

UTILIZZO DEL DNA BARCODING COME STRUMENTO PER LA CARATTERIZZAZIONE MASSIVA DELLA BIODIVERSITÀ DEL SUOLO

M. BARBUTO, N. ALFANO, A. GALIMBERTI¹, E. FERRI, M. CASIRAGHI

michela.barbuto@unimib.it

ZooPlantLab, Dip. di Biotecnologie e Bioscienze, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca

Lo studio della biodiversità sta assumendo connotati di sempre maggiore rilevanza nel panorama scientifico internazionale. Tuttavia la maggior parte della biodiversità attualmente presente sulla Terra non è ancora nota e appare chiara l'esigenza di poter applicare nuove tecnologie per affrontare questo tipo di ricerca. Le recenti tecniche di biologia molecolare, in particolare quelle legate a metodiche di sequenziamento massivo del DNA forniscono gli strumenti necessari per un efficace e moderno studio della biodiversità.

La finalità di questo lavoro è quella di utilizzare un metodo innovativo per lo studio della biodiversità su vasta scala. Più in particolare si è proceduto all'utilizzo della tecnica del DNA barcoding applicata su una matrice ambientale complessa quale è il suolo. Come approccio preliminare è stata considerata solo la componente idrobionte. Si è proceduto all'amplificazione, clonaggio e sequenziamento, di una regione di circa 650 bp del gene mitocondriale *cox1* tramite primer universalmente conservati tra i metazoi. L'amplificazione è stata condotta a partire da DNA estratto da una mix di organismi prelevati dal suolo mediante metodo di Baermann modificato. L'analisi delle sequenze ottenute ha permesso di verificare come tale approccio risulti altamente efficace nel rappresentare la biodiversità presente nel campione tramite l'identificazione di diverse entità molecolari (MOTU) riconducibili ai tre principali taxa di metazoi componenti la fauna idrobionte: nematodi, rotiferi e tardigradi.