

Valutazione dell'impatto di possibili coltivazioni di pioppo transgenico in aree protette

Buonamici A (1), Paffetti D (2), Travaglini D (2), Biricolli S (3), Bottalico F (2), Chelazzi L (4), Cimò F (5), Colombini I (4), Fiorentini S (2), Tomaselli V (6), Fasano G (7), Materassi A (7), Vettori C* (1)

(1) Plant Genetics Institute (CNR / UOS FI), v. Madonna del Piano 10, 50019 Sesto Fiorentino (FI); (2) Department of Agricultural and Forest Economics, Engineering, Sciences and Technologies, University of Florence, v. San Bonaventura 13, 50145 Florence; (3) Department of Agronomy and Land Management, University of Florence, P.le delle Cascine 22, Florence; (4) Institute of Ecosystem Study (CNR / UOS FI), v. Madonna del Piano 10, 50019 Sesto Fiorentino (FI); (5) Development of farms and agrifood enterprises Unit, DG Economic Development, Regional Government of Tuscany, v. di Novoli 26, 50127 Firenze; (6) Plant Genetics Institute (CNR), v. Amendola 165/A, 70126 Bari; (7) Institute for Biometeorology (CNR / UOS SS), v. T.sa la Crucca 3 - Baldinca, 07100 Li Punti (SS)
(*) = speaker

Sessione Poster

Sala Esposizione - Giovedì 6 Ottobre 2011 (12:30-13:30)

Riassunto: Il Parco Regionale di Migliarino-San Rossore-Massaciuccoli in Toscana è stato scelto come sito di studio nell'ambito del progetto europeo LIFE08 NAT/IT/342. Questo progetto è volto allo sviluppo di un indice di monitoraggio rapido (quick monitoring index, QMI) per valutare il rischio potenziale generato da piante transgeniche sugli ecosistemi agroforestali. Per questo scopo sono state selezionate tre aree di studio per determinarne la biodiversità vegetale, animale e dei microrganismi del suolo. Sono state prese particolarmente in considerazione aree vicine a superfici agricole dove potrebbero essere coltivate piante geneticamente modificate (PGM). Per ridurre il rischio di inquinamento genico di aree naturali da parte di polline di PGM, è utile sviluppare un sistema di monitoraggio efficiente che tenga conto della diversità genetica e di possibili incroci tra specie affini. Per quando riguarda la biodiversità arborea, nelle aree di studio sono state studiate specie del genere *Populus*. Le aree di studio selezionate per il pioppo distano tra loro 8 Km: l'area A è situata nella Tenuta di San Rossore ed è caratterizzata da un bosco misto composto da *Populus alba*, *P. x canescens*, *Fraxinus angustifolia* e *Alnus glutinosa*; l'area B è situata presso il Lago di Massaciuccoli ed è costituita da una popolazione frammentata di *Populus sp*. Sono state esaminate le popolazioni di *Populus* presenti nelle due aree insieme a due varietà coltivate. Le due aree sono state anche caratterizzate per la loro copertura erbacea. Sono stati utilizzati marcatori microsatelliti nucleari per determinare la variabilità genetica delle popolazioni di pioppo e il livello d'incrocio tra le popolazioni spontanee e quelle coltivate. Inoltre sono state studiate le popolazioni d'insetti presenti sui maschi e sulle femmine di pioppo durante il periodo di fioritura. Per determinare la densità e la composizione delle specie erbacee, nelle aree di studio è stato utilizzato l'approccio multiscala standardizzato di Dengler. Le possibili variazioni di distribuzione e/o densità delle specie sono state valutate seguendo l'approccio di Braun Blanquet. Le osservazioni fatte finora sullo strato erbaceo mostrano una certa variabilità nella distribuzione delle specie tra un quadrato e l'altro, dovuta probabilmente alle caratteristiche micro-topologiche del sito di studio. L'analisi della biodiversità degli artropodi presenti sulle infiorescenze del pioppo indica un'evidente differenza tra alberi dei due siti e un numero piuttosto basso di specie. Nelle infiorescenze maschili predominano le larve di dittero seguite da coleotteri coccinellidi e ragni, nelle infiorescenze femminili, invece, predominano i ragni seguiti dai coleotteri curculionidi e dalle larve di lepidotteri. I dati dei microsatelliti sono stati analizzati con il software Geneland. I risultati di questa analisi mostrano tre gruppi distinti nell'area A. Il primo gruppo è composto da individui con lo stesso genotipo, probabilmente polloni, mentre gli altri due gruppi mostrano flusso genico all'interno e tra gruppi indicando che le altre specie arboree nell'area impediscono solo in parte il flusso genico. Nell'area B sono presenti due gruppi che mostrano un livello più alto di flusso genico rispetto all'area A. Questa popolazione, infatti, si trova in un'area più aperta in cui di solito il flusso genico è favorito. In generale il livello di biodiversità nelle aree è alto e in particolare il flusso genico nel lago di Massaciuccoli è considerevole. Quindi una possibile coltivazione di pioppo transgenico vicino a queste aree protette potrebbe influenzare la loro diversità. Lo sviluppo del QMI basato su dati sperimentali è in corso.

Parole Chiave: *Populus*, Biodiversità, Piante Transgeniche, Flusso Genico

Indirizzo per corrispondenza: Cristina Vettori (cristina.vettori@cnr.it)

ID#: 80