



Università
degli Studi di
Messina

DIPARTIMENTO DI SCIENZE CHIMICHE,
BIOLOGICHE, FARMACEUTICHE
ED AMBIENTALI

Alla Magnifica Rettrice
Università degli Studi di Messina
SEDE

Alla Direttrice del Dipartimento di Scienze Chimiche,
Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali
Università degli Studi di Messina
SEDE

Oggetto: Richiesta Proroga del congedo concesso ai sensi dell'art. 8 della Legge n. 349/58

(Art. 4, comma 78, della Legge 12.11.2011, n. 183 (Legge Stabilità) e art. 49, comma 2, del D.L. 5/2012 convertito, con modificazioni, nella Legge 35/2012)

La sottoscritta Silvana Vanucci, nata a Bagnacavallo (RA) il 18/08/1960, ricercatrice universitaria a tempo indeterminato (SSD BIOS-05/A), presso il Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali dell'Università degli Studi di Messina

CHIEDE

la proroga di un anno solare, ovvero dal 20/09/2024 al 19/09/2025, del termine di collocamento in congedo (ai sensi dell'art. 8 della Legge 349/58) ottenuto per il periodo 20/09/2023-19/09/2024 (DR 2480-2023, prot. n°0107554-30-08-23) per poter proseguire l'esclusiva attività di studio e di ricerca scientifica avviata presso altre Istituzioni.

A conclusione delle ulteriori indagini sul campo ed in laboratorio si impegna a comunicare alla S.V. ed al Consiglio di Dipartimento i risultati della ricerca con le modalità di cui all'art. 18 del D.P.R. 382/80.

La sottoscritta dichiara, di non aver compiuto il 35° anno di anzianità di servizio.

La sottoscritta dichiara, inoltre, di aver usufruito in precedenza di altri congedi al medesimo titolo e precisamente negli anni accademici 2001/2002 e 2020-2021, e che non percepirà corrispettivi di prestazioni professionali o impiegate.

Si allega, alla presente, una preliminare e sintetica relazione sulla ricerca finora condotta, con le motivazioni per opportuni approfondimenti, ed il conseguente programma integrativo da svolgere nel periodo di proroga.

Messina 24/06/2024

Distinti saluti

Dr.ssa Silvana Vanucci

Dr.ssa Silvana Vanucci
V.le F. Stagno
d'Alcontres, 31
98166 - Messina

Tel. Mobile 3475714315
e.mail:
silvana.vanucci@unime.it
PEC:
dipartimento.chibiofaram@pec.unime.it

Codice Fiscale:
80004070837
Partita IVA:
IT00724160833



Relazione preliminare sulla ricerca finora condotta e programma integrativo da svolgere nel richiesto periodo di proroga

Facendo riferimento alle impostazioni di base ed alle conseguenti finalità indicate nel programma di ricerca “*Approccio molecolare per la caratterizzazione delle comunità fitoplanctoniche nel biomonitoraggio di ambienti costieri*” (allegato alla richiesta di congedo accordato con D.R.32480-2023) è stata individuata quale area di studio la laguna costiera Sacca di Goro, situata nel Mar Adriatico Settentrionale considerandone le correlazioni tra il ruolo del fitoplancton e l'importanza ecologico-ambientale ed economica di questo ambiente di transizione.

La laguna, area RAMSAR ed inserita nella rete Natura (SIC/ZPS), è sottoposta ad un elevato impatto antropico a seguito di attività di molluschicoltura intensiva (i.e. *Tapes decussatus* e *Tapes philippinarum*). Tenendo in considerazione la morfologia della laguna, il complesso idrodinamismo e i dati storici disponibili, è stato individuato il disegno sperimentale da seguire ed è stata predisposta una serie di fasi operative per il campionamento, le indagini ecologiche e la caratterizzazione delle biocenosi microalgali.

Sono stati individuate quattro stazioni: FV- Foce Volano, G-Gorino, BM-Bocca Mare e PG-Porto Gorino. FV è localizzata nella parte occidentale della laguna e principalmente influenzata da apporti di acqua dolce provenienti da Po di Volano e dal canale Giralda; G localizzata nella parte orientale meno profonda e più confinata della laguna, al termine della valle di Gorino; PG localizzata in area centrale; BM localizzata al limite dell'area prospiciente il Mar Adriatico.

Durante il campionamento, con frequenza mensile, sono stati misurati diversi parametri abiotici: temperatura, salinità e ossigeno disciolto tramite l'utilizzo di una sonda multi-parametrica HQ30d (Hach-Lange GmbH). In ogni sito sono stati prelevati campioni d'acqua in triplicato. Sub-campioni d'acqua sono stati utilizzati per effettuare le analisi dei nutrienti inorganici, clorofilla-a, composizione biochimica del fitoplancton, l'analisi quali-quantitativa della comunità microalgale tramite microscopia ottica e tramite eDNA metabarcoding.

I dati preliminari evidenziano un'ampia variazione delle temperature ($5^{\circ}\text{C} \div 29^{\circ}\text{C}$) e un tipico pattern stagionale in tutti i siti. Anche la salinità ha mostrato un ampio range di oscillazione ($1 \div 31$) con valori minimi nella stazione FV in primavera e massimi nella St. BM (in dicembre) e comunque mostrando elevate oscillazioni a tutte le stazioni a seguito della marcata variabilità delle condizioni idrodinamiche. Gli effetti dei flussi di acqua dolce sono stati più evidenti nelle stazioni FV e G, mostrando in media, valori significativamente inferiori rispetto alle stazioni BM e PG.

Il Trend temporale, fino ad ora indagato, ha evidenziato una variabilità più contenuta nella stazione G a seguito della sua localizzazione più riparata e principalmente esposta ai flussi di acqua dolce provenienti dal ramo del Po di Gorino. Importanti intrusioni di acqua marina sono stati osservati nei mesi di novembre e dicembre nelle stazioni FV e PG, mentre la St. G non è stata coinvolta dal principale influsso di acqua marina.



Le concentrazioni dell'azoto (NO_2^- e NO_3^-) e del fosforo (PO_4^{3-}) sono risultate, in media, significativamente superiori nei siti G e FV rispetto alle concentrazioni osservate in PG e BM, benché siano state osservate forti oscillazioni in tutti i siti.

Per quanto concerne l'analisi qualitativa e quantitativa della comunità fitoplanctonica ottenuta tramite riconoscimento morfologico in microscopia ottica (metodo Utermöhl), i risultati preliminari hanno evidenziato il riconoscimento di 8 differenti phyla (Bacillariophyta, Chlorophyta, Cryptista, Cyanophyta, Euglenozoa, Haptophyta, Miozoa e Ochrophyta) e oltre 120 taxa. L'abbondanza del fitoplancton ha mostrato un range di variazione di due ordini di grandezza ($\sim 1 \times 10^5$ cells L^{-1} - 1×10^7 cells L^{-1}). I minimi di densità cellulare sono stati osservati in inverno in tutti i siti, mentre massimi e bloom sono stati osservati in tempi differenti nei diversi siti. Nel complesso il fitoplancton della Sacca di Goro appare caratterizzato dalla presenza di taxa marini, salmastri e d'acqua dolce; le Bacillariophyta rappresentano quasi il 50% della comunità, seguite da Cryptista, Chlorophyta e Miozoa. Sono state evidenziate differenze significative fra i siti della comunità fitoplanctonica, sia in termini di abbondanze che composizione tassonomica, e correlate agli input di acqua fluviale, alle ingressioni di acqua marina ed alle stagioni. Conseguentemente, non è stata osservata una successione e una biodiversità tipiche delle comunità fitoplanctoniche di acque costiere di medie latitudini. In particolare alla stazione FV, Chlorophyta e Bacillariophyta, quest'ultima con la classe Mediophyceae e l'ordine Thalassiosirales, sono risultate codominanti.

Sono stati inoltre osservati bloom riconducibili a *Skeletonema* sp. e a *Thalassiosira* sp. e la presenza di microalghe potenzialmente tossiche ma con abbondanze cellulari molto basse. È stata impostata la costruzione di matrici e l'analisi statistica dei dati.

Parallelamente si è iniziato a procedere alla caratterizzazione della comunità fitoplanctonica con approccio molecolare mediante eDNA metabarcoding. I campioni d'acqua, di ogni replica, sono stati filtrati su filtri 0.45 μm Nitrocellulose (diametro 47 mm) e quest'ultimi conservati a -20°C fino all'estrazione. L'estrazione del DNA è stata effettuata mediante DNeasy Power Water Kit (Qiagen, Hilden, Germany) e la resa valutata tramite Qubit fluorometer (ThermoFisher Scientific Inc, Waltham, MA, USA).

L'amplificazione PCR della regione V4 e V5 del gene rRNA 18S è stata effettuata usando primer universali specifici per eucarioti 566F (CAGCAGCCGCGGTAATTCC) e 1200R (CCCGTGTGAGTCAAATTAAGC). Il sequenziamento è stato effettuato mediante MinION Mk-1C (Oxford Nanopore Technology, Oxford, Great Britain). Il set dei dati associati alle sequenze 18S rDNA è stato processato per ottenere le sequenze appartenenti agli organismi eucarioti fotosintetici, mentre il resto delle sequenze è stato rimosso. Quindi è stata effettuata l'analisi bioinformatica.

Una prima valutazione dei dati finora ottenuti ha evidenziato un numero totale di phyla superiore a quello rilevato tramite riconoscimento tassonomico. I phyla sono Bacillariophyta, Bygira, Cercozoa, Chlorophyta, Cryptista, Haptophyta, Miozoa, Ochrophyta, Picozoa and Telonemia. Il phylum dominante, come ottenuto con la microscopia tradizionale, è quello delle Bacillariophyta seguito da Chlorophyta, Miozoa, Cryptista, Ochrophyta e Cercozoa.



Il contributo dei differenti phyla è risultato significativamente differente nei diversi siti con una predominanza di Bacillariophyta e Ochrophyta osservato alle stazioni G e FV mentre Cryptista e Cercozoa sono presenti maggiormente alla St. PG; Chlorophyta, Miozoa e Picozoa lo sono alla St. BM. In diverse occasioni e in siti differenti la composizione tassonomica (generi e specie incluse) della comunità microalgale, così come il contributo relativo dei taxa, ottenuti con i due approcci metodologici (morfologico ed eDNA) risultano differenti e sono attualmente oggetto di analisi e verifiche. Così come è in itinere l'elaborazione dei dati per il confronto delle due metodologie in relazione ai parametri ambientali.

Nel corso dello svolgimento del programma di ricerca si sono verificate condizioni che inducono alla richiesta di una proroga al fine di poter completare correttamente ed integrare l'indagine. Le motivazioni per la richiesta di proroga sono qui di seguito riportate.

- Nel corso del biomonitoraggio il campionamento ha subito in alcuni periodi variazioni e rallentamenti a seguito di una difficile fruibilità di alcune parti della laguna dovuta alla massiccia presenza della specie alloctona *Callinectes sapidus* (granchio blu) e/o dalle installazioni di protezioni (recinti) in diversi allevamenti di vongole da parte dei molluschicoltori.

- L'analizzatore elementare CHNS-O, fruibile da diverse unità di ricerca, è stato indisponibile per molte settimane per revisione tecnica e standardizzazione. Successivamente la fruizione è stata posposta all'analisi di campioni più urgenti di altre unità di ricerca. I campioni per la valutazione della composizione biochimica delle comunità fitoplanctoniche sono ad oggi ancora in programma.

- I risultati ottenuti con l'analisi bioinformatica delle sequenze di eDNA del fitoplancton ed il confronto con bibliografia recente relativa a comunità fitoplanctoniche di ambienti di transizione indagate tramite eDNA metabarcoding (e.g. Bilbao et al. 2023; <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2023.106175>), inducono ad un ulteriore controllo e/o modifica dell'analisi bioinformatica.

Sulla base di quanto riferito ed ai fini di una più valida interpretazione scientifica delle osservazioni e dei dati finora acquisiti risulta necessario e opportuno proseguire l'indagine tramite un programma integrativo della ricerca impostato, nelle linee generali, su:

- ulteriori e mirate indagini sul campo e/o repliche di prelievi di campioni d'acqua a verifica ed integrazione dei dati già ottenuti;
- completamento delle analisi in sospeso sulla composizione biochimica della comunità fitoplanctonica;
- campionamenti aggiuntivi per eDNA metabarcoding e rielaborazione delle sequenze di eDNA già ottenute;
- conseguente aggiornamento nell'elaborazione dei dati.

Dr.ssa Silvana Vanucci