologia Agro-Alimentari, **Bologna / IT**
- + Università degli Studi di Ferrara, Dipartimento Biologia Evoluzionistica, **Ferrara / IT**
- + Università degli Studi di Firenze, Dipartimento di Biologia Evoluzionistica, **Firenze / IT**
- + Università degli Studi di Firenze, Dipartimento di Biotecnologie Agrarie, **Firenze / IT**
- + Università degli Studi di Genova, Dipartimento per lo studio del territorio e delle sue risorse, **Genova / IT**
- + Università degli Studi di Milano, Dipartimento di Produzione Vegetale, **Milano / IT**
- + Università degli Studi di Modena, Dipartimento di Scienze Chimiche e geochimiche, **Modena e Reggio Emilia / IT**
- + Università degli Studi del Molise, **Campobasso / IT**
- + Università degli Studi di Palermo, Dipartimento di Ingegneria Civile, Ambientale, Aerospaziale, dei Materiali (DICAM), **Palermo / IT**
- + Università degli Studi di Padova, Dipartimento di Agronomia Ambientale e Produzioni Vegetali (DAAPV), **Legnaro / IT**
- + Università Cattolica del Sacro Cuore di Piacenza, **Piacenza / IT**
- + Università degli Studi di Pisa, Dipartimento di Coltivazione e Difesa delle Specie Legnose "G. Scaramuzzi", **Pisa / IT**
- + Università degli Studi di Roma, Facoltà di Farmacia e Medicina, **Roma / IT**
- + Università degli Studi di Siena, Dipartimento di Scienze Ambientali, **Siena / IT**
- + Università degli Studi di Torino, Dipartimento di Valorizzazione e Protezione delle Risorse agroforestali (DIVAPRA) – Genetica Agraria, **Grugliasco / IT**
- + Università degli Studi di Torino, **Torino / IT**
- + Università degli Studi di Udine, Dipartimento Scienze Animali, **Udine / IT**

- + Università degli Studi di Urbino, Dipartimento di Scienze Biomolecolari, **Urbino / IT**
- + Università di Roma "La Sapienza", **Roma / IT**
- + Universität Konstanz, **Konstanz / DE**
- + Universitat Politècnica de Catalunya, **Barcelona / ES**
- + Université de Genève, **Genève / CH**
- + University College, London, **London / UK**
- + University of Belgrade, **Belgrade / SRB**
- + University of Bordeaux, Institute of Molecular Science, **Bordeaux / FR**
- + University of Debrecen, Department of Ecology and Medical School, **Debrecen / HU**
- + University of Helsinki, Dept. of Agricultural Sciences, **Helsinki / FI**
- + University of Lancaster, Department of Geography, **Lancaster / UK**
- + University of Oulu, Department of Biology, **Oulu, FI**
- + University of Tromsø, Department of Arctic and Marine Biology, **Tromsø / NO**
- + Wageningen University and Research Centre, **Wageningen / NL**

15

NORD AMERICA /

- + University of California, Center for Population Biology, **Davis, CA / USA**
- + Centre for Infectious Disease Dynamics, Penn State University, **University Park, PA / USA**
- + Cornell University, **Cornell / USA**
- + Virginia Commonwealth University, Department of Biology, **Richmond, VA / USA**
- + University of California at Davis, Department of Plant Sciences, **Davis, CA / USA**
- + California Academy of Sciences, Department of Vertebrate Zoology, **CA / USA**

- + University of Alberta, **Canada**
- + Harvard University, **Cambridge, MA / USA**
- + Ohio State University, Center for Applied Plant Sciences, **Columbus / USA**
- + Penn State University, **University Park, PA / USA**
- + University of California at Berkeley, **Berkeley / USA**
- + University of San Diego, **San Diego, CA / USA**
- + University of Victoria, Centre for Forest Biology, **Victoria / Canada**
- + Washington State University, **Washington / USA**

5

ASIA /

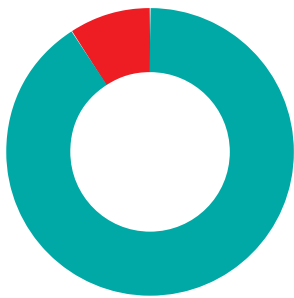
- + Centre for Biodiversity and Forest Studies, Madurai Kamaraj University, **Madurai / India**
- + Chinese Academy of Sciences, **Beijing / China**
- + Faculty of Agriculture, Food and Environment, Hebrew University of Jerusalem, **Jerusalem / Israel**
- + University of Hebron, West-Bank, **Jerusalem / Israel**
- + Volcani Center, **Bet-Dagan / Israel**
- + Weizmann Institute of Science, **Rehovot / Israel**

4

OCEANIA /

- + CSIRO Plant Industry & Food Futures Flagship, **Adelaide / Australia**
- + Plant & Food Research Institute Oakland, **Auckland / New Zealand**
- + School of Agricultural and Wine Sciences, University of Wagga, **Wagga / Australia**
- + University of Newcastle, **New South Wales / Australia**
- + University of Otago, **Dunedin / New Zealand**

Progetti di Ricerca



40 PROGETTI
finanziati da Organismi Internazionali Pubblici

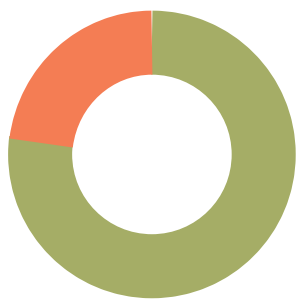
4 PROGETTI
finanziati da Organismi Internazionali Privati

PUBBLICI

26 PROGETTI finanziati da / UNIONE EUROPEA	4 PROGETTI finanziati da / CHINESE SCHOLARSHIP COUNCIL 2012	2 PROGETTI finanziati da / NATIONAL AERONAUTICS AND SPACE ADMINISTRATION NASA	1 PROGETTO finanziato da / ACCORDO SOUTH AUSTRALIA/ TRENTINO
1 PROGETTO finanziato da / FUNDACAO DE AMPARO À PESQUISA DO ESTADO DE SÃO PAULO	1 PROGETTO finanziato da / ISTITUTO CANTONALE MICROBIOLOGIA-DIPARTIMENTO DELLA SANITÀ E DELLA SOCIALITÀ REPUBBLICA E CANTONE TICINO	1 PROGETTO finanziato da / NORWEGIAN INSTITUTE FOR NATURE RESEARCH	1 PROGETTO finanziato da / SVERIGES LANTBRUKUNIVERISTE
1 PROGETTO finanziato da / THE INSTITUTE OF ECOLOGY AN EARTH SCIENCE UNIVERSITY OF TARTU	1 PROGETTO finanziato da / UNIVERSITÀ DEL CILE	1 PROGETTO finanziato da / UNIVERSITÀ DI OSLO	

PRIVATI

1 PROGETTO finanziato da / BIOLOGICAL PRODUCTS FOR AGRICULTURE (BIPA)	1 PROGETTO finanziato da / NOMACOR SA	1 PROGETTO finanziato da / VETRONIC AEROSPACE GMBH	1 PROGETTO finanziato da / MONDELEZ GLOBAL LLC
--	---	--	--

**74 PROGETTI**finanziati da Organismi Nazionali Pubblici**22 PROGETTI**finanziati da Organismi Nazionali Privati**PUBBLICI**

46	4	3	3	3
PROGETTI finanziati da / PROVINCIA AUTONOMA DI TRENTO di cui 32 linee di ricerca finanziate su Accordo di Programma	PROGETTI finanziati da / FONDAZIONE CARITRO	PROGETTI finanziati da / MINISTERO DELLE POLITICHE AGRICOLE E FORESTALI	PROGETTI finanziati da / REGIONE SICILIA	PROGETTI finanziati da / AGENZIA PROVINCIALE PER LA PROTEZIONE DELL'AMBIENTE (APPA)
1	2	2	1	1
PROGETTO finanziato da / REGIONE PIEMONTE	PROGETTI finanziati da / MINISTERO DELL'ISTRUZIONE, DELL'UNIVERSITÀ E DELLA RICERCA	PROGETTI finanziati da / MINISTERO DELLA SALUTE	PROGETTO finanziato da / AGENZIA PER L'AMBIENTE PROVINCIA DI BOLZANO	PROGETTO finanziato da / UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI SIENA
1		1	1	1
PROGETTO finanziato da / CONSIGLIO NAZIONALE DELLE RICERCHE (CNR) - ISTITUTO PER LA VALORIZZAZIONE DEL LEGNO DELLE SPECIE ARBOREE (IVALSA)		PROGETTO finanziato da / CONSORZIO DEL PARCO NAZIONALE DELLO STELVIO	PROGETTO finanziato da / CAMERA DI COMMERCIO, INDUSTRIA ARTIGIANATO E AGRICOLTURA TRENTO	PROGETTO finanziato da / COMUNITÀ VALLE DI SOLE
1		1	1	
PROGETTO finanziato da / CONSIGLIO DI RICERCA PER LA SPERIMENTAZIONE IN AGRICOLTURA - CENTRO DI RICERCA PER LA FRUTTICOLTURA (CRAFRU)		PROGETTO finanziato da / CONSORZIO AGER	PROGETTO finanziato da / COMUNE DI TRENTO	

PRIVATI

2	1	1	1	1	1
PROGETTI finanziati da / R&D SYSTEMS SRL	PROGETTO finanziato da / CONSORZIO VINI DI MONTEFALCO	PROGETTO finanziato da / CONSORZIO DEL FORMAGGIO PARMIGIANO REGGIANO	PROGETTO finanziato da / CONSORZIO GRANA PADANO	PROGETTO finanziato da / LOGIX SRL	PROGETTO finanziato da / FERRERO TRADING LUX
1	1	1	1	1	1
PROGETTO finanziato da / DIAL SRL	PROGETTO finanziato da / RAGAZZINI SRL	PROGETTO finanziato da / SOCIETÀ CONSORTILE TUSCANIA	PROGETTO finanziato da / UNIONE ITALIANA VINI	PROGETTO finanziato da / VITIS RAUSCEDO SCA	PROGETTO finanziato da / PARMALAT CENTRO RICERCHE
1	1	1	1	1	1
PROGETTO finanziato da / PROGETTI E AMBIENTE SPA	PROGETTO finanziato da / CAVIT SC	PROGETTO finanziato da / AZIENDA VITIVINICOLA ZENATO SRL	PROGETTO finanziato da / ABOCA SPA	PROGETTO finanziato da / ILLY CAFFÈ SPA	PROGETTO finanziato da / MARVIL ENGINEERING SRL
1	1	1			
PROGETTO finanziato da / AZIENDA AGRICOLA CASALE DEL GIGLIO SRL	PROGETTO finanziato da / CONSORZIO VINI MONTALCINO	PROGETTO finanziato da / LEGA AMBIENTE VENETO			

Affiliazioni a società scientifiche



Società
Sito
Member/s

A

American Association for the Advancement of Science (AAAS)

www.aaas.org

Azeddine Si-Ammour

American Geophysical Union

www.sites.agu.org

Emanuele Cordano

ASLO Association for the Sciences of Limnology and Oceanography

www.aslo.org/index.html

Nico Salmaso

Associazione Italiana di Agrometeorologia

www.agrometeorologia.it

*Emanuele Eccel (membro
del Comitato Direttivo),
Amelia Caffarra, Annalisa
Di Piazza*

Associazione Italiana di Oceanologia e Limnologia

www.aiol.info/home.htm

*Giovanna Flaim, Monica
Tolotti, Nico Salmaso
(membro del Comitato
Direttivo), Leonardo
Cerasino*

Associazione italiana per l'informazione geografica libera

www.gfoss.it/drupal

Monica Fernanda Rinaldi

Associazione Teriologica Italiana

fauna.dipbsf.uninsubria.it

*Francesca Cagnacci
(elected member of the
Counsel, 2010-2012 and
2012-2014).*

E

Eco-Health Alliance

www.ecohealthalliance.org

Annapaola Rizzoli

European Chemoreception Research Organization

www.ecro-online.com

M. Luisa Demattè

European Geophysical Union

www.egu.eu

Annalisa Di Piazza

European Sensory Network

www.esn-network.com

*Flavia Gasperi, Eugenio
Aprea, Isabella Endrizzi,
M. Luisa Demattè, Maria
Laura Corollaro*

European Society for Mathematical and Theoretical Biology (ESMTB)

www.esmtb.org

Roberto Rosà

European Society for Mathematical and Theoretical Biology (ESMTB)

www.esmtb.org

Roberto Rosà

G

German Botanical Society

www.deutsche-botanische-gesellschaft.de

Stefan Martens

Groupe Polyphenols

www.groupepolyphenols.com

*Stefan Martens, Elisabete
Carvalho*

I

International Organisation for Biological Control of noxious animals and plants (IOBC)

www.iobc-wprs.org/about

Ilaria Pertot

International Biometrics Society

www.biometricsociety.org

*Ron Wehrens, Pietro
Franceschi*

S

SIL International Society of Limnology

www.limnology.org

Nico Salmaso

Sociedad Latinoamericana en Percepción Remota y Sistemas de Información Espacial

www.selper.org

Monica Fernanda Rinaldi

Società Chimica Italiana

www.soc.chim.it

Leonardo Cerasino

Società di ortoflorofrutticoltura italiana- SOI

www.soihs.it

M. Stella Grando

Società Italiana di Biologia Evoluzionistica

www.sibe-iseb.it

Omar Rota Stabelli, Ulrike Obertegger

Società Italiana di Ecologia

www.ecologia.it

Nico Salmaso

Società Italiana di Genetica Agraria - SIGA

www.geneticagraria.it

M. Stella Grando, Riccardo Velasco, Claudio Moser

Società Italiana di Parassitologia (SOIPA)

www.soipa.it

Anna Paola Rizzoli

Società Italiana di Patologia Vegetale

www.sipav.org

Nicola La Porta

T

The European Plant Science Organisation

www.epsoweb.org

Stefan Martens

The Systematics Association

www.systass.org

Omar Rota Stabelli

W

Wildlife Diseases Association (WDA USA)

www.wildlifedisease.org

Anna Paola Rizzoli

Presenza nei comitati editoriali di riviste scientifiche



Rivista scientifica

Sito

Member/s

Advances in Oceanography and Limnology

www.tandfonline.com/toc/taol20/current

Nico Salmaso

Applied Vegetation Science, official journal of the International Association for Vegetation Science (IAVS)

eu.wiley.com/WileyCDA/WileyTitle/productCd-AVSC.html

Duccio Rocchini, Associate Editor

BMC Genomics

www.biomedcentral.com/bmcgenomics

Daniel James Sargent (Section Editor)

Bullettin of Faculty of Forestry della University of Belgrad

glasnik.sfb.bg.ac.rs/editorial_board.php

Nicola La Porta

Entomologia

Entomologia.pagepress.org

Gianfranco Anfora

Hystrix, the Italian Journal of Mammalogy

www.italian-journal-of-mammalogy.it/

Francesca Cagnacci

(elected member of the Editorial Committee)

International Journal of Parasitology:parasites and wildlife (Australia)

www.journals.elsevier.com/international-journal-for-parasitology-parasites-and-wildlife/

Annapaola Rizzoli

ISPRS International Journal of Geo-Information

— Open Access Journal, Official journal of the International Society for Photogrammetry and Remoteensing

www.mdpi.com/journal/ijgi

Duccio Rocchini, Guest Editor

Italian Journal of Agrometeorology (field editor for "Phenology")

www.agrometeorologia.it/joomla/it/ija.html

Emanuele Eccel

Journal Geoinformatics FCE CTU, Prague

geoinformatics.fsv.cvut.cz/gwiki/Main_Page

Markus Neteler

Journal of Animal Biotelemetry

www.animalbiotelemetry.com/

Francesca Cagnacci

Journal of Limnology

www.jlimnol.it/index.php/jlimnol

Nico Salmaso

Journal of Vegetation Science, official journal of the International Association for Vegetation Science (IAVS)

eu.wiley.com/WileyCDA/WileyTitle/productCd-JVS.html

Duccio Rocchini, Associate Editor

Journal of Wildlife Diseases (USA)

www.jwildlifedis.org/

Annapaola Rizzoli

Mycology

www.tandf.co.uk/journals/TMYC

Nicola La Porta

Progress in Physical Geography, official journal of the Association of American geographers

ppg.sagepub.com/

Duccio Rocchini

Recent Patents on Food, Nutrition & Agriculture

www.benthamscience.com/pfna/index.htm

Eugenio Aprea

The Open Agriculture Journal

www.benthamscience.com/open/toasj/index.htm

Eugenio Aprea

Phytopathologia mediterranea

www.fupress.net/index.php/pm

Ilaria Pertot

IOBC Bulletin

www.iobc-wprs.org/pub/index.html#bulletin

Ilaria Pertot

American Journal of Enology and Viticulture

ajevonline.org/

Riccardo Velasco

Plant Molecular Biology Reporter

www.springer.com/life+sciences/plant+sciences/journal/11105

Riccardo Velasco

Premi

Premio
Istituzione
Nome



Best Agrometeorological Paper 2012

Ass. It. di Agrometeorologia

Amelia Caffarra – Emanuele Eccel

Best Poster Prize

XXVth International Conference on Polyphenols, Florence, Italy

Antje Feller

FameLab 2012

Primo classificato alle selezioni di Trento

FameLab Italia

Emanuele Eccel

Premio Bagnaresi per miglior poster

SISEF – Società Italiana di Selvicoltura ed Ecologia Forestale

Elena Gottardini, Fabiana Cristofolini, Antonella Cristofori, M. Confalonieri, M. Ferretti

Premio giovani ricercatori

Società Italiana di Scienze Sensoriali

Nicola Pojer

Premio giovani ricercatori

Società Italiana di Scienze Sensoriali

Maria Laura Corollaro

Premio miglior poster SIGA 2011

Società Italiana di Genetica Agraria

Giulia Malacarne, Michele Perazzolli, Alessandro Cestaro, Lieven Sterck, Paolo Fontana, Yves Van de Peer, Roberto Viola, Riccardo Velasco, Francesco Salamini

Wildlife Publications Award 2012 / Outstanding Article

(Kie J.G., Matthiopoulos J., Fieberg J., Powell R.A., Cagnacci F., Mitchell M.S., Gaillard J.-M., Moorcroft P.R. 2010)

The Wildlife Society of America

Francesca Cagnacci

Norbert Gerbier-Mumm International Award 2012

World Meteorological Organization

Damiano Gianelle, Roberto Zampedri

Tesi accademiche svolte presso FEM



Nome
Università + Dipartimento
FEM Coordinator

TESI DI DOTTORATO

Cappellin Luca,
University of Innsbruck
Leopold-Franzens Universität
Innsbruck
FEM Coordinator / *Franco Biasoli*

Cavauiolo Marina
Università di Milano
Dipartimento di Scienze Agrarie
e Ambientali - Produzione,
Territorio, Agroenergia
FEM Coordinator / *Azeddine Si-
Ammour*

Centis Barbara
Università di Parma
Dipartimento di Scienze
Ambientali – Dottorato di ricerca
in Ecologia
FEM Coordinator / *Nico Salmaso*

Dal Ri Antonio
Università di Bologna
Dipartimento di Colture Arboree
FEM Coordinator / *Claudio Moser*

Gottardini Elena
Università di Firenze
Scuola di dottorato “Ubaldo
Montelatici”, Dottorato di Ricerca
in Biosistemica ed Ecologia
vegetale
FEM Coordinator / *Nicola LaPorta*

Longhi Sara
Università di Milano
Dipartimento di Produzione
Vegetale
FEM Coordinator / *Fabrizio Costa*

Pletsers Annelies
University of Dublin
Department of Botany
FEM Coordinator / *Amelia Caffarra*

Righetti Laura
Università Modena e Reggio
Emilia
Department of Biology and
Genomic of Fruit Plants
FEM Coordinator / *Mickael Malnoy*

Schuhfried Erna
Leopold Franzens Universität
Innsbruck,
Institut für Ionenphysik und
Angewandte Physik
FEM Coordinator / *Franco Biasoli*

Vanzo Andreja
Central Laboratory
Agricultural Institute of Slovenia
FEM Coordinator / *Urska Vrhovsek*

LAUREE SPECIALISTICHE

Beozzo Marco
Università di Udine
Dipartimento di Viticoltura,
enologia e mercati vitivinicoli
FEM Coordinator / *M. Stella
Grando, Laura Costantini*

de Groove Johannes
University of Gent
Department of Geography
FEM Coordinator / *Francesca Cagnacci*

Forato Elisa
Università di Padova
Dipartimento di Agronomia,
Animali, Alimenti, Risorse naturali
e Ambiente
FEM Coordinator / *Flavia Gasperi,
Franco Biasoli*

Gaffo Enrico
Università di Trento
Dipartimento di Informatica e
Telecomunicazioni
FEM Coordinator / *Claudio Moser,
Emanuela Coller*

Jasim Shuhub
Mediterranean Agronomic
Institute of Bari (IAMBI)
Department of Organic Agriculture
FEM Coordinator / *Gianfranco Anfora*

Laera Michele
Università di Bari
Dipartimento di Scienze
Biotechnologiche
FEM Coordinator / *M. Stella Grando*

Lenzi Luisa
Università di Verona
Dipartimento di Biotecnologie
FEM Coordinator / *Claudio Moser,
Lisa Giacomelli*

Maistri Simone
Università di Padova
Dipartimento DAFNAE
FEM Coordinator / Gianfranco
Anfora, Davide Profaizer, Lara Giongo

Manica Mattia
Università di Trento
Dipartimento di Matematica
FEM Coordinator / Roberto Rosà

Nardinocchi Marina
Università di Macerata
Dipartimento di Economia
FEM Coordinator / Flavia Gasperi

Pojer Nicola
Università di Trento
Dipartimento di Scienze della
Cognizione e della Formazione
FEM Coordinator / Flavia Gasperi,
M. Luisa Demattè

Taddei Andrea
Università di Milano
Dipartimento di Scienza della pro-
duzione e protezione delle piante
FEM Coordinator / Claudia Bisognin

Tomas Matteo
Università di Padova
Scienze Matematiche Fisiche e
Naturali
FEM Coordinator / Nicola La Porta

TESI DI DOTTORATO

Barillari Paolo
Università di Udine
Dipartimento di biologia
applicata alla difesa delle piante
FEM Coordinator / Ilaria Pertot,
Gerardo Puopolo

Batarseh Fadi
Università di Trento e Udine
Dipartimento di Viticoltura ed
enologia
FEM Coordinator / M. Stella
Grando, Salvatore Maule

Bonardi Paolo
Università di Trento e Udine
Dipartimento di Viticoltura ed
enologia
FEM Coordinator / M. Stella
Grando, Silvia Lorenzi

Cappelletti Selena
Università di Verona
Dipartimento di Medicina e Chirurgia
FEM Coordinator / Claudio Moser,
Giulia Malacarne

Carbone Roberto
Università di Milano
Valorizzazione e tutela dell'am-
ambiente e del territorio montano
FEM Coordinator / Nicola La Porta

Cortellazzi Sara
Università di Padova
Facoltà di Scienze MM.FF.NN.
FEM Coordinator / Ilaria Pertot,
Gerardo Puopolo

Foderà Matteo
Università di Udine
Dipartimento di biologia
applicata alla difesa delle piante
FEM Coordinator / Ilaria Pertot

Fusari Luana
Università di Verona
Corso di Laurea in Tecniche Di
Laboratorio Biomedico
FEM Coordinator / Massimo Pindo

Fusco Michela
Università di Trento
Department of Biology and
Genomic of Fruit Plants
FEM Coordinator / Elena Zini,
Mickael Malnoy

Gianfreda Emanuela
Università di Udine
Dipartimento di biologia
applicata alla difesa delle piante
FEM Coordinator / Ilaria Pertot,
Enzo Mescalchin

Girardi Irene
Università di Verona
Dipartimento di Medicina e Chirurgia
FEM Coordinator / Giulia Malacarne

Kager Georg
Consorzio UD-TN-Wiesbaden
Dipartimento di Viticoltura ed
enologia
FEM Coordinator / Marco Stefanini

Nones Stefano
Università di Udine
Dipartimento di biologia
applicata alla difesa delle piante
FEM Coordinator / Ilaria Pertot,
Oscar Giovannini

Pasini Giulia
Consorzio UD-TN-Wiesbaden
Dipartimento di Viticoltura ed
enologia
FEM Coordinator / Marco Stefanini

Pedron Renato
Consorzio UD-TN-Wiesbaden
Dipartimento di Viticoltura ed
enologia
FEM Coordinator / Marco Stefanini

Pergher Walter
Università di Trento e Udine
Dipartimento di Viticoltura ed
enologia
FEM Coordinator / M. Stella
Grando, Valentina Catalano

Petri Giovanna
Università di Trento
Centro di Biologia Integrata
FEM Coordinator / Claudio Moser,
Stefania Pilati

Restelli Andrea
Università di Trento e Udine
Dipartimento di Viticoltura ed
enologia
FEM Coordinator / M. Stella
Grando, Roberto Larcher

Salizzoni Luca
Università di Trento e di Udine
Dipartimento di Viticoltura ed
Enologia
FEM Coordinator / Flavia Gasperi

Telch Samuel
Università di Trento e Udine
Dipartimento di Viticoltura ed
enologia
FEM Coordinator / M. Stella
Grando, Juri Battilana

Trenti Gianmaria
Consorzio UD-TN-Wiesbaden
Dipartimento di Viticoltura ed
enologia
FEM Coordinator / Marco Stefanini

Trenti Massimiliano
Università di Bologna
Dipartimento di Scienze
biologiche
FEM Coordinator / Laura
Costantini, M. Stella Grando

Valentini Chiara
Università di Trento
Dipartimento di Scienze e
Tecnologie biomolecolari
FEM Coordinator / M. Stella
Grando, Francesco Emanuelli

Articoli pubblicati su riviste con **Impact Factor**

A / 27

<i>Agricultural and forest meteorology</i>	1
<i>Agriculture ecosystems & environment</i>	2
<i>Anaerobe</i>	1
<i>Analyst</i>	1
<i>Analytica chimica acta</i>	5
<i>Analytical & bioanalytical chemistry</i>	1
<i>Analytical & bioanalytical chemistry</i>	1
<i>Animal behaviour</i>	1
<i>Annals of microbiology</i>	3
<i>Annual review of phytopathology</i>	1
<i>Applied end environmental microbiology</i>	1
<i>Applied energy</i>	1
<i>Applied geography</i>	1
<i>Applied vegetation science</i>	1
<i>Aquatic sciences</i>	1
<i>Archives of virology</i>	2
<i>Arthropod-plant interactions</i>	1
<i>Australian journal of grape and wine research</i>	2

B / 27

<i>Behavioural brain research</i>	1
<i>Biocontrol science and technology</i>	1
<i>Biodiversity and conservation</i>	1
<i>Biogeosciences</i>	2
<i>Biological control</i>	2
<i>Biological journal of the Linnean society</i>	1
<i>Biology and fertility of soils</i>	1
<i>BMC Bioinformatics</i>	2
<i>BMC Evolutionary biology</i>	3
<i>BMC Genetics</i>	1
<i>BMC Genomics</i>	2
<i>BMC plant biology</i>	2
<i>Briefings in bioinformatics</i>	1
<i>British journal of nutrition</i>	3
<i>Bulletin of insectology</i>	4

C / 18

<i>Chemical physics</i>	1
<i>Chemical senses</i>	1
<i>Chemometrics and intelligent laboratory systems</i>	1
<i>Chemosensory perception</i>	1
<i>Chemosphere</i>	2
<i>Climate research</i>	4
<i>Community ecology</i>	2
<i>Computers & geosciences</i>	2
<i>Computers and electronics in agriculture</i>	1
<i>Crop protection</i>	1
<i>Cryptogamie algologie</i>	1
<i>Cytogenetic and genome research</i>	1

D / 2

<i>Diversity and distribution</i>	1
<i>Domestic animal endocrinology</i>	1

E / 32

<i>Ecohydrology</i>	2
<i>Ecological complexity</i>	1
<i>Ecological indicators</i>	4
<i>Ecology and Society</i>	1
<i>Environmental and experimental botany</i>	1
<i>Environmental management</i>	1
<i>Environmental modelling and software</i>	1
<i>Environmental pollution</i>	2
<i>Environmental research letters</i>	2
<i>Environmental science & technology</i>	1
<i>European biophysics journal</i>	1
<i>European biophysics journal with biophysics letters</i>	1

2011
2012*H* /₁₀

<i>European food research and technology</i>	1	<i>Hortscience</i>	1
<i>European journal of agronomy</i>	2	<i>Hydrobiologia</i>	9
<i>European journal of cancer</i>	1		
<i>European journal of forest research</i>	2		
<i>European journal of lipid science and technology</i>	1		
<i>European journal of nutrition</i>	3		
<i>European journal of wildlife research</i>	1		
<i>Evolutionary applications</i>	1		
<i>Evolutionary biology</i>	1		
<i>Experimental and applied acarology</i>	1		

I /₂₀

<i>IEEE transactions on geoscience and remote sensing</i>	1
<i>Integrated environmental assessment and management</i>	1
<i>International dairy journal</i>	4
<i>International journal for parasitology</i>	2
<i>International journal of biometeorology</i>	2
<i>International journal of climatology</i>	1
<i>International journal of health geographics</i>	1
<i>International journal of mass spectrometry</i>	1
<i>International journal of obesity</i>	1
<i>International journal of remote sensing</i>	2
<i>Italian journal of animal science</i>	4

F /₁₇

<i>Food chemistry</i>	7
<i>Food control</i>	1
<i>Food microbiology</i>	2
<i>Food quality and preference</i>	2
<i>Forest ecology and management</i>	1
<i>Free radical biology and medicine</i>	1
<i>Freshwater biology</i>	3

J /₄₃

<i>Genes and nutrition</i>	1	<i>Journal of agricultural and food chemistry</i>	8
<i>Genome biology and evolution</i>	1	<i>Journal of biogeography</i>	1
<i>Genomics</i>	1	<i>Journal of cereal science</i>	1
<i>Geoderma</i>	2	<i>Journal of chemical ecology</i>	1
<i>Global biogeochemical cycles</i>	1	<i>Journal of chemometrics</i>	1
<i>Global change biology</i>	3	<i>Journal of chromatography</i>	2
		<i>Journal of dairy science</i>	1
		<i>Journal of economic entomology</i>	2
		<i>Journal of environmental monitoring</i>	2
		<i>Journal of experimental botany</i>	4

G /₉

Articoli pubblicati su riviste con **Impact Factor**

N /₉

<i>Journal of food composition and analysis</i>	3
<i>Journal of geophysical research</i>	2
<i>Journal of geophysical research- biogeosciences</i>	1
<i>Journal of limnology</i>	3
<i>Journal of mass spectrometry</i>	2
<i>Journal of natural products</i>	1
<i>Journal of paleolimnology</i>	1
<i>Journal of photogrammetry and remote sensing</i>	1
<i>Journal of phycology</i>	2
<i>Journal of proteome research</i>	1
<i>Journal of separation science</i>	1
<i>Journal of vector ecology</i>	1
<i>Journal of vegetation science</i>	1

<i>Natural product research</i>	1
<i>Nature genetics</i>	2
<i>Nature geoscience</i>	1
<i>Naturwissenschaften</i>	1
<i>Neural processing letters</i>	1
<i>New phytologist</i>	2
<i>Nucleic acid research</i>	1

O /₂

<i>Oikos</i>	2
--------------	---

L /₃

<i>Landscape and urban planning</i>	1
<i>Landscape ecology</i>	1
<i>Letters in applied microbiology</i>	1

M /₁₀

<i>Metabolomics</i>	3
<i>Meteorological applications</i>	1
<i>Molecular biosystems</i>	1
<i>Molecular breeding</i>	3
<i>Molecular ecology</i>	1
<i>Molecular plant-microbe interactions</i>	1

P /₃₈

<i>Pest management science</i>	1
<i>Phycologia</i>	1
<i>Phytochemistry</i>	2
<i>Phytoparasitica</i>	1
<i>Phytopathology</i>	1
<i>Phytopatologia mediterranea</i>	2
<i>Planetary and space science</i>	1
<i>Plant and soil</i>	1
<i>Plant cell and environment</i>	1
<i>Plant cell, tissue, and organ culture</i>	1
<i>Plant growth regulation</i>	1
<i>Plant pathology</i>	1
<i>Plant physiology</i>	2
<i>Planta</i>	1
<i>PloS ONE</i>	14
<i>Postharvest biology and technology</i>	2
<i>Proceedings of the national academy of sciences</i>	2

2011 2012

<i>Proceedings of the Royal Society B. Biological sciences</i>	1
<i>Progress in physical geography</i>	1
<i>Proteomics</i>	1

R /₁₃

<i>Rapid communications in mass spectrometry</i>	5
<i>Remote sensing of environment</i>	3
<i>Review of palaeobotany and palynology</i>	1
<i>River research and applications</i>	3
<i>Russian journal of genetics</i>	1

S /₅

<i>Sensors</i>	2
<i>Sensors and actuators B: Chemical</i>	1
<i>South african journal of enology and viticulture</i>	1
<i>Systematic and applied microbiology</i>	1

T /₂₂

<i>Talanta</i>	1
<i>The plant journal</i>	2
<i>Theoretical and applied climatology</i>	1
<i>Theoretical and applied genetics</i>	1
<i>Theoretical ecology</i>	1
<i>Tr-AC trends in analytical chemistry</i>	2
<i>Tree genetics and genomes</i>	7
<i>Trees-structure and function</i>	1
<i>Trends in ecology and evolution</i>	1

<i>Veterinary parasitology</i>	1
<i>Virus research</i>	1
<i>Vitis</i>	3

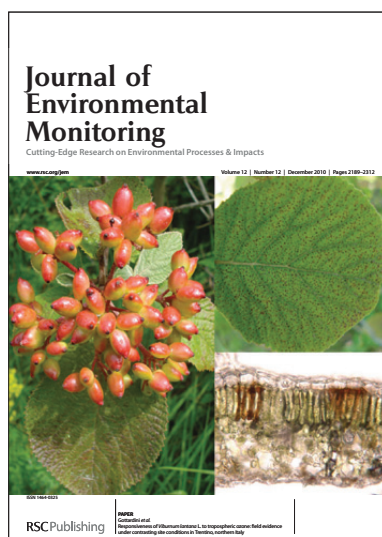
W /₁

<i>World journal of microbiology and biotechnology</i>	1
--	---

Z /₁₀

<i>ZooKeys</i>	1
<i>Zoologica scripta</i>	1
<i>Zoological studies</i>	1
<i>Zootaxa</i>	7

Copertine di riviste con **Impact Factor** dedicate a ricerche del CRI



Journal of environmental monitoring Vol. 12, number 12, Dec 2010, ISSN 1464-0325

La rivista ha dedicato la copertina al lavoro sugli effetti dell'ozono troposferico sulla vegetazione sviluppato a cura della FEM in collaborazione con l'Università degli Studi di Firenze e TerraData environmetrics.



Philosophical transactions of the Royal Society, vol. 365, no. 1550, ISSN 0962-8436

La copertina di questo numero dedicato da Philosophical Transactions della Royal Society mostra un branco di cani selvatici africani (*Lycaon pictus*) presso la Riserva di Mashatu, nel Botswana; i due esemplari in primo piano portano collari GPS, una tecnologia che ha rivoluzionato gli studi di ecologia animale. L'edizione speciale è il risultato di un workshop organizzato presso la FEM in collaborazione con USA e Canada.



International Journal for Parasitology, Vol. 42, Issue 4, apr. 2012, ISSN 0020-7519

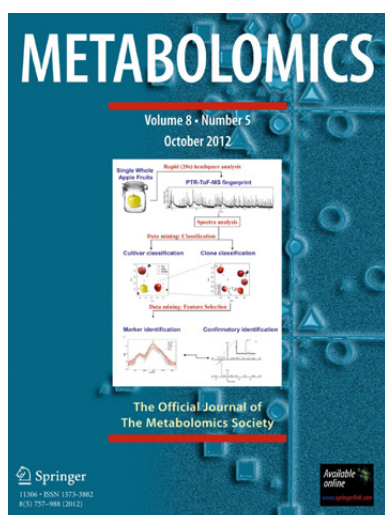
La copertina di questa edizione mostra un collare F10, GPS-GSM su un giovane capriolo (*Capreolus capreolus*) presso le Viote del Monte Bondone. I caprioli sono i principali ospiti della zecca *Ixodes ricinus*. Il lavoro a cui la rivista ha dedicato la copertina è stato finanziato dal progetto EDEN del 6° Programma Quadro EU (PI A. Rizzoli) e dal progetto PAT BECOCERWI (PI F. Cagnacci) e sviluppato in collaborazione con Slovacchia e Finlandia.

**Nature Genetics, vol. 43, no. 2, Feb 2011**

La copertina di Nature Genetics vuole evidenziare i risultati del progetto di ricerca internazionale di sequenziamento del genoma della fragolina di bosco, *Fragaria vesca*, in cui FEM ha svolto un ruolo significativo. All'interno del progetto, per la prima volta, sono state utilizzate tecnologie di seconda generazione.

**Nature Genetics, vol. 42, no. 10, Oct 2010**

La copertina di Nature Genetics mette in risalto i risultati della collaborazione, coordinata da FEM, tra 18 istituzioni in tutto il mondo, finalizzata a sequenziare il genoma del melo, varietà Golden Delicious. Il sequenziamento del genoma del melo amplifica di almeno mille volte le conoscenze su questa importante pianta agraria, in particolare le sue proprietà nutrizionali, l'impatto ambientale, l'esplorazione della biodiversità, gli studi filogenetici ed evolutivi.

**Metabolomics, vol. 8, no. 5, Oct 2012**

L'approccio metodologico innovativo proposto dai ricercatori FEM per la rapida caratterizzazione dei principali indici qualitativi della mela mediante iniezione diretta in spettrometria di massa è stato recentemente pubblicato nella rivista "Metabolomics" e scelto per la copertina dell'edizione di ottobre 2012 della stessa.

Organigramma

* ⇌ Di ruolo / ** ⇌ A tempo

DIREZIONE

Viola Roberto /
Direttore del Centro Ricerca e
Innovazione

Amministrativi
Esposito Elisabetta *
Gramazio Tiziana *

Ricercatori
Cavazza Agostino *
Maria Lima Maria Lima **
Sgaramella Vittorio **
Oechel Walter Clarence **

Tecnologo
Frizzi Andrea *

AREA SUPPORTO ALLA RICERCA

Pozzi Carlo Massimo /
Responsabile Area supporto
alla ricerca

Amministrativi
Agostini Romina *
Caset Marisa *
Chini Sabrina *
Marin Floriana *
Sanchez Cova Carla *
Tait Laura *

Tonazzolli Giorgio *
Trapin Eleonora *
Castellani Cristina **
Gambino Elisa **
Moser Riccarda **
Perini Elisabetta **

Tecnologo
Cattani Andrea *

Frequentante
Nemcevicute Natalja **

AREA VALORIZZAZIONE DELLA RICERCA

della Porta Francesco /
Responsabile Area valorizzazione
della ricerca

Amministrativi
Chincarini Roberto *
Conter Luigi *
Paternoster Genny *
Pironti Arturo **

AREA PROGRAMMI DI DOTTORATO

Amministrativi
Wehrens-Kunne Odilia **
Piaia Elisa **
Zecca Daniela **
Fenyvesi Kiss Boglarka **

Tecnologo
Gretter Alessandro *

CENTRO DI BIOLOGIA COMPUTAZIONALE

Cavalieri Duccio / Capo Dipartimento Centro di Biologia Computazionale

Cestaro Alessandro / Responsabile Genomica comparativa

Fontana Paolo / Responsabile High Performance Computing

Wehrens Herman Ronald Maria Johan / Responsabile Biostatistica e gestione dati

Goremykin Vadim / Responsabile Metagenomica computazionale

Csikasz Nagy Attila / Responsabile Genomica integrativa alla ricerca

Tecnologo
Moretto Marco *

Ricercatori
Bianco Luca **
Franceschi Pietro **
Scholz Matthias Uwe **

Percorso di dottorato
Kerschbamer Emanuela **
Potenza Emilio **
Nikiforova Svetlana **
Shahaf Nir **
Dong Yonghui **
Cappelletti Valentina **
Coller Emanuela **

DIPARTIMENTO AGRO-ECOSISTEMI SOSTENIBILI E BIORISORSE

Pertot Ilaria / Capo Dipartimento agro-ecosistemi sostenibili e biorisorse e responsabile Interazione negli agro-ecosistemi

Anfora Gianfranco / Responsabile del gruppo di ricerca Chimica Ecologica

Cerasino Leonardo / Responsabile della piattaforma Idrochimica

Eccel Emanuele / Responsabile della piattaforma Dinamiche negli agro-ecosistemi

Gianelle Damiano / Responsabile del gruppo di ricerca Foreste e cicli biogeochimici

La Porta Nicola / Responsabile della piattaforma Biotecnologie ambientali

Salmaso Nico / Responsabile del gruppo di ricerca Limnologia ed ecologia fluviale

Ricercatori

Flaim Giovanna *
Gottardini Elena *
Marcolla Barbara *
Mazzoni Valerio *
Obertegger Ulrike *
Perazzolli Michele *
Rodeghiero Mirco *
Tolotti Monica *
Vescovo Loris *
Antonielli Livio **
Asensio Herrero Noemi **
Bengtsson Martin Jonas **
Bonosi Lorenzo **
Bruno Maria Cristina **
Campisano Andrea **
Cordano Emanuele **
Dalponte Michele **
Fortunati Alessio **
Maiolini Bruno **
Mosca Elena **
Palmieri Maria Cristina **
Puopolo Gerardo **
Rota Stabelli Omar **
Sablok Gaurav **
Siozios Stefanos **
Sottocornola Matteo **
Turco Elena **

Tecnologi

Angeli Dario *
Boscaini Adriano *
Cristofori Antonella *
Frizzera Lorenzo *
Longa Claudia Maria Oliveira *

Tecnici

Cristofolini Fabiana *
Cavagna Mauro *
Leonardelli Elisabetta *
Leonardi Gino *
Sicher Carmela *
Tarter Milva *
Viola Maria Cristina *
Zampedri Andrea *
Zampedri Roberto *
Colombini Andrea **
Di Piazza Annalisa **
Eccher Francesca **
Giovannini Oscar **
Nicoletti Luca **
Pancher Michael **
Pasini Luca **
Rossi Stacconi Marco Valerio **

Collaboratori

Boccardi Francesco *
Pedrotti Sonia *
Deromedi Marco *
Ress Lorena *

Percorso di Dottorato

Bagnara Maurizio **
Cattaneo Alberto Maria **
Corneo Paola Elisa **
Di Pierro Erica Adele **
Eriksson Anna **
Guidi Claudia **
Lenzi Luisa **
Milan Manuela **
Nieri Rachele **
Pellegrini Alberto **
Ramasamy Sukanya **
Ranjan Jayant **
Rinaldi Monica **
Roatti Benedetta **
Salvagnin Umberto **
Shams Shiva **
Sakowska Karolina **
Kaur Rupinder**
Lopez Fernandez Juan
Sebastian **
Reyes Francesco**

Borsista

Camin Francesco **

Frequentante

Calic Irina **

DIPARTIMENTO BIODIVERSITÀ ED ECOLOGIA MOLECOLARE

Hauffe Heidi Christine / Capo Dipartimento biodiversità ed ecologia molecolare e responsabile gruppo di ricerca Biodiversità e ambiente

Rizzoli Annapaola / Responsabile gruppo di ricerca Ecologia animale

Varotto Claudio / Responsabile gruppo di ricerca Ecogenomica

Vernesi Cristiano / Responsabile gruppo di ricerca Genetica di conservazione

Neteler Markus / Responsabile piattaforma GIS e telerilevamento

Ricercatori

Cagnacci Francesca *
Carpi Giovanna *
Gandolfi Andrea *
Rosà Roberto *
Zorer Roberto *
Bolzoni Luca **
Fior Simone **
Konecny Adam **
Meraner Andreas **
Metz Markus **
Ometto Lino **
Velikova Violeta Borisova **

Ricercatore Tenure-Track

Rocchini Duccio **

Ricercatore Dip / Qualità alimentare e nutrizione

Weingart Georg **

Tecnologi

Arnoldi Daniele *
Barbaro Enrico *
Crestanello Barbara *
Delucchi Luca *
Li Mingai *
Rosso Fausta *
Tagliapietra Valentina *

Tecnici

Girardi Matteo *
Rossi Chiara **

Collaboratori

Maffei Stefano *

Percorso di dottorato

Baráková Ivana **
Bresadola Luisa **
Collini Margherita **
Cornetti Luca **
Fu Yuan **
Gillingham Emma Louise **
Grisenti Michela **
Lega Margherita **

Peters Wibke Erika Brigitta **

Marchesini Alexis**

Poli Michele**

Borsisti

Marini Giovanni **
Ossi Federico **
Qu Dong **
Wang Bo **

Frequentanti

Fagandini Roberta **
Hu Shi Liang **
Tait Gabriella **
Venturi Andrea **

Organigramma

* ⇨ Di ruolo / ** ⇨ A tempo

DIPARTIMENTO GENOMICA E BIOLOGIA DELLE PIANTE DA FRUTTO

Velasco Riccardo / **Capo Dipartimento** genomica e biologia delle piante da frutto e responsabile gruppo di ricerca Genomica strutturale

Moser Claudio / **Responsabile** gruppo di ricerca Funzioni geniche

Grando Maria Stella / **Responsabile** gruppo di ricerca Genomica applicata alla vite

Si Ammour Azeddine / **Responsabile** gruppo di ricerca Genomica funzionale

Malnoy Mickael / **Responsabile** piattaforma Trasformazione e tissue culture

Pindo Massimo / **Responsabile** piattaforma Sequenziamento

Magnago Pierluigi / **Responsabile** piattaforma Miglioramento genetico rosacee

Stefanini Marco / **Responsabile** piattaforma Miglioramento genetico vite

Sargent Daniel James / **Responsabile** gruppo di ricerca Genomica applicata alle rosacee

Ricercatori

Baldi Paolo *
Komjanc Matteo *
Malacarne Giulia *
Troggio Michela *
Vezzulli Silvia *
Zulini Luca *
Battilana Juri **
Catalano Valentina **
Costa Fabrizio **
Giacomelli Lisa **
Grzeskowiak
Lukasz Sebastian **
Leida Carmen Alice **
Lezzer Paolo **
Moser Mirko **
Nagamangala Kanchiswamy
Chidananda **
Peressotti Elisa **
Surbanovski Nada **
Tadiello Alice **
Vecchione Antonella **
Zini Elena **

Tecnologi

Costantini Laura *
Dalla Costa Lorenza *
Giongo Lara *
Martinatti Paolo *
Pilati Stefania *
Sordo Maddalena *
Stefani Erika *
Asquini Elisa **
Campa Manuela **
Moreno-Sanz Paula **

Tecnici

Chini Isaac *
Clementi Silvano *
Dallaserra Monica *
Dorigatti Cinzia *
Filippi Raffaele *
Fontanari Marco *
Grisenti Marcella *
Micheli Susanna *
Nicolini Daniela *
Poletti Valentino *
Prada Germano *
Tomasi Tiziano *

Zatelli Alessandra *
Banchi Elisa **
Brazzale Daniele **
Larger Simone **
Lorenzi Silvia **
Loretto Paolo **
Piazza Stefano **
Poncetta Paula **

Collaboratori

Battocletti Ivana * Operaio
Bertolini Emanuele * Operaio
Lona Emma * Operaio
Rossi Carlo * Operaio

Percorso di Dottorato

Di Guardo Mario **
Emeriewen Ofere Francis **
Ferrarini Marco **
Lashbrooke Justin **
Leonardelli Lorena **
Lewke Bandara Nadeesha **
Marrano Annarita **
Miolli Giulia Valentina **
Montanari Sara **

Nwafor Chinedu Charles **
Padmarasu Sudharsan **
Pessina Stefano **
Samad Samia **
Wolters Pieter Jacobus **
Yu Xiaoguang **
Zeraye Haile**

Borsisti

Lazazzara Valentina **
Emer Matteo **

Frequentanti

Brighenti Alberto Fontanella **
Delfino Pietro **
Emanuelli Francesco **
Farneti Brian **
Mottes Rudy **
Pergher Walter **
Spagnolli Matteo **

DIPARTIMENTO QUALITÀ ALIMENTARE E NUTRIZIONE

Mattivi Fulvio / Capo Dipartimento qualità alimentare e nutrizione e responsabile gruppo di ricerca Qualità alimentare

Biasioli Franco / Responsabile piattaforma Composti volatili

Camin Federica / Responsabile piattaforma Analisi isotopiche

Gasperi Flavia / Responsabile gruppo di ricerca Qualità sensoriale

Vrhovsek Urska / Responsabile piattaforma Metabolomica

Tuohy Kieran Michael / Responsabile gruppo di ricerca Nutrizione e nutrigenomica

Martens Stefan / Responsabile gruppo di ricerca Biotecnologia dei prodotti naturali

Ricercatori

Aprea Eugenio *
Bontempo Luana *
Franciosi Elena *
Arapitsas Panagiotis **
Carvalho Elisabete **
Conterno Lorenza **
De Filippo Carlotta **
Demattè Maria Luisa **
Fava Francesca **
Feller Antje Christin **
Toubiana David **
Trost Kajetan **
Vishwanath Vinay **

Tecnologi

Endrizzi Isabella *
Palmieri Luisa *
Cappellin Luca **
Della Corte Anna **
Romano Andrea **

Tecnici

Betta Emanuela *
Carlin Silvia *
Masuero Domenico *
Perenzoni Daniele *
Simoni Marco *
Tonon Agostino *
Ziller Luca *
Angeli Andrea **
Gasperotti Mattia **
Paolini Mauro **
Pojer Elisa **

Collaboratori

Boccardi Francesco *
Pedrotti Sonia *
Deromedi Marco *
Ress Lorena *

Percorso di Dottorato

Whitener Margaret Elizabeth
Beckner **
Ahrar Mastaneh **
Bergamaschi Matteo **
Carafa Ilaria **
Ceppa Florencia Andrea **
Corollaro Maria Laura **
Djordjevic Nikola **
Ghaste Manoj Shahaji **
Gori Yuri **
Herrera Valderrama Andrea
Lorena **
Koutsos Athanasios **
Narduzzi Luca **
Savoi Stefania **
Ting Valentina **
Van Leeuwen Katryna Agatha **
Lotti Cesare **

Frequentanti

Buzzola Gloria **
Damiano Antonia **
Eccheli Sabrina **
Ehrhardt Carolin **
Fornasaro Stefano **
Pojer Nicola **
Russolo Caterina **
Sánchez del Pulgar Rico José **
Schuhfried Erna **
Varvara Michele **

Borsisti

Sternad Lemut Melita **
Usai Gianpaolo **

FOXLAB

Miglietta Franco / Responsabile Foxlab

Percorso di Dottorato

Bozzi Emiliano **
Carotenuto Federico **
Criscuoli Irene **

Ricercatori

Battistel Gian Antonio *

Amministrativi

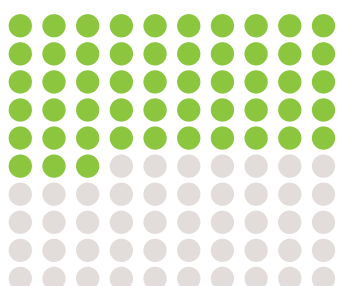
Rosà Paola **

Frequentanti

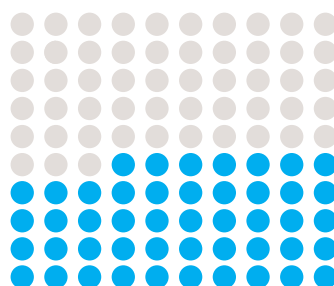
Baronti Silvia **
Genesio Lorenzo **
Martinez Cristina **
Vaccari Francesco Primo **

Staff Data

Uomini **53%** [161]



Donne **47%** [140]

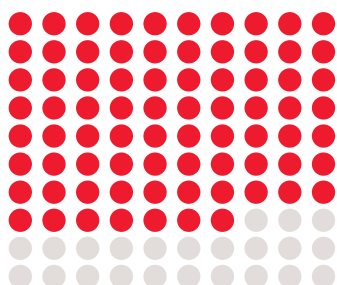


permanenti **43%** [129]

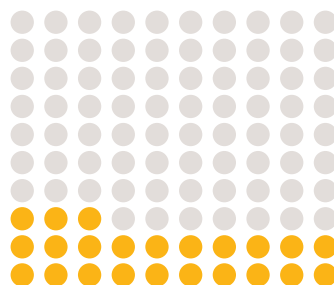
a contratto **57%** [172]

in possesso di Dottorato **44%** [131]

Italiani **77%** [233]



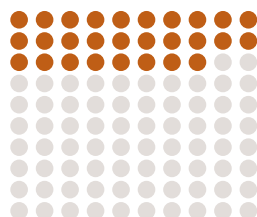
Stranieri **23%** [68]



da **33**
diversi paesi

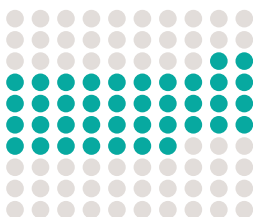
Meno di 30 anni

28% [84]



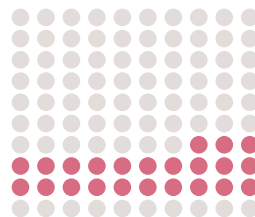
30 - 40 anni

39% [116]



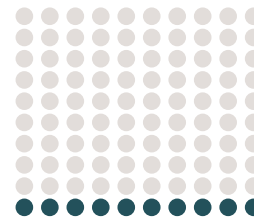
41 - 50 anni

23% [70]



Oltre 50 anni

10% [31]



REPORT 2011 / 2013
Centro Ricerca e Innovazione
Fondazione Edmund Mach

© 2011 **Fondazione Edmund Mach**, via E. Mach 1, 38010 San Michele all'Adige (TN) - Italia
La riproduzione anche parziale dei presenti materiali è vietata senza autorizzazione scritta.

Report Editors

Floriana Marin | Cristina Castellani | Emanuele Eccel | Alessandro Gretter

Comitato di Redazione

Roberto Viola | Riccardo Velasco | Fulvio Mattivi | Ilaria Pertot | Heidi C. Hauffe | Carlo Pozzi

Photography

Massimo Brega - the Lighthouse (© FLpA/the Lighthouse)

Pag. 70-71 Giovanni Cavulli (© Giovanni Cavulli)

Graphic design

Kinè s.c.s [M. Maroni | L. Stanga]

Paper

Cover, Fedrigoni Arcoprint 1 E.W. 300 gr.

Interno, Fedrigoni Arcoprint 1 E.W. 120 gr.

Stampa

Tipografia Esperia



