

## APPROCCIO INTEGRATO ALL'IDENTIFICAZIONE DI ISOPODI ONISCIDEI

M. BARBUTO<sup>1</sup>, G. MONTESANTO<sup>2</sup>, N. ALFANO<sup>1</sup>, A. GALIMBERTI<sup>1</sup>, D. CARUSO<sup>2</sup>,  
B.M. LOMBARDO<sup>2</sup>, M. CASIRAGHI<sup>1</sup>

bm.lombardo@unict.it

<sup>1</sup>ZooPlantLab, Dip. di Biotecnologie e Bioscienze, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca; <sup>2</sup>Dip. di Biologia Animale "Marcello La Greca", Univ. di Catania

Nel corso degli ultimi anni tecniche molecolari, quali il DNA barcoding, stanno assumendo un'importanza sempre maggiore, soprattutto nei casi in cui vengono integrate con gli studi morfologici classici e quando oggetto di studio sono complessi di specie criptiche. Il DNA barcoding ha lo scopo di identificare le specie in base all'analisi della variabilità della sequenza nucleotidica di un gene target, che per la maggior parte dei Metazoi è il gene mitocondriale codificante per la subunità I della citocromo c ossidasi (*coxI*).

La presente ricerca, svolta nell'ambito del progetto PRIN 2007-2008 "Nuova metodica per l'analisi della biodiversità: un'applicazione del pirosequenziamento allo studio degli organismi del suolo", ha previsto la raccolta di esemplari di Oniscidei, appartenenti a 13 specie prelevate in un castagneto sulle pendici del Monte Etna. Gli individui sono stati preventivamente determinati con metodi di tassonomia tradizionale. Successivamente, a partire dalla dissezione di alcuni organi e tessuti, si è proceduto all'amplificazione e sequenziamento diretto di una porzione di circa 600 bp del gene mitocondriale *coxI* seguendo protocolli standard. Le sequenze ottenute sono state allineate tra loro e confrontate con ulteriori sequenze di Isopodi terrestri reperite in GenBank.

La valutazione della coerenza tra determinazioni morfologiche e quelle molecolari relative all'identificazione dei campioni ha evidenziato l'elevato potere discriminante del DNA barcoding, permettendo in tutti i casi di determinare la specie di appartenenza.

A partire dagli organi riproduttori si è inoltre proceduto ad uno screening preliminare sulla presenza/assenza del batterio simbiote *Wolbachia*, mediante l'amplificazione del gene batterico 16S rDNA. Da segnalare inoltre che in alcuni casi la presenza di *Wolbachia* è stata individuata anche mediante l'uso dei primer convenzionalmente utilizzati per l'amplificazione del gene *coxI* su un'ampia gamma di Metazoi.