

IL FUTURO PER LO STUDIO DELLA BIODIVERSITÀ: L'INTERNATIONAL BARCODE OF LIFE PROJECT (iBOL)

M. INFUSINO¹, S. SCALERCIO², A. HAUSMANN³, C. CALABRÒ⁴

minfusino@unime.it

¹Dip. di Scienze degli Alimenti e dell'Ambiente, Univ. di Messina, Via Salita Sperone 31, 98166 Sant'Agata, Messina, Italy; ²CRA Centro di Ricerca per l'Olivicoltura e l'Industria Olearia, c.da Li Rocchi, 87036 Rende (CS), Italy; ³Zoologische Staatssammlung München, Münchhausenstr. 21, 81247 München, Germany; ⁴Dip. di Biologia Animale ed Ecologia Marina, Univ. di Messina, Via Salita Sperone 31, 98166 Sant'Agata, Messina, Italy

I primi anni del nuovo millennio hanno visto una crescita della globalizzazione degli scambi commerciali, dei cambiamenti climatici e degli appelli a tutela della biodiversità. In questo contesto la rapida identificazione delle specie costituisce una necessità. Il DNA barcode aggiunge agli approcci morfologici tradizionali importanti vantaggi: le identificazioni possono essere automatizzate e l'analisi può essere applicata a tutti gli stadi vitali e a frammenti di organismi. Il DNA barcoding si basa sull'osservazione che le variazioni di sequenza di DNA in regioni genetiche brevi e standardizzate permettono la campionatura di specie conosciute e non. La "Barcode analysis" è divenuta più efficace ed economica, ma si è anche registrata la necessità di strutture centrali che utilizzino protocolli standardizzati per eseguire analisi rapide e poco costose; nonché di equipe di ricercatori che raccolgano e identifichino gli esemplari, oltre al supporto della comunità bioinformatica per la gestione dei dati.

Fino a oggi sono stati registrati i dati relativi a ~620.000 esemplari (appartenenti a 58.000 specie di animali, piante e microorganismi). Al livello internazionale è stata attivata una campagna, che nel contesto del programma 'iBOL' vuole generare barcodes per 80000 specie di lepidotteri nei prossimi 5 anni. Circa 15 specie sono già state descritte grazie a iBOL negli ultimi 12 mesi. In Italia è attiva la campagna "Barcoding AllGeos" che si propone il sequenziamento di tutti i Lepidoptera Geometridae. Finora sono stati sequenziati ~6500 esemplari geometridi (1150 specie) per il paleartico e 1006 esemplari (298 specie) per l'Italia. I primi risultati, che devono ancora essere attentamente analizzati, suggeriscono che possibilmente alcune popolazioni italiane sono da ascrivere a nuove specie e che altre specie sono probabilmente da porre in sinonimia. In definitiva, l'utilizzo di questo strumento - integrandolo nella morfoanalisi - permetterà di fare maggiore chiarezza anche sulla sistematica zoologica.