



da inviare via mail a bandopondottorati@uniroma2.it entro il 25/09/2021

Richiesta per borsa di studio da attivare ai sensi di quanto disposto dal D.M. n. 1061 del 10/08/2021

Il sottoscritto Luciana Migliore qualifica Prof.ssa associata afferente al Dipartimento di Biologia

Interno 5984 email luciana.migliore@uniroma2.it

CHIEDE

l'attivazione di una borsa di studio di dottorato ai sensi di quanto disposto dal D.M. n. 1061 del 10/08/2021. A tal fine comunica quanto segue:

La borsa sarà attivata sul seguente corso di dottorato accreditato per il XXXVII ciclo: **BIOLOGIA EVOLUZIONISTICA ED ECOLOGIA**

Area per la quale si presenta la richiesta (selezionare solo una delle due):

Innovazione

Green

Tipologia di cofinanziamento (pari ad euro 8000 una tantum):

Nome dell'Ente finanziatore pubblico o privato: _____

Persona di Riferimento: _____ Telefono _____

Email _____

Fondi di ricerca dipartimentali

Progetto di Ricerca:

IDENTIFICAZIONE E MONITORAGGIO DELLE COMUNITÀ FUNGINE DI MATRICI AMBIENTALI CON TECNICHE MOLECOLARI AVANZATE

Descrizione del Progetto:

Il progetto è dedicato alla messa a punto di un sistema di identificazione e monitoraggio delle comunità fungine che colonizzano matrici ambientali biotiche come, per esempio, quelle associate alle fanerogame marine. I microbi (batteri e funghi) e le fanerogame marine stabiliscono relazioni simbiotiche costituendo un'unità funzionale chiamata *olobionte* che reagisce nel suo insieme ai cambiamenti ambientali. Studi recenti hanno dimostrato che le comunità microbiche associate alle fanerogame variano a seconda della specie ospite, delle condizioni ambientali e dello stato di salute dell'ospite, suggerendo di essere in grado di rispondere rapidamente ai disturbi e ai cambiamenti ambientali. Queste variazioni, le cui dinamiche non sono ancora state perfettamente chiarite, potrebbero rappresentare uno strumento di monitoraggio sensibile e un indicatore ecologico per rilevare fasi iniziali di stress delle fanerogame marine. Per i batteri sono stati messi a punto e utilizzati protocolli dedicati; i molti studi già effettuati con le tecniche metagenomiche (NGS dei geni 16S rRNA) hanno fornito un contributo fondamentale alla comprensione della dinamica e della variabilità della componente batterica dell'*olobionte* per lo sviluppo di



potenziali indicatori ecologici/ecotossicologici. L'influenza dello stato fisiologico e delle condizioni ambientali sulle variazioni della componente batterica dell'*olobionte* delle fanerogame e l'uso di strumenti bioinformatici per l'analisi dei dati, hanno dato un contributo fondamentale per chiarire come utilizzare le interazioni tra microbi e fanerogame, come fonte di informazioni ecologiche. I funghi rappresentano una componente importante della comunità microbica e svolgono diversi ruoli chiave nel ciclo degli elementi negli ecosistemi marini. Allo stato attuale non vengono presi in considerazione in questi tipi di studio, perché le tecniche colturali convenzionali hanno diversi problemi nello studio integrato di più specie contemporaneamente, mentre le tecniche metagenomiche non sono state ancora messe a punto. Scopo di questo progetto è quindi mettere a punto sul sistema 'fanerogame marine' il protocollo di sequenziamento degli ampliconi target, in particolare quelli focalizzati sul DNA ribosomiale (per i funghi i *28S* o gli *Internal Transcribed Spacers, ITS*), da studiare assieme a quelli batterici (*16S*) per caratterizzare e decifrare la complessa rete di interazioni che si verificano nell'*olobionte* delle fanerogame marine.

Questo lavoro potrebbe avere anche importanti ricadute in altri campi in cui le comunità fungine giocano un ruolo importante, come per esempio i beni culturali, perché i funghi - che colonizzano molto efficientemente molti tipi di matrici, tra cui quelle cartacee e pergamenee - rappresentano una classe importante di biodeteriogeni dei beni librari. Anche in questo caso l'identificazione tassonomica dei funghi che agiscono da biodeteriogeni potrebbe rappresentare un passaggio importante nei protocolli di restauro di documenti antichi e moderni. Quindi per questa parte del progetto si provvederà a mettere a punto il protocollo di sequenziamento degli ampliconi target, in particolare quelli focalizzati sul DNA ribosomiale (per i funghi i *28S* o gli *Internal Transcribed Spacers, ITS*) su carte di diverso tipo, età e provenienza, e su pergamene, anch'esse di diversa origine (pecora, capra, ecc.), età e provenienza.

Obiettivi formativi:

Questo progetto di dottorato si propone di formare uno scienziato in grado di soddisfare la domanda di esperti nel campo delle biotecnologie applicate all'ambiente. L'allievo, lavorando indipendentemente, potrà maturare abilità tecniche e scientifiche di alto livello: infatti nel corso di questo progetto di Dottorato dovrà apprendere tecniche di biologia molecolare, necessarie all'analisi metagenomica; tecniche di bioinformatica, necessarie alla gestione e alla decodificazione delle informazioni ottenute con NGS; tecniche statistiche, necessarie alla comprensione ed elaborazione dei dati ottenuti; ma dovrà anche consolidare le sue basi culturali ecologiche ed ecotossicologiche, che le/gli permetteranno di mettere a sistema tutte le informazioni raccolte negli anni di lavoro. Alle attività di laboratorio potranno essere affiancate anche quelle a mare, per il lavoro di raccolta del materiale biologico che di solito si ottiene con il *diving* e il lavoro subacqueo. Il possibile uso dei dati raccolti per l'identificazione di marcatori ecologici/ecotossicologici permetterà al dottorando di cimentarsi anche su tematiche applicative e gestionali, oltre che su quelle di base. Tutte le attività sperimentali del Dottorando incluse nel progetto di Tesi forniranno un ventaglio di capacità tecniche e scientifiche che sicuramente potranno essere spese in molti campi e quindi implicazioni positive nel lungo termine per le prospettive di carriera e di occupazione.

Attività previste:

Definizione dei piani di campionamento in previsione delle analisi statistiche dei dati,
Campionamenti in natura/in biblioteche,
Raccolta, estrazione, purificazione e amplificazione del materiale genetico,
Analisi bioinformatiche per convertire e elaborare i dati provenienti dal sequenziamento,
Analisi statistiche parametriche e non parametriche.



Opzionale:

Tecniche di campionamento subacqueo.

Attinenza del progetto all'area indicata:

Il progetto si colloca perfettamente nel *core* culturale dell'area Green, in quanto parte del Dottorato di Ricerca in Biologia Evoluzionistica ed Ecologia, che è intrinsecamente dedicato a queste tematiche, ma anche in quanto studio della diversità della componente microbica degli ecosistemi a fanerogame e delle successione autotrofe responsabili del biodeterioramento di beni librari cartacei/pergamenei, della dinamica di queste comunità, delle relazioni fra i loro componenti, con altri viventi (le fanerogame) e con l'ambiente, integrando studi che spaziano dal livello molecolare a quelli dell'organismo, della popolazione e della comunità. Il possibile uso dei dati ottenuti per la messa a punto di marcatori ecologici/ecotossicologici include nel progetto anche le tematiche applicative e gestionali, necessarie allo sviluppo Green. Ancora, il progetto prevede la messa a punto e l'uso di metodi innovativi, sia per quanto riguarda il lavoro di campo/laboratorio, sia per l'uso di avanzati strumenti di calcolo e di elaborazione.

Risultati attesi:

Il progetto dovrà fornire:

1. un metodo *smart* di identificazione e analisi tassonomica dei funghi, utilizzabile su matrici ambientali diverse;
2. identificazione tassonomica di colonizzatori delle fanerogame marine;
3. identificazione tassonomica di colonizzatori di carte e pergamene;
4. informazioni per la definizione di indicatori di allerta precoce della salute delle fanerogame e per lo sviluppo futuro di un indice integrato, basato sulle comunità microbiche batteriche e fungine.

Azienda pubblica o privata coinvolta nazionale o straniera in cui si prevede di far svolgere il periodo obbligatorio da 6 a 12 mesi previsto dal Decreto Ministeriale:

DEAD SEA & ARAVA SCIENCE CENTER - Hazeva (Israele)

BIBLIOTECA NAZIONALE CENTRALE – Roma (Italy)

Firma