



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DEL MOLISE

**ATTI DELLE GIORNATE
DELLA RICERCA SCIENTIFICA
DIPARTIMENTO
DI BIOSCIENZE
E TERRITORIO**

MARZO 2019

**PROCEEDINGS OF THE
DAYS OF SCIENTIFIC
RESEARCH
DEPARTMENT
OF BIOSCIENCES
AND TERRITORY**

MARCH 2019

ISBN 9788896394304

Comitato Organizzatore

Franco Felici (Delegato DIBT per la ricerca scientifica), Gabriella Stefania Scippa (Coordinatore del Dottorato di Ricerca in Bioscienze e Territorio), Carlo Callari (Coordinatore della Sezione di ricerca *Ingegneria*), Luciano De Bonis (Coordinatore della Sezione di ricerca *Paesaggio, economia e pianificazione*), Fausto Fasano (Coordinatore della Sezione di ricerca *Fisica, informatica e matematica*), Anna Loy (Coordinatore della Sezione di ricerca *Natura ambiente e foreste*), Gabriella Saviano (Coordinatore della Sezione di ricerca *Biologia*), Piera Di Marzio (curatore degli Atti).

DIBT, Università degli studi del Molise, giugno 2019
ISBN 9788896394304

Impaginazione e veste grafica: Piera Di Marzio
Elaborazioni grafiche in copertina e in alcune parti del testo su elementi ideati da Freepik.com.

Indice

Introduzione	4
Relazioni	
Casiraghi M. - <i>eDNA in the age of data integration: the environmental system biology</i>	6
Alvites C., Battipaglia G., Santopuoli G., Hampel H., Vaquez R.F., Matteucci G., Tognetti R. - <i>Analisi dendrocronologica e modello di crescita di <i>Polylepis reticulata</i> (Rosaceae) nelle Ande dell'Ecuador</i>	7
Di Giacomo U.A., Capobianco G., Mercaldo F., Nardone V., Santone A. - <i>Can Machine Learning predict soccer match results?</i>	9
di Leva D., Gerbino S., Fabbrocino G. - <i>An assessment of BIM interoperability by IFC standard for structural analysis of civil engineering structures</i>	11
Di Pirro E., Sallustio L., Capotorti G., Lasserre B., Marchetti M. - <i>Scenari futuri di cambiamento d'uso del suolo nella regione lazio: valutazione degli impatti sulla biodiversità</i>	13
Segatto M., Manduca A., Rosso P., Jozwiak A., Swiezewska E., Moreno S., Trezza V., Pallottini V. - <i>The role of mevalonate pathway in brain homeostasis: effects on memory and neurotrophin regulation</i>	15
Poster	
Bucci A., Di Luccia B., Mazzoli A., Cancelliere R., Crescenzo R., Ferrandino I., Monaco A., Naclerio G., Iossa S., Ricca E., Baccigalupi L. - <i>In vivo effects of <i>Lactobacillus gasseri</i> SF1183 in a murine model of experimentally-induced colitis</i>	17
Calabrese V., Bricca A., Carranza M.L., Cutini M., Stanisci A. - <i>Praterie d'alta quota: come si adattano le specie ad una stagione vegetativa breve?</i>	19
Ciliberti D., Meini M. - <i>Tra radicamento territoriale e proiezioni transnazionali: potenzialità e limiti dell'associazionismo senegalese in alcune province italiane</i>	21
Colella B., Colardo M., Iannone G., Velasco G., Di Bartolomeo S. - <i>Glioblastoma-initiating cells: an effective tool to study autophagy role in gbm biology</i>	23
Conte A.L., Cillis G., Lucia D., Fortini P. - <i>Oak Decline in the Southern Apennine (Italy)</i>	25
Conte A.L., Di Marzio P., Fortini P. - <i>Risultati preliminari dell'analisi molecolare del gruppo <i>Quercus pubescens</i> Willd. s.l. in sud Italia e nelle Isole maggiori</i>	27
Cutone A., Colella B., Pagliaro A., Di Bartolomeo S., Musci G. - <i>Bovine lactoferrin inhibits migration in a model of human glioblastoma</i>	29
de Francesco M.C., Carranza M.L., Varricchione M., Tozzi F.P., Stanisci A. - <i>Le aree protette costiere: osservatori speciali dei rifiuti spiaggiati e del loro impatto sull'ambiente</i>	31
De Toni A., Di Martino P., Ferrandis Martínez A., Lasserre B., Marchetti M. - <i>European territorial typologies: exploring the potential to foster the sustainable development of disadvantaged areas</i>	33
Di Bartolomeo S., Trupiano D., Colella B., Ranalli G. - <i>Campionamento non distruttivo di superfici ambientali, biofilm e opere d'arte: osservazioni al microscopio confocale</i>	35
Di Giorgio A., Trupiano D., Di Martino P., Scippa G.S. - <i>Analisi delle risposte di due varietà di <i>Phaseolus vulgaris</i> autoctone dell'Alto Molise a condizioni di stress idrico e salino</i>	37
Di Perna F.F., Longo M., Pasini E.M., Ponzi M., Pizzi E., Sferra G. - <i>Dissecting the molecular interplay between organisms: protein-protein interactions in host-pathogen systems by phylogenetic profiling</i>	39
Di Placido A., Russo D.D., Capobianco G., Cerrone C. - <i>Close-enough generalized routing problem</i>	40
Diamante S., Falcione M., Tavone P., Di Giorgio A., Di Iorio G., Paniccia C., Loy A. - <i>Wild Molise: il progetto dove il ricercatore sei tu!</i>	42
Fierro T., Mignelli L., Scasserra G., Pagliaroli A., Santucci de Magistris F. - <i>Seismic response analysis for the site of San Giuliano di Puglia (Italy)</i>	44
Filocamo F., Roszkopf C.M. - <i>The geological heritage for the enhancement and promotion of sustainable tourism in Molise. A proposal of geological itineraries in the Matese area</i>	46

Frate L., Prisco I., Marzioletti F., Stanisci A., de Francesco M.C., Carranza M.L. - <i>Realizzazione di un sistema informativo territoriale integrato (SITI) per la tutela degli habitat terrestri e marini delle coste adriatiche italiane e di Cipro</i>	48
Fratianne N., Gioiosa A., Piacentino G.M. - <i>Measuring the leading hadronic contribution to the muon anomalous magnetic moment via muon-electron scattering</i>	50
Jamwal P.S., Di Febbraro M., Carranza M.L., Loy A. - <i>Potential distribution and niche overlap analysis in three otter species: Lutra lutra, Aonyx cinereus and Lutrogale perspicillata</i>	52
Laudato G., Scalabrino S., Boldi F., Colavita A.R., De Vito L., Donadelli G.R., Gallo L., Malatesta R., Oliveto R. - <i>Wearable devices and machine learning for tele-healthcare: the ATTICUS project</i>	54
Marzioletti F., Giulio S., Malavasi M., Sperandii M.G., Acosta A.T.R., Carranza M.L. - <i>Phenological classification of coastal ecosystems using Sentinel 2 data: an application for mapping dune habitats in central Italy</i>	56
Meffe G., Schiffthaler B., Street N., Delhomme N., Sferra G. - <i>Predicting protein-protein interactions from expression data: a comprehensive assessment of a Picea abies and Populus trichocarpa networks</i>	58
Minervino Amodio A., Bonomo A.E. - <i>Quantitative assessment of the atmospheric degradation of calcarenitic rocks in the Sassi of Matera area by means of the structure from motion</i>	60
Minervino Amodio A., Cerda A., Aucelli P.P.C., Garfi V., Marchetti M., Roskopf M.C., Salesa D. - <i>Assessment of soil erosion along a mountain trail in the eastern Iberian Peninsula</i>	61
Moccia L.E. - <i>Implementazione e verifica dell'efficacia del pensiero computazionale come metodologia didattica per il primo ciclo di istruzione</i>	63
Monaco P., Bottone M., Paoletta N., Naclerio G., Bucci A. - <i>Analysis and characterization of microbial communities associated with black truffle Tuber aestivum Vitt.</i>	65
Ottaviano G., De Bonis L. - <i>La riterritorializzazione come risorsa per la consapevolezza ambientale: un caso dalla costa abruzzese</i>	66
Parisi F., Lombardi F., Tognetti R., Marchetti M., De Cristofaro A. - <i>Diversità dei coleotteri saproxilici nei castagneti cedui e da frutto nell'area pedemontana dell'Aspromonte (Appennino meridionale)</i>	68
Piantadosi V., Scalabrino S., Oliveto R. - <i>A developer-centric naturalness model for predicting code understandability</i>	70
Prisco I., Acosta A.T.R., Scirocco M., Stanisci A. - <i>A bridge between beach tourism and nature conservation: the boardwalks effects on coastal dune vegetation</i>	72
Rossi A., Scippa G.S., Montagnoli A., Chiatante D., Caprari C., Trupiano D. - <i>Secondary lateral root formation: where, how and when</i>	74
Simiele M., Bucci A., Pasquale S., Lebrun M., Scippa G.S., Morabito D., Naclerio G., Caprari C., Trupiano D. - <i>The effect of bioaugmentation and biochar-stimulation on metal(loid)s contaminated soil and plant growth</i>	76
Versace S., Dalponte M., Frizzera L., Gianelle D., Tognetti R., Garfi V. - <i>Competizione e facilitazione determinano variazioni nella crescita radiale di faggio e abete bianco in popolamenti misti e puri lungo un transetto latitudinale</i>	78
Indice degli Autori	80

INTRODUZIONE

Giornate della Ricerca del Dipartimento di Bioscienze e Territorio

Il Dipartimento di Bioscienze e Territorio propone per il quarto anno le GIORNATE DELLA RICERCA SCIENTIFICA il 26 marzo 2019.

Un'occasione ideata per diffondere e favorire, sempre più, una cultura tecnico-scientifica, avvicinando la società civile, con in prima fila il mondo della scuola, con l'articolato sistema ricerca in tutte le sue dinamiche e sfaccettature. Una giornata dedicata alla divulgazione delle conoscenze scientifiche, con particolare attenzione alle molteplici attività di ricerca in atto nei laboratori delle tre sedi del Dipartimento (Pesche, Campobasso e Termoli).

Giovani ricercatori, dottoranti, assegnisti, borsisti, tesisti e studenti presentano i loro progetti di ricerca: dalla singola cellula agli ecosistemi naturali, dalle nuove tecnologie dell'ingegneria e dell'informatica ai nuovi approcci della matematica e della biologia molecolare.

Ospite di rilievo della giornata, il prof. Maurizio Casiraghi dell'Università di Milano Bicocca che presenterà la tecnica innovativa del DNA ambientale che sta rivoluzionando gli studi sulla biodiversità.

Il Comitato Organizzatore



Relazioni

eDNA IN THE AGE OF DATA INTEGRATION: THE ENVIRONMENTAL SYSTEM BIOLOGY

M. CASIRAGHI

BTBS - Dipartimento di Biotecnologie e Bioscienze, Università degli Studi di Milano-Bicocca, Piazza della Scienza 2, 20126 Milano - Italy.

Se la biologia del secolo scorso verrà ricordata come quella in grado di portarci alla scoperta degli intimi meccanismi di funzionamento della cellula, quella del XXI secolo si candida a diventare la regina delle discipline dell'integrazione. Da tempo sentiamo parlare della biologia dei sistemi che lavorando sui big data ci permette di affacciarsi oltre il singolo meccanismo e vedere il funzionamento di tutto un sistema.

Il mondo ambientale è rimasto per un po' ai margini di questa rivoluzione. Tuttavia, negli ultimi anni il vento è cambiato e motore del cambiamento è stato sicuramente la disponibilità su vasta scala dei sistemi di sequenziamento massivo del DNA (inizialmente noti come NGS, *Next Generation DNA Sequencing*, ma oggi meglio noti come HTS, *High Throughput DNA Sequencing*). Alcuni di noi pensano che questo sia l'inizio di quella che potremmo chiamare l'*environmental system biology*.

Nel seminario cercherò di tracciare le basi di queste competenze, illustrandone le possibilità e mostrando gli attuali limiti.

ANALISI DENDROCRONOLOGICA E MODELLO DI CRESCITA DI *POLYLEPIS RETICULATA* (ROSACEAE) NELLE ANDE DELL'ECUADORC. ALVITES¹, G. BATTIPAGLIA², G. SANTOPUOLI^{1,7}, H. HAMPEL^{3,4}, R.F. VAQUEZ^{4,5}, G. MATTEUCCI⁶, R. TOGNETTI⁷

¹Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università degli Studi del Molise, Cda Fonte Lappone snc, 86090 Pesche (IS), Italy; ²Dipartimento di Scienze e Tecnologie Ambientali, Biologiche e Farmaceutiche, Università degli Studi della Campania, via Vivaldi 43, 81100 Caserta, Italy; ³Facultad de Ciencias Químicas, Universidad de Cuenca, Av. 12 de Abril S/N, 010203 Cuenca, Ecuador; ⁴Laboratorio de Ecología Acuática, Departamento de Recursos Hídricos y Ciencias Ambientales, Universidad de Cuenca, Av. 12 de Abril S/N, 010203 Cuenca, Ecuador; ⁵Facultad de Ingeniería, Universidad de Cuenca, Av. 12 de Abril S/N, 010203 Cuenca, Ecuador; ⁶Consiglio Nazionale delle Ricerche / National Research Council of Italy, Istituto per i Sistemi Agricoli e Forestali del Mediterraneo / Institute for Agricultural and Forestry Systems in the Mediterranean, Via Patacca, 85 I-80056 Ercolano (NA) Italy; ⁷Dipartimento di Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Università degli Studi del Molise, Via De Sanctis snc, 86100 Campobasso, Italy.

Le Ande coprono l'1.4% dell'intero territorio terrestre (1) e la parte montuosa tropicale Ecuadoriana è considerata uno dei più importanti hotspots di biodiversità del mondo (2). Il cambiamento climatico, le attività antropiche legate allo sviluppo socio-economico e lo sviluppo rurale influiscono negativamente sulla protezione delle specie vulnerabili o in via di estinzione (3). *Polylepis reticulata* Hieron (d'ora in avanti *P. reticulata*) è considerata la specie arborea più comune nelle Ande Ecuadoriane e cresce normalmente alle maggiori altitudini delle foreste montane (4). A causa della pressione che questa specie subisce dai fattori prima indicati, questa è considerata vulnerabile secondo l'International Union for Conservation of Nature's Red List of Threatened Species (5).

A tale punto, il monitoraggio di questa specie arborea andina è necessario per determinare l'effetto dei fattori climatici sull'accrescimento di questa specie. Le procedure che hanno avuto grande successo nel datare fenomeni meteorologici sono la dendrocronologia e la dendroclimatologia.

La dendroclimatologia è una disciplina che analizza l'ampiezza anulare degli alberi in relazione a fattori climatici la quale potrebbe fornire informazioni essenziali sulle specie arboree relitte delle Ande Ecuadoriane (6).

Nonostante ciò, recenti studi hanno mostrato che questa disciplina è stata applicata per altre specie dello stesso genere, per esempio: *Polylepis pepeii* B. Simpson (7), *Polylepis tarapacana* Philippi (8) and *Polylepis besseri* Hieron (9) ma non ancora per *P. reticulata*.

Questo studio è focalizzato nella determinazione di modelli di crescita di *P. reticulata* in tre differenti siti: Estrellascocha (EST), Burines (BUR) e Jigeno (JIG), che erano posizionati ad un'altitudine media di 4000 m s.l.m. sulle montagne andine (Fig. 1).

Gli obiettivi della ricerca sono: (i) caratterizzazione dei limiti degli anelli; (ii) descrizione dei modelli anulari dei siti di studio; (iii) investigazione della relazione tra clima e crescita radiale degli alberi; (iv) determinazione della correlazione spaziale tra fattori climatici stagionali (temperatura, precipitazione, El Niño-Southern Oscillation "ENSO" e Vapour Pressure Deficit "VPD") e ampiezza anulare di *P. reticulata*.

Gli anelli sono semi-porosi e mostrano minime differenze nello spessore della parete fibrosa tra il legno tardivo e il legno precoce (Fig. 2). Ciononostante, considerando i tre siti, gli anelli nel durame sono molto più chiaramente visibili di quelli nell'alburno. Il modello di crescita indica che l'ampiezza anulare è più correlata alla temperatura che alla precipitazione e che queste sono correlate alle condizioni del sito e alla struttura degli alberi, come anche altri fattori locali (Fig. 3).

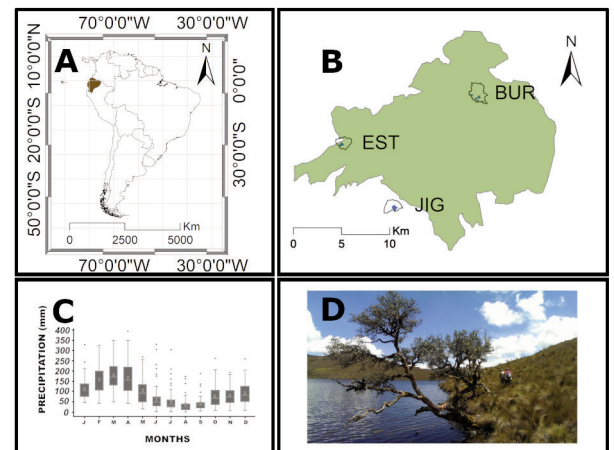


Fig. 1 - Posizione delle aree di studio in relazione al Sud-America (A); in relazione al limite del "Parque Nacional Cajas (PNC)", che è ubicato nelle montagne dell'Ecuador (B); istogramma che indica l'andamento della precipitazione per singolo mese (C) e l'immagine del lago di Estrellascocha.

Nessuna relazione significativa è stata trovata tra le cronologie anulari di *P. reticulata* e gli indici ENSO e VPD. La ricerca sottolinea che non c'è un chiaro fattore climatico preponderante per la crescita radiale di *P. reticulata*.

Approfondimenti sulle analisi degli isotopi di carbonio e ossigeno negli anelli di *P. reticulata* possono aiutare ad avere più informazioni sul suo comportamento fisiologico e a determinare

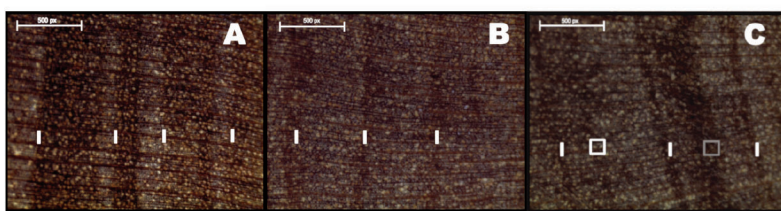


Fig. 2 - Vista degli anelli degli alberi di *Polylepis reticulata* usando uno stereomicroscopio. In tutte le immagini vengono indicati i limiti degli anelli con i trattini in colore bianco (A-C); mentre nell'immagine (C) è possibile osservare due falsi anelli associati alla reazione del legno in relazione agli eventi non registrati.

l'influenza delle variazioni climatiche su questa specie.

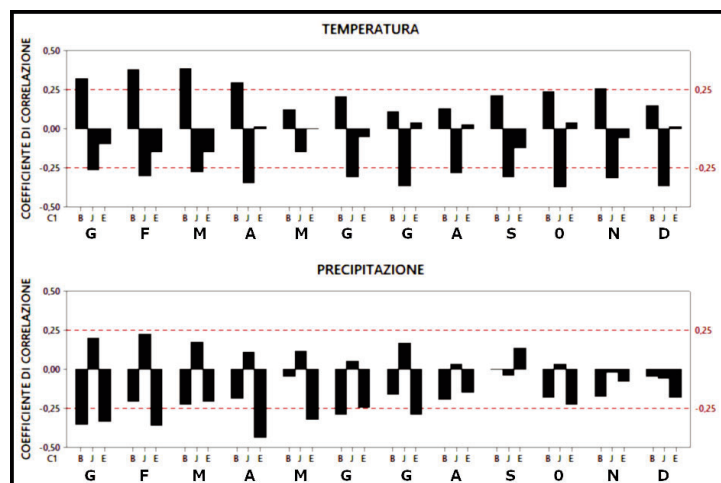


Fig. 3. Coefficiente di correlazione tra le serie di anelli degli alberi e i fattori climatici come la temperatura (a) e la precipitazione (b) per singolo mese. La linea rossa tratteggiata (± 0.25) indica il livello di significatività ($p < 0.05$).

- 1) C.A. Gracia (2016) J Earth Sci Clim Change, 7(9 - Suppl.): 151. DOI: 10.4172/2157-7617.C1.027.
- 2) N. Myers, R.A. Mittermeyer, C.G. Mittermeyer, G.A. Da Fonseca, J. Kent (2000) Nature, 403(6772): 853. DOI: 10.1038/35002501.
- 3) B.E.Young, C. Josse, M. Stern, S. Vasconez, J. Olander, A. Sánchez de Lozada, M. Zador, R. Smyth, P.J. Comer, K. Moull, M. Echavarría, J. Hak (2015) In: Resumen técnico del perfil del ecosistema. Washington, DC: NatureServe y EcoDecisión. 474 pp.
- 4) B.B. Simpson (1979) Smithsonian Institution press, 43: 60-61.
- 5) K. Romoleroux, N. Pitman 2004. Polylepis reticulata. The IUCN Red List Threatened species. 1-2.
- 6) HC Fritts (1976) Tree rings and climate. Academic Press, London.
- 7) F. Roig, M. Fernández, E. Gareca, S. Altamirano, S. Monge (2001) Revista Boliviana de Ecología y Conservación Ambiental, 9: 3-13.
- 8) J. Argollo, C. Soliz, R. Villalba (2004) Ecología en Bolivia, 39(1): 5-24.
- 9) E.E. Gareca, M. Fernández, S. Stanton (2010) Biodiversity and Conservation, 19(7): 1839-1851. DOI: 10.1007/s10531-010-9807.

CAN MACHINE LEARNING PREDICT SOCCER MATCH RESULTS?

U.A. DI GIACOMO¹, G. CAPOBIANCO¹, F. MERCALDO^{2,1}, V. NARDONE³, A. SANTONE¹

¹Department of Bioscience and Territory, University of Molise, Pesche (IS), Italy; ²Institute for Informatics and Telematics, National Research Council of Italy (CNR), Pisa, Italy; ³Department of Engineering, University of Sannio, Benevento, Italy.

The Oxford dictionary defines tactic as “an action or strategy carefully planned to achieve a specific end”. In case of sport matches the specific end is to win the match. The definition of a tactic, from the coach point of view for instance, is depending on several factors (most of these are human behaviour-related), for instance: the players, in terms of physical conditions and/or harmony with teammates; the opposing team, in terms of technical and resistance skills; the tactic adopted by the coach of the opposed team; the stadium where the game is played. For these reasons, the winning of a match is not related just to one factor (1), but there are several aspects that contribute to this end. Considering how widespread are sports, there is an increasing interest in developing methodologies and techniques aimed to predict a match result examining a set of indicators (2) (generally based on statistics related to previous matches).

Typically, the main weakness of the current state-of-the-art research is two-fold. The first one relates to methodologies while the second one relates to the evaluation of the proposed methods.

With regard to the methodology weakness, literature presents methods analyzing feature set available only at the end of matches, for instance the number of goal or the number of red cards received by the players.

This is the reason why it is not possible to predict the result of a match in progress, and this represents a limitation because in this way the coach is not able to change the tactic for instance, between the first and the second time.

The second weakness is related to the evaluation of the proposed method. Probably for the novelty of the topic, the researchers do not have available a dataset of real-data to analyse the proposed solution and to compare its effectiveness with the other methods. This is an important issue, because currently it is not possible to compare the performances of the various methodologies proposed. This problem is discussed by Rein and colleagues (3): they stated that one of the main problems in sport analytics is the lack of available and relevant data and this is becoming an obstacle in itself for the modelling of tactical decision making in team sports.

From the other side, big data researchers affirm that, with the development of advanced tracking technologies, this situation will change in a while. Indeed, they sustain that the amount of available data related to sport analytics is becoming increasingly difficult to manage (4, 5): we will assist to the opposite situation, researchers will have a lot of data available and the difficult task will be the extraction of knowledge from heterogeneous sources.

Starting from these considerations, in this preliminary paper we propose a method trying to solve the first weakness. In particular, we propose to analyze real-time the game to predict match results in the context of the soccer game and it is also able to determine whether the match under analysis will be win with more or less than two goals (in order to provide a more fine-grained prediction).

In a nutshell, exploiting super-visioned machine learning algorithms, we build two models: the first one to abstract the win or loss of a match, while the second one able to model the number of goals scored by the winning team. We consider a feature set related to characteristics obtainable not only at the end of the match, but also when the match is in progress. The flow-chart of the proposed method is depicted in Figure 1.

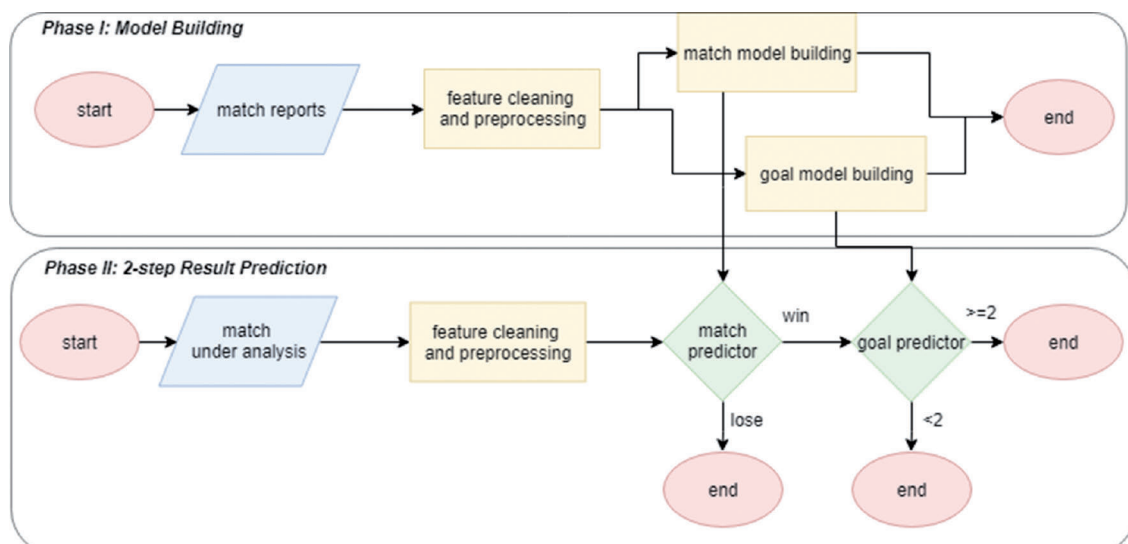


Fig. 1 - Flowchart of the proposed method.

In the evaluation, using real-world data gathered from the Italian Serie A League from 378 different matches, related to the 2017-2018 season, we obtain a precision and a recall greater than 0.8 outperforming the performance of state-of-the-art methods proposed in current literature.

The paper poses two research questions:

RQ1: is it possible to predict soccer match results exploiting machine learning techniques?

RQ2: is it possible to predict the goal number of the winning soccer team exploiting machine learning techniques?

- 1) P. Lucey, A. Bialkowski, M. Monfort, P. Carr, I. Matthews (2014) in: Proc. 8th annual mit sloan sports analytics conference, pages 1-9.
- 2) A. Dijksterhuis, M.W. Bos, A. Van der Leij, R.B. Van Baaren (2009) Psychological Science, 20(11): 1381-1387.
- 3) R. Rein, D. Memmert (2016) Springer plus, 5(1): 1410.
- 4) S. Lohr (2012) New York Times, 11.
- 5) D. Silva, H. Aidos, A.L. Fred (2016) in: ICPRAM, pages 367-374.

AN ASSESSMENT OF BIM INTEROPERABILITY BY IFC STANDARD FOR STRUCTURAL ANALYSIS OF CIVIL ENGINEERING STRUCTURES

D. DI LEVA¹, S. GERBINO², G. FABBROCINO^{1,3}

¹Department of Biosciences and Territory, Università degli Studi del Molise, Via De Sanctis, Campobasso; ²Department of Engineering, University of Campania “Luigi Vanvitelli”, Via Roma, 29, Real Casa dell’Annunziata, Aversa; ³ITC-CNR. Construction Technologies Institute, National Research Council of Italy (CNR), Via Carducci, L’Aquila.

AEC (Architecture, Engineering and Construction) industries are undertaking a revolution due to the introduction of computer technologies in the administrative and constructional process. Building Information Modeling (BIM) is one of the most challenging today. The BIM process lets each part involved in the design, construction and maintenance of the construction preserving all relevant information to building over all phases of the building life cycle where several data exchange requirements are involved. The most relevant feature of such a process is the interoperability of software packages involved in each phase. The term interoperability stands for the ability to exchange any kind of data between applications, which facilitates the workflow and makes feasible their automation (1). The interoperability between applications of different software houses has been a strong demand in the AEC segment for a long time and represents the real innovation of the BIM methodology. The possibility of exchanging information, without losing data and quality, takes a role of primary for the various disciplines that turn around the AEC world. Taking advantage of the software interoperability, it is theoretically possible to directly switch from a Computer Aided Drafting (CAD) model to the Computer Aided Engineering (CAE) one. Interoperability is not uniquely defined. There are different types of transfer data paths between two design environments. Neutral Link (2), by adopting an independent exchange format, is the most appropriate path to a BIM-oriented methodology and represents an essential piece of BIM vision proposes. The most used open neutral format in BIM is the Industry Foundation Classes (IFC), developed by BuildingSmart (BS) (3), and certified ISO 16739 (4). The most popular version is the IFC2x3, released in 2006, which is the version supported by all software houses that have obtained the certification of conformity by BS. IFC4 is the most recent release, issued in 2013, but nowadays it is supported by few software houses. The higher the complexity of a work to be achieved, the greater the diversification of the professional skills involved in the process, and consequently, the greater the quantity of information to be exchanged. The correct interpretation of the exchanged information takes a fundamental role (5). This definition is at the basis of the Model View Definition (MVD) concept, that represents a subset of the IFC schema implemented in the software, defining which data are necessary for each specific use. The most common MVDs related to the IFC2x3 version are Coordination View 2.0 (CV2.0) and the Structural Analysis View (SAV). IFC 4 has been implemented by two new MVDs: Reference View (RV) and Design Transfer View (DTV). Unfortunately, MVDs are not set up to ensure the data exchange in a comprehensive manner (6) and, from studies done previously, has emerged that import and export capability of IFC from one application to another is not completely satisfactory. Review of technical literature leads (7) to the make a classification depending on the type of reference standard, that is IFC and MVD. Many tests are performed for the IFC 2x3 format (8), while very few tests are performed on the IFC 4 format. The aim of the present work is to analyses the level of interoperability reached up with a focus on structural environment, adding tests on IFC 4 format. The tests deliberately take as reference the most used CAD / CAE software in the AEC context and the evaluation parameters commonly adopted by authors. The generated test model was analyzed using all combinations of possible IFC formats, taking in consideration different MVDs for the same format. The first export/import test was made in the most popular IFC 2x3 CV 2.0. In second place it was tested the IFC 2x3 SAV and finally was evaluated the performance of the last IFC4 DTV. An ideal workflow of interoperability with open exchange format defines the benchmark path made by each model (Fig. 1).

To run the benchmark, the parametric models was made within each CAD and tests of import/export between software has been carried out taking as a subject a simple basic structural frame. A total number of

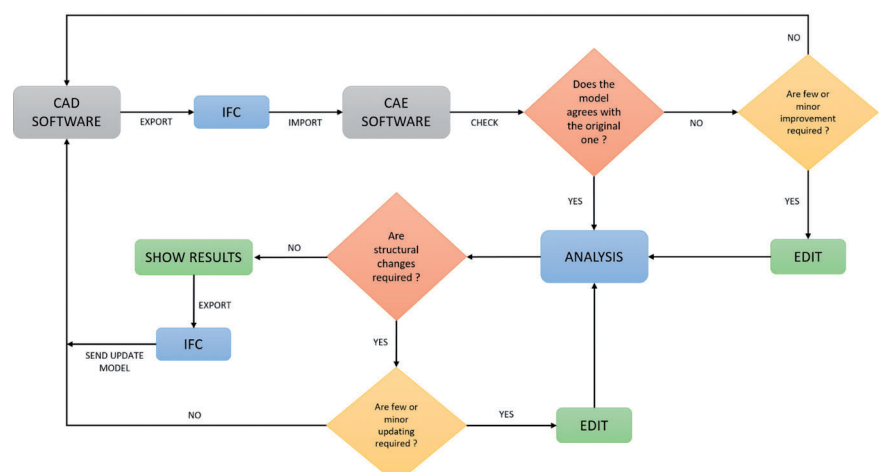


Fig. 1 - Ideal workflow of interoperability with open exchange format.

ten software were involved, four CAD platforms and six CAE environments. The geometric and structural data information correspondence between the original model and the imported one was evaluated, determining the degree of fitting, possible distortions, missing elements and data, and position changing. It has been proven that in many cases the model was not consistent with the original geometric and structural instances. The use of IFC format during bidirectional data exchange (CAD-to-CAE-to-CAD) generates a model interpretation issues and lack of information. In the translation of the geometric model into analytical one, a disjointed model is obtained, not ready to be verified. In the junction of test model column-beam elements are not connected (Fig. 2). Benchmarks highlighted that it is possible to export the analysis results (stress, strain, deformations, etc.) and boundary conditions data (constraints, load and load conditions) only through the IFC2x3 SAV, which is less supported by the software referred in the present study. The IFC scheme shows that is ready for structural data exchange but it seems that the software houses do not consider it mature enough to justify the investments in implementing this kind of format, and they prefer to develop automatic connections by plug-in expressly released for a specific purpose.

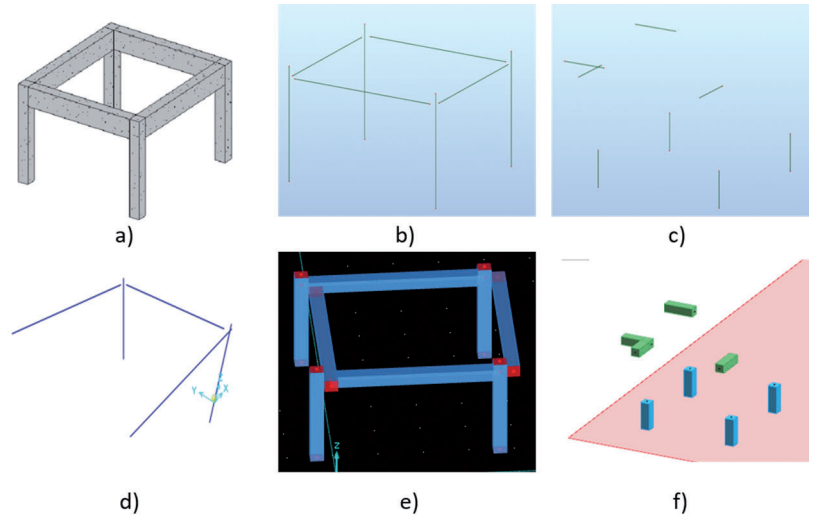


Fig. 2 - An explanatory case: original model (a), benchmark results from RSA (b), Edificius (c), SAP2000 (d), ModeST (e).

Final remarks

The problems of interoperability through IFC continue to exist and are even more serious if we consider how over the years this has not been completely solved and considering that starting from 2019 the open format is a criterion introduced and made mandatory by the Italian rules.

- 1) C. Eastman, P. Teicholz, R. Sacks, K. Liston (2011) Wiley, 640 pp.
- 2) H. Lai, X. Deng (2018) J. of Civil Eng. And Management, 24(7): 537-555.
- 3) <https://www.buildingsmart.org/about/>
- 4) UNI EN ISO 16739:2016.
- 5) A. Golabchi, V.R. Kamat (2013) Proc. 30th ISARC Montreal, 17-26.
- 6) I.J. Ramaji, A.M. Memari (2018) Automation in Construction, 90, 117-133.
- 7) D. di Leva, S. Gerbino, G. Fabbrocino (2018) J. of Civil Eng. and Management (in preparation).
- 8) G. Sibenik, I. Kovacic (2017) Conference on Computing in Construction, 263-270.

SCENARI FUTURI DI CAMBIAMENTO D'USO DEL SUOLO NELLA REGIONE LAZIO: VALUTAZIONE DEGLI IMPATTI SULLA BIODIVERSITÀ

E. DI PIRRO¹, L. SALLUSTIO¹, G. CAPOTORTI², B. LASSERRE¹, M. MARCHETTI¹

¹Dipartimento di Bioscienze e Territorio (DiBT), Università del Molise, C. da Fonte Lappone, I-86090 Pesche (IS); ²Dipartimento di Biologia Ambientale, La Sapienza Università di Roma, P. le Aldo Moro 5, 00185 Roma (RM).

La storica compenetrazione tra uomo e natura ha dato origine a peculiari mosaici mutevoli nel tempo, composti da elementi naturali, campi coltivati ed insediamenti antropici plasmatis nei secoli dalle attività umane (1). Si deduce che la composizione e le dinamiche di cambiamento del paesaggio sono certamente condizionate dal mutare delle attività dell'uomo. In particolare, i Cambiamenti di Uso e Copertura del Suolo (LULCC, *Land Use and Land Cover Changes*) determinano un'alterazione dell'estensione e della composizione degli ecosistemi, della loro funzionalità e quindi della loro capacità di fornire Servizi Ecosistemici. Il forte impatto causato dai LULCC sulla biodiversità ha reso evidente la necessità di studiarne approfonditamente le implicazioni ambientali, economiche e sociali in modo da offrire un supporto concreto alla pianificazione territoriale. A tal proposito, la creazione di scenari futuri di LULCC è riconosciuta come un efficace strumento di supporto alla pianificazione grazie alla possibilità di prevedere gli impatti futuri di possibili scelte alternative adoperate nell'attualità. Infatti, l'Agenzia Europea per l'Ambiente se ne avvale già da diversi anni per individuare gli effetti dei principali LULCC che minacciano le risorse ambientali europee, al fine di porre degli obiettivi strategici a tutti gli stati membri (2). Riconoscendo l'enorme minaccia che i LULCC rappresentano e la necessità di individuare delle strategie in grado di minimizzarne gli impatti, questa ricerca si pone l'obiettivo di esplorare l'impatto sulla biodiversità (in senso lato) di scenari futuri di LULCC aventi stessa intensità ma diverso arrangiamento spaziale, ipotizzando dunque differenti strategie pianificatorie.

Lo studio è stato condotto sul territorio della Regione Lazio, avente una superficie di 17 242 km² e situata nella parte centrale della Penisola Italiana. Il territorio si caratterizza per una spiccata eterogeneità climatica, litologica e orografica le quali, unite ad ulteriori determinanti di tipo biogeografico ed antropico, hanno favorito la compresenza di numerose serie di vegetazione (33), contribuendo a delineare una molteplicità di paesaggi (3). La metodologia ha previsto dapprima un'analisi quantitativa e spazialmente esplicita dei LULCC avvenuti tra il 1990 e il 2008, grazie all'utilizzo dei dati dell'Inventario dell'Uso delle Terre d'Italia (IUTI) (4). I trend passati sono stati poi proiettati al 2030 utilizzando il *tool Scenario Generator* (5), al fine di creare tre scenari alternativi differenti tra loro solo per l'allocatione spaziale dei LULCC, mantenendo invece invariati sia l'intensità che la tipologia di flussi tra le diverse classi d'uso del suolo. Oltre ad uno scenario *Business as Usual* (BaU), che rappresenta la continuazione delle dinamiche analizzate nel periodo 1990-2008, sono stati quindi parametrizzati due scenari alternativi che escludono i LULCC da circa 400'000 ha di territorio. Il primo scenario non consente, dunque, cambiamenti all'interno dei siti Natura 2000 (*Scenario N2K*), mentre il secondo li limita all'interno dei comuni maggiormente degradati al 2008 (*Scenario DM*). In entrambi i casi, la quota di cambiamenti che non possono avvenire in queste aree vincolate, si riversano nel restante territorio regionale.

Gli impatti dei tre scenari sulla qualità degli habitat (HQ), utilizzabile come *proxy* di biodiversità, sono stati valutati attraverso *Habitat Quality*, modello compreso nella suite InVEST (6). Precisamente, il modello produce delle mappe attraverso le quali è possibile visualizzare le porzioni di territorio che registrano un miglioramento/peggioramento della qualità degli habitat, in senso generico, in funzione dei LULCC. Al fine di valutare la differenza di impatti tra i tre diversi scenari, e rispetto alla condizione di partenza, i risultati di HQ sono stati incrociati con la carta delle serie di Vegetazione del Lazio (semplificata secondo l'approccio proposto in 7). I principali LULCC registrati nel Lazio dal 1990 al 2008 sono risultati: l'espansione delle Aree Urbane (+35% rispetto alla superficie del 1990), la ricolonizzazione forestale (+4%) e l'espansione delle Colture Permanenti (+5%), tutte avvenute principalmente a scapito dei seminativi, praterie e pascoli (-12%, -15%). Di conseguenza, i risultati delle proiezioni di LULCC hanno mostrato che l'urbanizzazione costituirebbe sicuramente il fenomeno predominante, con un aumento delle Aree Urbane di 39'000 ha (+31% di superficie rispetto al 2008), seguita dall'espansione della superficie forestale di 30'000 ha (+5%) e delle Colture Permanenti di 10'000 ha (+5%) (in Fig. 1 le carte di uso e copertura del suolo della baseline e dei tre scenari alternativi).

Osservando la distribuzione spaziale dei LULCC, la differenza maggiore tra gli scenari la si riscontra nell'allocatione delle nuove aree edificate. Ciononostante, in tutti e tre gli scenari l'ambito di Vegetazione Naturale Potenziale (VNP) maggiormente investito da questo fenomeno risulta essere quello dei Querceti Termofili (+20'000 ha di nuova urbanizzazione), grazie anche alla sua notevole estensione (1/3 del territorio regionale) ed alle condizioni morfologiche e climatiche che hanno probabilmente facilitato dapprima lo sviluppo dell'agricoltura a dominanza di seminativi e successivamente l'espansione urbana (al suo interno ricade gran parte della città di

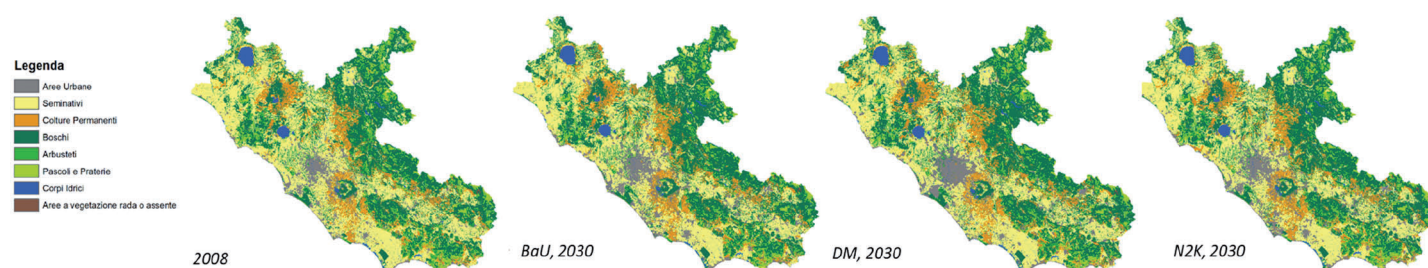


Fig. 1 - Carte di Uso e Copertura del Suolo. Da sinistra a destra: Baseline 2008, Scenario 2030 BaU, Scenario 2030 DM, Scenario 2030 N2K.

Roma). Tuttavia, l'impatto su HQ dei tre scenari risulta differente. Lo scenario DM risulta il meno impattante, prevedendo un'espansione compatta dei poli urbani già esistenti, mentre gli scenari BaU e N2K consentono un'espansione diffusa, esacerbando dunque gli effetti negativi legati alla frammentazione (*Habitat Degradation*) (6, 8).

In un contesto di cambiamenti come quello analizzato, la valutazione delle implicazioni conseguenti a diverse strategie ha offerto la possibilità di comprendere che: 1) l'allocatione spaziale dei LULCC incide, a parità di intensità dei fenomeni, sulla qualità degli ecosistemi e sulla loro capacità di supportare biodiversità in senso lato; 2) lo scenario BaU risulta essere il più impattante sia a livello Regionale sia all'interno degli ambiti di VNP, enfatizzando l'importanza delle scelte in fase pianificatoria relative alla localizzazione di taluni LULCC (soprattutto urbanizzazione); 3) disincentivare l'ulteriore degrado ambientale prodotto dai LULCC in zone già altamente degradate (come proposto nello scenario DM) potrebbe generare un miglioramento in termini di HQ; 4) nessuno degli scenari simulati è in grado, di per sé, di minimizzare l'impatto dei LULCC in tutti gli ambiti di VNP, suggerendo dunque la possibilità di combinare strategie diverse sull'intero territorio regionale al fine di ridurre al minimo gli impatti. Si conclude che lo sviluppo ed il miglioramento di metodologie di monitoraggio e previsione dei LULCC, e dei relativi impatti, può offrire notevoli potenzialità applicative nell'ambito della pianificazione territoriale su base ecosistemica.

- 1) M. Agnoletti (ed.) (2012) Dordrecht: Springer Verlag.
- 2) EEA (2017) Report No 10/2017. Luxembourg: Publications Office of the European Union.
- 3) C. Blasi (ed) (2010) Palombi & Partner S.r.l. Roma. Pp. 281-309.
- 4) M. Marchetti, R. Bertani, P. Corona, R. Valentini (2012) Italian Society of Silviculture and Forest Ecology. *Forest@*, 9: 170-184.
- 5) R. Sharp, H.T. Tallis, T. Ricketts, A.D. Guerry, S.A. Wood, R. Chaplin-Kramer, E. Nelson, D. Ennaanay, S. Wolny, N. Olwero, K. Vigerstol, D. Pennington, G. Mendoza, J. Aukema, J. Foster, J. Forrest, D. Cameron, K. Arkema, E. Lonsdorf, C. Kennedy, G. Verutes, C.K. Kim, G. Guannel, M. Papenfus, J. Toft, M. Marsik, J. Bernhardt, R. Griffin, K. Glowinski, N. Chaumont, A. Perelman, M. Lacayo, L. Mandle, P. Hamel, A.L. Vogl, L. Rogers, W. Bierbower, D. Denu, J. Douglass (2018) InVEST +VERSION+ User's Guide.
- 6) L. Sallustio, A. De Toni, A. Strollo, M. Di Febbraro, E. Gissi, L. Casella, D. Geneletti, M. Munafò, M. Vizzarri, M. Marchetti (2017) *Journal of Environmental Management*, 201: 129-137.
- 7) C. Blasi, G. Capotorti, M.M. Alós Ortía, I. Anzellotti, F. Attorre, M.M. Azzella, E. Carli, R. Copiz, V. Garfi, F. Manes, F. Marandea, M. Marchetti, B. Mollo, L. Zavattero (2017) *Environmental Science and Policy*, 78: 173-184.
- 8) L. Fiorini, B. Romano, F. Zullo (2011) Editors M., Bruschi, M., Scalisi. Regione Lazio - Agenzia Regionale Parchi - Contributi ARP 2007-2010, Edizioni ARP, Roma, pp 146-202.

THE ROLE OF MEVALONATE PATHWAY IN BRAIN HOMEOSTASIS: EFFECTS ON MEMORY AND NEUROTROPHIN REGULATION

M. SEGATTO¹, A. MANDUCA², P. ROSSO², A. JOZWIAK³, E. SWIEZEWSKA³, S. MORENO², V. TREZZA², V. PALLOTTINI²

¹University of Molise, Department of Biosciences and Territory, Pesche (Is), Italy; ²University of Roma Tre, Department of Science, Rome, Italy;

³Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences, Warsaw, Poland

The role of mevalonate (MVA) pathway has been extensively studied in the liver, where the most part of cholesterol biosynthesis takes place. However, this metabolic process is expressed in all eukaryotic cells, and different studies postulate a critical role for MVA end-products also in the central nervous system (CNS) (1-5). Despite this evidence, no systematic studies are available about the prospective role of MVA pathway on memory regulation.

Thus, this work was aimed at evaluating the involvement of HMGR, the key and rate-limiting enzyme of MVA pathway, in the regulation of the emotional memory.

To reach this objective, 3-month-old Wistar male rats were daily treated with simvastatin, a potent HMGR inhibitor. 3 weeks after treatment, the emotional memory was evaluated by passive avoidance test and brain regions of interest were processed for subsequent biochemical and morphological analysis.

The evidence collected in this experimental work indicates that MVA pathway plays a critical role in the physiological modulation of memory. Notably, HMGR inhibition by simvastatin improves memory retention in rodents. This event is dependent on prenylated proteins that are crucial for the induction and the maintenance of long-term potentiation (LTP). In particular, a strong decrease in RhoA active fraction is observed in the hippocampus of simvastatin-treated rats. Alterations in RhoA induce Akt phosphorylation which, in turn, increases the activity of CREB, an essential component of long-term memory formation. Furthermore, the effects on CREB culminates with the enhancement of nerve growth factor (NGF) pathway in hippocampal subregions of simvastatin-treated rats.

Taken together, these results indicate that MVA pathway modulates emotional memory by regulating RhoA signaling, and suggest that this metabolic process may be taken into consideration when designing novel therapeutic approaches for the treatment of neurodegenerative disorders.

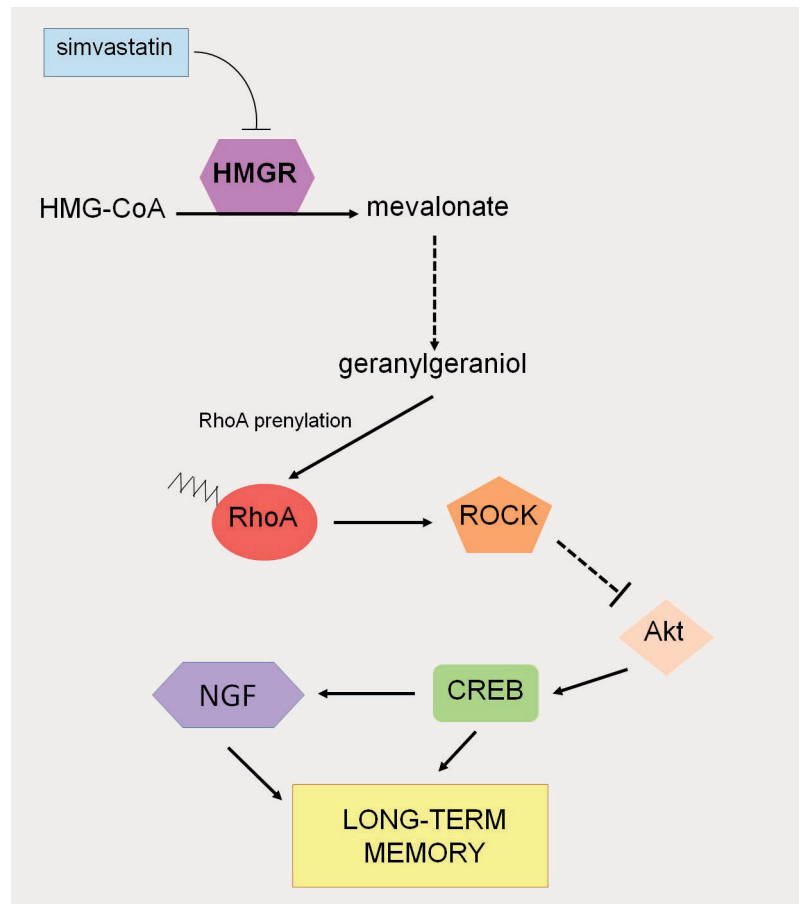


Fig 1. - Model depicting the proposed role of MVA pathway in the modulation of long-term memory. HMGR activity strongly influences the activation of RhoA/ROCK signaling, which in turn regulates Akt/CREB axis. The increase in CREB activating phosphorylation enhances NGF pathway and favors memory consolidation.

- 1) FW. Pfrieger (2003) *Biochimica et Biophysica Acta*, 1610: 271-280.
- 2) G. Saher, B. Brugger, C. Lappe-Siefke, W. Mobius, R. Tozawa, M.C. Wehr, F. Wieland, S. Ishibashi, K.A. Nave (2005) *Nature Neuroscience*, 8: 468-475.
- 3) M. Geppert, T.C. Sudhof (1998) *Annu Rev Neuroscience*, 21: 75-95.
- 4) P. Lingor, N. Teusch, K. Schwarz, R. Mueller, H. Mack, M. Bahr, et al. (2007) *Journal of Neurochemistry*, 103(1): 181-189.
- 5) M. Segatto, A. Manduca, C. Lecis, P. Rosso, A. Jozwiak, E. Swiezewska, et al. (2014) *Neuropsychopharmacology*, 39: 841-854.

Poster

IN VIVO EFFECTS OF *LACTOBACILLUS GASSERI* SF1183 IN A MURINE MODEL OF EXPERIMENTALLY-INDUCED COLITIS

A. BUCCI¹, B. DI LUCCIA², A. MAZZOLI², R. CANCELLIERE², R. CRESCENZO², I. FERRANDINO², A. MONACO², G. NACLERIO¹, S. IOSSA², E. RICCA², L. BACCIGALUPI²

¹University of Molise, Department of Biosciences and Territory, Contrada Fonte Lappone, 86090 Pesche (IS); ²University Federico II, Department of Biology, via Cintia, 80126 Naples.

Inflammatory bowel diseases (IBDs) such as Ulcerative Colitis (UC) and Crohn's Disease (CD) are chronic inflammatory disorders of the gastrointestinal tract due to an abnormal immune response to commensal bacteria (1, 2). IBD patients often present damages of the mucosal barrier and are characterized by gut dysbiosis, a general decrease of the gut microbial complexity with respect to healthy controls (3).

In order to balance the altered microbiota population, probiotic bacteria, mainly belonging to the *Lactobacillus* and *Bifidobacterium* genera, have been often proposed as therapeutic agents for the treatment of inflammatory disorders (1, 4).

However, the use of probiotics for the treatment of IBDs is not always recommended. Being IBDs due to an abnormal and aggressive immune response to the resident microflora, a bacterial treatment can also be detrimental and cause the exacerbation of symptoms (5, 6).

Therefore, a deep knowledge of the effects of a probiotic strain in a reliable *in vivo* model is an essential preliminary step to propose a probiotic as a therapeutic agent for IBDs treatment.

In our study we used DSS (Dextran Sulfate Sodium)-murine model to assess the *in vivo* effects of strain SF1183 of *Lactobacillus gasseri*, a species previously suggested as directly involved in protecting the intestine from inflammatory diseases (5).

The murine model of DSS-induced colitis has been widely used to study IBDs and, in particular, UC disorders (7). Indeed, DSS induces in mice a severe colon inflammation with symptoms such as mucosal damages at intestinal level, disruption of intestinal barrier integrity and a general inflammatory status that resemble these typically observed in UC patients (7).

The SF1183 strain has been isolated from intestinal biopsies of healthy human volunteers and belongs to a subpopulation of bacteria found to be tightly bound to the epithelial cells underlying the mucosal surface (8). SF1183 has potential probiotic properties being able to survive and grow in simulated intestinal and gastric conditions and to produce antimicrobials active against Gram-positive and Gram-negative bacteria (8). In addition, *in vitro* studies with human colon cancer (HCT116) cells evidenced that SF1183 produces and secretes molecule(s) able to be sensed by the eukaryotic cells and to interfere with their survival and proliferation (9).

Main result of our analysis is the observation that *L. gasseri* SF1183 had a clear protective effect *in vivo* in the murine model of DSS-induced colitis avoiding the induction of an inflammatory status and maintaining the intestinal tissue integrity. This observation is supported by recent findings showing that, among the *Lactobacillus* population, the relative abundance of the *L. gasseri* species is reduced in faecal samples of UC patients (5). Our results together with literature data, then, indicate the *L. gasseri* species as important determinant of a healthy human microbiota, directly involved in the protection against the development of intestinal inflammatory diseases. The mechanism by which *L. gasseri* SF1183 exerts its protective activity has been investigated. Immuno-histochemical analysis suggested that SF1183 beneficial effects are, at least in part, due to a protective role on the gut barrier integrity, while rRNA 16S-sequencing analysis of DNA extracted from faecal samples denoted only a mild effect on the bacterial diversity and on the bacterial composition of the gut. Taken together our results suggest that SF1183 supplementation does not reshuffle the overall composition of the intestinal microbiota but protects mice from the DSS-induced inflammation by restoring the level of the inflammatory markers and avoiding the mucosal damages induced by the DSS treatment. Since previous *in vitro* data have shown that SF1183 secretes molecule(s) sensed by the eukaryotic epithelial cells (9), we hypothesize that molecules secreted by SF1183 interact with intestinal cells protecting mice from DSS-induced damages. Although further experiments will be needed to clarify the molecular aspects of such activity, we propose *L. gasseri* SF1183 as a potential candidate for the bacteriotherapy of inflammatory intestinal disorders.

1) C. Santos Rocha, A.C. Gomes-Santos, T. Garcias Moreira, M. de Azevedo, T. Diniz Luerce, M. Mariadassou, A.P. Longaray Delamare, P. Langella, et al. (2014) PloS One, 9: e85923.

2) R.J. Xavier, D.K. Podolsky (2007) Nature, 448: 427-434.

3) C. Manichanh, N. Borruel, F. Casellas, F. Guarner (2012) Nat. Rev. Gastroenterol. Hepatol., 9: 599-608.

4) R.N. Fedorak, B.G. Feagan, N. Hotte, D. Leddin, L.A. Dieleman, D.M. Petrunia, R. Enns, A. Bitton, et al. (2015) Clin. Gastroenterol.

- Hepatology, 13: 928-935.
- 5) Y. Cui, H. Wei, F. Lu, X. Liu, D. Liu, L. Gu, C. Ouyang (2016) PLoS One, 11: e0148241.
 - 6) E. Mileti, G. Matteoli, I.D. Iliev, M. Rescigno (2009) PLoS One, 4: e7056.
 - 7) B. Chassaing, J.D. Aitken, M. Malleshappa, M. Vijay-Kumar (2014) Curr. Protoc. Immunol., 104: Unit 15.25.
 - 8) S. Fakhry, N. Manzo, E. D'Apuzzo, L. Pietrini, I. Sorrentini, E. Ricca, M. De Felice, L. Baccigalupi (2009) Res. Microbiol., 160: 817-823.
 - 9) B. Di Luccia, N. Manzo, L. Baccigalupi, V. Calabrò, E. Crescenzi, E. Ricca, A. Pollice (2013) PLoS One, 8: e69102.

PRATERIE D'ALTA QUOTA: COME SI ADATTANO LE SPECIE AD UNA STAGIONE VEGETATIVA BREVE?

V. CALABRESE¹, A. BRICCA², M.L. CARRANZA¹, M. CUTINI², A. STANISCI¹

¹EnviX-Lab Dipartimento di Bioscienze e Territorio (DiBT), Università degli Studi del Molise, C. da Fonte Lappone, 86090 Pesche (IS); ²Dipartimento di Scienze, Università di Roma Tre, viale Marconi 446, I-00146 Roma (RM).

L'uso dei *plant traits* (caratteristiche funzionali delle piante) rappresenta un efficace metodo per conoscere le modalità di utilizzo delle risorse e le strategie di adattamento delle specie vegetali (1, 2). Esaminando i *plant traits* delle specie che compongono le comunità vegetali, si possono comprendere i processi ecologici in corso (3-7). In questo lavoro, abbiamo analizzato i *plant traits* delle praterie altomontane ampiamente distribuite lungo il gradiente altitudinale sopra il limite del bosco negli Appennini centrali, per comprendere quali caratteristiche ecologico-funzionali consentono alle specie vegetali dominanti di svilupparsi in condizioni ambientali molto limitanti, quali la breve durata della stagione favorevole, la permanenza della neve, il forte irraggiamento solare estivo, le forti escursioni termiche, i suoli calcarei sottili. Le praterie calcaree di alta quota sono ambienti caratterizzati dall'abbondanza di specie altomontane mediterraneo-montane, endemiche e sub-endemiche (8-11). In particolare, ci siamo concentrati su due unità ambientali ampiamente diffuse in Appennino (12), le vette ed i versanti. Al fine di esplorare il comportamento dei tratti funzionali delle praterie calcaree altomontane in queste unità ambientali, abbiamo selezionato le specie più comuni ed abbondanti. Le specie più abbondanti hanno un ruolo fondamentale nel determinare la struttura e funzione della comunità vegetale (13) ed il loro analisi permette una descrizione accurata e soddisfacente delle caratteristiche ecologico-adattative degli habitat (14). La selezione di queste specie si è svolta tenendo conto dei plot di monitoraggio della rete LTER (15) e del Database VIOLA (16), in questo modo sono state scelte 38 specie, di cui, sono stati misurati: l'altezza della pianta a maturità (H), l'area fogliare specifica (SLA) e il contenuto in sostanza secca fogliare (LDMC) (17, 3, 18). Le misure di campo sono state registrate in un numero rappresentativo di repliche conforme al protocollo standardizzato (19). Per descrivere la composizione funzionale a livello di comunità abbiamo utilizzato due metriche complementari (20): la media ponderata della comunità (CWM, 21) e la diversità funzionale (FD), che nel nostro caso è stata misurata utilizzando l'entropia quadratica di Rao (22). Per quanto riguarda la media ponderata per comunità (CWM), dalle nostre analisi è emerso che gli ambienti di cresta e di vetta, cioè l'unità ambientale posta ad altitudini maggiori, mostra un'altezza (H) inferiore della pianta, un LDMC inferiore e SLA superiore rispetto alle comunità vegetali che si sviluppano nei versanti, poste a quote più basse (Fig. 1).

L'analisi della diversità funzionale (FDRao) ha evidenziato un FDH inferiore nelle creste e FDSLTA più alto per i pendii, mentre il contenuto in sostanza secca (LDMC) non ha mostrato variazioni significative (Fig. 2)

I risultati emersi hanno mostrato una chiara risposta funzionale, a livello di unità ambientale, al gradiente altitudinale. Contrariamente a studi svolti in precedenza (23), il nostro lavoro ha evidenziato un aumento significativo del valore della SLA negli ambienti di cresta e vetta. Diverse specie che dominano in questi ambienti sono infatti caratterizzate da una rapida produzione di foglie a basso costo, con una breve durata di vita e un alto valore di SLA (24). Queste caratteristiche fogliari sono indicative di una capacità elevata e rapida di acquisizione di risorse, spesso documentata per specie ruderali (25). Tale strategia consente a diverse specie alpine di ottimizzare il guadagno di carbonio e quindi di superare i limiti di una stagione di crescita ridotta. Recentemente tali strategie erano state riscontrate per gli ambienti di alta quota corrispondenti alle doline e alle nicchie di nivazione sulle Alpi (26), dove la stagione vegetativa è molto ridotta. La presenza di specie con SLA elevata negli ambienti di vetta delle montagne mediterranee, potrebbe rispondere ad una strategia adattativa che permette alle specie di sfruttare la breve stagione favorevole e la rapida disponibilità di nutrienti nel suolo.

Tuttavia, l'allungamento della stagione vegetativa e condizioni ambientali più aride in alta quota, come conseguenza dei cambiamenti climatici, potrebbero favorire le specie con SLA più bassa, maggiormente stress-tolleranti e più frequenti nei versanti a quote inferiori.

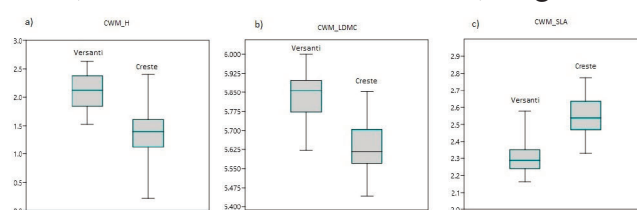


Fig. 1 - Analisi significative della media ponderata per unità ambientali (CWM) per a) altezza ($p < 0.001$); b) LDMC ($p < 0.001$); c) SLA ($p < 0.001$).

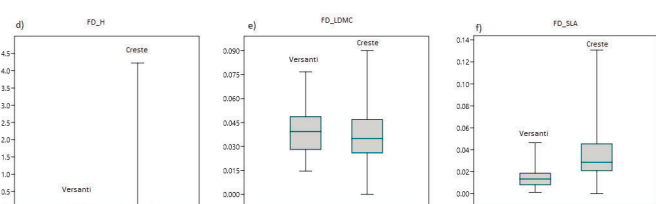


Fig. 2 - Analisi della diversità funzionale (FDRao) per unità ambientale: d) plant height ($p < 0.001$); e) LDMC ($p = 0.251$); f) SLA ($p < 0.001$).

- 1) J.P. Grime (1979) Wiley.
- 2) D. Tilman (1988) Princeton University Press.
- 3) I. Wright (2004) *Nature*, 428(6985): 821.
- 4) N.G. Swenson (2006) *Ecology*, 87: 2418-2424.
- 5) P.B. Reich (2007) *Applications*, 17: 1982-1988.
- 6) M. Kleyer (2008) *Journal of Ecology*, 96: 1266-1274.
- 7) K.N. Suding (2008) *Global Change Biology*, 14: 1125-1140.
- 8) C. Blasi (2003) *Plant Biosystems* 137: 83-110.
- 9) F. Conti (2007) *Biogeographia* 28: 25-38.
- 10) A. Stanisci (2005) *Biodiversity & Conservation*, 14(6): 1301-1318.
- 11) A. Stanisci (2010) *Plant Ecology* 212: 595-600.
- 12) A. Stanisci (2011) *Plant ecology*, 212(4): 595-600.
- 13) M. Chytrý (2003) *Folia Geobotanica*, 38(4): 429-442.
- 14) R.J. Pakeman (2007) *Applied Vegetation Science*, 10(1): 91-96.
- 15) M. Rogora, M (2018) *Science of the total environment*, 624: 1429-1442.
- 16) A. Stanisci (2016) *Phytocoenologia*, 46(2): 231-232.
- 17) M. Westoby (1998) *Plant and soil*, 199(2): 213-227.
- 18) S. Díaz (2016) *Nature* 529.7585: 167.
- 19) N. Pérez-Harguindeguy (2013) *Csiro*.
- 20) C. Ricotta (2011) *Oecologia*, 167(1): 181-188.
- 21) E. Garnier (2004) *Ecology* 85.9: 2630-2637.
- 22) Z. Botta-Dukát (2005) *Journal of vegetation science*, 16(5): 533-540.
- 23) C. Körner (2003) Berlin: Springer.
- 24) G. Kudo (2001) *Arctic, Antarctic, and Alpine Research*, 33: 181-190.
- 25) J.P. Grime (1977) *The American Naturalist*, 111(982): 1169-1194.
- 26) P. Choler (2005) *Arctic, Antarctic, and Alpine Research*, 37: 444-453.

TRA RADICAMENTO TERRITORIALE E PROIEZIONI TRANSNAZIONALI: PONTENZIALITÀ E LIMITI DELL'ASSOCIAZIONISMO SENEGALESE IN ALCUNE PROVINCE ITALIANE

D. CILIBERTI, M. MEINI

Università degli Studi del Molise, Dipartimento di Bioscienze e Territorio - MoRGaNA Lab, Termoli.

Negli ultimi decenni – complici la riduzione delle distanze e l'evoluzione degli strumenti di connessione tra le diverse aree del pianeta – i movimenti migratori internazionali hanno assunto caratteri di maggiore dinamismo e complessità, determinando quella che Castles e Miller (1) definiscono “globalizzazione delle migrazioni”. L'aumento dei flussi di capitali, merci e informazioni, oltre che di persone, ha favorito la creazione di reti transnazionali tra luoghi frammentati e discontinui a scala internazionale (2). Negli ultimi venti anni gli studi sulle migrazioni hanno riconosciuto il ruolo strategico dei migranti quali “attori dello sviluppo” nei paesi di origine e destinazione. In effetti, le azioni, le reti di relazione e le organizzazioni (formali e informali) sostenute dai migranti nelle società di accoglienza, hanno alimentato circuiti di interscambio e di connessione con i luoghi di provenienza. Le reti attivate acquisiscono una fisionomia “translocale” attraverso il contributo dei migranti in micro-progetti di cooperazione concepiti in Europa per essere implementati nei paesi di origine (3). La capacità di alimentare percorsi di interazione tra più paesi permette di individuare nella comunità senegalese presente in diverse regioni italiane un interessante caso studio, di approfondimento delle sue dinamiche migratorie orientate da una “doppia direzionalità” e delle variabili che la determinano (4). La capacità della comunità senegalese di essere nello stesso tempo “qui” e “là”, *betwixt and between* (5), contribuisce alla creazione di nuove rappresentazioni dello spazio sociale. L'analisi parte dalla considerazione che questa comunità rappresenta una potenziale risorsa di co-sviluppo per alcune regioni italiane, grazie alla sua capacità di essere presente contemporaneamente in diversi luoghi, attraverso gruppi e associazioni riconosciute. La ricerca si avvale di strumenti di indagine di tipo quantitativo e qualitativo. Attraverso l'analisi multi-scalare della distribuzione e diffusione della popolazione immigrata senegalese a livello nazionale sono stati individuati i casi studio più interessanti per l'indagine sul campo. I dati statistici ufficiali hanno avuto un ruolo basilare nell'individuazione delle province e dei comuni italiani caratterizzati da un'incidenza significativa di immigrati senegalesi sulla popolazione residente. La prima fase della ricerca empirica ha riguardato le province di: Caserta, Catania, Livorno, Pisa, Parma e Treviso. All'interno di ciascun territorio sono state condotte delle interviste a testimoni privilegiati considerati tali in quanto rappresentativi delle comunità di senegalesi a livello locale, con particolare attenzione all'associazionismo; a ciascun intervistato è stato chiesto di “farsi portavoce” della comunità residente nel territorio. Il graduale processo di stabilizzazione della comunità senegalese in alcuni contesti italiani ha facilitato la creazione di forme di aggregazione sociale – di associazioni a carattere laico o religioso riconosciute – specializzate nella solidarietà e nell'assistenzialismo ai membri della comunità e ai nuovi arrivati. A questi obiettivi corrispondono due tipi di associazioni:

- 1) di comune provenienza etnica/regionale (di villaggio, città o quartiere);
- 2) di comune destinazione (a scala locale, provinciale o regionale).

Le iniziative delle associazioni confermano l'impegno della comunità senegalese nei progetti di cooperazione con i contesti di origine. In effetti, la letteratura suggerisce che il contributo dei migranti allo sviluppo nei luoghi di provenienza passa non solo attraverso le rimesse economiche, ma anche attraverso il loro impegno, la progettualità e l'investimento di capitale umano e sociale e che grazie a questo si può parlare effettivamente di “diaspora”. L'evidenza indica che è necessario approfondire l'effettivo coinvolgimento dei migranti senegalesi nelle iniziative di co-sviluppo rivolte ai loro paesi di origine. La ricerca si è posta l'obiettivo di analizzare le risposte di alcuni contesti territoriali alle iniziative dell'associazionismo senegalese: da una parte, sono stati individuati i territori che hanno supportato e partecipato alla realizzazione di una progettualità di successo con importanti ricadute nei contesti di origine; dall'altra parte, i territori in cui risulta invece carente il riconoscimento da parte dei *policy maker* del ruolo sociale, economico e culturale rivestito dai migranti senegalesi. In effetti, dai primi risultati dell'indagine empirica è evidente l'attivismo della comunità senegalese nella progettazione di partenariati transnazionali con le istituzioni locali, nell'avvio di percorsi di co-sviluppo e nella costruzione di reti tra le due realtà territoriali. È il caso dell'associazione “Senegalesi di Parma e provincia” che – attraverso un

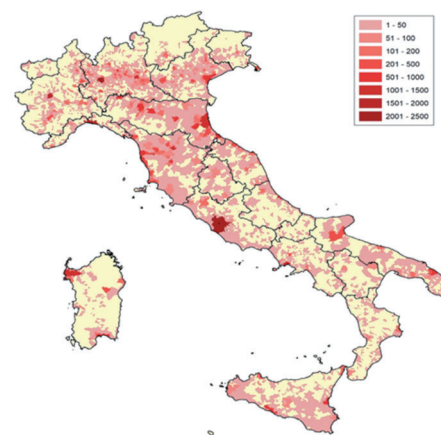


Fig. 1 - Cittadini extra-comunitari di origine senegalese residenti in Italia per comune (v.a). Fonte: ns elaborazione su dati ISTAT (1/1/2017).

partenariato attivo con il Comune di Parma, Regione Emilia Romagna e associazioni italiane e senegalesi – ha avviato una rete stabile di scambi, progetti e iniziative di intervento con il Senegal. La riuscita di queste iniziative è dovuta anche alle relazioni intessute con il contesto di destinazione oltre che con quello di origine. Le istituzioni locali hanno un ruolo fondamentale nella creazione di forme di *governance* capaci di sostenere i processi di inclusione sociale nella società ospitante e di supporto alle organizzazioni della comunità (6). Nella provincia di Treviso, ad esempio, le associazioni senegalesi fanno parte di coordinamenti, consulte e tavoli di lavoro che promuovono e individuano iniziative per favorire l’inserimento della comunità e, in alcuni casi, interventi di cooperazione con i villaggi di origine. In altri territori, invece, sembra ancora poco percepito il valore aggiunto dell’associazionismo straniero come potenziale risorsa per la costruzione di “capitale sociale”. È il caso delle province di Catania e Caserta dove le associazioni senegalesi mostrano alcune difficoltà a strutturare relazioni con le istituzioni locali. Di qui la necessità per gli attori del territorio di creare le condizioni necessarie a sollecitare e stimolare l’azione delle associazioni sui temi del co-sviluppo, offrendo opportunità di dialogo e confronto. Negli ultimi dieci anni, alcuni territori hanno già sperimentato forme innovative di *governance* multiculturale a livello locale, che potrebbero diventare un modello di riferimento per altri contesti territoriali (7). È il caso del territorio del Valdarno Inferiore in Toscana, che è stato assunto come caso studio nella ricerca di dottorato. L’obiettivo è analizzare le dinamiche territoriali attive a sostegno delle iniziative dell’associazionismo straniero e il ruolo delle associazioni senegalesi nella costruzione dei percorsi di co-sviluppo, nello specifico: le reti attivate nell’ambito del progetto JOKKO (Migranti, reti territoriali, co-sviluppo. Un ponte con il Senegal) finanziato dalla Regione Toscana e supportato dall’Università degli Studi del Molise.

1) S.Castles, M. Miller (2005) 3d ed., New York and London: Guilford Press.

2) N. Glick Schiller, L. Basch, C. Blanc Szanton (1992) New York Academy of Sciences.

3) R.D. Grillo, B. Riccio (2004) “Population, Space and Place”, n.10.

4) S. Ceschi, A. Stocchiero, (2006) L’Harmattan Italia, Torino.

5) R.D. Grillo, B. Riccio (2007) Franco Angeli, Milano, pp 305-316.

6) M. Ambrosini (2017) Policy & Politics, vol 45.

7) M. Meini (2013) in: L. Cassi, M.Meini, Studi Regionali e Monografici, 64, Pàtron, pp. 113-125.

GLIOBLASTOMA-INITIATING CELLS: AN EFFECTIVE TOOL TO STUDY AUTOPHAGY ROLE IN GBM BIOLOGY

B. COLELLA¹, M. COLARDO¹, G. IANNONE¹, G. VELASCO², S. DI BARTOLOMEO¹

¹Department of Biosciences and Territory, University of Molise, 86090 Pesche (IS), Italy; ²Department of Biochemistry and Molecular Biology I, School of Biology, Complutense University, 28040 Madrid, Spain

Glioblastoma (GBM) is the most common and lethal adult brain tumor and is classified as IV degree glioma by WHO (World Health Organization) (1).

GBM severity is due, at least in part, to its poor response to the current anticancer treatments. Nowadays, the GBM treatment consists of surgical resection followed by radiotherapy and chemotherapeutic drugs, including temozolomide. Despite this, the median survival duration of GBM patients is only 14.6 months (2).

Tumor resistance to therapy has been attributed, at least partially, to the presence within the tumor mass of a small sub-population of cells called Glioma Stem-like Cells or Glioma Initiating Cells (GICs), that represents the population of tumorigenic cells responsible for tumor development and maintaining (3). However, the molecular mechanisms underlying cancer stem cell biology are almost unknown, but the existence of such fraction of cells has been described in many tumors, including brain cancers (4).

GICs are able to self-renewal and differentiation and these characteristics are strongly associated with glioma resistance to chemotherapy and radiotherapy, causing tumor recurrence after radiation (5).

Neural stem cells (NSCs) are usually located in specific adult brain areas named neurogenic niches, specialized microenvironments that, during development, control NSCs self-renewal and differentiation (6); migration of transformed stem cells from these areas likely leads to the development of gliomas in different regions of the brain (7).

Autophagy, along with ubiquitin-proteasome system, is the main intracellular degradation system. Autophagy, in fact, leads to degradation of cytoplasmic organelles, proteins and other macromolecules, playing an important role in cell survival. This process occurs by double membrane vesicles formation, named autophagosomes, that engulf cytoplasmic material and fuse with lysosomes for degradation (8). Autophagy deregulation has been associated to many human diseases, including GBM, but role of autophagy in tumor seems to depend on tumor stages (9). Few studies show autophagy involvement in NSCs self-renewal ability but, however, the mechanism underlying the regulation of GICs self-renewal by autophagy remains uncharacterized.

In order to improve the knowledge about GBM biology, cultured GICs lines are start to be used in the laboratory practice. Traditionally, tumor cell lines are cultured in serum-containing medium and assume a monolayer

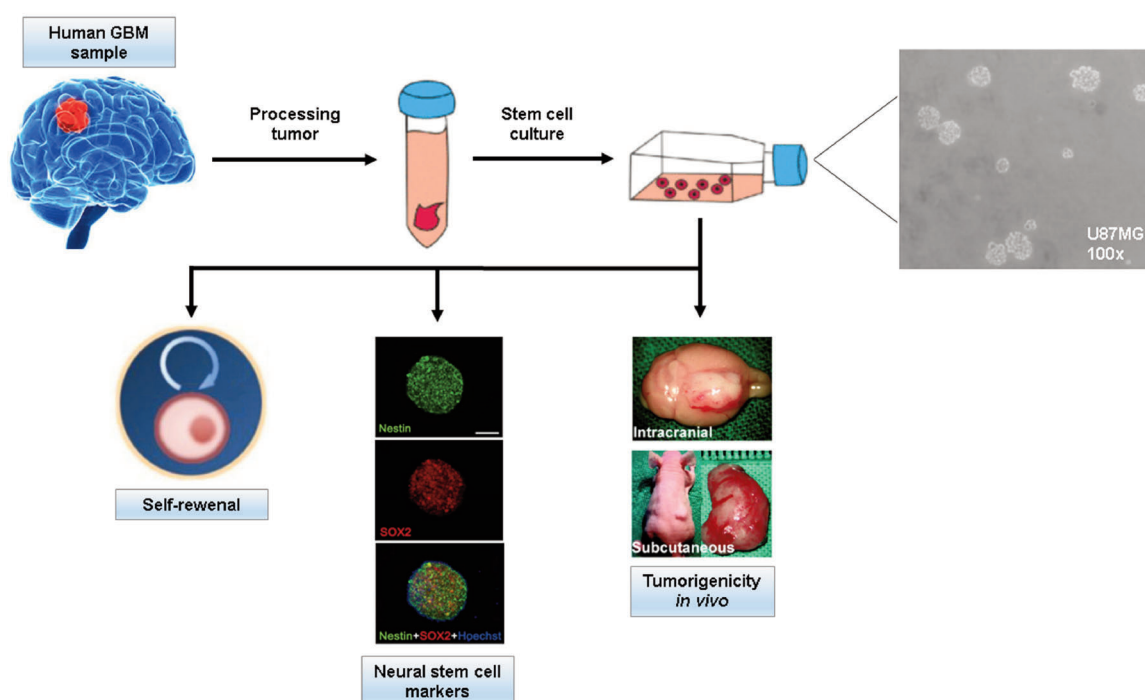


Fig. 1 – Protocol for isolation and culture of GBM neurospheres derived from human GBM sample. Fresh tissue needs processing steps to obtain a RBCs-free homogenized solution. Cells have to be cultured in a specific GICs medium to obtain neurospheres. In order to confirm the stemness behaviour of the cells, self-renewal, neural stem cell markers expression and tumorigenicity in vivo have to be checked.

appearance, attached to the substratum, but, when cells are cultured in serum-free medium, most of the tumor cells form spheres in suspension. This morphology could minimize stimulation from environment, thus keeping GICs in an undifferentiated state (10). Furthermore, native phenotype and genotype are preserved because, unlike adherent cells, the accumulation of mutations during several passages is avoided (11).

We can obtain primary cell culture from fresh glioblastoma samples and then follow standard protocols for neurospheres isolation (Fig. 1) (12). Different assays are needed to prove the nature of these cells. For instance, the presence of CD133 is usually used as a marker to identify NSCs (13). However, there are three features used to confirm if CD133 positive cells are really tumor stem cells: self-renewal ability, NSC markers expression and tumorigenicity *in vivo* (14) (Fig. 1). Indeed, NSCs show a strong expression of typical neural stem cells markers such as Nestin, Sox-2, Musashi-1 (15) and, finally, subcutaneous and intracranial implantations, in mice or rats for instance, are needed in order to confirm that GICs preserve their tumorigenic capability (16).

Despite aggressive treatments against this kind of tumor, nowadays there isn't a definitive cure and the use of Glioma Initiating Cells could be an effective way to study and understand molecular mechanisms underlying glioblastoma biology and the role of autophagy in self-renewal ability and tumorigenicity.

- 1) D.N. Louis, H. Ohgaki, O.D. Wiestler, W.K. Cavenee, P.C. Burger, A. Jouvet, B.W. Scheithauer, P. Kleihues (2007) *Acta Neuropathol.*, 114(2): 97-109.
- 2) M.D. Roger Stupp, W.P. Mason et al. (2005) *New Engl. J. Med.*, 352: 987-996.
- 3) R.K. Balvers, C.M. Dirven, S. Leenstra, M.L. Lamfers (2016) *Cancer Drug Targets*, 17(3):255-266.
- 4) N. Goffart, J. Kroonen, B. Rogister (2013) *Cancers*, 5: 1049-1071.
- 5) S. Bao, Q. Wu, R.E. McLendon et al. (2006) *Nature*, 444(7120): 756-760.
- 6) P. Taupin (2006) *Stem Cell Rev*, 2(3): 213-9.
- 7) N. Sanai, A. Alvarez-Buylla, M.S. Berger (2005) *N Engl J Med*, 353: 811-822.
- 8) Mizushima Noboru (2018). *Cell Biology*, 20: 521- 527.
- 9) L. Galluzzi, F. Pietrocola, J.M. Bravo-San Pedro, R.K. Amaravadi et al. (2015) *EMBO J.*, 34: 856-880.
- 10) X. Hong, K. Chedid, S.N. Kalkanis (2012) *International Journal of Oncology*, 41: 1693-1700.
- 11) J. Lee, S. Kotliarova, Y. Kotliarov, A. Li, Q. Su, N.M. Donin, S. Pastorino, B.W. Purow, N. Christopher, W. Zhang (2006) *Cancer Cell*, 9: 391-403.
- 12) M. Lenkiewicz, N. Li, S.K. Singh (2009) *Curr Protoc Stem Cell Biol*, 11(1).
- 13) H. Ueda, K. Arita, S. Yunoue, H. Yonezawa, Y. Shinsato, H. Kawano et al. (2011) *J. Neurooncol.*, 4(3): 694-7
- 14) L. Favaro Pavo, L.C. Marti, T. Tais Sibov, S.M.F. Malheiros, R.A. Brandt, S. Cavalheiro, L.F. Gamarra (2014) *Frontiers in Neurology*. doi: 10.3389/fneur.2013.00214.
- 15) T. Stojnik, G.V. Rosland, P.O. Sakariassen, R. Kavalur, T. Lah (2007). *Surg. Neurol.*, 68: 133-144.
- 16) D.B. Gursel, R. Beyene, C. Hofstetter, J.P. Greenfield, M.M. Souweidane, M. Arango, M. Kaplitt, B. Howard, J.A. Boockvar (2011) *J. Neurooncol.*, 104(2): 509-522.

OAK DECLINE IN THE SOUTHERN APENNINE (ITALY)

A.L. CONTE¹, G. CILLIS², D. LUCIA³, P. FORTINI¹

¹MUSNAM, Museo delle Scienze Naturali del Molise, DiBT, Dip. Bioscienze e Territorio, Università del Molise, Pesche (IS) Italia, e-mails: conte.antonio79@gmail.com; fortini@unimol.it; ²SAFE School of Agriculture, Forestry, Food and Environmental Sciences - Università degli studi della Basilicata, Potenza (Pz) Italia, e-mail: giuseppe.cillis@unibas.it; ³MSC in forestry and environmental science, e-mail: donatolucia92@gmail.com.

In the last thirty years the climatic anomalies such as heat waves, drought and exceptional cold, have had serious impacts on the European forests. Since 2000, the Mediterranean basin has been one of the worst-hit areas, with effects such as the manifestation of the vegetation's decline (Fig. 1). This phenomenon is commonly called Oak decline (1, 2). In the near future, weather conditions could become increasingly hostile to the forest species, so it is very important to understand the problem, to develop effective conservation measures.



Fig. 1 - The effects of the oak decline in a Val d'Agri's wood (San Martino d'Agri, Pz. 27/08/2017).

This study aims to deepen the relationships between climate anomalies and oak decline observed along the Lucanian Apennines (South-Italy) in the hottest year ever, 2015, and the driest year ever, 2017 (since 1800) (3-5).

To monitor the evolution of decline and verify the possible causes that triggered it, measurements and observations on the field were compared with remote sensing data and processing the data in a Geographic Information System (GIS).

The evaluation of the vegetation's response to weather condition the Normalized Difference Water Index (NDWI) was used. The data obtained from the Sentinel 2 satellite were used to calculate

the differential between the two periods 2015 and 2017. The oak decline phenomenon has been also described by the observations on the field, evaluating the "Decline Severity" for each stand (6, 7).

The severity of the drought has been assessed through the elaboration of the Deficit/Surplus and the Rainfall Anomaly Index (8). The climate survey was completed by observing the influence of the temperatures on the stands by applying the Temperature Condition Index during the period of oak's vegetative growth (9).

All indices showed that the first half of 2017 recorded a more severe period of drought than 2015, respect the average of the first semester's series 2001-2017 (Fig. 2).

The precipitation indices showed a correlation with the effect and intensity of the oak decline. Our study case suggests that periods of the pluviometric deficit in the first half of the year correspond to more or less evident phenomena of oaks decline.

The results demonstrate the efficiency of remote sensing data for the evaluation of vegetation response at the climatic anomalies recorded in 2015 and in 2017. This study shows also that there is a direct relationship between the precipitation's deficit in

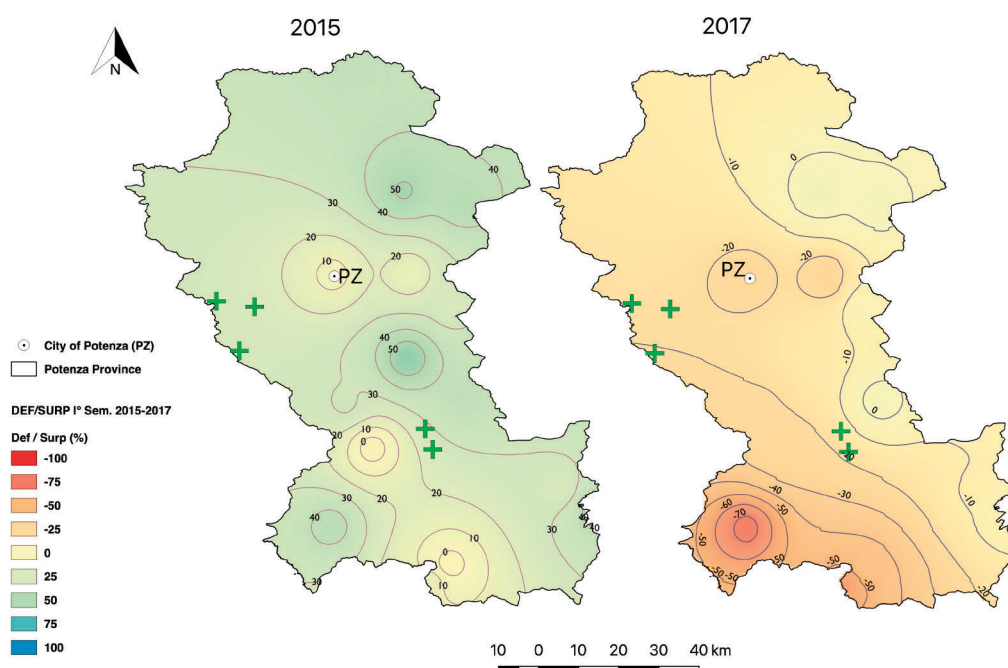


Fig. 2 - Some indices show the drought intensity in the first half of 2015 and 2017.

the first semester of the both year, 2015 and 2017, and the oak decline. While the temperatures showed a minor direct effect to influence of the decline of the wooded vegetation.

- 1) K.W. Gottschalk, P.M. Wargo (1996) in: Fosbroke SLC, Gottschalk KW (eds), Proceedings of the USDA Interagency Gypsy Moth Research Forum, 16 –19 January 1996, Annapolis Maryland, General Technical Report NE-230: 3-13. USDA Forest Service, Annapolis Maryland.
- 2) T. Gentilesca, J.J. Camarero, M. Colangelo, A. Nolè, F. Ripullone (2017) *iForest*, 10: 796-806.
- 3) M. Brunetti (2017) <https://www.cnr.it/it/nota-stampa/n-7807/isac-cnr-2017-anno-piu-secco-degli-ultimi-due-secoli>.
- 4) D. Berterame, G. D'Avenia, C. Glisci, V. Lanorte, A. Mangiolfi, G. Motta, G. Pacifico (2017) Centro Funzionale Decentrato – Regione Basilicata.
- 5) F. Desiato, G. Fioravanti, P. Frascchetti, W. Perconti, E. Piervitali, V. Pavan (2017) Anno XIII. ISPRA. Stato dell'Ambiente 80/2018. ISBN 978-88-448-0904-1.
- 6) S. Cullotta, G. La Placa, FG. Maetzke (2016) *iForest*, 9: 673-681. DOI: 10.3832/ifor1603-008.
- 7) F. Mannerucci, G. Sicoli (2006) in: Patterns and processes in forest landscapes. Consequences of human management (Lafortezza, R. and Sanesi G. Eds.), Proceedings of the 4th Meeting of IUFRO Working Party 8.01.03, Locorotondo, Bari, Italy.
- 8) D. Dutta, A. Kundu, N.R. Patel, S.K. Saha, A.R. Siddiqui (2015) *The Egyptian Journal of Remote Sensing and Space Science*, 18(1): 53-63. DOI: 10.1016/j.ejrs.2015.03.006.
- 9) R. Magno, T. De Filippis, E. Di Giuseppe, M. Pasqui, L. Rocchi, B. Gozzini (2018) *Geosciences*, 8: 49.

RISULTATI PRELIMINARI DELL'ANALISI MOLECOLARE DEL GRUPPO *QUERCUS PUBESCENS* WILLD. S.L. IN SUD ITALIA E NELLE ISOLE MAGGIORI

A.L. CONTE, P. DI MARZIO, P. FORTINI

MUSNAM, Museo delle Scienze Naturali del Molise, DiBT, Dip. Bioscienze e Territorio, Università del Molise, Pesche (IS) Italia. e-mails: conte.antonio79@gmail.com; fortini@unimol.it

Dalla fine degli anni '80, i marcatori molecolari basati su alcune sequenze di DNA sono stati sviluppati e ampiamente utilizzati per la mappatura fisica, l'etichettatura genica, la diversità genetica e l'identificazione di specie e sottospecie vegetali. Molti ricercatori hanno utilizzato i microsatelliti nucleari (nSSR) per stimare variazioni genetiche neutre e potenzialmente adattative nelle specie del genere *Quercus* L. (1-4). Nell'area del bacino del mediterraneo ci sono diverse entità di querce che mostrano un grado di somiglianza morfologica molto elevato, alle quali vanno ad associarsi una serie di forme ibride che rendono estremamente complessa una corretta collocazione tassonomica (5-7).

In questo lavoro presentiamo i primi risultati di uno studio molecolare condotto su individui appartenenti al genere effettuato presso i laboratori di Genetica Forestale di Göttingen (Forest Genetics and Forest Tree Breeding, Faculty of Forest Sciences, University of Göttingen, Germany). Lo scopo principale prevedeva la genotipizzazione di tutto il campione, lo studio del grado di parentela tra gli individui del campione e la realizzazione di mappe di distanza genetica. Il materiale biologico da cui abbiamo ottenuto il DNA è stato prelevato in 17 popolazioni, distribuite tra Calabria, Sicilia e Sardegna. Le entità campionate vengono indicate da alcuni autori come appartenenti a 6 specie differenti: *Q. congesta*, *Q. dalechampii*, *Q. ichmusae*, *Q. leptobalanos*, *Q. pubescens*, *Q. virgiliana* (8).

Il processo di estrazione del DNA genomico è stato effettuato attraverso l'utilizzo del kit di estrazione "Invisorb® Spin Plant Mini Kit". Il DNA è stato estratto da foglie disidratate raccolte nell'autunno 2017 e 2018, il materiale è stato immediatamente conservato in SILICAGEL per garantire una perfetta disidratazione. Per preparare le foglie all'estrazione del DNA, queste sono state pulite ed immerse in Azoto liquido (-195,80 °C circa) e velocemente pestellato in un mortaio accuratamente pulito e igienizzato. Il protocollo Invisorb® prevede una serie di fasi in cui il materiale viene dapprima lisato grazie all'utilizzo di un Lysis Buffer P e di un enzima, Proteinasi S. La soluzione viene poi filtrata e trattata con un Binding Buffer e successivamente sottoposta ad una serie di lavaggi con dei Washing buffer. L'ultimo passaggio prevede l'aggiunta di un Elution buffer in cui la soluzione con il DNA può essere conservata in frigorifero o in freezer per un lungo periodo. La qualità e la quantità del DNA è stata valutata attraverso corsa elettroforetica in gel di Agarosio al 1,5%. Il DNA estratto è stato poi trasferito nei laboratori di Göttingen dove abbiamo provveduto ad applicare i protocolli per l'amplificazione e la

	SSR ID	nucleotide motif	Range size	motif type	repeat number	expected size (bp)
Mu 1	PIE239	DI	80 - 115	AT	12	95
	PIE227	TRI	140 - 175	TGG	8	160
	PIE223	TRI	180 - 240	GGT	8	200
	PIE215	TRI	180 - 235	GAG	6	200
Mu2	PIE020	DI	94 - 123	TA	12	180
	PIE152	DI	228 - 265	AG	11	247
	PIE243	DI	200 - 236	AG	15	220
	PIE242	DI	95 - 129	TA	10	113
Mu 3	PIE267	DI	85 - 105	AG	11	100
	PIE102	DI	130 - 180	AG	12	160
	PIE258	DI	120 - 180	TC	13	150
	PIE271	DI	181 - 230	TC	11	190

Fig. 1 - Set dei marcatori (nSSR) usati per l'amplificazione del DNA.

genotipizzazione del DNA. A tal proposito abbiamo utilizzato 12 marcatori molecolari (nSSR) su 489 individui di querce. L'amplificazione è stata effettuata in multiplex lavorando su tre set diversi di marcatori (Fig. 1) per ridurre al minimo il fenomeno della sovrapposizione dei picchi negli elettroferogrammi (overlapping).

L'analisi degli elettroferogrammi e l'*alleles scoring* sono stati effettuati con due software: GeneMapper v.4 e con Geneious Prime (Fig. 2). Dall'analisi dei nostri dati mediante questi software abbiamo ottenuto una tabella in cui tutte le popolazioni risultano essere ordinate e genotipizzate.

Questi dati sono stati successivamente riorganizzati per essere analizzati con altri software quali GeneAlex e Strucuture con i quali si possono effettuare una serie di analisi che permettono di ottenere interessanti informazioni sulla diversità all'interno di ogni singola popolazione e tra popolazioni diverse (9).

Ultimate le prime indagini statistiche (tutt'ora in corso) potremmo ricostruire il grado di

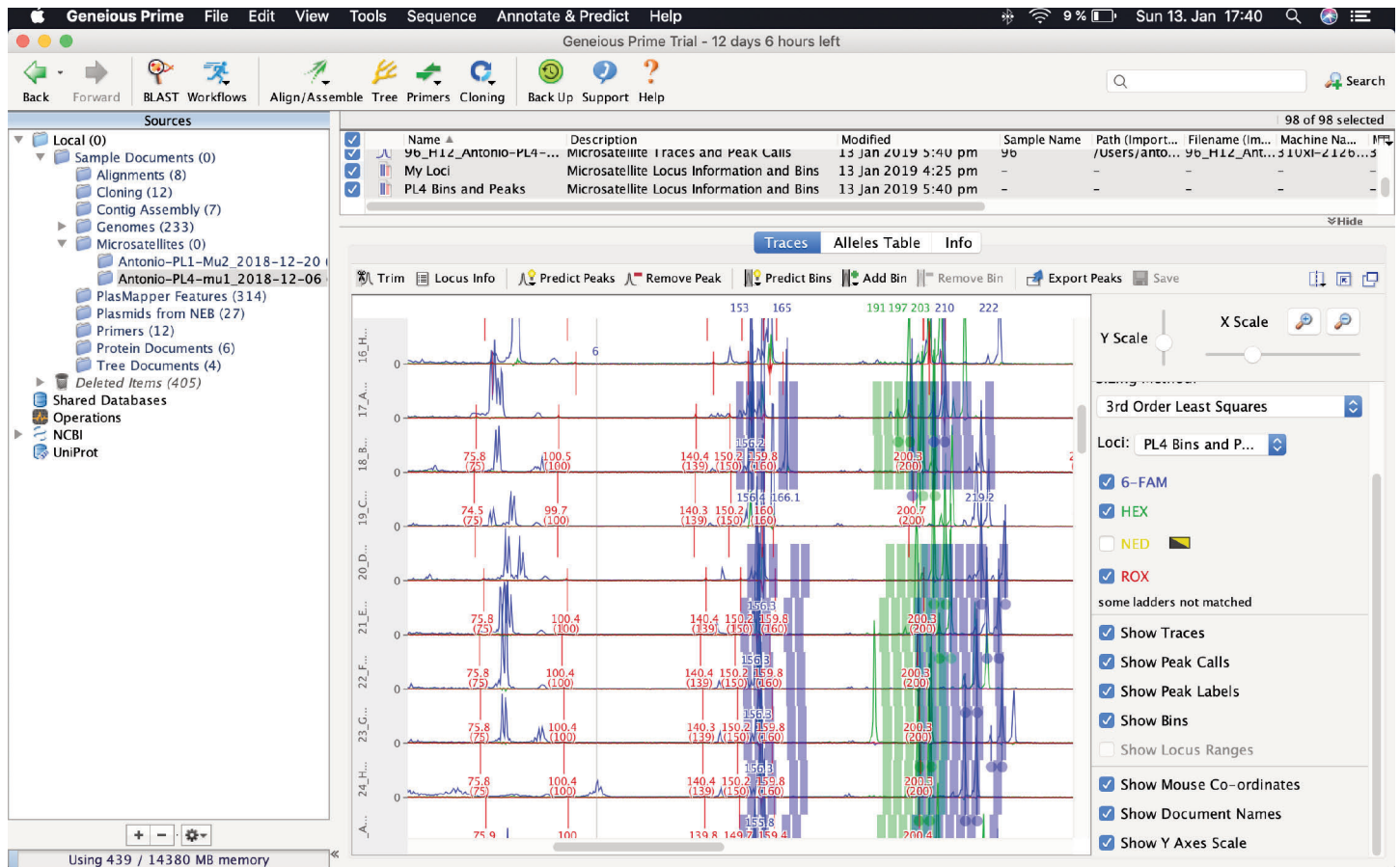


Fig. 2 - Esempio di elettroferogrammi analizzati con Geneious Prime.

parentela di ogni singola popolazione e la loro distanza genetica rispetto ad altre popolazioni e ad altre specie (Fig. 3). Inoltre queste informazioni unite a dati ecologici e dati morfometrici saranno utili per poter verificare la appartenenza di queste popolazioni alle categorie tassonomiche più corrette (10).

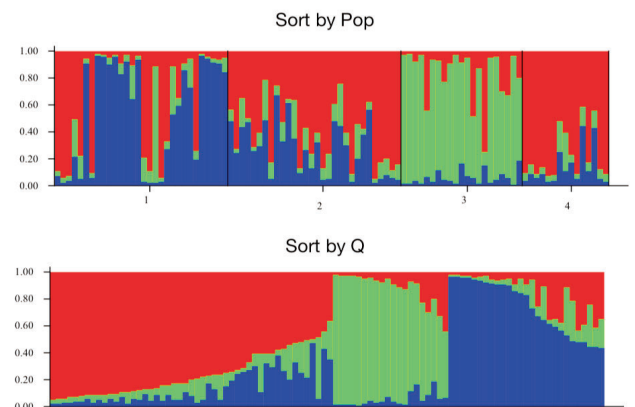


Fig. 3 - Esempio di elaborazione delle matrici dei genotipi attraverso il software STRUCTURE.

- 1) E. Guichoux, L. Lagache, S. Wagner, P. Léger, R.J. Petit (2011) Molecular Diagnostics and DNA Taxonomy, 11(3).
- 2) A.G. Jones, C.M. Small, K.A. Paczolt, N.L. Ratterman (2010). Molecular Ecology Resources, 10: 6-30.
- 3) N. Mittal, A. Dubey (2009) Pharmacognosy Reviews, 3: 235-246.
- 4) H. Ellegren (2004) Nature Reviews Genetics, 5: 435-445.
- 5) P. Fortini, V. Viscosi, L. Maiuro, S. Fineschi, G.G. Vendramin (2009) Plant Biosystems, 143: 543-554.
- 6) R. Di Pietro, V. Viscosi, L. Peruzzi, P. Fortini (2012) Taxon, 61: 1311-1316.
- 7) C. Wellstein, F. Spada (2015) Geobotany Studies, Springer International Publishing Switzerland.
- 8) S. Brullo, R. Guarino, G. Siracusa (1999) Webbia, 54(1): 1-72.
- 9) G. Antonecchia, P. Fortini, O. Lepais, S. Gerber, P. Legér, G. Scippa, V. Viscosi (2015) Annals of Forest Research, 58(2). DOI:10.15287/afr.2015.415.
- 10) O. Gailing, J. Lind, E.A. Lilleskov (2012) Plant Systematics and Evolution, 298: 1533-1545. DOI: 10.1007/s00606-012-0656-y.

BOVINE LACTOFERRIN INHIBITS MIGRATION IN A MODEL OF HUMAN GLIOBLASTOMA

A. CUTONE, B. COLELLA, A. PAGLIARO, S. DI BARTOLOMEO, G. MUSCI
 Department of Biosciences and Territory, University of Molise, Pesche, Italy.

Gliomas, including the most common variant glioblastoma, are the most common primary malignant brain tumors in adults. Glioblastoma's aberrant dynamic processes, including cell adhesion, migration and invasion, represent the crucial mechanisms through which cancer cells metastasize. In this respect, epithelial-to-mesenchymal transition-like (EMT-like) process, similar to the epithelial-to-mesenchymal transition (EMT) described for carcinomas, is recognized as the main process responsible for glioblastoma spreading and dissemination, with cancer cells acquiring an invasive phenotype that allows them to detach from the primary site and invade surrounding tissues and blood vessels (1). Among several elements affecting the EMT/MET axis, different transcriptional factors, such as NF- κ B, STAT3 as well as SNAIL, TWIST and SLUG, belonging to the SNAI family members, play a critical role. In particular, SNAIL, TWIST and SLUG are all overexpressed in malignant tumors and are responsible for the repression of the cell-to-cell adhesion molecules, such as cadherins (2). Indeed, during EMT in head and neck squamous cell carcinoma, epithelial cells lose their cell-to-cell adhesion marker E-cadherin and gain vimentin. Vimentin, one of the major cytoskeletal proteins, has been positively associated with glioblastoma progression and poor outcomes. Moreover, *in vitro* experiments showed that a chemical inhibitor of vimentin limits glioblastoma cell migration and invasiveness (3). In this scenario, it is of outmost importance to identify novel and safe therapies able to revert EMT and counteract glioblastoma invasiveness.

Lactoferrin (Lf), secreted by glandular epithelia and neutrophils in infection sites, is a multifunctional iron-binding glycoprotein possessing potent antimicrobial, anti-inflammatory and immunomodulatory activities (4). Milk-derivative bovine lactoferrin (bLf) shows high sequence homology to human lactoferrin (hLf) and exerts identical functions (3). Of note, both bLf and hLf have been found to have anti-tumour activity, regulating different pathways, including apoptosis, cell proliferation, migration and invasiveness (5). Remarkably, bLf has been demonstrated to reverse EMT process in an oral squamous cell carcinoma, mainly by down-regulating TWIST synthesis and up-regulating E-cadherin expression (6). Regarding Lf effect on glioblastoma, alone or in combination with other anti-tumour agents, few studies have been carried out, demonstrating the sole ability of Lf to inhibit cell growth (7, 8).

Here, we present data on the effect of bLf on cell migration ability in a human model of glioblastoma. We firstly tested two different concentrations of bLf on the GL15 cell line and evaluated the cell migration capability by wound healing assay. As reported in Fig. 1, bLf, at both doses of 100 and 500 μ g/ml, efficiently inhibited cell migration for 24 h, as demonstrated by the complete absence of migratory activity with respect to untreated cells.

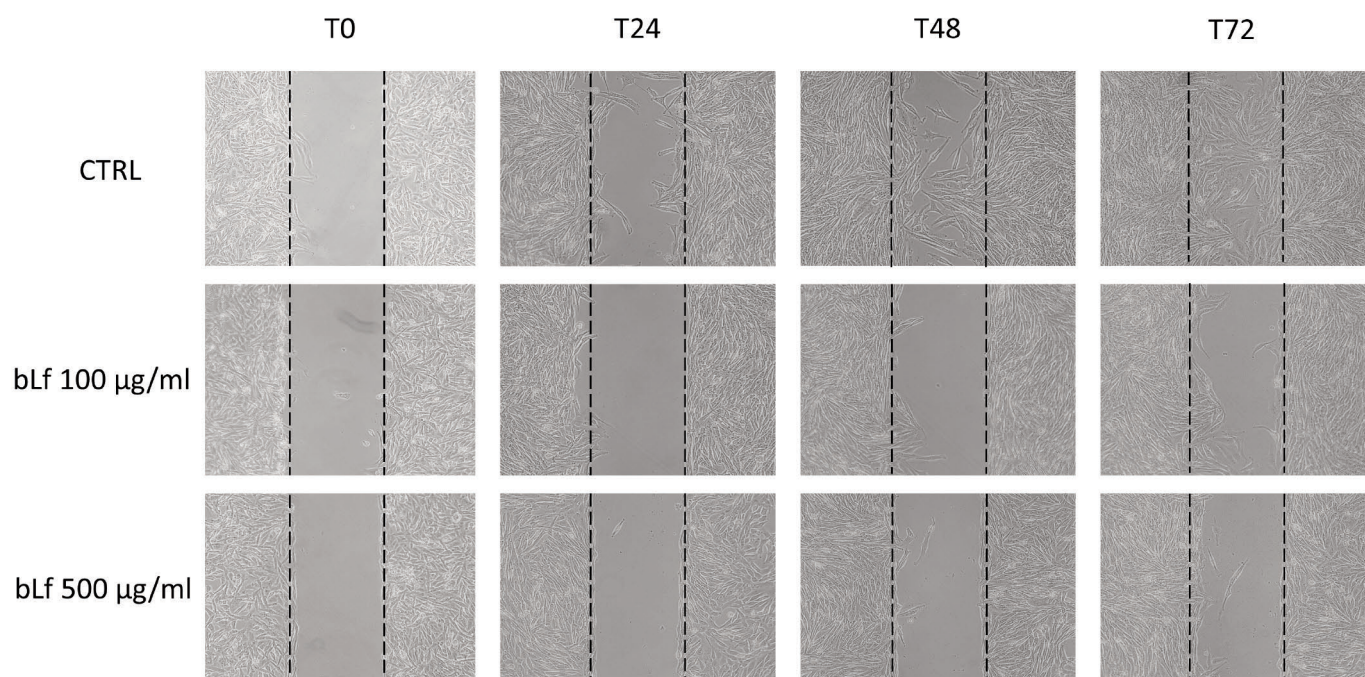


Fig. 1 - Wound healing assay was carried out on GL15 cell line. BLf treatments were carried out in DMEM medium over 72 h. 5 mM hydroxyurea was added to the culture media to impair cell proliferation. Phase-contrast images (103 objective) were acquired at 0, 24, 48 and 72 h after scratching and representative images of three independent experiments are shown.

At 48 h and 72 h, only the higher dose still showed a marked inhibitory effect on cell migration, while the low dose was unable to maintain the same effect. To unveil the molecular mechanism through which bLf exerts its inhibitory function on glioblastoma migration, we analysed the expression of some EMT-like markers, such as SNAIL and vimentin, as well as of cadherins, after 48 h of bLf treatments. Western blots showed a marked decrease in SNAIL expression and a concomitant increase of pan-cadherin expression (Fig. 2). In particular, both doses of bLf were similarly efficient in inducing a 50% decrease in SNAIL expression, while pan-cadherin up-regulation was directly associated to a dose-dependent effect of bLf, with the 500 µg/ml dosage being more efficient in inducing a 3-fold higher expression. Moreover, cell treated with the higher dose of bLf showed a significant decrease in vimentin synthesis (Fig. 2). Overall, even if deeper investigations are required, bLf can be considered as a potential therapeutic molecule able to counteract glioblastoma invasiveness.

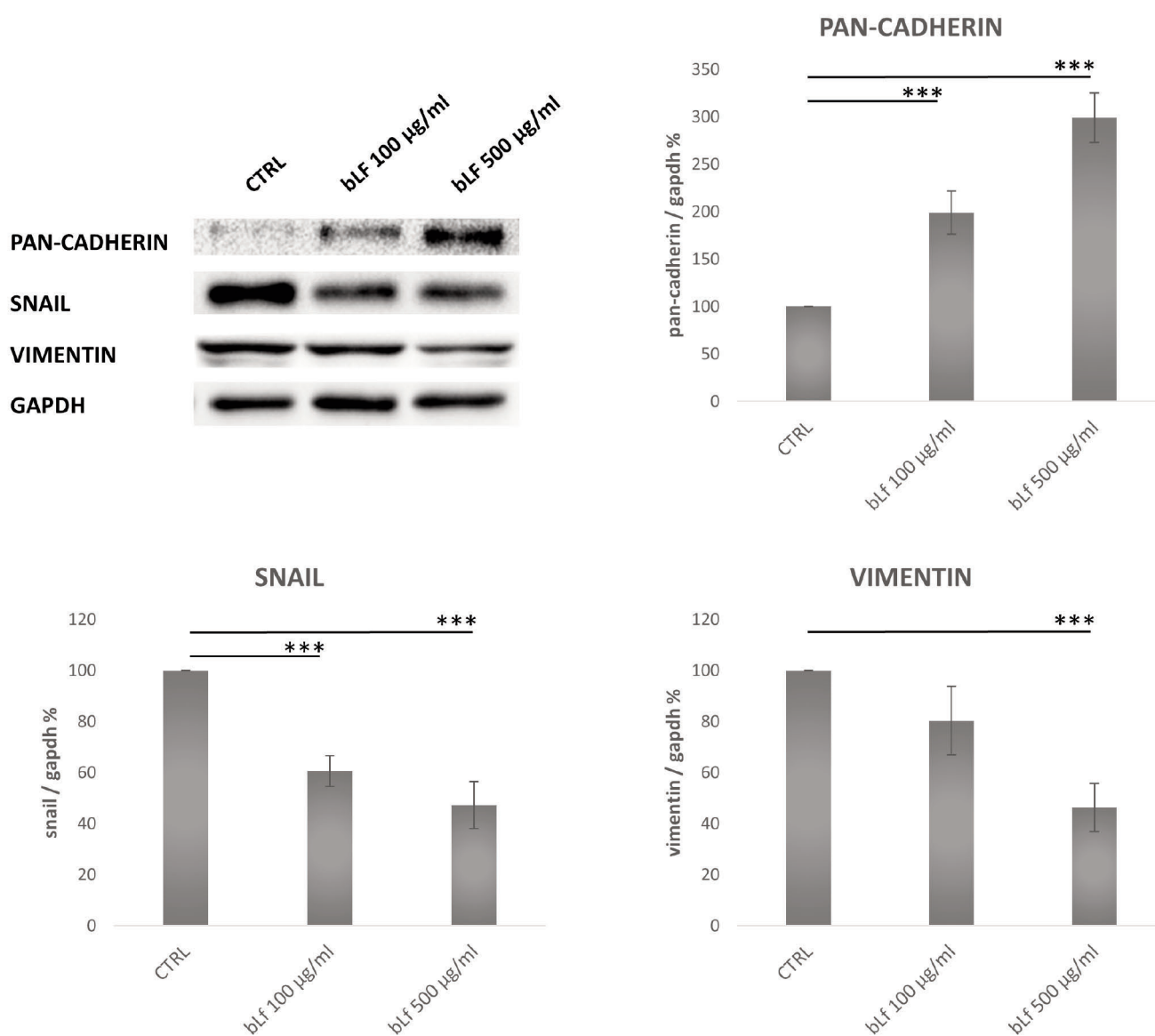


Fig. 2 - Changes in pan-cadherin, SNAIL and vimentin levels in GL15 cells at 48 h, in the absence or presence of 100 µg/ml and 500 µg/ml bovine Lf (bLf) (p < 0.001).**

- 1) B. Colella, F. Faienza, S. Di Bartolomeo (2019) *Cancers*, 11, 312.
- 2) J.P. Thiery, H. Acloque, R.Y. Huang, M.A. Nieto (2009) *Cell*, 139: 871-90.
- 3) J. Zhao, L. Zhang, X. Dong, L. Liu, L. Huo, H. Chen (2018) *Appl. Immunohistochem. Mol. Morphol.*, 26: 337-344.
- 4) L. Rosa, A. Cutone, M.S. Lepanto, R. Paesano, P. Valenti (2017) *Int. J. Mol. Sci.*, 18.
- 5) R. Jiang, B. Lonnerdal (2017) *Biochem. Cell Biol.*, 95: 99-109.
- 6) C. Chea, M. Miyauchi, T. Inubushi, K. Okamoto, S. Haing, P.T. Nguyen, H. Imanaka, T. Takata (2018) *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 507: 142-147.
- 7) Y.C. Kuo, Y.C. Chen (2015) *Int. J. Pharm.*, 479: 138-49.
- 8) S. Kumari, D. Bhattacharya, N. Rangaraj, S. Chakravarty, A.K. Kondapi, N.M. Rao (2018) *Nanomedicine (Lond.)*, 13: 2579-2596.

LE AREE PROTETTE COSTIERE: OSSERVATORI SPECIALI DEI RIFIUTI SPIAGGIATI E DEL LORO IMPATTO SULL'AMBIENTE

M.C. DE FRANCESCO*, M.L. CARRANZA, M. VARRICCHIONE, F.P. TOZZI, A. STANISCI

EnviX-Lab, Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università degli Studi del Molise, via Duca degli Abruzzi, Termoli (CB). *Corresponding Author
maria.defrancesco@unimol.it

L'accumulo di rifiuti lungo le spiagge, il *beach litter*, rappresenta una problematica ambientale di rilievo a livello globale, per l'impatto negativo che ha sia sull'ambiente e la biodiversità (1) che sull'economia locale (2). Molti dei materiali che costituiscono il *beach litter* sono poco o per nulla biodegradabili e altamente frammentabili e, di conseguenza, entrano stabilmente nelle reti trofiche delle specie marine e costiere, riducendone la funzionalità a vari livelli (3, 4).

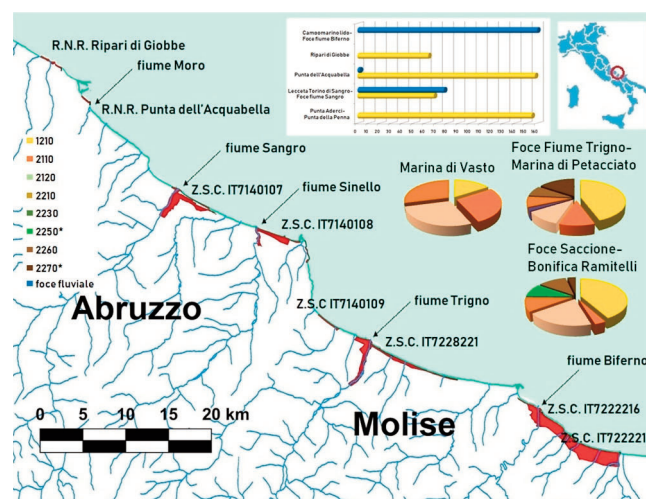
Conoscere le modalità di accumulo dei rifiuti sul mosaico dunale è essenziale per comprendere le interferenze con gli ecosistemi costieri ed ottimizzare l'utilizzo di risorse ed energie necessarie a contrastare e mitigare i suoi effetti negativi.

Il presente studio si propone di esplorare le caratteristiche ed il pattern di distribuzione del *beach litter* nei diversi ecosistemi costieri e habitat di interesse conservazionistico all'interno della rete NATURA 2000 di Abruzzo e Molise (Fig.1). La presenza nell'area dei siti LTER (www.lteritalia.it), lo rendono un osservatorio per il monitoraggio dei processi ecologici in atto.

La raccolta dei dati sul *beach litter* è stata realizzata seguendo il protocollo OSPAR (5), durante i mesi di aprile e maggio 2018, subito dopo le mareggiate invernali e prima delle normali pulizie della battigia in vista della stagione balneare estiva. Sono stati campionati 186 *plot* di 4 m² ciascuno, seguendo un protocollo di campionamento random stratificato con un minimo di 10 *plot* per habitat di duna analizzato.

I rifiuti sono stati classificati in base al materiale (plastica, polistirolo, vetro, carta, alluminio e misto) e in base all'attività di produzione/utilizzo del rifiuto stesso (contenitori, pesca e nautica), alimentare, imballaggio e altro. I risultati evidenziano che l'accumulo del *beach litter* riguarda tutti gli habitat di interesse comunitario presenti, e che, mentre in avanduna più dell'80% dei *plot* risulta interessato al fenomeno, nel retroduna l'incidenza scende solo al 60% (Fig. 2). Critico risulta essere lo stato delle foci fluviali in entrambe le regioni, dove il 100% dei *plot* presenta almeno un rifiuto. Sono stati ritrovati in totale 1.732 rifiuti, costituiti da plastica (43%), polistirolo (40%) e misto (11%). La plastica è il materiale più abbondante in quanto quello più utilizzato per la produzione di beni di consumo. La cospicua presenza del polistirolo, invece, è imputabile principalmente alle cassette usa e getta impiegate per il trasporto del pescato nel settore ittico. Tale materiale è molto volatile e frammentabile, caratteristiche che facilitano la sua diffusione da parte del vento fino alle aree retrodunali, in cui si è rilevato un accumulo consistente e persistente, che entra nelle catene trofiche locali. Per quanto riguarda la provenienza, si è registrata la prevalenza di rifiuti derivanti dalle attività di pesca e nautica (49%).

Si rende quindi necessario intervenire nelle filiere produttive per ridurre l'utilizzo di beni di consumo usa e getta e di contenitori in polistirolo nel settore della pesca, aumentare le operazioni di pulizia dei rifiuti galleggianti e sui fondali sotto-costa mediante la pratica del *fishing for litter* (6). Inoltre è importante procedere alla pulizia manuale periodica della spiaggia e delle dune, nei periodi precedenti alla nidificazione del fraterno (*Charadrius alexandrinus*) e della cappellaccia (*Galerida cristata*), per non interferire con le attività riproduttive di queste specie dunali.



- 1) G. Poeta, C. Battisti, A.T.R. Acosta (2015) Mar. Poll. Bull., 89(1): 168-173.
- 2) M.C. de Francesco, S. Cappiello, M.L. Carranza, A. Stanisci (2018) ENEA, 175 pp.
- 3) M.C.B. Araújo, M.F. Costa (2007) Manag. Environ. Quality, 18: 6-12.
- 4) R.A. Benedict, M.C. Billeter (2004) Southeast Nat., 3: 371-377.
- 5) OSPAR Commission (2010) OSPAR, 84 pp.
- 6) O.C. Basurko, G. Gabiña, M. Andrés, A. Rubio, A. Uriarte, I. Krug (2015.) Mar. Policy., 61: 103-112.

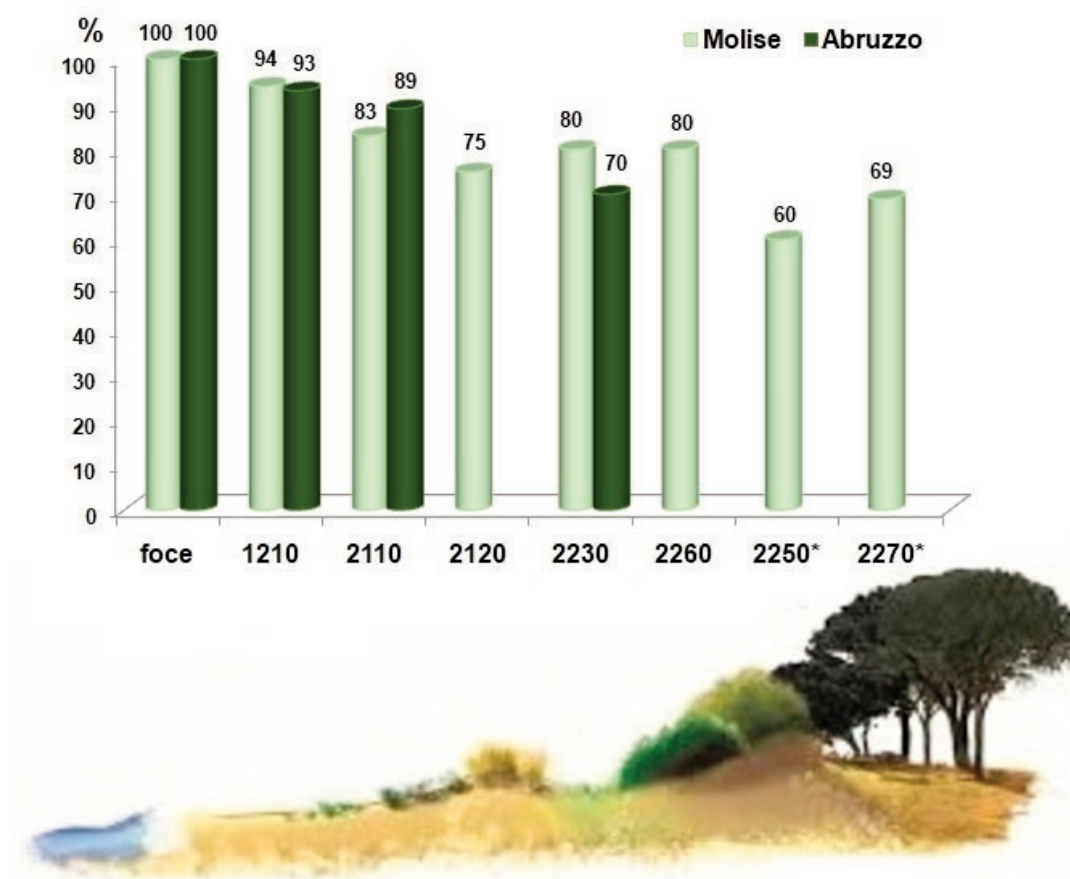


Fig. 2 – Frequenza dei plot con presenza di rifiuti per ciascun habitat di interesse comunitario in Abruzzo ed in Molise; sotto, zonazione degli habitat in un profilo dunale (modificato da ISPRA, 2015). Lista degli habitat:
 1210 'Vegetazione annua delle linee di deposito marine'; 2110 'Dune embrionali mobili'; 2120 'Dune mobili con presenza di *Ammophila arenaria*';
 2230 'Dune con prati di *Malcolmietalia*'; 2260 'Dune con vegetazione di sclerofille dei Cisto-Lavanduletalia'; 2250* 'Dune costiere con *Juniperus* spp.'; 2270* 'Dune con foreste a *Pinus pinea* e/o *Pinus pinaster*'.

EUROPEAN TERRITORIAL TYPOLOGIES: EXPLORING THE POTENTIAL TO FOSTER THE SUSTAINABLE DEVELOPMENT OF DISADVANTAGED AREAS

A. DE TONI¹, P. DI MARTINO¹, A. FERRANDIS MARTÍNEZ², B. LASSERRE¹, M. MARCHETTI¹

¹Università degli Studi del Molise, Dipartimento Bioscienze e Territorio, Contrada Fonte Lappone, 86090 Pesche IS, Italia; ²Inter-University Institute for Local Development, University of Valencia, C/Serpis 29, 46022, Valencia, Spain.

The European context is characterized by different territorial typologies generally recognized or newly hypothesized within the research debate. The newly hypothesized typologies aim to identify territorial criticalities that have not been considered so far as key priorities to dealing with in the European context. For instance, the “Shrinking rural region” concept, based on the depopulation issue, has been recently developed within the European Spatial Planning Observation Network (ESPON) (1). For each of the old established typologies, specific European Funds already target the area-objective development. In particular, Lagging Regions are less developed areas in economic and social outcomes terms, i.e. Gross Domestic Product per capita and Gross Domestic Product per capita growth and are supported by the Cohesion Policy (2) (Fig. 1). The Less Favoured Areas are identified on the basis of the unfavourable conditions (natural disadvantages) for the agricultural production, and are financed by the first Pillar of the Common Agricultural Policy (3) (Fig. 2).

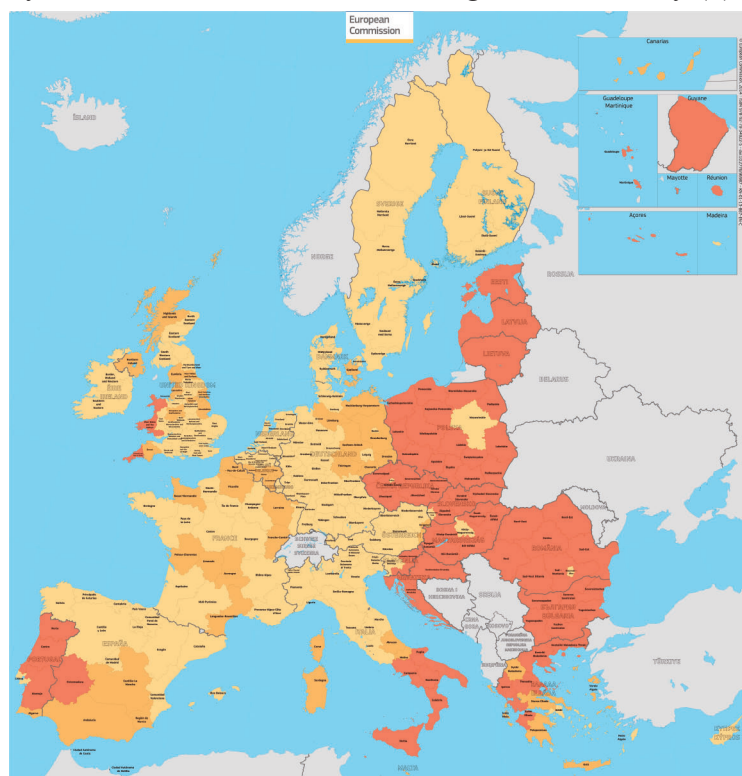


Fig. 1 – Lagging Regions. Legend - From the light to the dark orange areas, respectively: More developed regions (GDP/head $\geq$ 90% of EU-27 average); Transition regions (GDP/head between 75% and 90% of EU-27 average); Less developed regions (GDP/head < 75% of EU-27 average).
 Web source: <https://publications.europa.eu/en/publication-detail/-/publication/92d96510-375c-4dc9-b77b-a3d3505aa044>.

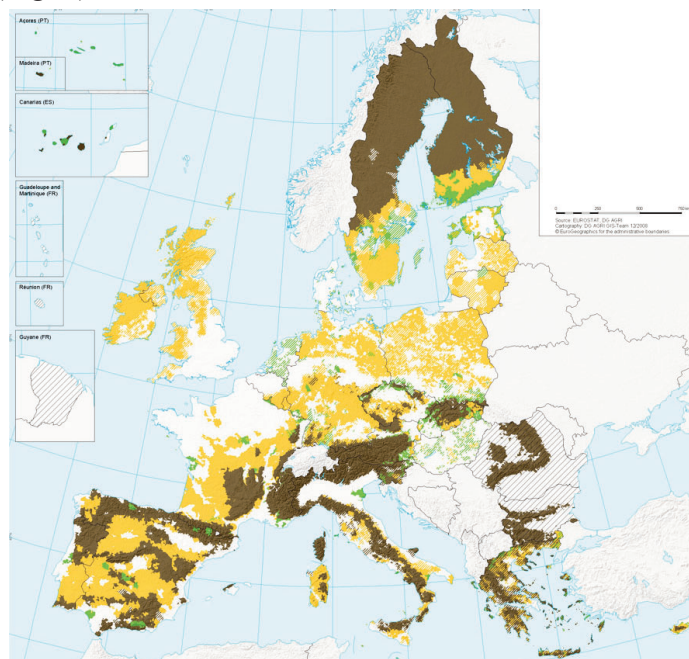


Fig. 2 – Less Favoured Areas. Legend - Brown areas: mountain/hill areas (LFA art.8); Orange areas: areas in danger of abandonment land-use (LFA art. 19); Green areas: areas affected by specific handicaps (LFA art.20); White areas: not eligible.

Web source: https://ec.europa.eu/agriculture/rural-development-previous/2007-2013/less-favoured-areas-scheme_en.

an area may suffer from loss of competitiveness and profitability from manufacturing, low workforce skills and innovation activity (4) and, at the same time, lying in mountainous/hilly areas, which affect the land productivity (e.g. agriculture or grazing). People living in these overlapped typologies claim for more integrated policies; indeed, in most cases the sectoral policy is weak in addressing real and specific territorial needs and challenges (5). Therefore, we argue that the Inner Peripheries may become a new territorial typology, as they combine criticalities and opportunities of different existing typologies (Fig. 3).

Inner Peripheries, as theorized by ESPON PROFECY Project, 2017 (6), suffer from demographic decline (migration and low birth rates), population ageing, lack of Services of General Interest, such as hospitals and schools, lack of accessibility (expressed in drive time), lack of economic diversity, and social exclusion (7). Moreover, according to the ESPON PROFECY results, 37% (on average) of Inner Peripheries territory overlaps the Lagging Regions and 41% (on average) of mountain areas. Furthermore, Inner Peripheries are clearly identified as disadvantaged territories, albeit they have great potentialities that are still untapped, such as for instance those

As the maps clearly show, in some cases the same territory can be classified as Lagging Region and Less Favoured Area at the same time. This means that

linked to the sustainable use of agricultural and forest land (8), i.e. active management and natural resources use, or the predisposition towards social innovation (9). The main characteristics, criticalities and opportunities of the Inner Peripheries require the implementation of a new inclusive and integrated “Rural Cohesion Policy” (10). Such policy framework - conceptually coupling Rural Development Policy and Cohesion Policy - addresses the “place-specific development opportunities”, through the improvement of socio-economic sectors and the enhancement of environmental resources (11), as well as the implementation of a place-based (12) and place-sensitive (13) approach. Through the implementation of the “Rural Cohesion Policy”, it is possible to avoid the funds’ overlapping in an efficient and sustainable way, creating integrated territorial strategies based on the criticalities and local needs of Inner Peripheries and using e.g. the Integrated Territorial Investment tool. The Academia and Policy arenas have to follow and implement an integrated approach, not a sectoral one, in order to develop disadvantaged areas in a more efficient way.

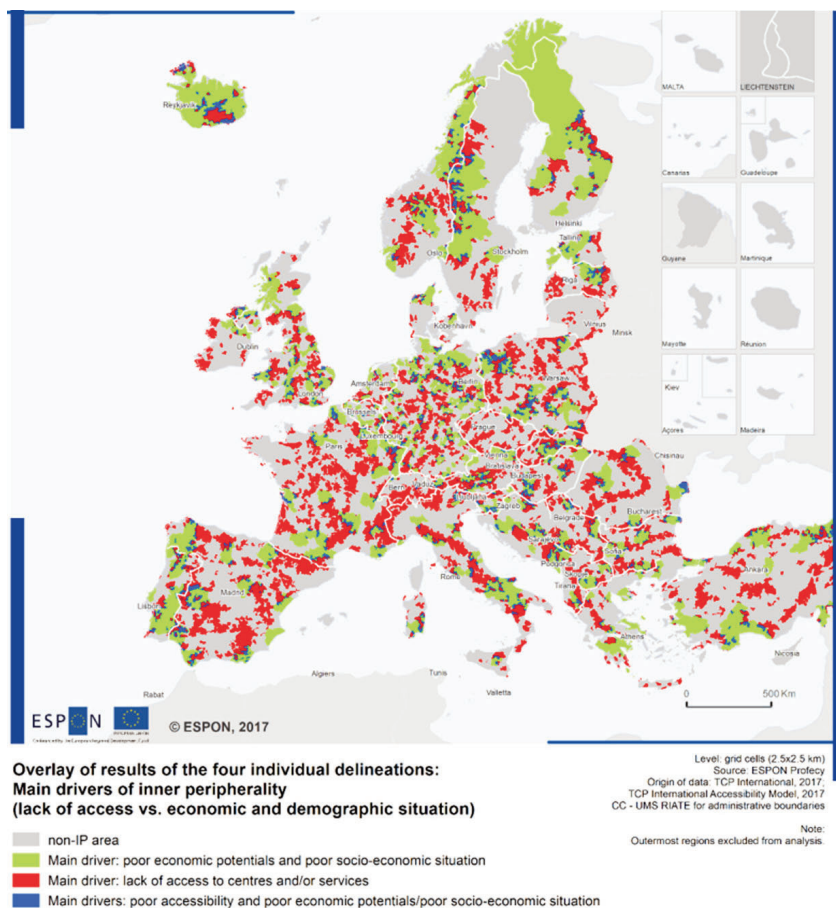


Fig. 3 - ESPON PROFECY 2017. Final Report, p. 17, Map 4.6: Combining the four delineations: main drivers of inner peripherality.
Web source: <https://www.espon.eu/inner-peripheries>.

- 1) ESPON EGTC (October 2017) Policy Brief.
- 2) T. Farole, S. Goga, M. Ionescu-Heroiu (2018) Word Bank Report on the European Union.
- 3) J. Kučera, T.F. Hlavsa (2017) Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis.
- 4) A. Brown, R. Fornoni, B. Gardiner, L. Greunz, S. Jesti, N. Rabemifara, R. Römisch, J. Stenning, T. Ward (April 2017). European Commission Final Report.
- 5) T. Dax (2015) Series Regions and Cities 76, Abingdon: Routledge, pp. 35-52.
- 6) J. Noguera, M. Ortega-Reig, H. del Alcázar, A. Copus, A. Berlina, J. Moodie, F. Mantino, B. Forcina, S. Weck, S. Beißwenger, N. Hans, G. Tagai, B. Koós, K. Kovács, A. Uzzoli, T. Dax, I. Machold, C. Schürmann, P. Tobiasz-Lis, K. Dmochowska-Dudek, M. Wójcik (2017) ESPON PROFECY Final Report.
- 7) A. Copus, F. Mantino, J. Noguera (2017) Italian Journal of Planning Practice, VII(1): 24-49.
- 8) A. Matthews (October 2016) Workshop documentation for the European Parliament's Committee on Agriculture and Rural Development.
- 9) G. Carrosio (2016) Sociologia e Politiche Sociali, 19(3): 50-64.
- 10) A. Copus, P. de Lima (2014) Series Regions and Cities 76, Abingdon: Routledge, pp. 1-254.
- 11) T. Dax, A. Copus (2018) European Structural and Investment Funds Journal, 6(3): 198-209.
- 12) F. Barca (2009) Regional Policy – Independent Report.
- 13) A. Rodriguez-Pose (2018) Cambridge Journal of Regions, Economy and Society, 11(1): 189-209.

CAMPIONAMENTO NON DISTRUTTIVO DI SUPERFICI AMBIENTALI, BIOFILM E OPERE D'ARTE: OSSERVAZIONI AL MICROSCOPIO CONFOCALE

S. DI BARTOLOMEO, D. TRUPIANO, B. COLELLA, G. RANALLI

Dip. di Bioscienze e Territorio, Università degli Studi del Molise; C. da Fonte Lappone, Isernia.

Lo studio dei substrati ambientali, delle comunità microbiche e delle relazioni tra gli organismi riveste un ruolo cruciale nella ricerca scientifica. Numerosi organismi, denominati biodeteriogeni, ad esempio, sono in grado di colonizzare opere d'arte e monumenti, in particolare le superfici, causando spesso danni estesi e irreversibili. I biodeteriogeni possono, infatti, utilizzare tali substrati come sorgenti nutrizionali (batteri eterotrofi e funghi) o semplicemente come supporto (batteri autotrofi, alghe, licheni e muschi). Le tecniche di prevenzione e controllo di biodeterioramento di un manufatto consistono quindi nell'evitare lo sviluppo o la crescita di biodeteriogeni. Nello specifico, si opera con l'intento di analizzare le relazioni presenti tra tipologie di materiali, le forme prevalenti di biodeteriogeni e le condizioni ambientali, contribuendo così alla progettazione di corretti interventi di restauro e manutenzione.

In questo complesso processo di analisi, la fase di campionamento costituisce il primo passo per l'ottenimento di risultati attendibili e riproducibili, soprattutto quando non è possibile effettuare osservazioni dirette *onsite*, e quindi occorre procedere con un campionamento di "porzioni" di materiale da avviare a successive indagini *offsite*. In tal caso, un campionamento poco rispettoso delle condizioni iniziali, basato sull'impiego di tecniche distruttive che impongono "asportazioni" di aliquote di campione reale, seppur piccole, può essere causa di cambiamenti, alterazioni, "disturbi", nonché creazione di artefatti di complicata interpretazione.

Test ottenuti in altri lavori (1-3) hanno dimostrato che l'impiego di nastro adesivo (*stripping*) consente, invece, un campionamento *soft* di superfici e una diretta osservazione del materiale, senza ulteriori manipolazioni e modifiche e/o preparazioni del campione.

Di seguito viene proposta l'applicazione nuove tecniche e metodologie per il campionamento non distruttivo di superfici ambientali e successive analisi, colturali o al microscopio confocale, del materiale prelevato.

La prima tecnica (*stripping*) consiste nel fare aderire delicatamente una striscia di nastro adesivo trasparente alla superficie del materiale da esaminare. Il materiale prelevato, una volta trasferito sul tavolino portaoggetti del microscopio TCS SP8 (Leica), con la parte adesiva rivolta verso il basso, può essere osservato con uno degli obiettivi 40X e 63X immersione olio in combinazioni di filtri per fluorescenza (FITC/GFP o TRITC/Rodamina). Alcuni test preliminari di campionamento di comunità algali hanno mostrato che il metodo dello "*stripping*" è di facile applicazione, economico e permette di ottenere risultati riproducibili e comparabili con quelli ottenuti

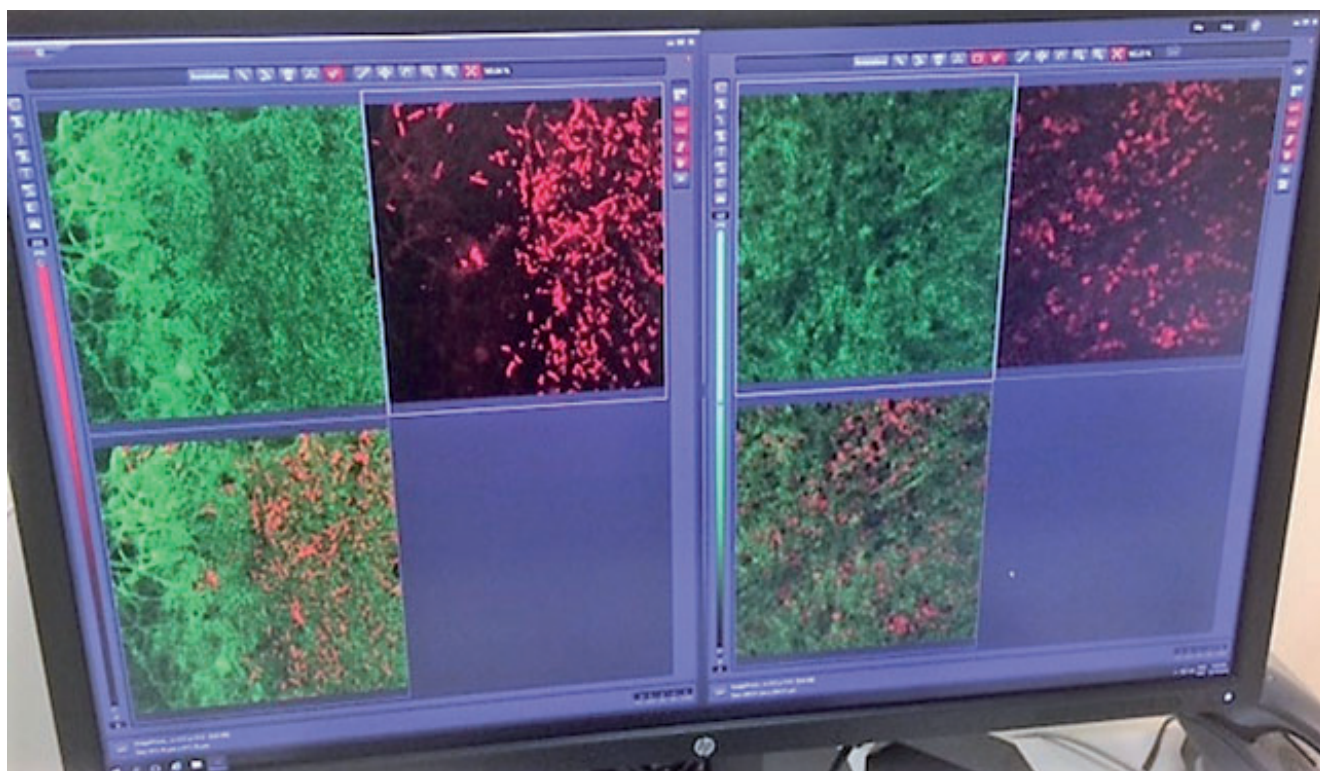


Fig. 1 – Osservazioni al microscopio laser confocale di aggregati algali: confronto tra tecnica tradizionale di campionamento (a sinistra) e campionamento di superficie mediante nastro adesivo trasparente (a destra).

mediante utilizzo di tecniche tradizionali distruttive (prelievo e montaggio su vetrino; Fig.1 A e B). Esso permette, infatti, di analizzare e monitorare nel tempo e nello spazio, in ambienti confinati e non, la colonizzazione microbica, la presenza di biodeteriogeni o biofilm microbici (batteri, funghi, alghe, licheni) e di ottenere informazioni sulla morfologia e tassonomia dei microrganismi e sulle loro relazioni con le superfici dei materiali colonizzati.

Sono attualmente in corso delle analisi comparative tra la tecnica di *stripping* e altri due sistemi di campionamento non distruttivo:

a) utilizzo di adesivi in gomma-gel (Gellifters, BVDA, Gruppo S.I.T srl, Quarto d'Altino, VE) e successivo trasferimento dei gel in piastre Petri contenenti e non substrati colturali microbici (inoculo superficiale o sommerso);

b) tecnica del tampone-velluto sterile e inoculo (*imprinting*) su substrati colturali solidi in piastre Petri.

Il confronto dei tre sistemi permetterà di individuare il protocollo sperimentale più idoneo da utilizzare in diversi contesti ambientali e su differenti matrici ed offrirà nuove possibilità di effettuare indagini più approfondite in studi di comunità microbiche e/o indagini su dinamiche di popolazione in risposta a differenti tipologie di stress biotici e abiotici.

1) C. Urzi, F. De Leo (2001) *Journal of Microbiological Methods*, 44: 1-11.

2) G. Ranalli, P. Pasini, A. Roda (2000) in: Fassina, V.Ž. Ed. *Proceedings of 9th Int. Congress on Deterioration and Conservation of Stone*, Elsevier, Amsterdam.

3) B. Bisha, B.F. Brehm-Stecher (2010) *JOVE* (44) e2308, DOI:10.3791/2308.

ANALISI DELLE RISPOSTE DI DUE VARIETÀ DI *PHASEOLUS VULGARIS* AUTOCTONE DELL'ALTO MOLISE A CONDIZIONI DI STRESS IDRICO E SALINO

A. DI GIORGIO, D. TRUPIANO, P. DI MARTINO, G.S. SCIPPA

Università degli Studi del Molise, Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Contrada Fonte Lappone, 86090, Pesche (IS).

Il termine di diversità biologica si riferisce ad “ogni tipo di variabilità tra gli organismi viventi, compresi, tra gli altri, gli ecosistemi terrestri, marini e altri acquatici e i complessi ecologici di cui essi sono parte; essa include la diversità entro specie, tra specie e tra ecosistemi” (art. 2 della Convenzione sulla diversità biologica, Conferenza dell'ONU - Rio de Janeiro nel 1992).

Negli ultimi anni, i cambiamenti climatici, i lunghi periodi di siccità e inondazioni, l'aumento della popolazione mondiale, l'introduzione di specie aliene e la sostituzione degli ecotipi locali con un numero limitato di cultivar, geneticamente simili, hanno portato alla perdita della diversità biologica delle piante e ad una significativa erosione genetica.

La variabilità genetica degli organismi vegetali rappresenta la base della loro evoluzione e capacità di adattamento; l'erosione genetica quindi può compromettere fortemente l'abilità delle piante di rispondere alle alterazioni dell'ambiente causate dalle attività antropiche e dai cambiamenti climatici.

È noto che le specie spontanee, gli ecotipi e le varietà autoctone, caratterizzate da una elevata variabilità genetica, sono attualmente a forte rischio di estinzione e pertanto soggette ad una serie di azioni di salvaguardia della biodiversità a livello locale, nazionale e internazionale. In questo contesto, si inseriscono le attività di ricerca finalizzate al recupero, caratterizzazione e conservazione degli ecotipi e delle varietà autoctone della regione Molise.

A tal fine, in questo lavoro, sono state analizzate le risposte, a condizioni di stress idrico e salino, di due varietà di fagioli autoctone, il *ciliegin* e il *fagiolo d'acqua* recuperate rispettivamente nei comuni di Vastogirardi e Pietrabbondante, nella Riserva Unesco Man and Biosphere Collemeluccio-Montedimezzo Alto Molise.

Le accessioni recuperate, una volta catalogate e conservate nella Banca del Germoplasma dell'Università degli Studi del Molise, sono state analizzate. Nel dettaglio, le analisi sono state svolte sia a livello di seme che di pianta adulta, valutando le risposte fisio-morfologiche e biochimiche in condizioni normali (controllo), di stress salino e idrico (Fig. 1).

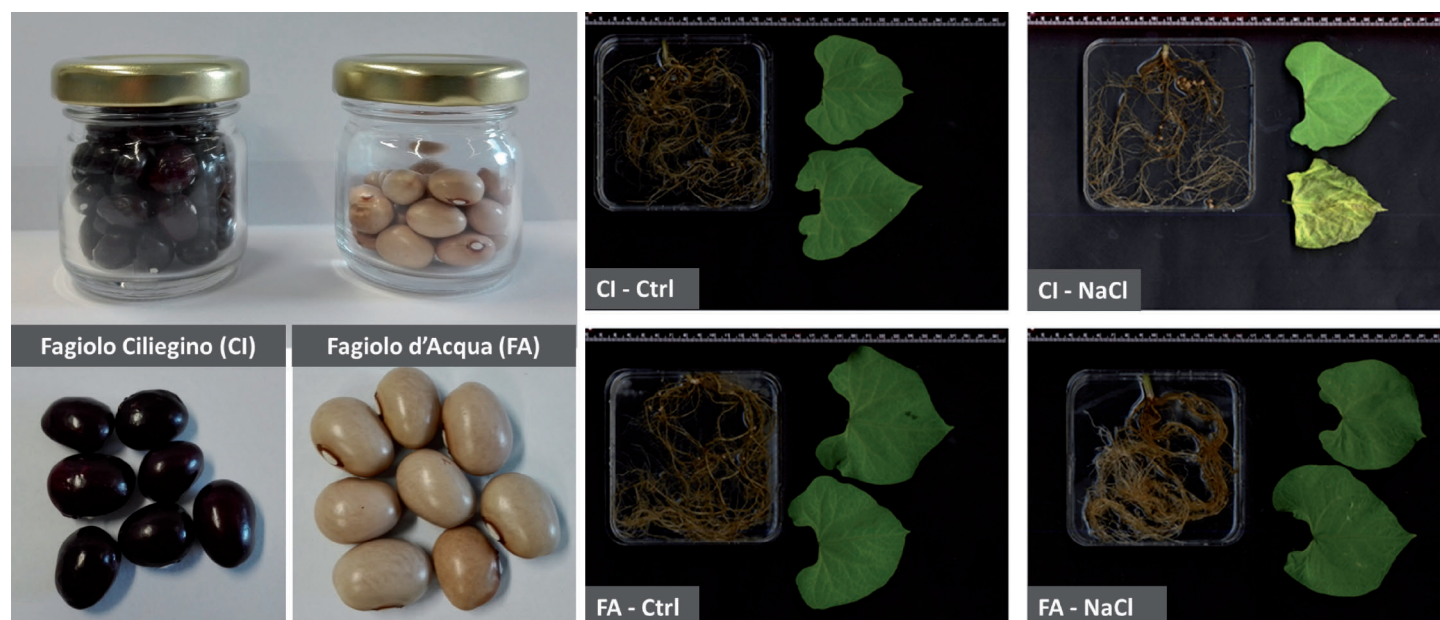


Fig. 1 - Nel pannello di sinistra sono riportate le accessioni di semi di fagiolo ciliegino (CI) e fagiolo d'acqua (FA) recuperate nella Riserva MAB dell'Alto Molise. Nel pannello di destra sono riportate le scansioni di radici e foglie basali delle piante CI e FA cresciute in condizione di controllo (Ctrl) e stress salino (NaCl).

Lo stress salino è stato imposto mediante l'uso di una soluzione di NaCl 100 e 200 mM; nel caso dello stress idrico è stata utilizzata una soluzione di mannitolo 100 e 180 mM.

A livello di seme sono stati condotti test di germinazione, vitalità e analisi del contenuto di prolina (osmolita) e della perossidazione lipidica mediante l'utilizzo della malondialdeide (MDA). A livello di pianta, è stato valutato l'effetto dello stress salino a 200 mM di NaCl, risultato più intenso, sui principali parametri morfologici (n° di

foglie, biomassa), il contenuto di prolina e il livello di MDA nelle radici e nelle foglie.

I risultati del test di vitalità dimostrano che il 100% delle accessioni di *fagiolo ciliegino* e *d'acqua* raccolte risultano vitali. I test di germinazione evidenziano come i semi di *fagiolo d'acqua* risultino più sensibili alle due tipologie di stress rispetto al *fagiolo ciliegino*, mostrando un decremento della percentuale di germinazione pari al 45%. A livello biochimico, sia in condizioni di stress salino che idrico, è stato osservato un aumento del contenuto di prolina e MDA nei semi di *fagiolo ciliegino* mentre nel *fagiolo d'acqua* si è riscontrato un aumento solo del contenuto di MDA, il contenuto di prolina è risultato invariato.

Le analisi condotte a livello di pianta mostrano che dopo 8 giorni di stress, le piante di *fagiolo ciliegino* subiscono un decremento sia in termini di n° totale di foglie prodotte (-34%) che di biomassa aerea (-24%) e radicale (-30%) contrariamente alle piante di *fagiolo d'acqua* che sottoposte a stress salino non presentano alcun segno di sofferenza rispetto alle piante controllo. Le analisi biochimiche evidenziano che le piante di *fagiolo ciliegino* sottoposte a stress salino sono caratterizzate da alti livelli di prolina e MDA, sia in foglie che in radici, rispetto a quelle di controllo. Anche nel caso delle piante di *fagiolo d'acqua* sottoposte a stress salino si registra un accumulo dei due componenti a livello fogliare mentre a livello radicale la prolina aumenta e il contenuto di MDA rimane invariato rispetto alle piante controllo.

L'accumulo di osmoliti (es. ioni inorganici, prolina, acidi organici, zuccheri) e di antiossidanti, in grado di prevenire il danno alle membrane e la denaturazione delle proteine, rappresenta una delle strategie messe in atto dagli organismi vegetali in risposta a condizioni ambientali sfavorevoli come il deficit idrico e lo stress salino. La prolina infatti, svolge molteplici ruoli come (i) osmolita, (ii) antiossidante non enzimatico e (iii) molecola segnale (1, 2). In questo lavoro, per valutare i danni ossidativi alle membrane indotti dalle condizioni di stress è stata misurata la malondialdeide (MDA). Questa è un prodotto di decomposizione degli idroperossidi di acidi grassi poli-insaturi e quindi può essere considerata un bioindicatore della perossidazione dei lipidi (3), essendo quest'ultima un effetto del danno ossidativo.

I risultati ottenuti indicano che le due varietà di fagiolo autoctone probabilmente utilizzano meccanismi di risposta a condizioni di stress ambientale diversi a livello di seme o di pianta adulta. Infatti, il seme del *fagiolo d'acqua* risulta più sensibile alla condizione di stress salino (alto contenuto di MDA e basso di prolina) rispetto alla pianta adulta. Al contrario, nel caso della varietà di *fagiolo ciliegino*, il seme mostra una maggiore capacità di rispondere alle condizioni di stress rispetto alla pianta adulta.

1) M. Ashraf, M.R. Foolad (2007) Environmental and Experimental Botany, 59: 206-216.

2) K.B. Rejeb, C. Abdelly, A. Savouré (2014) Plant Physiology and Biochemistry, 80: 278-284.

3) C. Bailly, A. Benamar, F. Corbineau, D. Côme (1996) Physiologia Plantarum, 97: 104-110.

DISSECTING THE MOLECULAR INTERPLAY BETWEEN ORGANISMS: PROTEIN-PROTEIN INTERACTIONS IN HOST-PATHOGEN SYSTEMS BY PHYLOGENETIC PROFILING

F.F. DI PERNA^{1†}, M. LONGO^{1†}, E.M. PASINI², M. PONZI³, E. PIZZI^{3*}, G. SFERRA^{1*}

¹Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università degli Studi del Molise, Contrada Fonte Lappone 86090, Pesche (IS); ²BPRC (Biomedical Primate Research Center), Rijswijk, Nederland; ³Dipartimento di malattie infettive, parassitarie ed immunomediate, Istituto Superiore di Sanità, Roma. [†]equal contribution, ^{*}equal contribution.

To gain insight into the biology of an organism bypassing all technical limitations and looking genome-wide, *in silico* strategies that analyze protein-protein interactions (PPIs) are considered alternative to classic *in wet* ones. Despite several computational methods have been largely used to predict PPIs occurring within an organism (1), few efforts focused on the possibility to use them to predict interactions occurring across proteins of different organisms. Phylogenetic profiling is one of the *in silico* strategies routinely used for the purpose described above. Since this method is based on genomic data, the increasing number of fully sequenced genomes led to a renewed interest in this approach. Our intent is to extend the phylogenetic profiling to predict interactions that are not necessarily performed by proteins belonging to the same organism. In order to accomplish this aim we intend to infer PPIs occurring in host-parasite systems related to *Plasmodia* parasite, the causative agents of malaria, and the erythrocyte, one of the vertebrate host-cells. Specifically we focused on *Plasmodium knowlesi* and *Plasmodium berghei* that are standardized *in vivo* models for human malaria (2-4) and the red blood cell, that is crucial for the parasite life cycle as it is the theatre of an asexual reproduction responsible of the greatest part of the symptoms. For this purpose we will adopt the robust improved phylogenetic profiling strategy (5) that have been already applied to predict PPIs occurring between organisms (6). In details, we will use a large genomic datasets as reference made of 699 organisms belonging to the three taxa and widely spread on the entire tree of life, and the distance correlation (7), a correlation-based measure, as novel measure of profile similarity. By applying the method, as proof of principle, we will be able to predict host-host, pathogen-pathogen and host-pathogen PPIs in both systems under study. This to give power to the feasibility of the prediction of PPIs by phylogenetic profiling also regarding interactions occurring in relationship-paired organisms. We will assess the predictions by using Gold Standards derived from annotated pathways as reported in KEGG (8-10) or from published datasets (11, 12) to assess the predictive power of the method. We will also explore the datasets in order to define pathways, clusters and functions involved in the host-parasite interactions, but also functions related to the biology of each single organism. Taking advantage of the usage of only genomic data, a wide range of organism associated in biological systems such as host-parasite or host-pathogen systems or symbiotic or commensally relationships can be investigated by this method.

- 1) J. Zahiri, J.H. Bozorgmehr, A. Masoudi-Nejad (2013) *Current Genomics*, 14(6): 397-414.
- 2) R. Carter, C.L. Diggs (1977) *Parasitic Protozoa*, 3: 359-465.
- 3) A.G. Craig, G.E. Grau, C. Janse, J.W. Kazura, D. Milner, J.W. Barnwell, G. Turner, J. Langhorne (2012) *PLoS Pathos.*, 8:e1002401. DOI: 10.1371/journal.ppat.1002401.
- 4) E.M. Pasini, A.M. Zeeman, A. Voorberg-Van Der Wel, C.H.M. Kocken (2018) *Parasitology*, 145(1): 58-70.
- 5) G. Sferra, F. Fratini, M. Ponzi, E. Pizzi (2017) *BMC Bioinformatics*, 18(1): 396.
- 6) G. Sferra, M. Ponzi, E. Pizzi (2018) *PeerJ Preprints*, 6: e27373v1.
- 7) G.J. Szekely, M.L. Rizzo, N.K. Bakirov (2007) *The Annals of Statistics*, 35(5): 2769-2794.
- 8) M. Kanehisa, S. Goto (2000) *Nucleic Acids Res.*, 28: 27-30. DOI: 10.1093/nar/28.1.27.
- 9) M. Kanehisa, M. Furumichi, M. Tanabe, Y. Sato, K. Morishima (2017) *Nucleic Acids Res.*, 45, D353-D361.
- 10) M. Kanehisa, Y. Sato, M. Furumichi, K. Morishima, M. Tanabe (2019) *Nucleic Acids Res.*, 47, D590-D595.
- 11) S. Wutchy (2011) *PLoS ONE*, 6(11): e26960.
- 12) A.J. Reid, M. Berriman (2013) *Nucleic Acids Res.*, 41(3): 1508-1518.

CLOSE-ENOUGH GENERALIZED ROUTING PROBLEM

A. DI PLACIDO, D.D. RUSSO, G. CAPOBIANCO, C. CERRONE
University of Molise, Via Hertz, Pesche.

Introduction

The Close-Enough Travelling Salesman Problem (CETSP) (1) is a variant of Euclidean Travelling Salesman Problem: the traveler visits a node (target) if it passes through the neighborhood set of that node. The Close-Enough Arc Routing Problem (CEARP) (2) is a generalization of the Rural Postman Problem. It consists of finding a minimum cost tour starting and ending at the depot, traversing a subset of arches such that all the target neighborhood is visited. With CETSP and CEARP we can model many real-world applications, problems related to the routing of drones. Unfortunately, in many real applications the drones are restricted to fly along the streets, or moving corridors, in certain areas and they are free to move to other areas. To model this scenario, we define the Close-Enough Generalized Routing Problem (CEGRP).

Definition

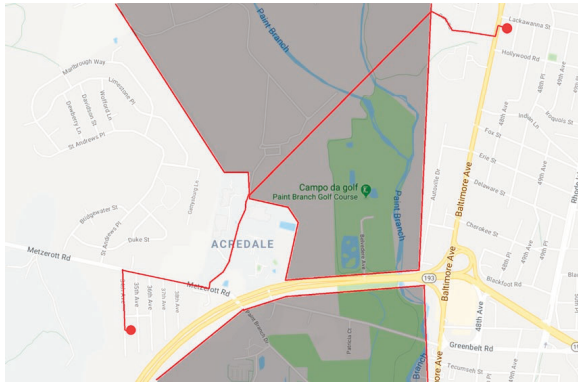


Fig. 2 - Example of CFZ and FFZ.

Methodology

We implemented several algorithms to solve the CEGRP problems: one algorithm selects randomly a sequence of nodes to cover; a second one generalizes the problem into a Generalized TSP and solves it following the mathematical model (Fig. 3). Another approach improves the solution iteratively using a Second Order Cone Program (SOCP) (Fig. 4). Finally, a genetic algorithm (GA) was implemented, which provides a solution applying the Darwinian notion of natural selection on a set of a feasible solutions, called chromosomes. We obtain a feasible solution repeatedly modifying the population, starting from a randomly-generated initial population. At each step, the GA selects individuals at random from the current population to be parents and uses them to produce the children for the next generation. Over successive generations, the population “evolves” toward an optimal solution.

Results

We tested our approaches on real instances, produced using a map of Campobasso through Google Maps. The results of our preliminary experiments provided us the necessary information to design the next generation of algorithms. Since CEGRP is a generalization of CETSP and CEARP, it was possible to compare our approach with the literature. We performed a comparison within different algorithms of the state of the art as shown in Figure 6. The results show that our algorithm was able to overcome the other approaches, finding best unique solutions and improving the existing ones of almost three time.



Fig. 1 - Delivery drone. The routes for these machines can be computed by solving a CETSP or CEARP problem.

We defined the Close-Enough Generalized Routing Problem (CEGRP) introducing the *Flight Zone* concept. For instance, if a drone is free to fly in a given zone, we denote it as *Free Flight Zone* (FFZ). Otherwise, if a drone is bounded to follow the road network, it's a *Constrained Flight Zone* (CFZ). Fig. 1 shows an example of FFZ and CFZ. The CEGRP is modeled on a graph $G = (V, A, M, Z)$, where V represents the set of nodes, A represents the set of arches, M represents the set of targets to serve, each target has a neighborhood of radius r , and finally Z represents the set of CFZ described before. The FFZ are not included because we can simply derive them as complementary set of CFZs.

$$\begin{aligned}
 & \text{MIN} \sum_{(i,j) \in E'} c_{ij} x_{ij} \\
 & \sum_{i \in N(v)} y_i = 1 \quad \forall v \in N \\
 & \sum_{i \in N(u), j \in N(v)} x_{ij} \leq 1 \quad \forall u, v \in N, u \neq v \\
 & \sum_{(i,j) \in E'} x_{ij} = 2y_i \quad \forall i \in V \\
 & \sum_{(i,j) \in E(S)} x_{ij} \leq |S| - 1 \quad \forall S \subset N, S \neq \emptyset \\
 & y_i \in \{0, 1\} \quad \forall i \in V \\
 & x_{ij} \in \{0, 1\} \quad \forall (i, j) \in E \\
 & c_{ij} \in \mathbb{R}^+ \quad \forall (i, j) \in E
 \end{aligned}$$

Fig. 3 - GTSP Mathematical Model.

$$\begin{aligned}
 & \text{MIN} \sum_{i=0}^{|N|} z_i \\
 & w_i = x_i - x_{i+1} \quad \forall i \in 0, \dots, |N| \\
 & u_i = y_i - y_{i+1} \quad \forall i \in 0, \dots, |N| \\
 & s_i = \bar{x}_i - x_i \quad \forall i \in 0, \dots, |N| \\
 & t_i = \bar{y}_i - y_i \quad \forall i \in 0, \dots, |N| \\
 & z_i^2 \geq w_i^2 - u_i^2 \quad \forall i \in 0, \dots, |N| \\
 & s_i^2 + t_i^2 \leq r_i^2 \quad \forall i \in 0, \dots, |N| \\
 & w_i, u_i, s_i, t_i, x_i, y_i, \text{ free} \quad \forall i \in 0, \dots, |N|
 \end{aligned}$$

Fig. 4 - SOCP Mathematical Model.

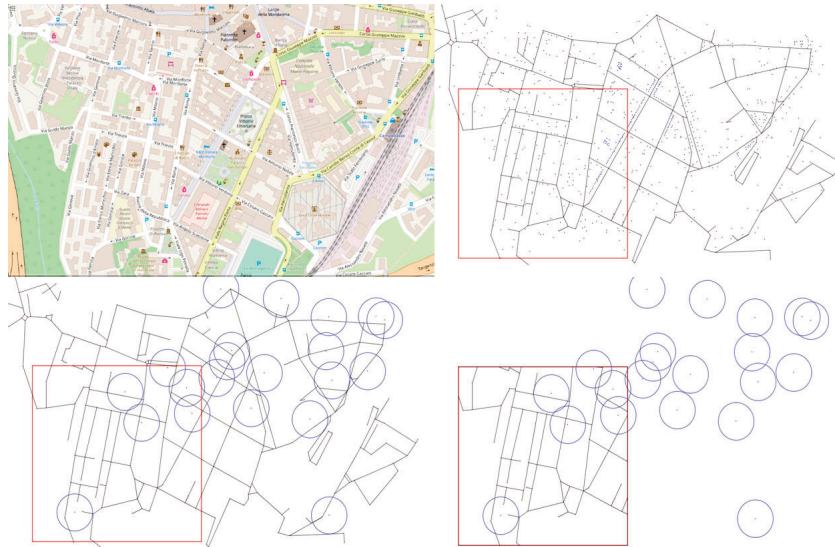


Fig. 5 - Example of instance produce by a map.

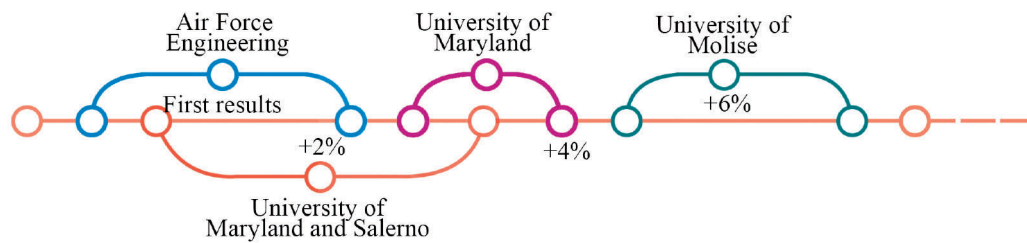


Fig. 6 - Comparison with the different approaches. Our GA gives an improvement of 6% to the found solutions.

- 1) X. Wang, B. Golden, E. Wasil (2019) Computers & Operations Research, 101: 200-219.
- 2) M. Drexler (2014) Journal of the Operational Research Society, 65(8): 1143-1154.

WILD MOLISE: IL PROGETTO DOVE IL RICERCATORE SEI TU!

S. DIAMENTE, M. FALCIONE, P. TAVONE, A. DI GIORGIO, G. DI IORIO, C. PANICCIA, A. LOY

Università degli Studi del Molise, Dip. Bioscienze e Territorio, Envix-Lab e Zoology-Lab, Contrada Fonte Lappone, 86090, Pesche (IS), Italia

La scienza dei cittadini, meglio nota come *Citizen Science* (CS), sta acquistando sempre più importanza nella Biologia della Conservazione (1) data la sua capacità di coinvolgere un gran numero di volontari non esperti e di raccogliere numerosi dati di presenza di specie che non sono spesso reperibili su vaste scale geografiche da singoli ricercatori (2, 3). Le segnalazioni raccolte attraverso le iniziative di CS rappresentano una fonte importante di dati per aree geografiche poco conosciute o per specie rare o minacciate, contribuendo a fornire un quadro aggiornato della loro distribuzione nel tempo e nello spazio.

Wild Molise (<https://www.inaturalist.org/projects/wild-molise>) rappresenta il primo progetto regionale di scienza partecipata ideato dagli studenti del corso di Laurea Magistrale in Biologia dell'Università degli Studi del Molise a cui tutti i cittadini possono liberamente contribuire.

Il progetto mira a raccogliere segnalazioni ed avvistamenti di fauna selvatica nella regione Molise, in particolare Vertebrati terrestri (Mammiferi, Rettili, Uccelli e Anfibi).

L'idea di base è semplice: se percorrendo una strada fuori città, passeggiando in un bosco o in un parco cittadino si avvistano degli animali vertebrati, è possibile segnalare l'osservazione inviando immagini, audio e/o video alla nostra pagina Facebook "*Wild Molise*" (<https://www.facebook.com/wildmolise>). La segnalazione dovrà essere corredata da alcune informazioni fondamentali: nome dell'osservatore, data (anche orientativa), luogo di avvistamento (coordinata con sistema di riferimento e/o toponimo) e tipo di segnalazione (es. impronta, investimento, osservazione diretta, preparato museale). Le osservazioni saranno in seguito caricate sul portale *iNaturalist*, la più importante piattaforma internazionale dedicata alla CS (4), specificando l'autore dell'osservazione. Le foto coperte da copyright saranno caricate sul sito insieme ad una firma digitale. Se non si conosce il nome della specie cui appartiene l'animale osservato, si potrà semplicemente indicare il nome generico in base al proprio bagaglio di conoscenze. Le specie saranno in seguito identificate da un componente del team *Wild Molise* e successivamente validate dalla comunità internazionale del portale *iNaturalist*, di cui *Wild Molise* è parte. Il portale offre diversi vantaggi: (i) è gratuito, online e accessibile a chiunque desideri registrarsi; (ii) fornisce la possibilità di identificazione grazie al contributo della comunità internazionale degli esperti registrati; (iii) permette l'aggiornamento automatico della nomenclatura e dello stato di conservazione delle specie basato sulle categorie IUCN (5); (iv) permette di conoscere se la specie inserita nella piattaforma risulta essere una specie aliena; (v) i dati inseriti sul sito subiscono un processo di validazione da parte dei membri iscritti alla community. La validazione fornisce un'ulteriore attendibilità alle segnalazioni raccolte nel progetto, permettendo il loro utilizzo ai fini della ricerca scientifica.

A partire dalla sua istituzione (2017), il progetto *Wild Molise* ha raccolto 640 osservazioni, per un totale di 158 specie di Vertebrati terrestri. Gli Uccelli rappresentano il gruppo di Vertebrati maggiormente segnalato (43% delle segnalazioni), essendo più facilmente osservabili e riconoscibili, seguiti dai Mammiferi (25%), Rettili (20%) e infine Anfibi (12%). Sono state segnalate 25 specie minacciate di estinzione inserite nella lista rossa nazionale IUCN (5), di cui 7 Minacciate (categoria EN), tra cui la lontra (*Lutra lutra*), l'ululone appenninico (*Bombina pachypus*) e il fraterno (*Charadrius alexandrinus*), 17 Vulnerabili (VU), tra cui il pievere tortolino (*Charadrius morinellus*), il rospo comune (*Bufo bufo*) e il lupo appenninico (*Canis lupus italicus*) e una specie, l'orso bruno marsicano (*Ursus arctos marsicanus*), Criticamente minacciata (CR). Sono state inoltre rilevate 26 specie inserite negli allegati II, IV e V della Direttiva Habitat 43/92/CE, per le quali le Regioni devono ogni sei anni inviare alla EU aggiornamenti sulla loro distribuzione nel territorio regionale. Inoltre sono state segnalate 5 specie introdotte: il diamante mandarino (*Taeniopygia guttata*), il fagiano comune (*Phasianus colchicus*), la testuggine marginata (*Testudo marginata*), il surmolotto (*Rattus norvegicus*) e la nutria (*Myocastor coypus*). Quest'ultima è inserita nella lista di rilevanza unionale che raggruppa le specie aliene invasive i cui effetti negativi sono talmente rilevanti da richiedere un intervento coordinato e uniforme a livello dell'Unione Europea attraverso il Regolamento (UE) n. 1143/2014, recante disposizioni volte a prevenire e gestire l'introduzione e la diffusione delle specie esotiche invasive. Per queste specie il rilevamento precoce (*early warning*) in un territorio attraverso la CS rappresenta una chiave per il successo del loro controllo.

L'utilizzo di Facebook come interfaccia per la raccolta delle segnalazioni e di promozione dell'iniziativa ha permesso, grazie alla facilità di accesso e alla sua diffusione come strumento di comunicazione, un maggior coinvolgimento dei cittadini, che attraverso la pagina possono anche essere coinvolti e sensibilizzati alle tematiche di conservazione della biodiversità. In futuro il progetto potrebbe essere ampliato ad altri taxa quali Vertebrati acquatici, Insetti, Molluschi o anche alla flora vascolare, avviandosi alla trasformazione in un portale dedicato al

monitoraggio della fauna e flora selvatiche del Molise.

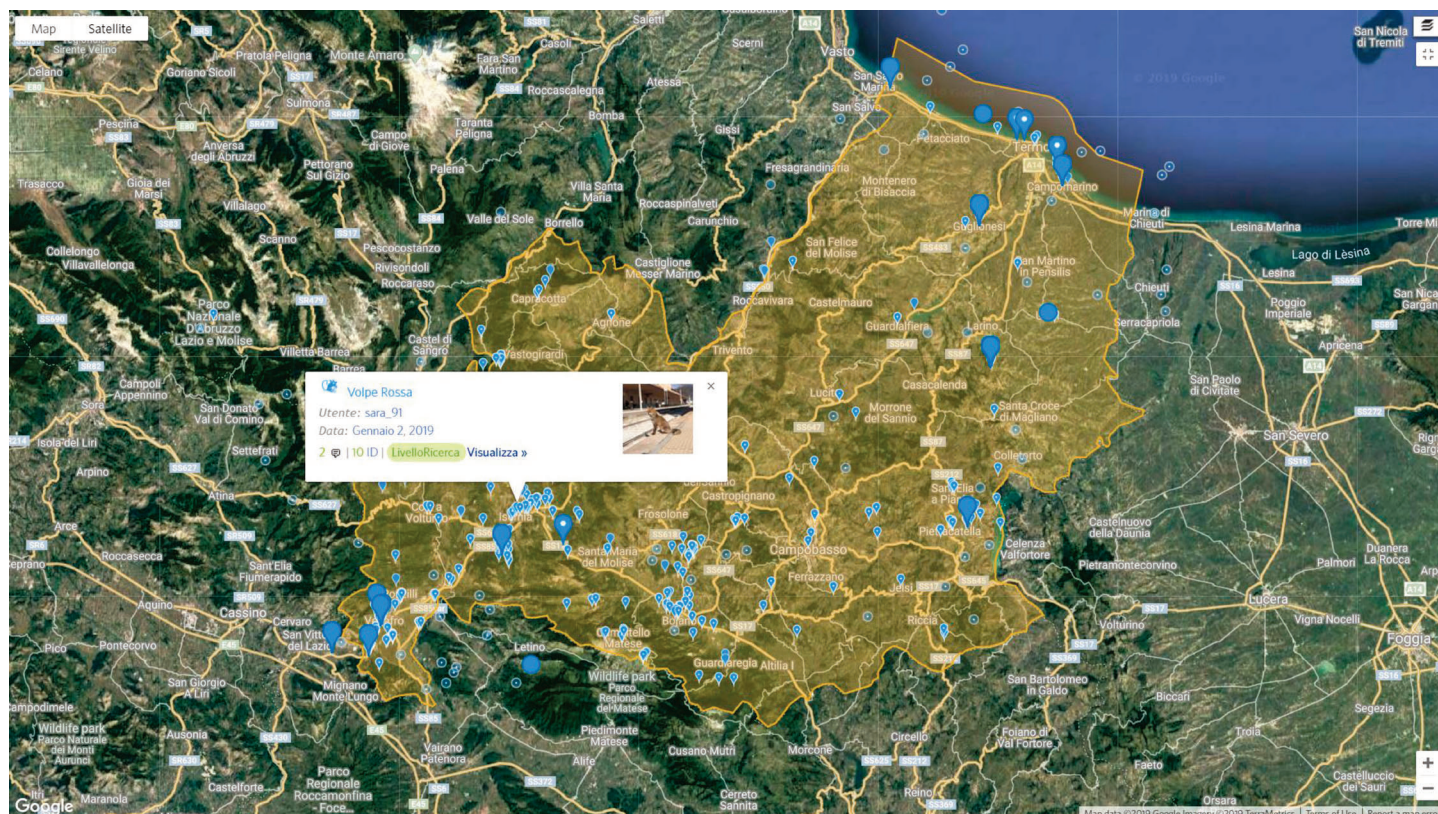


Fig. 1 – Mappa della regione Molise con le 640 segnalazioni di Vertebrati raccolte dal 2017 dal progetto di Citizen Science Wild Molise
<https://www.inaturalist.org/projects/wild-molise>.

- V. Devictor, R. J. Whittaker, C. Beltrame (2010) Diversity and distributions, 16(3): 354-362
- R. Bonney, J.L. Shirk, T.B. Phillips, A. Wiggins, H.L. Ballard, A.J. Miller-Rushing, J.K. Parrish (2014) Science, 343(6178): 1436-1437.
- R. Bonney, C. B. Cooper, J. Dickinson, S. Kelling, T. Phillips, K. V. Rosenberg, J. Shirk (2009) BioScience, 59(11): 977-984.
- iNaturalist. 2018. iNaturalist [online]. Website <https://www.inaturalist.org> [accessed 29 January 2019]
- IUCN (2019) The IUCN Red List of Threatened Species. International Union for Conservation of Nature and Natural Resources (IUCN). Version 2019.1. <https://www.iucn.org/> [accessed 29 January 2019]

SEISMIC RESPONSE ANALYSIS FOR THE SITE OF SAN GIULIANO DI PUGLIA (ITALY)

T. FIERRO¹, L. MIGNELLI¹, G. SCASSERRA¹, A. PAGLIAROLI², F. SANTUCCI DE MAGISTRIS¹¹Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università degli Studi del Molise, Via De Sanctis, Campobasso (Italy); ²Dipartimento di Ingegneria e Geologia, Università degli Studi “G. d’Annunzio” di Chieti-Pescara, viale Pindaro, Pescara (Italy).

On October 31st, 2002 an earthquake of $M_w=5.7$ struck the Molise Region and led to the collapse of the Francesco Jovine elementary school of San Giuliano di Puglia village, where wide differential damages were observed. This was due to the different vulnerability of buildings and the different subsoil characteristics of the area.

The subsoil of the site is composed of the stiff *Faeto flysch*, overlain by a clayey-marly unit (*Miocene Toppo Capuana Marls* formation), divided into two subunits. *Debris cover* overlies the uppermost clay layers. The abundance of site investigations and laboratory tests leads to a complete mechanical description of the units but does not give direct information about the buried morphology. Numerical analyses were performed by many authors and 2-D models of the crossing section of the main axis of the village were proposed. The *Anvil model* gave the most satisfying results by numerical back-analysis (1).

In 2012, a permanent accelerometric network was installed in the town (2). It consisted of three stations (see Fig. 1): SGMA located at 10 m below the g.l.; SGPA, consisting of a vertical array with two sensors positioned on the surface and at 53 m from the g.l.; SGSC, another vertical array, far from the main cross-section of the village, neglected in this study. When the network was installed, DH tests were performed at SGPA and SGMA (2). V_s values measured for SGPA resulted higher than those considered in previous studies, while data related to SGMA are comparable. We performed 1-D and 2-D numerical analyses to evaluate the seismic response of the village, by comparing numerically computed elastic response spectra with those obtained by the new recordings. The analyses were carried out considering SGPA vertical, using both the same subsoil model adopted in previous studies (1 - *Previous model* in Fig. 2) and a revised model based on the new V_s profile (*New model* in Fig. 2). The results were compared in terms of average values of the 5% damped elastic response spectra, for the deep station (-53 m) and for the surficial one. Twelve signals recorded by all SGMA and SGPA accelerometers were downloaded from the ESM database. At the time of the current work, processed records from 2013 to 2018 were available. The events had a magnitude ranging from 3.9 to 6.5 and epicentral distance (R_{epi}) ranging from 21.5 km to 199.1 km; PGA varies from 0.061 cm/s^2 to 7.468 cm/s^2 . Input motions were divided into two groups corresponding to intermediate-field and far-field events (respectively, $R_{epi} < 160 \text{ km}$, Group 1 and $R_{epi} > 160 \text{ km}$, Group 2). Input motions were obtained by deconvolution at bedrock outcropping condition ($V_s=1350 \text{ m/s}$) of the signals recorded at -10 m by SGMA.

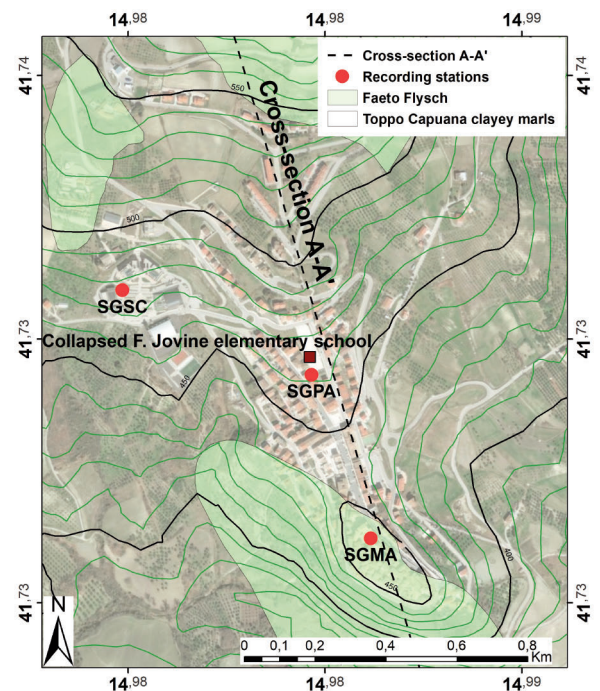


Fig. 1 – Accelerometric network in the village.

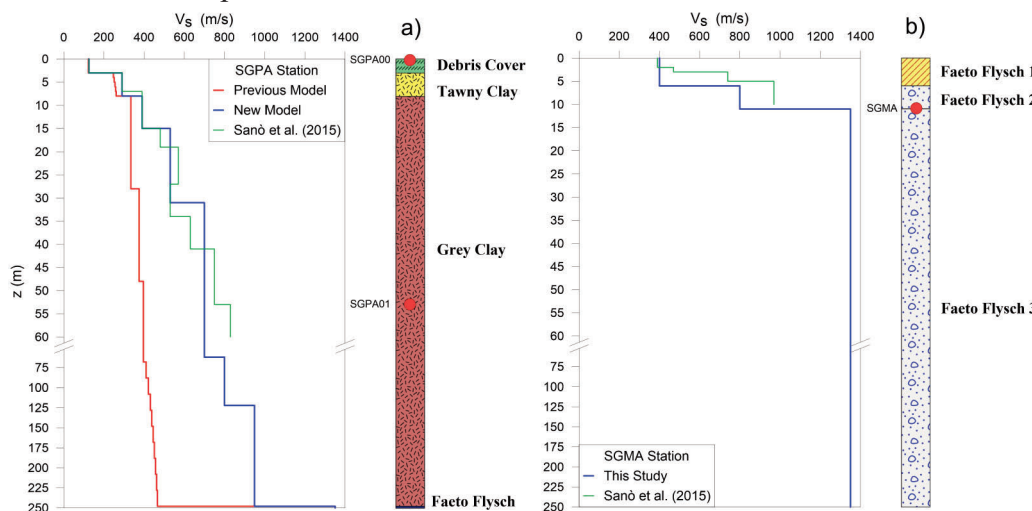


Fig. 2 – Soil profiles related to SGPA site (a) and SGMA site (b) used for 1-D analyses.

condition ($V_s=1350 \text{ m/s}$) of the signals recorded at -10 m by SGMA.

1-D analyses were performed using the software Strata (3) along the SGPA vertical. The two subsoil models were considered and the bedrock is assumed to be at 248 m from g.l. on the basis of Puglia (1). The comparison at -53 m showed an acceptable coherence between numerical response spectra and those obtained from recordings, probably related to negligible

site effects at this depth. At surface, the *New Model* spectrum showed a better fitting of mean recorded spectra than the *Previous Model* for $T > 0.3$ s, but underestimated the values at lower periods; the differences are less evident for the far-field input (Group 2) that seems to well capture the real data on surface, for all the tested subsoil models (Fig. 3).

The 2-D analyses were performed along the longitudinal A-A' cross-section (cf. Fig. 1) using the FE QUAD4M code (4). The *Anvil* subsoil model, assessed as the most appropriate in previous studies (1), was considered (see Fig. 4); one more model revised in this study was also adopted, assuming the V_s values extracted from the newly available measurements (cf. Fig. 2). To quantify the goodness of the different models, we computed the parameter d by Equation 1:

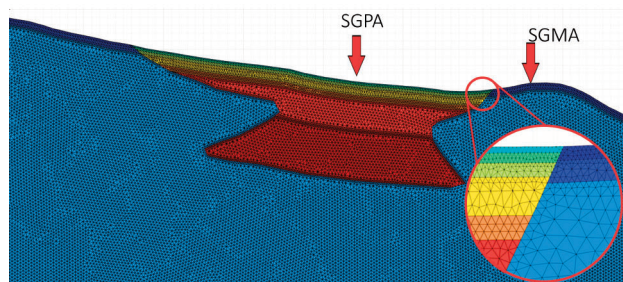


Fig. 4 – Soil model used for 2-D analyses: *Anvil*.

the *Previous Model* and close to zero. Both the models, instead, significantly underestimate the recorded ground motion in the case of Input-Group 1 and $T < 0.3$ s, as can be seen from the plots and the obtained large deviations. The case at -53m (Fig. 5) strongly confirms the adequacy of the *New Model* for both input groups with very low deviations for all the period steps.

The results here presented highlight the key-role played by information derived from the SGPA vertical array that allowed us to re-evaluate the subsoil model. It can be concluded that the rational use of recordings obtained from arrays, even if of costly acquisition, is an essential tool to obtain reliable subsoil model for seismic response analyses.

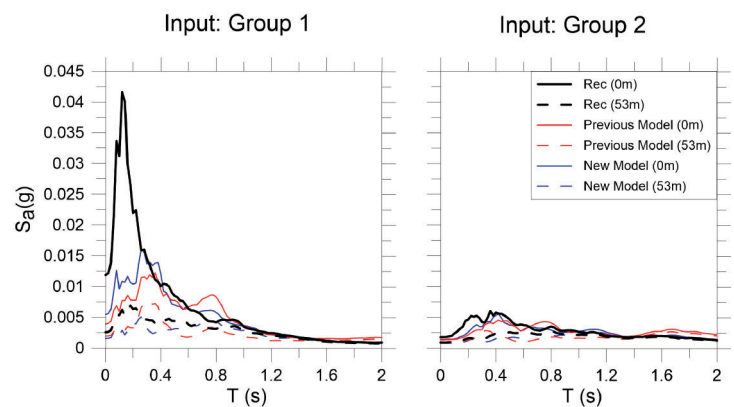


Fig. 3 – Acceleration response spectra for 1D analyses.

$$d = \frac{1}{N} \sqrt{\sum_{i=1}^N (S_{a,num}(T_i) - S_{a,rec}(T_i))^2} \quad (1)$$

where $S_{a,rec}$ and $S_{a,num}$ are the spectral accelerations, at the period T_i , from recordings and numerical analyses, respectively; N is the number of considered values.

Deviations d calculated for period steps of 0.2 s allow to detailed observations on the discrepancies between computed and recorded spectral accelerations (Fig. 5). Comparison on the surface (Depth:0m) confirms the goodness of the *New Model* for both input groups, but in Group 1 just for periods greater than 0.3-0.4s, with corresponding values of d always lower than

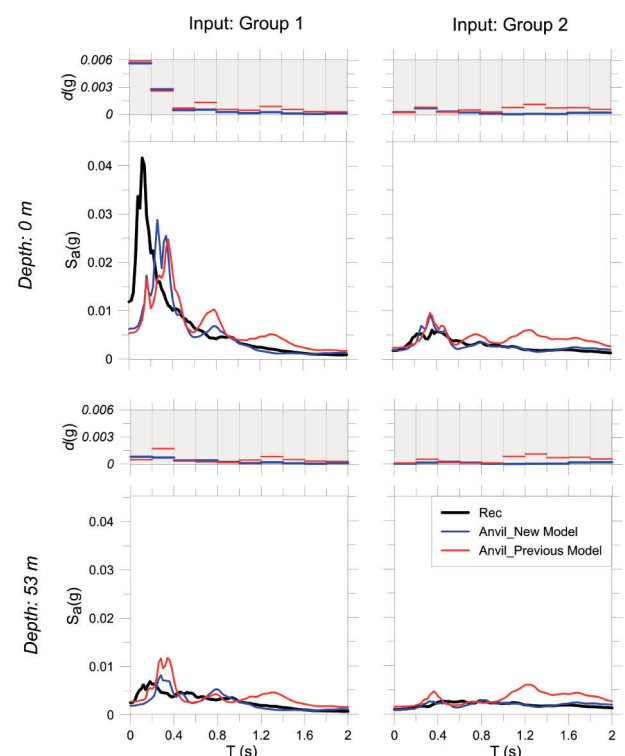


Fig. 5 – Acceleration response spectra for 2D analyses.

- 1) R. Puglia (2008) Analisi della risposta sismica locale di San Giuliano di Puglia. Università della Calabria..
- 2) T. Sanò, G. Bongiovanni, P. Clemente, D. Rinaldis (2015) Modellazione dei fenomeni di amplificazione locale basata su registrazioni accelerometriche al sito. ANIDIS 2015 – XVI Convegno.
- 3) A.R. Kottke, X. Wang, E.M. Rathje (2013) Technical Manual for Strata. University of Texas.
- 4) M. Hudson, I.M. Idriss, M. Beikae (1994) QUAD4M. A computer program to evaluate the seismic response of soil structures using finite element procedures and incorporating a compliant base. U.C., Davis, California.

THE GEOLOGICAL HERITAGE FOR THE ENHANCEMENT AND PROMOTION OF SUSTAINABLE TOURISM IN MOLISE. A PROPOSAL OF GEOLOGICAL ITINERARIES IN THE MATESE AREA

F. FILOCAMO, C.M. ROSSKOPF

Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università degli Studi del Molise, C.da Fonte Lappone, 86090, Pesche (IS).

The geological heritage of a territory is a fundamental component of the natural and cultural landscape and a direct expression of its geodiversity (1), becoming so a precious cultural resource. Geosites are the most representative expression of the geological heritage and privileged places that must be protected and safeguarded, thus their assessment, characterization and dissemination are essential. Thanks to their intrinsic characteristics, many geosites are particularly suitable for touristic exploitation, individually or in combination with other natural and cultural sites. They can provide an important contribution to the promotion and enhancement of the territory and contribute to the development of an alternative and sustainable tourism, supporting local development.

The present paper deals with the geological heritage of the Molise region whose territory is characterized by a high geodiversity. Seven geo-itineraries are presented for the south-western sector of the Molise region, the macro-area Matese-Conca di Boiano-Sepino (Fig. 1) aimed at the disclosure of its geoheritage to a non-scientific audience and the promotion of a sustainable tourism. The primary scientific interests of the 100 geosites assessed to date (2, 3) and their distribution in the 7 established macro-areas are shown in Fig. 1. More than half of the assessed geosites (54%) are geomorphosites (4). In addition to their high scientific value, most of the geosites are characterized by high didactic (62%) and/or scenic-aesthetic values (67%), furthermore most of them are located within protected natural areas (covering about 27% of the regional territory).

As shown in Fig. 1, the southwestern, mostly mountainous part of the region is much richer in geosites with respect to its eastern part, and the Matese area (MBS), being the richest one, is one of the most interesting sectors of the Molise territory as for geotourism purposes.

The seven itineraries developed in this area allow the observation (onsite and/or through panoramic views) of 24 of the 31 inventoried geosites. Selected geosites are characterized at least by medium mostly high scenic-aesthetic and didactic values. All itineraries are walking trails which in many cases use official trekking paths (Tab. 1). Four of them (M1, M3, M4, M6) interest the high mountain area, two (M5, M7) the border slope area, and one (M2) the Boiano Plain and the northern border slope.

The itineraries allow illustrating the most typical and representative geological aspects of this area and for each of them main geological topics have been defined and illustrated (Tab. 1). Based on the possible levels of geological interest and knowledge of visitors, these topics have been referred respectively to a basic level (I) and a higher to expert level (II). Level I includes the illustration of typical geological aspects (rock types, fossil types, etc), peculiar morphogenetic aspects and related landforms, as well as the tectonic and structural control on landscape/landform genesis. Level II focuses on the geological history and long-term geomorphological evolution of this sector of the Apennine chain. Specific descriptive cards have been prepared to illustrate and explain the different topics of the itineraries.

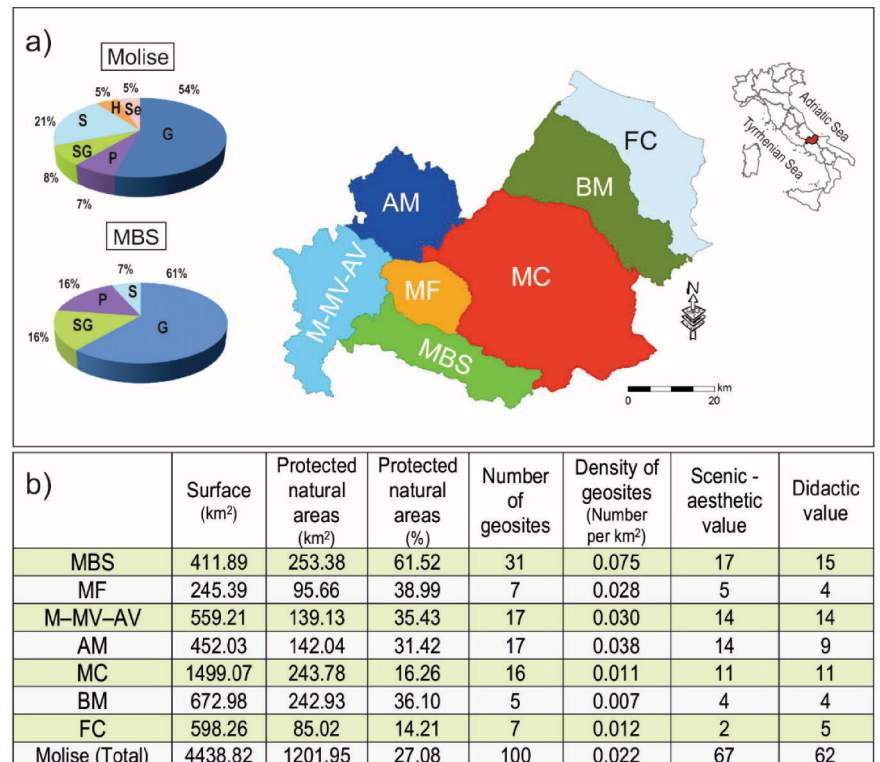


Fig. 1 - a) The Molise regionsubdivided in seven macro-areas: M-MV-AV=Mainarde-Monti di Venafro-Alto Volturno, MBS=Matese-Conca di Boiano-Sepino, MF=Montagnola di Frosolone, AM=Alto Molise, MC=Molise Centrale, BM=Basso Molise, FC =Fascia Costiera. The pie charts illustrate for the regional territory and for the MBS macro-area the assessed types of primary scientific interests (geosite types) and related percentages (G=Geomorphology, S=Stratigraphy, SG=Structural Geology, Se=Sedimentology, H=Hydrogeology, P=Palaeontology); **b)** Table showing for each macro-area and for the entire regional territory, the extension of protected areas (in km² and percentages), the number and density of geosites, the number of geosites with high scenic-aesthetic or didactic value.

Table 1- Synoptic table of the seven itineraries of the Matese area. The ID, type and name of geosites, the recommended official trekking paths and the main geological topics divided by targets (I=basic level; II=expert level) are show. G= Geomorphology, SG=Structural geology; P= Paleontology.

Itinerary	Geosite Id/Type	Geosite name	Trekking paths	Main geological topics
M1	A5/G	Cul di Bove abyss	CAI paths: 124-128, 124 SG, 100-124	I: Karst morphogenesis II: Tectonics Long-term hydrogeological evolution
	A6/G	Pozzo della Neve abyss		
M2	A15/G	Campochiaro alluvial fan	Tratturo Pescasseroli-Candela; CAI path: 118	I: Fluvial erosion/deposition Fault genesis Earthquake II: Pleistocene uplift and subsidence Slope modelling
	A14/G	Grotte San Rocco terraced alluvial fan deposits		
	A17/SG	La Civitella fault plane		
	A12/G	Coste della Defenza fault slope		
	A18/SG	Guardiaregia fault plane		
	A11/G	Quirino gorge		
M3	A3/G	Campitello Matese moraine deposits	CAI paths: 150 SI, 110-114, 114, 114b	I: Glacial morphogenesis/Pleistocene glaciations Karst morphogenesis Slope processes Carbonate rock formation Sedimentary facies and fossils II: Paleogeography Apennine orogenesis Landscape evolution under paleoclimate and tectonic influence
	A2/G	Campitello Matese polje		
	A1/G	Monte Miletto glacial cirques		
	A30/G	Serra le Tre Finestre surface karst features		
	A31/G	La Gallinola fault slope		
	A9/G	Campo Puzzo polje		
	A19/P	Serra Le Tre Finestre limestones with rudista and Ammonites		
	A10/P	La Costa Alta limestones with rudista and gastropods		
M4	A28/G	Campitello di Roccamandolfi karst depression	-	I: Karst morphogenesis II: Long-term landscape evolution under tectonic influence
	A29/G	Cambre karst field		
M5	A24/SG	Roccamandolfi fault	CAI path: 150 SI	I: Fault genesis Fluvial processes Glacial morphogenesis/Pleistocene glaciations II: Extensional tectonics Landscape evolution under paleoclimate and tectonic influence
	A21/G	Callora gorge		
	A4/G	Colle Tamburo glacial cirques		
M6	A21/G	Callora gorge	CAI path: SI 14	I: Fluvial processes Karst morphogenesis II: Landscape evolution under tectonic influence
	A20/G	M.te Caruso - Serra Valle Caprara tectono-karst depressions		
M7	A7/P	S. Polo Matese rudista limestones	CAI path: 122	I: Carbonate rock formation Sedimentary facies and fossils II: Apennine orogenesis Paleogeography
	A8/P	Colle Salva Signore Cretaceous succession		

- 1) M. Gray (2004) John Wiley & Sons Ltd, Chichester, 508 pp.
- 2) F. Filocamo, C. Maglieri, C.M. Roskopf, S. Baranello, O. Giannantonio, R. Monaco, M. Relvini, M. Iarossi (2011) *Geologia dell'Ambiente*, suppl. n 2/2011: 135-143.
- 3) C.M Roskopf, G. Di Paola, F. Filocamo (2014) available at <http://www3.regione.molise.it/flex/cm/pages/ServeBLOB.php/L/IT/IDPagina/382>.
- 4) M. Panizza (2001) *Chinese Science Bulletin*, 46: 4-6.

REALIZZAZIONE DI UN SISTEMA INFORMATIVO TERRITORIALE INTEGRATO (SITI) PER LA TUTELA DEGLI HABITAT TERRESTRI E MARINI DELLE COSTE ADRIATICHE ITALIANE E DI CIPRO

L. FRATE^{1,2}, I. PRISCO^{1,3}, F. MARZIALETTI¹, A. STANISCI¹, M.C. DE FRANCESCO¹, M.L. CARRANZA¹

¹Envix-Lab, Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università degli Studi del Molise, Via Hertz, Pesche (IS); ²Studio ForGIS, Via Kennedy 80, Isernia; ³Dipartimento di Scienze, Università Roma Tre, Viale G. Marconi 446, Roma.

Gli ecosistemi dunali rappresentano ambienti altamente eterogenei, caratterizzati da una diversità ecologica molto rilevante (1, 2). Allo stesso tempo tali ambienti forniscono una serie di importantissimi servizi per il benessere umano, come la protezione della costa, la purificazione delle acque, il mantenimento della biodiversità, il sequestro di carbonio, le attività ricreative e turistiche e l'educazione ambientale (3).

Negli ultimi decenni, tuttavia, si è assistito a un progressivo degrado di questi ecosistemi a scala globale, soprattutto negli ambienti dunali del Mediterraneo, dove una crescente pressione antropica ha messo in serio pericolo la sopravvivenza di specie e habitat caratteristici (4). In Europa specifici programmi di salvaguardia dell'ambiente hanno tentato di limitare la perdita di questi habitat ad esempio attraverso l'istituzione di una rete di aree protette ed in particolare la Rete Natura 2000 (Direttiva Habitat 92/43/CEE) che ha lo scopo di individuare e sottoporre a tutela aree (le Zone Speciali di Conservazione - ZSC) di elevato valore naturalistico e conservazionistico. I Programmi LIFE, co-finanziati dall'Unione Europea, hanno tra gli obiettivi anche il finanziamento di azioni per la tutela e la salvaguardia degli habitat inclusi nella Rete Natura 2000. In questo contesto è nato il progetto LIFE CALLIOPE (LIFE17 NAT/IT/000565- "Coastal dune hAbitats, subLittoraL sandbanks, marIne reefs: cOnservation, Protection, and thrEats mitigation") che ha come obiettivo la protezione e la salvaguardia degli habitat dunali, litorali e marini delle aree costiere della regione Abruzzo e della costa nord-orientale di Cipro (Fig. 1). Il progetto coinvolge in partenariato la Regione Abruzzo, l'Università del Molise, il CIRSPE (Centro Italiano Ricerche e Studi per la Pesca), il Ministero dell'Ambiente di Cipro e la Frederick University.

Il progetto LIFE CALLIOPE, avviato a novembre dell'anno 2018 (5), ha tra le azioni portanti la realizzazione del

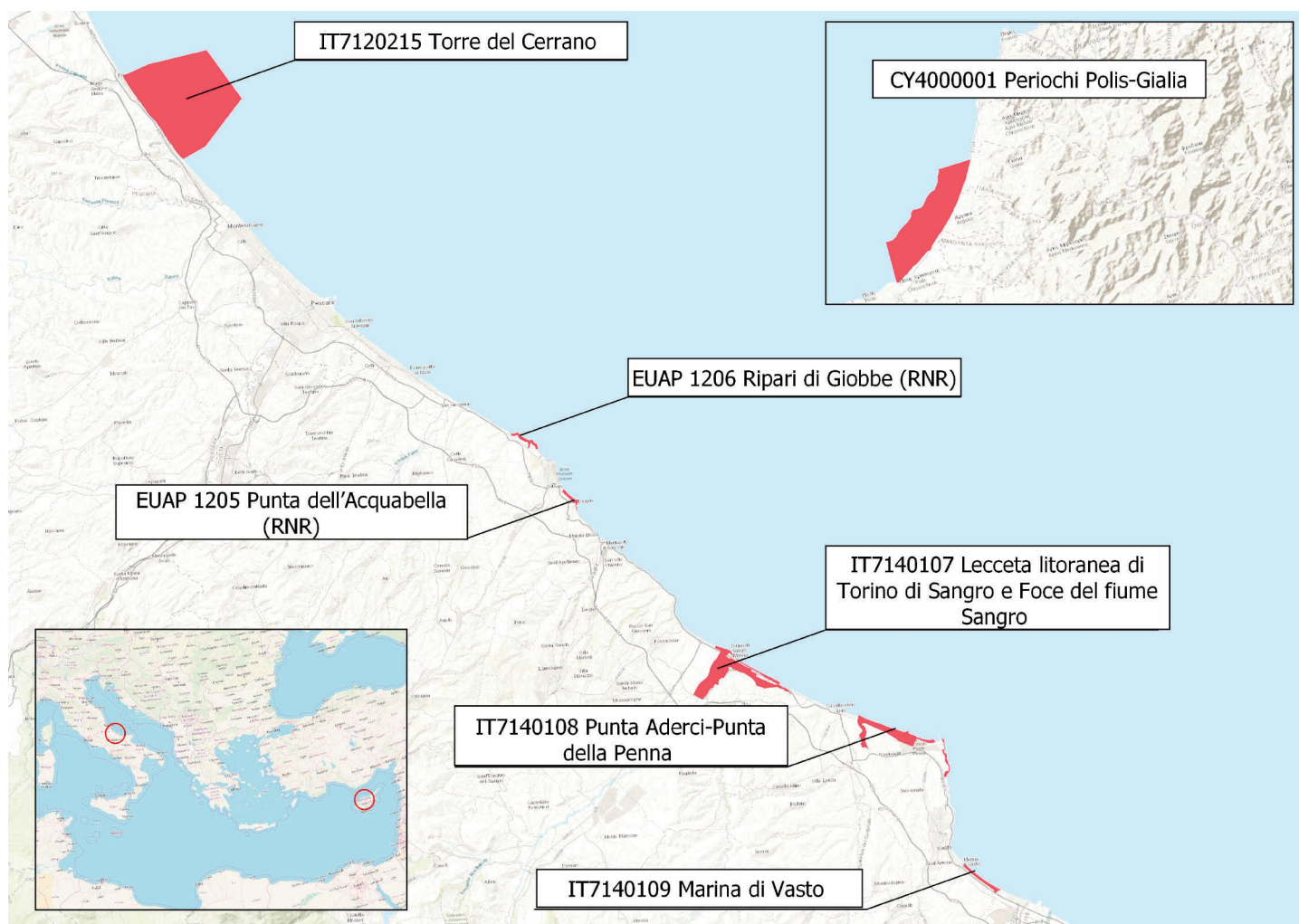


Fig. 1 – Siti interessati dal progetto LIFE Calliope.

Sistema Informativo Territoriale Integrato (SITI) come supporto alla diagnosi ambientale, la pianificazione delle azioni concrete di conservazione, il monitoraggio della loro efficacia nel tempo e la progettazione di un piano di azione per la costa abruzzese, mirato ad uno sviluppo locale sostenibile (Fig. 2). Si tratta di un GIS (Geographical Information System) delle aree costiere comprese nel progetto, che prevede la raccolta dei dati cartografici esistenti sui siti di interesse, come ad esempio

le cartografie di uso e copertura del suolo, degli habitat di interesse comunitario (Direttiva Habitat 92/43/CEE), delle infrastrutture, ecc. Sulla base di questi strati informativi verranno predisposte delle cartografie delle minacce alla biodiversità insistenti nei diversi tratti costieri, al fine di massimizzare in termini di efficacia le azioni di conservazione. Inoltre il SITI è utile alla definizione di un protocollo di monitoraggio dello

stato di conservazione e qualità degli habitat pre- e post-intervento. Dal punto di vista tecnico il SITI è realizzato utilizzando strumenti OpenSource: il software individuato per la gestione dei dati è QGIS, mentre il database, contenente i geodati, si basa su Spatialite/PostGIS. Il SITI viene quindi proposto come strumento di supporto alle decisioni nonché come strumento per la valutazione dell'efficacia delle misure di conservazione.

SITI CALLIOPE



Dati geografici

Database GIS



Habitat
Minacce
Specie

Monitoraggio

Azioni di
Conservazione

Fig. 2 – Sistema di Supporto alle Decisioni SITI CALLIOPE.

- 1) M. Drius, L. Jones, F. Marzioletti, M.C. de Francesco, A. Stanisci, M.L. Carranza (2019) Science of Total Environment, <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.02.364>.
- 2) M.C. de Francesco, M.L. Carranza, A. Stanisci (2018) Rendiconti Lincei, 29: 825-830.
- 3) Millennium Ecosystem Assessment (2005) World Resource Institute, 68 pp.
- 4) I. Prisco, A. Stanisci, A.T.R. Acosta (2016) Estuarine, Coastal and Shelf Science, 182: 40-46, doi: 10.1016/j.ecss.2016.09.012.
- 5) <http://envixlab.unimol.it/envixlab-e-conferenza-stampa-di-presentazione-life17-natit000565-calliope/>

MEASURING THE LEADING HADRONIC CONTRIBUTION TO THE MUON ANOMALOUS MAGNETIC MOMENT VIA MUON-ELECTRON SCATTERING

N. FRATIANNI, A. GIOIOSA, G.M. PIACENTINO

Università Degli Studi del Molise DiBT; C.da Fonte Lappone, Pesche (IS).

According to Quantum field theory the vacuum it is not really empty space. At quantum level it can be depicted as a rather crowded place with a number of continuously appearing and disappearing pairs of virtual particles, living ephemeral lives according to the Heisenberg energy-time uncertainty principle $\Delta E \Delta t \geq \hbar$. Interactions between ordinary particles are influenced by this quantum fluctuations because some contribution to the process can be ascribed to the appearance of these temporary energetic particles out of empty space. In relativistic quantum mechanics, elementary particles are described by the so called four-momentum. In an interaction in which two incoming particles 1 and 2 interact to generate two different particle 3 and 4, the four-momenta can be represented by three new variables (the Mandelstam variables) that are useful to describe three different interaction ways:

$$s = (p_1 + p_2)^2 = (p_3 + p_4)^2$$

$$t = (p_1 - p_3)^2 = (p_4 - p_2)^2$$

$$u = (p_1 - p_4)^2 = (p_3 - p_2)^2$$

so that: $s + t + u = m_1^2 + m_2^2 + m_3^2 + m_4^2$

The first, or **s-channel** (space-channel), represents an interaction with the conservation of energy (the so called invariant mass); the second, or **t-channel** (time-channel), imposes that the square of the 4-momentum exchanged is the same in emission and absorption, the third, or **u-channel**, is the same of the t-channel with particle 3 and 4 interchanged. The corresponding *Feynman diagrams* are the following:

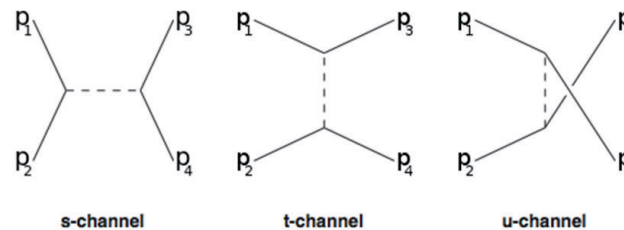


Fig. 1 - Feynman diagrams of different possible scattering events where the interaction involves the exchange of an intermediate particle whose squared four-momentum equals s , t , u , respectively.

Following Bjorken we also define the dimensionless x scaling variable:

$$x = \frac{Q^2}{2pq} \quad Q^2 = -q^2$$

where Q^2 represents the squared 4-momentum-transfer vector q of the exchanged virtual photon.

The interactions between ordinary particles and quantum vacuum lead to a tantalizing discrepancy of ~ 3.5 standard deviations between the measurement of the muon anomaly $a_\mu = (g - 2)/2$ performed by the E821 experiment at BNL and the Standard Model prediction (1, 2). Whether this discrepancy is real or not, it certainly calls for a more precise determination of a_μ . New experiments at Fermilab (E989, an evolution of E821) and at J-PARC (E34, with a completely different technique) aim to measure a_μ to 0.14 ppm. With the planned improvement of the measurement, it's important that the theoretical prediction improves as well. From the general point of view the SM contribution to the muon $g-2$ can be conveniently separated into three pieces: the Quantum Electrodynamics (QED), electroweak (EW), and hadronic (HAD) contributions: $a_\mu^{SM} = a_\mu^{QED} + a_\mu^{EW} + a_\mu^{HAD}$

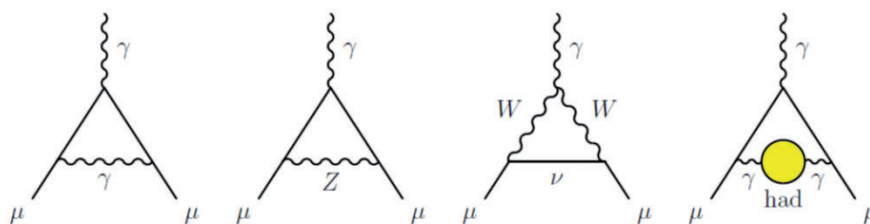


Fig. 2 - Representative diagrams contributing to a_μ^{SM} . From left to right: first order QED lowest-order weak, lowest-order hadronic.

The QED and the EW contributions are perturbatively calculable quantities with an uncertainty, according to current values, of 0.007×10^{-10} and 0.10×10^{-10} .

The leading-order hadronic vacuum polarization contribution, a_μ^{HLOVP} , currently represents the main limitation for

the theory due to the non-perturbative QCD behavior at low energy. An intense research program is underway with both timelike data and lattice calculations (3). Recently a new method to calculate a_{μ}^{HLO} with experimental input from direct measurement of the hadronic part of the photon vacuum polarization $\Delta\alpha_{\text{had}}(q^2)$ in the spacelike region has been proposed (4). As it can be seen in Figure 3, the real part of the photon vacuum polarization is a smooth function in the spacelike domain (i.e. at negative squared momentum transfer), contrary to the timelike behavior where it undergoes significant variations due to the presence of resonances and threshold effects.

The MUonE experiment, recently proposed at CERN, plans to measure the hadronic part of the running of the electromagnetic coupling constant in the spacelike region by scattering high energy muons on atomic electrons of a low-Z target through the elastic process $\mu e \rightarrow \mu e$ (5). The differential cross section of this process, μe transfer $t = q^2 < 0$, provides direct sensitivity to the leading-order hadronic contribution to the muon anomaly, a_{μ}^{HLO} (4). Assuming a 150 GeV muon beam with an average intensity of $\sim 1.3 \times 10^7$ muons/s, presently available at the CERN muon M2 beamline, incident on a target consisting of 60 Beryllium layers, each 1 cm thick, and two years of data taking with a running time of 2×10^7 s/yr, one can reach an integrated luminosity of about 1.5×10^7 nb $^{-1}$, which would correspond to a statistical error of 0.3% on the value of a_{μ}^{HLO} , obtained with a simulation of the lowest-order $\mu e \rightarrow \mu e$ cross section. We present in the following the state of the proposed experiment aimed to measure the hadronic (strong interacting particles) contribution to the scattering between Muons (a kind of heavy electrons) and normal electrons.

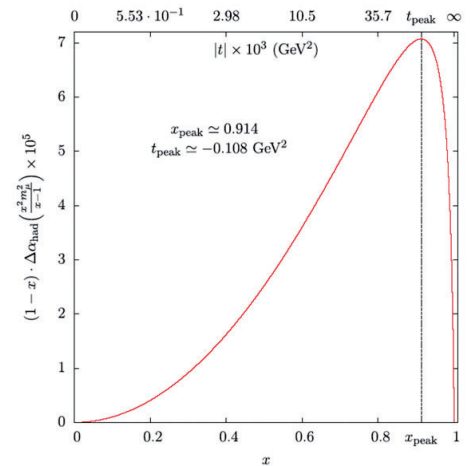


Fig. 3 - The term $(1-x)X\Delta\alpha_{\text{had}}(t(x))x10^5$ as a function of x and t . The peak value is at $x_{\text{peak}} \approx 0.914$, corresponding to $t_{\text{peak}} \approx -108 \text{ GeV}^2$.

- 1) F. Jegerlehner, Springer Tracts Mod. Phys. 274 (2017).
- 2) T. Blum, A. Denig, I. Logashenko, E. de Rafael, B. L. Roberts, T. Teubner and G. Venanzoni, arXiv:1311.2198 (hep-ph).
- 3) Muon g-2 Theory Initiative, see for example <https://indico.fnal.gov/event/13795/>.
- 4) C.M. Carloni Calame, M. Passera, L. Trentadue and G. Venanzoni, Phys. Lett. B 746 (2015) 325.
- 5) G. Abbiendi et al., Eur. Phys. J. C 77 (2017) no.3, 139.

POTENTIAL DISTRIBUTION AND NICHE OVERLAP ANALYSIS IN THREE OTTER SPECIES: *LUTRA LUTRA*, *AONYX CINEREUS* AND *LUTROGALE PERSPICILLATA*

P.S. JAMWAL, M. DI FEBBRARO, M.L. CARRANZA, A. LOY

Environmetrics Lab, Dipartimento Bioscienze e Territorio, Università del Molise, Contrada Fonte Lappone, 86090 Pesche, Italy.

Introduction

Otters are semiaquatic carnivores highly adapted to a wide array of habitats ranging from the marine to the freshwater environments. Otters are primary predators and major indicators of healthy wetland ecosystem (1). They also serve as flagship and key species (2). Among the 13 otters species reported worldwide, Asia is home to five of them (3). Eurasian otter (*Lutra lutra*), Smooth-coated otter (*Lutrogale perspicillata*), and Small-clawed otter (*Aonyx cinereus*) occur in India, where they are listed as endangered (4) and protected under the Wildlife (Protection) Act, 1972. Our specific objectives were in present study were 1) to define the most up-to-date distribution range of *L. lutra*, *A. cinereus* and *L. perspicillata* worldwide. Define the potential distribution of the three species through species distribution modelling (SDM); 2) to quantify the degree of niche overlap and similarity between each combination of species pairs; 3) to detect any discrepancy between actual and potential distribution range of each species that could be interpreted as evidence of competitive exclusion

Methods

We obtained species occurrences from the literature and online repositories (i.e. Global Biodiversity Information Facility (GBIF) and iNaturalist). We considered bioclimatic predictors derived from the WORLDCLIM database, along with Normalized Difference Vegetation Index (NDVI) and Net Primary Productivity (NPP) gathered from MODIS and covering the 2000-2017 period, flow accumulation and elevation. All the predictors were rasterized at a spatial resolution of 20 km. We checked for predictors multicollinearity by posing a variance inflation factor ≤ 7 . The distributions of the three species were modelled using an ensemble forecasting approach within the biomod2 R package (5), averaging the predictions of four commonly-used modelling techniques: generalized linear model (GLM), generalized additive model (GAM), gradient boosting machine (GBM), random forest (RF) and maximum entropy (MAXENT) models. For each modelling technique, 10 repetitions were performed using random sets of 70% of the initial occurrences to calibrate the model and using the remaining 30% to evaluate their predictive performance. The niche analysis performed independently of the SDMs that were used to define the potential distributions of the species. We performed niche overlap analyses using the analytical framework proposed by Broennimann et al. (6) that has been adopted in several studies (7). Within this framework, the available environmental space of the three species was used to train a principal component analysis (PCA). Species records and ecological conditions were projected into this PCA space. We performed the niche similarity test *sensu* Warren et al. (8), a procedure that evaluates if two species are more similar/different in their niche space than expected by chance, by using their exact locations and the surrounding environmental conditions. Values of Schoener's D for the ten replicated occurrence datasets were then averaged, and the percentage of tests yielding significant outcomes was considered.

Results

The SDMs for the three species achieved excellent predictive performances with mean AUC values 0.93 (SD=0.07) and TSS values 0.73 (SD = 0.020) for *L. lutra*, 0.95 (SD=0.02) and 0.87 (SD=0.05) for *A. cinereus*, and 0.97 (SD=0.04) and 0.89 (SD=0.01) for *L. perspicillata* (Table 1), with values above 0.6 considered to be good and 0.2 – 0.6 to be fair to moderate. Our analysis showed that 77.48 % (SD=10.19), 77.32 % (SD=9.31) and 75.26 % (SD=10.68) of the respective IUCN ranges is suitable for *L. lutra*, *L. perspicillata* and *A. cinereus* respectively. The first two PCs explained 60% of the total variance in the data. Within the PCA space, *L. lutra* niche was the widest among the three species, showing a core placed toward high values of NDVI (of July), NPP and Precipitation of Driest Quarter (bio17). The other two species niches are placed along a gradient of NDVI (of February), Annual Mean Temperature (bio1), Mean Temperature of Wettest Quarter (bio8) and Precipitation of Wettest Month (bio13), with *A. cinereus* niche laying toward higher values of these predictors than *L. perspicillata*. Niche similarity tests revealed significant niche similarities between *A. cinereus*

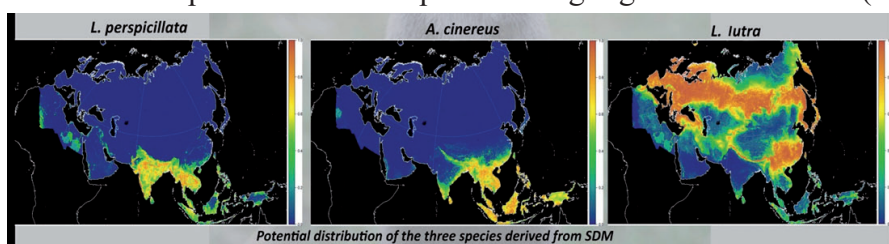


Fig. 1 - Potential distribution of the three species derived from SDMs.

and both *L. lutra* ($D=0.40$, $p<0.05$) and *L. perspicillata* ($D=0.56$, $p<0.05$). Furthermore, we observed significant similarity between *L. perspicillata* and *A. cinereus* ($D=0.56$, $p<0.05$) but not between *L. perspicillata* and *L. lutra* ($D=0.31$, $p\geq 0.05$). Lastly, *L. lutra* exhibited not-significant niche similarities with the other two species (with *A. cinereus*, $D=0.40$, $p\geq 0.05$; with *L. perspicillata*, $D=0.31$, $p\geq 0.05$).

Conclusion

We know SDMs currently involve numerous assumptions and uncertainties. There are means of approaching some of the assumptions and reducing the uncertainties, however understanding what we are having may enable us to focus our efforts on advancing niche-based modelling. At relevant scales, the output of current SDMs can give glimpses of probable future that can be valuable in conservation resource management.

- 1) H. Kruuk, D.N. Carss, J.W.H. Conroy, L. Durbin (1993) Symposia of the Zoological Society of London, 65: 171-191.
- 2)
- 3) P. Foster-Turley (1992) Ph.D. Thesis, University of Florida, 172pp.
- 4) S. A. Hussain (1999) Envis Bulletin – Wildlife and Protected Areas, 2(2): 92-97.
- 5) W. Thuiller, B. Lafourcade, R. Engler, M.B. Araujo (2009) Ecography, 32: 369-373.
- 6) O. Broennimann, M.C. Fitzpatrick, P.B. Pearman, B. Petitpierre, L. Pellissier, N.G. Yoccoz, W. Thuiller, M.-J. Fortin, C. Randin, N.E. Zimmerman, C.H. Graham, A. Guisan (2012) Global Ecology and Biogeography, 21(4): 481-497.
- 7) M. Di Febbraro, P.W.W. Lurz, P. Genovesi, L. Maiorano, M. Girardello, S. Bertolino (2013) PLoS ONE 8(7): e66559.
- 8) D.L. Warren, R.E. Glor, M. Turelli (2008) Evolution, 62(11): 2868-2883.

WEARABLE DEVICES AND MACHINE LEARNING FOR TELE-HEALTHCARE: THE ATTICUS PROJECT

G. LAUDATO¹, S. SCALABRINO¹, F. BOLDI², A.R. COLAVITA³, L. DE VITO⁴, G.R. DONADELLI⁵, L. GALLO⁶, R. MALATESTA⁶, R. OLIVETO¹

¹University of Molise, Pesche (IS), Italy; ²Xeos.it srl, Roncadelle (BS), Italy; ³ASREM – Regione Molise, Campobasso (CB), Italy; ⁴University of Sannio, Benevento (BN), Italy; ⁵Disc spa, Bergamo (BG), Italy; ⁶Regione Molise, Campobasso (CB), Italy.

Healthcare plays a crucial role in modern societies. Monitoring the health status of elders and people with medical conditions is not always feasible outside hospitals. However, in most of the cases, hospitalization is too invasive for individuals and expensive for the whole health system. In this paper, we present ATTICUS (Ambient-intelligent Tele-monitoring and Telemetry for Incepting & Catering over hUman Sustainability), an innovative teleservice and remote monitoring system for ambient-assisted living. Through the analysis of vital and behavioural parameters, ATTICUS allows doctors as well as caregivers to continuously and accurately monitoring the health of targeted users aiming to incur timely intervention in case of necessity.

ATTICUS is composed by several components. The first component is represented by a smart wearable device (S-WARE), made by innovative materials that allow to acquire with low invasiveness vital parameters of the person (*e.g.*, cardiac activity, temperature, respiratory behaviour). The electrodes integrated into the wearable are created through a specific carbon-based membrane and fixed through a heat-seal technique. Few minutes after the membrane and the skin get in contact, the wearable adapts to the skin by creating a small layer of sweat. This will allow the material to reach a better cohesion with the skin, reducing also potential noise caused by movement artefacts. A first prototype of the S-WARE, aiming at ensure stability and good quality of biomedical signal, is depicted in (Fig. 1). The electrodes are positioned to obtain at least three positive ECG leads, according to the Holter standard configuration (1). The wearable's main requirement is to become a *smart second skin*, in the sense that the final user needs to be comfortable during the monitoring and, specifically for women, it must allow to wear easily the underwear.

The second component, the S-WARE, is represented by an electronic device capable of process and store locally acquired data. The input data of the S-WARE, represented as electric potential difference (*i.e.*, voltage), are processed to obtain waveforms and biometric signals. Specifically, the S-WARE is able to monitor the following parameters:

- **ECG:** a waveform expressed in Voltage which describes the cardiac activity;
- **Breathing wave:** it represents the breathing activity;
- **Temperature:** it represents the temperature of the skin.

The S-WARE also integrates 6-axes accelerometer and gyroscope to monitor accelerations in a specific direction, posture, etc.

Finally, the S-WARE is in charge to transmit the acquired data in real time via wireless connection to a home station (ambient intelligence device) or a monitoring station. The “ambient intelligence” device (S-BOX), is a home host that acquires, stores, and elaborates information from one or more S-WARE-s. Such a device aims at being a bridge between the S-WARE-s and the central Decision Support System (DSS), which is the core part of ATTICUS. The DSS collects information from home stations (S-BOX) and checks through a high-precision “big data” analysis method the actual occurrence of anomaly, classifying them according a specific level of severity, and generating a special alarm for a monitoring station. In the monitoring station, the last component of ATTICUS, specialized operators receive the alarms generated by the DSS of ATTICUS and, once confirmed the alarm generated by ATTICUS, activate rescue or consequent recovery actions.

The ATTICUS project started on September 2018. In the current phase of the project, in collaboration with the cardiological department of the hospital “Cardarelli” in Campobasso, we are collecting different monitoring requirements and scenarios to assess which kind of patients can be involved in the first evaluation of ATTICUS. We are also defining which ECG features need to be monitored for a specific cardiac disease. For example, one potential final user could be a person with transient loss of consciousness, thus with syncope. Syncope is a T-LOC

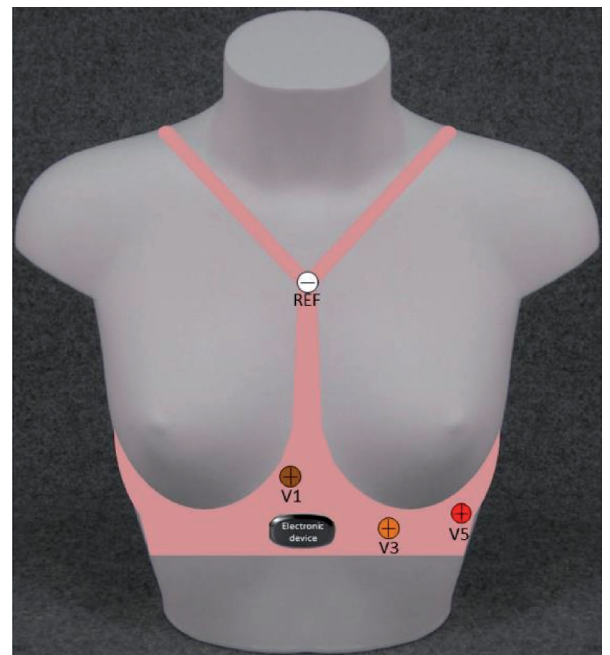


Fig. 1 - First draft of the S-WARE prototype.

(Transient Loss Of Consciousness) due to transient global cerebral hypoperfusion characterized by rapid onset, short duration, and spontaneous complete recovery (2). The cumulative incidence of syncope ranges from 5% in females aged 20 to 29, up to 50% in females aged 80 and above. Furthermore, one-third of medical students report at least one syncopal episode in their life-time. The life-time cumulative incidence of syncope in women is almost twice that of men. Syncope accounts for up to 1–3% of hospital admissions and Emergency Room (ER) visits and in these settings is associated with cardiovascular co-morbidity and cardiovascular pharmacotherapy. In adults syncope is a major cause of morbidity and mortality with enormous personal and wider health economic costs (3). In this specific scenario, the role of ATTICUS is to provide a real-time monitoring, whether morphological (such as the duration of QRS complex) or rhythmic (*e.g.*, bradycardia or tachycardia) (4). The project will last on March 2021. We plan to have a first prototype of the ATTICUS component by Spring 2020.

1) HTM, Health Telematic Network - “MANUALE ECG DINAMICO 24/48h (HOLTER WALK400h)”

2) Moya A, Sutton R, Ammirati F, et al., (2009) *Eur Heart J*, 30(21): 2631-2671.

3) R. Kenny, J. Bhangu, Bellinda L., King-Kallimanis (2013) *Progress in Cardiovascular Diseases*, 55(4): 357-363.

4) A. Durães, L. Passos, H. Falcon, V. Marques, M. Medeiros, J. Martins (2016) *Interventional Cardiology Journal*, 2(1): 7.

PHENOLOGICAL CLASSIFICATION OF COASTAL ECOSYSTEMS USING SENTINEL 2 DATA: AN APPLICATION FOR MAPPING DUNE HABITATS IN CENTRAL ITALY

F. MARZIALETTI¹, S. GIULIO², M. MALAVASI³, M.G. SPERANDII², A.T.R. ACOSTA², M.L. CARRANZA¹

¹Envix-Lab, Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università degli studi del Molise, C.da Fonte Lappone, 86090 Pesche, Isernia, Italy; ²Dipartimento di Scienze, Università Degli Studi di Roma Tre, V.le Marconi 446, 00146 Roma, Italy; ³Department of Applied Geoinformatics and Spatial Planning, Faculty of Environmental Sciences, Czech University of Life Sciences, Kamýcká 129, 165 21 Prague 6, Czech Republic.

Being characterized by the presence of complex mosaics of habitats distributed in relatively small areas (1), coastal dunes have long represented a challenge for habitat mapping and monitoring (2). Despite their rich biodiversity supporting several ecosystem services (3), coastal dunes are exposed to several human pressures (4). In this context, the use of open access remotely sensed image data looks promising (5). In particular, the high spectral, spatial and temporal resolution of Sentinel-2 images might be crucial for coastal dunes mapping, which need to be further explored (6).

We explored the potential of Sentinel-2 images for mapping coastal dunes natural vegetation. In particular we produced a new phenological vegetation classification of coastal dunes in central Italy using multitemporal NDVI profiles. An extra effort was devoted to harmonization the results within existing classification systems. The classification procedure, carried out in the open source SNAP toolboxes, is schematically reported in Figure 1.

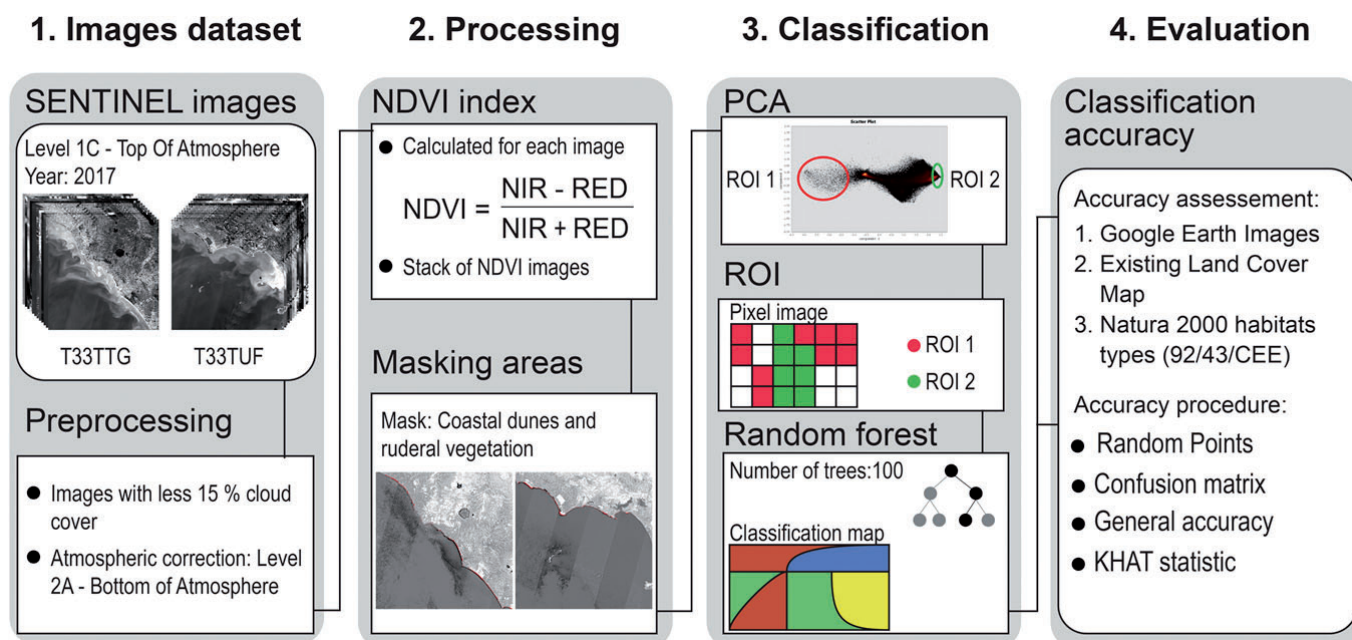


Fig. 1 - Workflow synthesizing the mapping procedure of dune natural vegetation based on NDVI time series and RF approach.

Spectral analysis, performed on a multitemporal stack of atmospherically corrected images, was based on the Normalized Difference Vegetation Index (NDVI) variation throughout the year 2017, which we considered as proxy of vegetation phenological proprieties (7). Multitemporal NDVI images were then classified using random forest classifier (RF) (8).

Map accuracy was assessed by computing an error matrix and the KHAT statistic (9), comparing the results, through visual inspection over 250 random points, with the Google Earth images (10).

Following a hierarchical criterion, we identified two levels of phenological cover classes: the first one being coarser and including three classes (Open Sand, Herbaceous Vegetation and Woody Vegetation), and the second one identifying five classes (Open Sand, Partially Vegetated Dunes, Dense Vegetated Dunes and Ruderal Vegetation, Sparse Woody Vegetation, and Continuous Woody Vegetation).

We harmonized the maps comparing them to Natura 2000 habitat types identified for 135 random points of coeval field data (11) and to a previous cartographic product obtained by photointerpretation (12).

The final product shows a good level of accuracy with respect to Google earth images visual interpretation (first level: overall accuracy 88% and KHAT statistic 79%; second level: overall accuracy 79% and KHAT statistic 71%). At the coarser level, the harmonization of the maps with existing coastal dunes classification schemes showed good congruence. Therefore, our product is harmonized with previous monitoring data, suggesting the great potential of the proposed approach as a monitoring instrument, offering the bases for long-term ecological

studies.

Our results underline the effectiveness of classifying Sentinel-2 multi-temporal NDVI images for mapping highly heterogeneous systems, as coastal dunes. Moreover, they open an encouraging perspective to enhance, with reduced time and costs, the monitoring techniques with open source earth observation data in Europe, especially in Mediterranean sand dunes landscapes, and to accomplish the guidelines of Habitats Directive (92/43/CEE).

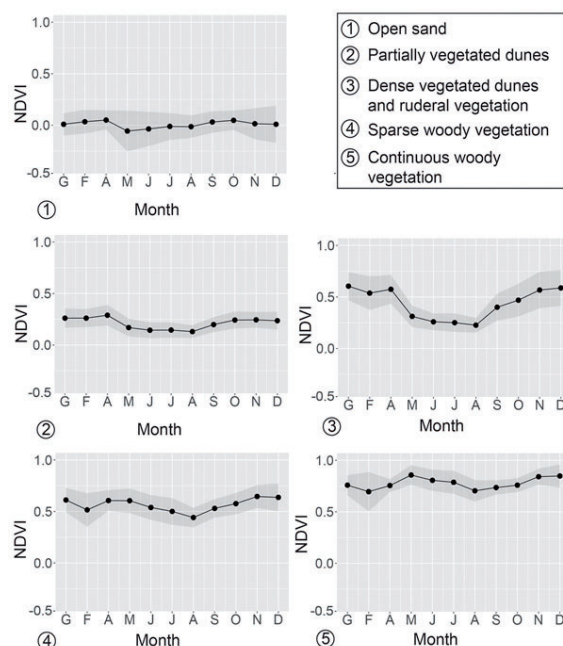


Fig. 2 - Mean of NDVI time series value for each class.

- 1) A.T.R. Acosta, A. Stanisci, S. Ercole, C. Blasi (2003) *Phytocoenologia*, 33(4): 715-726.
- 2) M. Bazzichetto, M. Malavasi, A.T.R. Acosta, M.L. Carranza (2016) *Ecological Indicators*, 71: 618-626.
- 3) M. Everard, L. Jones, B. Watts (2010) *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 20: 476-487.
- 4) J.P. Doody (2013) Springer, pp. 1-302.
- 5) A.R. Huete (2012) *Geography Compass*, 6: 513-532.
- 6) M. Drusch, U. Del Bello, S. Carlier, O. Colin, V. Fernandez, F. Gascon, B. Hoersch, C. Isola, P. Labertini, P. Martimort, A. Meygret, F. Spoto, O. Sy, F. Marchese, P. Bargellini (2012) *Remote Sensing of Environment*, 120: 25-36.
- 7) C.J. Tucker (1979) *Remote Sensing of Environment*, 8(2): 127-150.
- 8) A. Juel, G.B. Groom, J.C. Svenning, R. Ejrnæs (2015) *International Journal of Applied Earth Observations and Geoinformation*, 42: 106-114.
- 9) R.G. Congalton, K. Green, (2009) CRC Press Taylor & Francis Group, 2nd ed: pp. 1-183.
- 10) A. Tilahun, B. Teferie (2015) *American Journal of Environmental Protection*, 4(4): 193-198.
- 11) M.G. Sperandii, I. Prisco, I. Stanisci, A.T.R. Acosta (2017) *Phytocoenologia*, 47(2): 231-232.
- 12) M. Malavasi, R. Santoro, M. Cutini, A.T.R. Acosta, M.L. Carranza (2016) *Plant Biosystems*, 150(1): 73-82.

PREDICTING PROTEIN-PROTEIN INTERACTIONS FROM EXPRESSION DATA: A COMPREHENSIVE ASSESSMENT OF A *PICEA ABIES* AND *POPULUS TRICHOCARPA* NETWORKSG. MEFFE¹, B. SCHIFFTHALER², N. STREET², N. DELHOMME³⁺, G. SFERRA¹⁺¹Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università degli Studi del Molise, Contrada Fonte Lappone 86090, Pesche (IS); ²Umeå Plant Science Centre, Department of Plant Physiology, University of Umeå, Umeå (SE); ³Umeå Plant Science Centre, Department of Plant Physiology and Forest Genetics, Swedish University for Agricultural Sciences, Umeå (SE). + equal contribution

Computational approaches to predict protein-protein interactions (PPIs) at a genome-wide level are supported by rapid accumulation of data generated from experimental techniques. The usage of co-expression data to infer interacting proteins is a thoroughly tested strategy (1) and the combination of predictions coming from different algorithms has been shown to improve the overall prediction performance (2).

Here, we focus on the analysis of PPIs predicted from expression data in *Picea abies* and *Populus tremula* (3-5) which are between the most ecologically and economically important plants in Europe (6) and are model systems for plant science research (7,8). Specifically, *seidr*, a toolkit to create crowd networks (9), was applied to expression data from wood sample of *P. abies* (Norwood) and from wood and leaf sample of *P. tremula* (Aspleaf and Aspleaf).

Ten different algorithms, implemented in *seidr* (ARACNE, CLR, GENIE3, LLR, NARROMI, PCOR, Pearson correlation, PLSNET, Spearman correlation, TIGRESS; 10-17), were applied on each of the three datasets to perform PPI prediction (individual networks). Then, by applying a method based on the inverse rank product, the ten individual networks resulting from each dataset were combined into a final prediction (full rank network). Moreover, a backbone approach (18) was applied to the full rank networks to eliminate noisy background-interactions (backbone network).

Our first goal was to analyze the individual, full rank and backbone networks to define the predictive performance of each. A second goal was to define different strategies to combine individual networks and to test the predictive performance of the meta-network coming from each combination. To achieve this, we first assessed the predictive performance of each network by constructing a confusion matrix through the comparison of the predicted PPIs with Gold Standards (GS). A first set of functional GS was derived from KEGG (19-21). The proteins belonging to each pathway were considered as functionally interacting and paired to construct the positive GS (pGS). A graph-based procedure was adopted to select proteins from pathways which separation was of a shortest path longer than five. These proteins were included as non-interacting pairs in the negative GS (nGS). The number of PPIs found in the pGS were classified as true positives (TPs), while the number of PPIs found in the nGS represented false positives (FPs). False negatives (FNs) were indicated by PPIs found in pGS that failed to be predicted, while true negatives (TNs) were PPIs not predicted in nGS. Recall and specificity were derived and the Area Under the ROC Curve (AUC, trapezoid method) was calculated.

Assessment of the individual, full rank and backbone networks using the GS derived from KEGG showed low performances, with AUCs ranging from ~0.5 to 0.75. This is probably due to the incomplete, and mostly uncured, annotation of the organisms under study. In order to assess whether the quality of the annotation was responsible for this, we derived another set of GS from BUSCO (22,23) by selecting plant genes that have a single ortholog between the species under study. Then, exploiting *Arabidopsis thaliana* annotation, which is more accurate, we derived the functional pathways of the plant genes previously selected. As for the KEGG based analysis, we derived another set of pGS and nGS (Busco GS) that were used to assess individual networks. The AUCs, as reported in the Table 1, did not show any improvement, possibly because of the limited size of the GS (consisting of a few hundred nodes only), but most likely because of the varying predictive performance of individual networks. The algorithms do not have a uniform efficiency in predicting PPIs from the same dataset (2), meaning that the different algorithms can have a “preference” in predicting given subsets of biological interactions. It is also interesting to note that the algorithms do not rank similarly in terms of their AUC across the three datasets. This may originate from technical (sample size) or biological differences between

Tab. 1 – AUCs calculated assessing the individual networks from each dataset by Busco GS. In red are highlighted poorly performances, while in green the ones with AUCs higher than 0.55.

	ASPLEAF	ASPWOOD	NORWOOD
ARACNE	0.584	0.751	0.655
CLR	0.553	0.572	0.536
GENIE3	0.536	0.53	0.515
LLR	0.554	0.518	0.472
NARROMI	0.505	0.512	0.513
PCOR	0.564	0.562	0.523
PEARSON	0.564	0.578	0.585
PLSNET	0.561	0.509	0.466
SPEARMAN	0.559	0.574	0.572
TIGRESS	0.554	0.563	0.523
IRP	0.558	0.576	0.532

them.
 Taking these results into account, we are now calculating the GS coverage (number of pGS found in the PPIs in respect to the total number of pGS) and the TP/FP ratio across every algorithm score range. Using a heuristic selection of a score that would correspond to a good balance between coverage and FP for every algorithm, we aim to subset every algorithm network individually before aggregating them into a meta-network, which will be evaluated for its predictive performance. Our perspective is to conclude this assessment and obtain revised meta-networks that will be used to perform a topological comparison between organs and species through network alignments.

- 1) R. Jansen (2002) *Genome Research*, 12(1): 37-46.
- 2) D. Marbach (2012). *Nature Methods*, 9.8, pp. 796-804.
- 3) R. Nystedt (2013) *Nature*, 497: 579-584.
- 4) S. Jokipii-Lukkari (2017) *New Phytol.* 216(2): 482-494.
- 5) Y.C. Lin (2018) *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 115(46): E10970-E10978.
- 6) T.J. Mullin (2011) *Genetics, Genomics and Breeding of Conifers*, CRC Press and Edenbridge Science Publishers, New York, pp 40-127.
- 7) S.D. Wullshleger (2002) *Plant Cell*, 14(11): 2651-6.
- 8) S. Jansson (2007) *Annu. Rev. Plant Biol.*, 58: 435-58.
- 9) B. Schiffthaler (2018) *bioRxiv* 250696. DOI: 10.1101/250696.
- 10) A.A. Margolin (2006) *BMC Bioinformatics*, 7 Suppl 1, S7.
- 11) J.J. Faith (2007) *PLoS Biology*, 5(1), e8. DOI: 10.1371/JOURNAL.PBIO.0050008.
- 12) V.A. Huynh-Thu (2010) *PLoS ONE*, 5(9), 1-10. DOI: 10.1371/journal.pone.0012776.
- 13) J. Ruyssinck (2014) *PLoS ONE*, 9(3). DOI: 10.1371/journal.pone.0092709.
- 14) X. Zhang (2013) *Bioinformatics*, 29(1), 106-113. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts619.
- 15) J. Schäfer (2005). *Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology*, 4(1). DOI: 10.2202/1544-6115.1175.
- 16) S. Guo (2016) *BMC Bioinformatics*, 17(1): 545. DOI: 10.1186/s12859-016-1398-6.
- 17) A.C. Haury (2012) *BMC Systems Biology*, 6(1): 145. DOI: 10.1186/1752-0509-6-145.
- 18) M. Coscia, F. Neffke (2017) *arXiv*: 1701.07336.
- 19) M. Kanehisa (2000) *Nucleic Acids Res.*, 28:27–30. DOI: 10.1093/nar/28.1.27.
- 20) M. Kanehisa (2017) *Nucleic Acids Res.*, 45, D353-D361.
- 21) M. Kanehisa (2019) *Nucleic Acids Res.*, 47, D590-D595.
- 22) R.M. Waterhouse (2017) *Mol. Biol. Evol.*, DOI: 10.1093/molbev/msx319.
- 23) F.A. Simão (2015) *Bioinformatics*, 31(19): 3210-2.

QUANTITATIVE ASSESSMENT OF THE ATMOSPHERIC DEGRADATION OF CALCARENITIC ROCKS IN THE SASSI OF MATERA AREA BY MEANS OF THE STRUCTURE FROM MOTION

A. MINERVINO AMODIO¹, A.E. BONOMO²

¹University of Molise – Department Biosciences and Territory, Pesche (IS), Italy; ²University of Basilicata – Department of Science, Potenza, Italy.

The cultural and monumental heritage is ancient and vulnerable because it is exposed to natural and anthropogenic environmental agents and the subsequent degradation causes visible and sometimes irreparable damage (1). Degradation affects monuments by natural processes, with the action of weathering, or by anthropic processes, including pollution related to combustion processes, vandalism and unsuitable restoration. In recent years, a policy of safeguarding historical sites and cultural heritage has encouraged researchers of many disciplines to consider the technical characterization of building stones and the physical, mechanical and chemical changes that occur during rock weathering processes (2). Matera, the 2019 Culture Capital and UNESCO heritage site since the 1992, is a prehistoric rupestrian settlement located in Southern Italy (Basilicata Region) that represents an awesome example of a rock-cut settlement where architecture is fit to the geological and geomorphological features of the area (3). The aim of this work was to analyze the morphologies connected to stone decay on the Gravina Calcarenite in order to evaluate the lost material in the time. In particular, we aimed to provide more detailed information useful during the restoration works, giving also hints on the priorities that should be taken into account during the planning phase. Structure from Motion (SfM) techniques was used to evaluate the volume of lost material through the comparison between the intact calcarenite and the five degrees of loss of material (1 small loss material to 5 big loss material). For each degree of decay and for the not altered stage six representative calcarenite blocks with standard dimensions of 50*25*25cm (± 5 cm for length and height) have been selected. The difference between a reference model with erosion degree 0 and the modelled object allowed the calculation of the eroded volume. A local reference system (xyz) was used in the modelling process considering five control points on the degraded surface. The first point had coordinates 0;0 and was located at the bottom left of the ashlar. The 0;25 value represented the second point, the 50;25 value represented the third point and the 50;0 value represented the fourth point. The value of the z-axis was 0 where loss of material was absent and negative where it was present. A Canon Eos 1200D with fixed 35mm lens was used for obtaining 18 to 25 photos with different angles and about 80% of overlap. We used a computer with a Xeon e5-1620 at 3.6 GHz, 24GB of RAM and an Nvidia GTX780 video card to process images. In our study we used image-processing software (Agisoft PhotoScan) to match the pictures and build three-dimensional models of the ashlars. The difference between the altered ashlars and the zero ashlars allowed the identification of 5 classes of degradation, that can be compared with the decay stages previously identified by Bonomo et al. (4). The total volume of an ashlar was 31250 cm³. It was divided into 5 intervals: 1) from 0 to 815 cm³; 2) from 816 to 1935 cm³; 3) from 1936 to 4604 cm³; 4) from 4605 to 8345 cm³; 5) from 8346 to 19950 cm³ which was the maximum value found. Values greater than 19959 cm³ were not found because the ashlar was replaced for both aesthetic and structural reasons. The constant monitoring of different ashlars within the Matera Sassi could allow to understand their transition among the classes depending on the different factors.

1) G. Urbani (1973) Ed. Compositori, Bologna.

2) G.F. Andriani, N. Walsh (2003) Bull. of Eng. Geol. and the Env. 62: 77-84.

3) <http://whc.unesco.org/en/list/670> (1993). World Heritage List: The Sassi and the Park of the Rupestrian Churches of Matera.

4) A.E. Bonomo, G. Prosser, G. Rizzo, M. Sileo (2017) in: Proceeding 3rd IMEKO International Conference on Metrology for Archaeology and Cultural Heritage, 23-25 October 2017, Lecce, Italy, pp. 401-406.

ASSESSMENT OF SOIL EROSION ALONG A MOUNTAIN TRAIL IN THE EASTERN IBERIAN PENINSULA

A. MINERVINO AMODIO¹, A. CERDA², P.P.C. AUCELLI³, V. GARFÌ¹, M. MARCHETTI¹, M.C. ROSSKOPF¹, D. SALESA²

¹University of Molise – Department Biosciences and Territory, Pesche (IS), Italy; ²University of Valencia – Department of Geography, Valencia, Spain;

³University of Naples “Parthenope” – Department of Science and Technology, Naples, Italy.

The continuous increase in mountain leisure activities has been observed since the early 1960s (1). This means that there is always more pressure on nature due to recreational activities. Ng et al. found that recreation activities increased more than six-fold in just seven years in Hong Kong (2). This is a general trend in the mountains of developed regions (3-5). The continuous and increasing use of trails involves an important erosion of the soil that forms them. Due to such erosion, trails deepen and become real channels along the slope. Despite the problems described above, to date there are only a few studies on soil erosion on mountain trails. The problem is now very well studied in the USA (6, 7). The mountains in the Mediterranean area are characterized by high erosion values, due to timber production (8) and climatic conditions that promote erosion (drought and thunderstorms). The erosion of trails is under study also in Italy and Spain. Most of the research about soil erosion on Mediterranean mountain trails has been done in the Central Spain, in the Pyrenees and in the Alps, where annual rainfall is relatively high ($1000 \text{ mm} \cdot \text{y}^{-1}$) due to altitude (9).

In this work, to avoid the shadowy effect of vegetation, we have chosen an area that was recently hit by fire. The main objective of this work is to measure the erosion rates on mountain trails based on photogrammetry produced by a drone. The study area is located in the eastern sector of the Iberian Peninsula, in the municipality of Llutxent. The forest fire involved mainly the municipalities of Pinet, Llutxent, Gandia and Barx (about 50 km south of Valencia) (Fig. 1). The relief of the area is heterogeneous, with a mountainous area (maximum points of 750 m a.s.l.) and flat area on NE margins (Fig. 1) (heights of 200 m a.s.l.). The fire occurred from the 6th to the 12th August 2018, affecting an area of 3228 ha with a perimeter of 34.5 km. The Structure from Motion (SfM) method was used to construct the trail model that represents the mountain trail. Data were acquired for 2 trail segments, respectively 20 and 30 m long. Targets with a diameter of 7 cm were placed every 5 meters externally of the trail segments near their edges (Fig. 2), their position was obtained through a GPS survey. To validate the model, the distances between the targets on one side and those on the other side were measured. The photos taken were used to create SfM point clouds (Fig. 3). The image processing software Agisoft PhotoScan was used to match the images and build three-dimensional models of the trail. To build the pre-trail model, the trail was deleted manually from the cloud and a DEM was obtained by interpolating the points without trail. To calculate the missing soil volumes, point clouds were compared by using the Cloud Compare software, specifically the “Compute Volume 2.5D” tool. The soil loss of 1.89 m^3 in an area of 11.09 m^2 along the 20-meters long trail segment, and a soil loss of 1.96 m^3 over an area of 24.04 m^2 along the 30-meters long trail segment.

The results obtained are the first part of a work that we have planned to complete with a second campaign of data acquisition to understand how the fire has influenced the soil erosion in the absence of vegetation. The estimation of annual soil loss rates could not be carried out because the age of the trail is unknown. In origin, these trails were used by farmers and shepherds, then for trekking only after the abandonment of agricultural activities in the 1960s. Due to the growing use of mountain trails, the adverse effects on them and their natural surroundings have progressively increased over time. In our case, to better understand the impacts of erosion on mountain trails, especially in relation to intense and/or prolonged

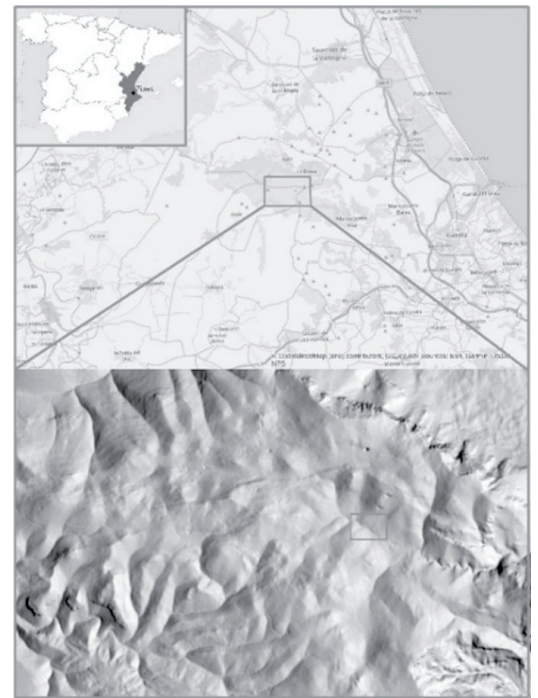


Fig. 1 - The study area located on the east of the Iberian Peninsula and below it, Digital Surface Model of the land relief.



Fig. 2 - Positioning of the targets in the edges of the trail to work with common spatial points in the photos.

rainfall events, a near future monitoring of investigated trails could be prospected.

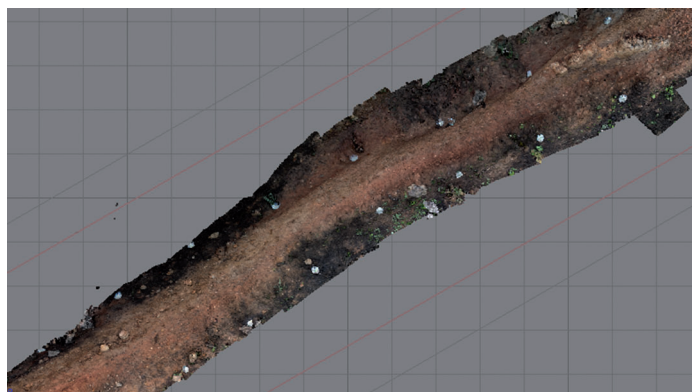


Fig. 3 - Trail dense cloud.

- 1) E.B. Fish, G.L. Brothers, R.B. Lewis (1981) *Landsc. Plan.* 8(4), 387-398.
- 2) S.L. Ng, Y.F. Leung, S.Y. Cheung, W. Fang (2018) *Land Degrad. Dev.*, 29(3): 422-432.
- 3) A. Chakraborty (2018) *Tour. Plan. Dev.*, 15(1): 82-88.
- 4) K. Kuščer, T. Mihalič, H. Pechlaner (2017) *J. Sustain. Tour.*, 25(4): 489-504.
- 5) J. Schamel, H. Job (2017) *Landsc. Urban Plan.*, 163: 32-43.
- 6) T.H. Deluca, W.A. Patterson Iv, W.A. Freimund, D.N. Cole (1998) *Environ. Manag.*, 22(2): 255-262.
- 7) C.M. Pickering, W. Hill, D. Newsome, Y.F. Leung (2010) *J. Environ. Manag.*, 91(3): 551-562.
- 8) J.R. McNeill (2003) Cambridge University Press.
- 9) D. Salesa, E. Terol, A. Cerda (2019) *Science of total Environment*, 661: 504-513.

IMPLEMENTAZIONE E VERIFICA DELL'EFFICACIA DEL PENSIERO COMPUTAZIONALE COME METODOLOGIA DIDATTICA PER IL PRIMO CICLO DI ISTRUZIONE

L.E. MOCCIA

Università Degli Studi Del Molise, Dipartimento Di Bioscienze e Territorio.

Computational thinking will influence everyone in every field of endeavour. This vision poses a new educational challenge for our society, especially for our children. In thinking about computing, we need to be attuned to the three drivers of our field: science, technology and society. Accelerating technological advances and monumental societal demands force us to revisit the most basic scientific questions of computing (1).

La ricerca ha come obiettivi lo sviluppo di un progetto didattico per il primo ciclo di istruzione che verifichi l'efficacia del pensiero computazionale attraverso una valutazione dei "processi di apprendimento" attivati dai "processi di insegnamento" e la misurazione dello sviluppo delle competenze di problem solving utili al proseguimento degli studi nel primo, secondo ciclo d'istruzione e oltre (LifeLong Learning).

L'allenamento del pensiero computazionale, attraverso la programmazione informatica e la sperimentazione di nuove modalità e nuovi contesti per riflettere, cooperare e sviluppare la creatività nella risoluzione di problemi più o meno complessi, dovrà condurre alla valutazione dei processi di apprendimento osservati e rilevati nei seguenti ambiti:

- l'ambito dei SAPERI, intesi come contenuti appresi, idee chiave, fatti, teorie, concetti;
- l'ambito delle ABILITÀ, intese come capacità, processi cognitivi, metodi, procedure;
- l'ambito delle COMPETENZE intese come uso funzionale e personale delle conoscenze.

Durante la fase di ricerca è stata inquadrata la situazione oggetto di studio, analizzata dettagliatamente la letteratura e valutate, nel pieno rispetto delle Indicazioni Nazionali per il curriculum della scuola dell'infanzia e del primo ciclo di istruzione, le varie possibili direzioni del progetto.

Dalla parte del contenuto puramente matematico è stato trattato lo studio di algoritmi, la complessità computazionale e la teoria dei codici, con l'obiettivo di utilizzarli poi in ambito didattico.

Il progetto di ricerca va nella direzione di disegnare e valutare una serie di attività didattiche, per gli alunni della scuola primaria (ultimi 3 anni), al fine di poter rispondere all'ambiziosa domanda posta dalla ricerca educativa: "Che cosa funziona, per chi, in quali condizioni?".

"Cosa funziona?" è una domanda che ignora tutti quegli aspetti della differenza tra persone e luoghi che sono suscettibili di influire sul modo in cui qualsiasi particolare innovazione educativa si manifesta. Attraverso l'esplorazione di nuovi ambienti di insegnamento-apprendimento si verificherà l'efficacia degli stessi sviluppando nuovi metodi, strumenti e azioni didattiche per migliorare ulteriormente nel campo del problem solving e del pensiero logico. L'uso di codici e protocolli informatici stimola i bambini della scuola primaria a ricercare da soli le strategie risolutive di problemi più o meno complessi (sviluppo del pensiero computazionale).

Design Experiment. Risultati e punti di debolezza

Il progetto, avviato con una sperimentazione (design experiment) pilota in 2 classi quinte della scuola primaria dell'Istituto Comprensivo "Don Giulio Testa" di Venafro, ha utilizzato la metodologia di ricerca del "Design Research o design experiments (2, 3), in italiano "ricerca basata su progetti" che presenta alcune caratteristiche molto particolari:

- metodo interventista, mirato cioè a disegnare attività che funzionino nel mondo reale;
- processi iterativi di ricerca, e messa in gioco delle attività, in un continuo processo di revisione e analisi del lavoro anche in corso d'opera;
- grande coinvolgimento di tutti i protagonisti (multitiered dimension).

Attraverso l'uso di Scratch e di Lego Mindstorm è stata possibile attuare una soddisfacente analisi qualitativa/quantitativa.

Le attività, impostate sotto forma di gioco, in uno scenario reale hanno evidenziato una buona iterazione favorendo un apprendimento significativo e metacognitivo per tutti gli alunni. Scratch rappresenta un utile tool per i processi di astrazione facilitando, attraverso le potenzialità della "programmazione a blocchi" e il creative learning, la diffusione del coding e del pensiero computazionale.

Una recente revisione della letteratura identifica una serie di punti deboli:

- il concetto di pensiero computazionale è ancora troppo acerbo.
- non esiste una definizione accettata e precisa di cosa sia il Pensiero Computazionale.

- alcune definizioni sono vaghe e non forniscono esempi soddisfacenti, dando spesso luogo a dubbi e fraintendimenti.
- al momento non esiste un consenso sulle modalità con cui insegnarlo (materia generale, argomento di una disciplina o argomento multidisciplinare).

Queste incertezze e queste critiche rappresentano un chiaro invito a dare rigore alle ricerche rispettando gli standard di ricerca in ambito educativo: informazioni psicometriche, statistiche affidabili, dettagli su interventi, procedure, partecipanti, basi teoriche che guidano lo studio, informazioni per riprodurre o replicare lo studio.

- 1) J.M. Wing (2008) *Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, 366(1881): 3717-3725.
- 2) A. Brown, A. Collins (1992).
- 3) P. Cobb et al. (2003) *Educational researcher* 32.1: 9-13.
- 4) A.G. Clark, K.A. Dockweiler (2019) Taylor & Francis Ltd.
- 5) S. Papert (1980) Emme ed. 1984.
- 6) S. Papert (1998) <http://www.papert.org/articles/Childpower.html>.
- 7) B.M. Varisco (1995) <https://ijet.itd.cnr.it/article/view/728/661>.

ANALYSIS AND CHARACTERIZATION OF MICROBIAL COMMUNITIES ASSOCIATED WITH BLACK TRUFFLE *TUBER AESTIVUM* VITT.

P. MONACO, M. BOTTONE, N. PAOLELLA, G. NACLERIO, A. BUCCI

University of Molise, Department of Biosciences and Territory, Contrada Fonte Lappone, 86090 Pesche (IS), Italy.

Truffles are colonized by a complex microbial community of bacteria, yeasts and filamentous fungi. Bacteria could play an important role in the mycorrhization process and in the development, growth and nutrition of fruiting bodies. They also produce biostimulants, contribute to truffle aroma and counter the growth of pathogenic microorganisms (1-4). In spite of this, the role of bacteria associated with truffle is not yet fully understood.

The main purpose of this research was to characterize the bacterial communities associated with *Tuber aestivum* Vitt. fruiting bodies collected from natural truffle grounds in the Molise region (southern Italy). Indeed, despite it has received less attention, Molise region represents one of the Italian richest areas of truffles.

Truffle and soil microbial communities were investigated by using Next Generation Sequencing (NGS) techniques and conventional culture-dependent methods.

The NGS results highlighted important differences in the composition of bacterial communities between soil and truffle samples and a significant heterogeneity of ascocarp microbiome (Fig. 1).

However the main phyla found in all the analyzed *Tuber aestivum* fruiting bodies were *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Bacteroidetes* and *Firmicutes*, with *Bradyrhizobium*, *Devosia*, *Nocardioidea* and *Rhizobium* among the most representative genera. It is likely that bacteria found in the investigated truffle fruiting bodies were specifically selected and recruited from soil microbial communities. Local-scale factors could determine the differences observed among the analyzed *Tuber aestivum* ascocarps.

Several microbial strains were isolated in pure culture from both soil samples and truffle fruiting bodies by using culture-dependent methods. They will be further characterized and used to inoculate the roots of truffle plants grown under controlled environmental conditions, in order to assess their ability to promote the mycorrhization process.

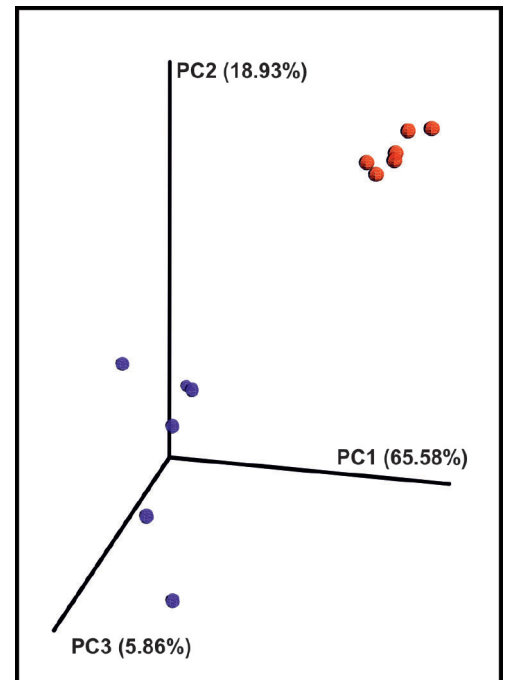


Fig. 1 - Principal Coordinate Analysis (PCoA). Red spheres: soil microbial communities; blue spheres: truffle microbial communities.

1) G.M.N. Benucci, G.M. Bonito (2016) Microbial Ecology, 72: 4-8.

2) R. Splivallo, A. Deveau, N. Valdez, N. Kirchhoff, P. Frey-Klett, P. Karlovsky (2015) Environmental Microbiology, 17: 2647-2660.

3) M. Vahdatzadeh, A. Deveau, R. Splivallo (2015) Applied and Environmental Microbiology, 81: 6946-6952.

4) L. Ye, Q. Li, Y. Fu, P. Sourzat, H. Tan, J. Zou, B. Zhang, X. Li (2018) Mycological Progress, 17: 833-840.

LA RITERRITORIALIZZAZIONE COME RISORSA PER LA CONSAPEVOLEZZA AMBIENTALE: UN CASO DALLA COSTA ABRUZZESE

G. OTTAVIANO, L. DE BONIS

Università degli Studi del Molise, via F. de Sanctis, Campobasso.

I cambiamenti nelle strutture socioeconomiche del territorio, che hanno interessato i Paesi occidentali a partire dall'epoca della rivoluzione industriale, hanno condotto ad un processo di deterioramento delle relazioni coevolutive tra le popolazioni e la dimensione spaziale in cui esse vivono (deterritorializzazione), che ha tra l'altro prodotto un evidente declino nella consapevolezza ambientale.

La ricostruzione incrementale di questa relazionalità, espressa per mezzo del concetto di riterritorializzazione (1), generalmente si produce, ed è circolarmente prodotta, da un cambiamento nella percezione della stessa dimensione spaziale, che proprio in virtù della mutata percezione può giungere ad essere nuovamente considerata come *luogo*. Tale rovesciamento di prospettiva, le cui co-determinanti economiche sono da rintracciarsi nella crisi del fordismo e nell'importanza crescente del capitale umano (2), si traduce nella progressiva affermazione di una *coscienza di luogo*, che può essere definita come la consapevolezza della possibilità di valorizzare coralmmente i beni patrimoniali territoriali per la riproduzione della vita individuale e collettiva, biologica e culturale di un determinato contesto geografico (2, 3, 4).

Questo lavoro di ricerca, attraverso l'analisi del caso di studio "Zona 22", mira a verificare la possibilità che la nascita di una coscienza di luogo possa avere come esito anche un rafforzamento della consapevolezza ambientale.

"Zona 22" (Fig. 1) è un centro sociale occupato autogestito, situato nella parte meridionale della costa abruzzese. Il momento iniziale delle sue attività "fisiche" sul territorio coincide con l'occupazione (nel 2011), da parte di un gruppo di giovani già impegnati in diverse attività sociopolitiche, di una sottostazione elettrica ferroviaria abbandonata da diversi anni, a seguito dello spostamento più all'interno del tracciato ferroviario adriatico.

L'obiettivo principale che l'occupazione si proponeva di perseguire era la restituzione ai suoi abitanti di quest'area, collocata a ridosso dell'abitato della frazione Marina del comune di San Vito Chietino, al fine di renderla fruibile come spazio di aggregazione per attività sociali.

Nel corso degli anni, le attività di Zona 22 hanno riguardato l'apertura di un ostello, di una palestra e di una ciclofficina, la realizzazione di un orto biologico, l'organizzazione di corsi di autoproduzione, laboratori creativi

per bambini e ragazzi, eventi musicali e culturali. Parallelamente – e contestualmente – Zona 22 si è affermato come punto di riferimento per le lotte ambientali riguardanti il territorio.

Le principali campagne, nell'ambito locale, sono state: il supporto al movimento "No Triv" per la rimozione della piattaforma di perforazione "Ombrina Mare 2" (Fig. 2), situata a 6 km dalla costa; l'opposizione alla realizzazione del progetto della "San Vito Resort Village S.r.l." (Fig. 3), che prevedeva la realizzazione di un resort turistico a cinque stelle da circa 200.000 m³ e di un porto turistico da 300 posti barca; la richiesta di accelerazione delle procedure di implementazione del Parco Nazionale della Costa Teatina, istituito nel 2001 ma mai giunto ad attuazione.

L'attività politica di Zona 22 si è concretizzata

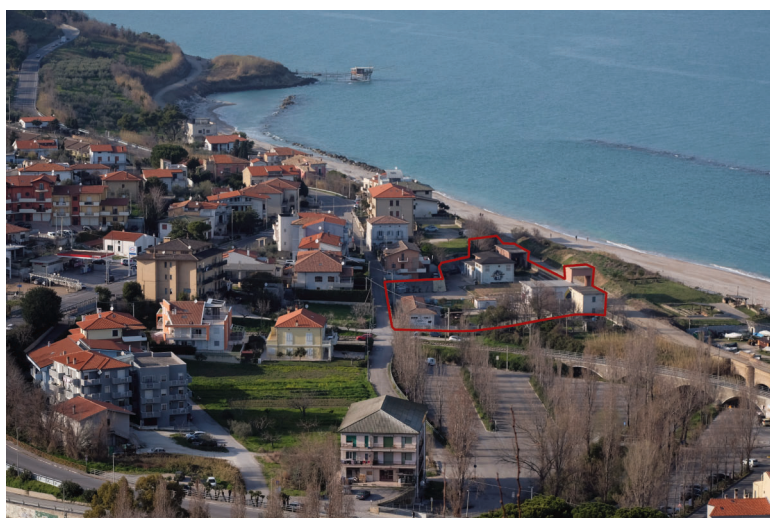


Fig. 1 - Localizzazione (in rosso) di Zona 22 nel contesto locale, 09/03/2019.



Fig. 2 - Localizzazione (in rosso) della piattaforma "Ombrina Mare 2", 30/07/2016.



Fig. 3 - Localizzazione (in rosso) dell'area interessata dal progetto di trasformazione, 09/03/2019.

l'unica parte politica significativamente lontana dagli orientamenti moderati, che godevano storicamente di una posizione largamente dominante all'interno del contesto socio-politico locale; ed era, infine, l'unica formazione politica espressione di un movimento coinvolto in attività dal basso di rilevanza territoriale.

Il verificarsi di tali circostanze, ancor più se considerate all'interno del quadro delle tendenze politiche di più ampia scala, mostra chiaramente la sussistenza di una significativa correlazione tra coscienza di luogo e consapevolezza ambientale, che nel caso di studio si rivela nella graduale transizione della popolazione coinvolta verso una preferenza per le politiche orientate alla tutela ambientale. Esso sembra inoltre disvelare il potenziale ruolo di "guida" delle attività di riterritorializzazione nei processi di affermazione di tale consapevolezza ambientale, evidentemente risultante da una più profonda introiezione del patrimonio territoriale, effettivamente inteso e praticato, nel caso in questione, come intima fusione di patrimonio naturale e patrimonio culturale (4).

nella costituzione di una lista civica ("San Vito Bene Comune", a seguire SVBC) per il perseguimento in sede amministrativa degli obiettivi del suo collettivo promotore.

Il primo tentativo di candidatura al consiglio comunale, nel 2012, portò all'elezione di un solo consigliere di minoranza. Alla successiva tornata elettorale del 2017, invece, SVBC è risultata essere la lista più votata, raggiungendo l'obiettivo di porsi alla guida dell'amministrazione del Comune.

Il successo elettorale di SVBC è da considerarsi rilevante in una prospettiva di ricerca, in particolare per la concomitanza di una serie di circostanze che lo hanno caratterizzato: SVBC è stata l'unica parte politica ad esplicitare nel programma elettorale la volontà di supportare la rapida realizzazione del Parco Nazionale della Costa Teatina; era, poi,

- 1) A. Turco (1984) Angeli, 302 pp.
- 2) G. Becattini (2015) Donzelli, 222 pp.
- 3) G. Becattini (2007) Le Monnier, 224 pp.
- 4) A. Magnaghi (2010) Bollati Boringhieri, 344 pp.

DIVERSITÀ DEI COLEOTTERI SAPROXILICI NEI CASTAGNETI CEDUI E DA FRUTTO NELL'AREA PEDEMONTANA DELL'ASPROMONTE (APPENNINO MERIDIONALE)

F. PARISI^{1,2*}, F. LOMBARDI³, R. TOGNETTI^{1,4}, M. MARCHETTI², A. DE CRISTOFARO¹

¹Dipartimento Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Università degli Studi del Molise, Via F. de Sanctis, 86100 Campobasso, Italy; ²Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università degli Studi del Molise, Contrada Fonte Lappone, 86090 Pesche (Isernia), Italy; ³Dipartimento di Agraria, Università Mediterranea di Reggio Calabria, Contrada Melissari, Località Feo di Vito, 89122 Reggio Calabria, Italy; ⁴The EFI Project Centre on Mountain Forests (MOUNTFOR), Edmund Mach Foundation, Via E. Mach 1, 38010 San Michele all'Adige (Trento), Italy. *E-mail: francesco.parisi@unimol.it

In Calabria le formazioni forestali a castagno si estendono per oltre 101.600 ha e sono suddivise in castagneti maturi, cedui ed altre formazioni a castagno. I castagneti quindi rappresentano una delle principali risorse economiche della regione.

Considerando la distribuzione e le fasce altimetriche lungo le quali si sviluppano, i boschi di castagno rappresentano ambienti molto interessanti da indagare faunisticamente (1).

Inoltre i castagneti da frutto, che per legge costituiscono comunque attività agricola, sono riconosciuti dall'Unione Europea come habitat di interesse comunitario e sono a pieno titolo tra gli obiettivi di conservazione delle aree protette. Nei castagneti da frutto, caratterizzati da alberi di grandi dimensioni con importanti cavità, albergano specie animali di grande interesse, come i rari rapaci notturni e diverse specie di uccelli e insetti rari legati alla presenza di alberi maturi e di legno in parte marcescente.

Per tale motivo, nel 2017 è stato avviato uno studio riguardante la diversità biologica delle comunità di insetti presenti nei castagneti a diversa forma di governo ai confini del Parco Nazionale dell'Aspromonte. In particolare l'obiettivo è stato il monitoraggio dell'entomofauna saproxilica (legata al legno in decomposizione), con particolare attenzione ai coleotteri, in un agroecosistema dell'Appennino meridionale per valutarne abbondanza individuale, diversità specifica, aspetti faunistici e presenza di particolari specie rilevanti da un punto di vista conservazionistico. Per tale studio sono stati selezionati cedui a diverso turno di utilizzazione (ceduazione 2006 e 2015) e un castagneto da frutto inserito in un agroecosistema. Il monitoraggio faunistico è stato svolto utilizzando sistemi di intercettazione aerea degli insetti adulti.

In totale nel corso dell'indagine sono stati rinvenuti 6282 esemplari adulti di coleotteri, appartenenti a 51 famiglie. La famiglia Nitidulidae conta il maggior numero di individui studiati (3543), seguita dagli Oedemeridae (401), Elateridae (360) e Curculionidae (337), seguono tutti gli altri gruppi.

In riferimento all'analisi dei coleotteri saproxilici italiani le specie campionate risultano 82, di queste 19 sono incluse nella Red List of Threatened Species (IUCN-International Union for Conservation of Nature). In particolare una specie risulta nella categoria di minaccia "In Pericolo" (EN-Endangered); 4 sono Vulnerabili (VU-Vulnerable) e 14 specie sono in categoria "Quasi Minacciata" (NT-Near Threatened). Le restanti specie sono incluse nella categoria "Minor Preoccupazione" (LC-Least Concern).

Tra le specie rinvenute nel corso delle attività di monitoraggio si segnalano 3 nuove per la Regione Calabria. Si tratta degli Elateridae *Brachygonus megerlei* (Boisduval & Lacordaire, 1835) e *Ampedus nigerrimus* (Boisduval & Lacordaire, 1835) entrambi predatori e del Bruchidae *Bruchidius tibialis* (Boheman, 1829) dal comportamento fitofago.

Inoltre sono stati effettuati opportuni rilievi forestali che serviranno per evidenziare relazioni ecologiche in boschi gestiti con le componenti faunistiche censite.

Nonostante l'area in questione abbia particolarmente marcata l'impronta ecologica prodotta dalla gestione selvicolturale, la comunità di coleotteri ospitata risulta estremamente ricca e ben caratterizzata, valorizzata dalla presenza di specie rare e importanti. I castagneti, quindi, rappresentano non solo una importante risorsa economica, ma contribuiscono in modo sostanziale alla conservazione della biodiversità. Per tale motivo citiamo alcune operazioni che possono essere applicate per salvaguardare la fauna saproxilica:

- lasciare, dove possibile, alberi morti in piedi e alberi caduti al suolo;
- evitare, dove possibile, l'esbosco totale del legname morto (sia di origine naturale che di risulta dal taglio);
- dove è previsto l'accatastamento della ramaglia e del legname di scarso valore economico, privilegiare i luoghi ben soleggiati;
- nei castagneti da frutto, conservare gli esemplari vetusti, potando se necessario i rami che possono causare uno squarcio completo delle cavità;
- promuovere superfici boschive con stadi di sviluppo differenziati attraverso una pianificazione adeguata dei tagli;
- favorire la formazione di margini boschivi strutturati con arbusti e cespugli;
- salvaguardare le superfici prative a completa fioritura (prati estensivi o magri) ai margini boschivi.

Infine, appare evidente che i siti indagati rivestono un ruolo particolarmente importante nella conservazione della fauna saproxilica e, più in generale, degli ambienti forestali della Regione, ma è necessario che vengano promossi e sostenuti ulteriori studi specifici su detta componente faunistica (2).

In questo contributo è stata utilizzata la “*Lista Rossa dei Coleotteri Saproxilici Italiani*” come strumento fondamentale per promuovere la conservazione della biodiversità, perché identifica le specie il cui rischio di estinzione, globale o locale, è imminente. Anche l’estinzione locale è un fenomeno difficilmente reversibile, perché può rendere necessari costosi interventi di reintroduzione dagli esiti incerti. Intervenire per conservare le specie prima che siano prossime all’estinzione riduce i costi e aumenta le probabilità di successo delle azioni di conservazione. Per molte specie dunque, la conservazione in Italia dipende da un uso e una gestione del territorio più consapevoli e sostenibili di quelli attuali. Alcune delle specie minacciate richiedono tuttavia azioni di conservazione specifiche, volte alla protezione legale delle popolazioni e all’implementazione della protezione sul territorio (3).

- 1) G. Tabacchi, F. De Natale, L. Di Cosmo, A. Floris, C. Cagliano, P. Gasparini, L. Genchi, G. Scrinzi, V. Tosi (2007) *Le stime di superficie 2005*. Prima parte. Inventario Nazionale delle Foreste e dei Serbatoi Forestali di Carbonio. MiPAF. Corpo Forestale dello Stato. Ispettorato Generale. CRA. ISAFa, Trento. <http://www.infoc.it>.
- 2) D. Di Santo, A. Biscaccianti (2014) *Bollettino Società Entomologica Italiana*, 146(3): 99-110.
- 3) P. Audisio, C. Baviera, G.M. Carpaneto, A. Biscaccianti, A. Battistoni, C. Teofili, C. Rondinini (2014) Comitato Italiano IUCN e Ministero dell’Ambiente e della Tutela del Territorio e del Mare, Roma: 1-134.

A DEVELOPER-CENTRIC NATURALNESS MODEL FOR PREDICTING CODE UNDERSTANDABILITY

V. PIANTADOSI, S. SCALABRINO, R. OLIVETO

Università degli Studi del Molise, Contrada Fonte Lappone, Pesche (IS).

The source code of complex software systems tends to be “natural” as it is in general repetitive and predictable. In the last year a lot of effort has been devoted to define statistical models to measure the naturalness of the code. These models have been successfully used in “code assistant” systems. Such systems, by exploiting the naturalness of code, are able to suggest idioms during the coding activities. Recently, Ray et al. (1) have conducted a study in which they try using naturalness to predict bugs. In the context of such a study, the authors observed that on 8,296 bug-fixing commits from 10 Java projects buggy code is less “natural” than bug-free code.

In general, bugs are introduced because developers do not fully understand the code they change. Since “unnatural” code is more error-prone than “natural” code, we conjecture that “unnatural” code is also more difficult to understand. Specifically, we conjecture that the naturalness of code could be exploited to estimate code understandability. A recent study conducted by Scalabrino et al. (2, 3) indicated that quality metrics as well as readability metrics are not able to capture code understandability. Thus, in order to estimate such an aspect of code we probably need to exploit different source of information. Based on the findings by Ray et al. (1), naturalness seems to be a good candidate.

In order to verify our conjecture, we conducted an empirical study in which we correlated naturalness of code with code understandability. The context of the study is represented by a publicly available dataset created by Scalabrino et al. (2, 3). Such a dataset is composed of 50 Java code snippets evaluated by 63 developers, totaling 444 data points. For each snippet the authors provided the *perceived understandability* (i.e., a boolean value representing the understandability declared by developers) and the *actual understandability* (i.e., a discrete value representing the understandability measured through a questionnaire).

For each snippet we also measure its level of naturalness by using the model proposed by Ray et al. (1). Since the proposed model is based on a supervised learning technique, we train it on a set of 126,638 Java methods extracted from 40 Java projects. We chose such methods aiming to covering as many Java developers as possible in order to have an accurate model for measuring the naturalness of a Java code snippet. We selected 40 systems using an additional greedy algorithm that gradually selected the projects with the highest number of unique developers. We considered code snippets modified by a total of 21,219 developers.

In the context of our study, we tried to answer the following research question:

To what extent source code naturalness is related to code understandability?

The analysis of results shows that the naturalness does not correlate with both perceived and actual understandability. This result corroborates the findings achieved by Scalabrino et al. (2, 3): code understandability is something difficult to estimate because it is extremely personal.

The achieved result suggests that to estimate code understandability we need to incorporate in the naturalness model the developer’s knowledge. A snippet that is natural for a developer could be unnatural for another developer just because the two developers have a different background. For this reason, we propose the use of a *developer-centric naturalness model* that considers the developers’ background. We estimated the developers’ background by building a developer-specific dataset for training the naturalness model. The dataset should mirror the code that a developer has potentially seen in the past.

In the context of this study, we surveyed 52 developers. We first asked developers to filled-in a questionnaire aimed at capturing their knowledge on 8 different Java topics. Then, for each developer we collected Java methods covering the different Java topics proportionately with the knowledge of the developer on the specific topic. Such methods have been used to train a naturalness model that is specific for the developer. In the second part of the study, we asked the developers to understand 9 different snippets with different level of naturalness. Then, we correlate the naturalness with the perceived and actual understandability; we measure the understandability as done by Scalabrino et al. (2, 3).

The analysis of the results shows that also the developer-centric naturalness does not correlate with the code understandability. However, we observed that the naturalness correlates with the *deceptiveness*, i.e., the discrepancy between the perceived and the actual understandability. In particular we observed that if the code is natural, developers tend to declare that they understood the snippet, when in reality they did not understand it.

The results achieved so far seem to be promising. In the future we plan to further study the correlation between naturalness and deceptiveness and on its impact on code evolution. We also plan to work on the developer-centric naturalness model to further improve its accuracy and try to reach a better estimation of code understandability.

- 1) B. Ray, V. Hellendoorn, S. Godhane, Z. Tu, A. Bacchelli, P. Devanbu (2016) in: Software Engineering (ICSE) 2016 IEEE/ACM 38th International Conference on, 428-439 pp.
- 2) S. Scalabrino, G. Bavota, C. Vendome, M. Linares-Vásquez, D. Poshyvanyk, R. Oliveto (in press) IEEE Transactions on Software Engineering, page to appear.
- 3) S. Scalabrino, G. Bavota, C. Vendome, M. Linares-Vásquez, D. Poshyvanyk, R. Oliveto (2017) in: Proceedings of the 32nd IEEE/ACM International Conference on Automated Software Engineering, 417-427pp.

A BRIDGE BETWEEN BEACH TOURISM AND NATURE CONSERVATION: THE BOARDWALKS EFFECTS ON COASTAL DUNE VEGETATION

I. PRISCO^{1,2}, A.T.R. ACOSTA², M. SCIROCCO¹, A. STANISCI¹

¹Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università degli Studi del Molise, Via Hertz, Pesche (IS); ²Dipartimento di Scienze, Università Roma Tre, Viale G. Marconi 446, Roma.

INTRODUCTION. Coastal dunes are unique habitats worldwide. The morphological instability of dune structure, the soil incoherence and the strong environmental stresses on the one hand and the peculiarity of animals and plant species growing and stabilizing the sand dunes on the other, promote the development of valuable biodiversity (1-3). As human population has always been more concentrated along the coasts, anthropogenic impact on these ecosystems has dramatically increased, especially during the last century, mainly due to massive bathing tourism and summer activities (4, 5). Several regulatory and management tools are commonly used to prevent negative effects of human trampling on the plant communities, such as vehicular access restrictions, use of boardwalks, fencing experiments and environmental education programs (6, 7), but conflicts frequently arise between the socio-economic interests to the tourist exploitation of the beaches and the conservation measures to protect these vulnerable ecosystems. Although the use of boardwalks is commonly adopted, up to our knowledge no study has attempted to evaluate their effects on dune vegetation.

AIMS. This study was aimed to assess the changes in vegetation assembly before and after the establishment of the boardwalks on different coastal dune habitats. In particular, our purposes were: I) to evaluate changes in term of species richness and cover, floristic composition and ecological functional guilds among different dune habitats; II) to highlight which dune habitats are mainly affected by these changes; III) to investigate which species or group of species are major responsible of these changes.

METHODS. The study area extends along 2.5 km stretch of coastline in the Molise region within the Special Areas of Conservation “Foce Trigno – Marina di Petacciato” (Fig. 1).

During 2016, within the conservation actions of the project LIFE MAESTRALE (NAT/IT/000262 <http://www.lifemaestrale.eu>) (8), five wooden boardwalks perpendicular to the shoreline were set up to limit the

human trampling on the dunes. We sampled 53 random square plots in 2012 and 2016 (named “control plots”) and 57 plots in 2017 and 2018, after the boardwalks set up (named “testing plots”). To analyse the effects of boardwalks on specific plant communities, we classified the sampled plots in three “macro-habitats”: herbaceous vegetation of beach and fore dunes, dune grasslands and woody vegetation of fixed dunes (Fig. 2). We compared species richness through rarefaction curves in control and testing plots, considering also two plant

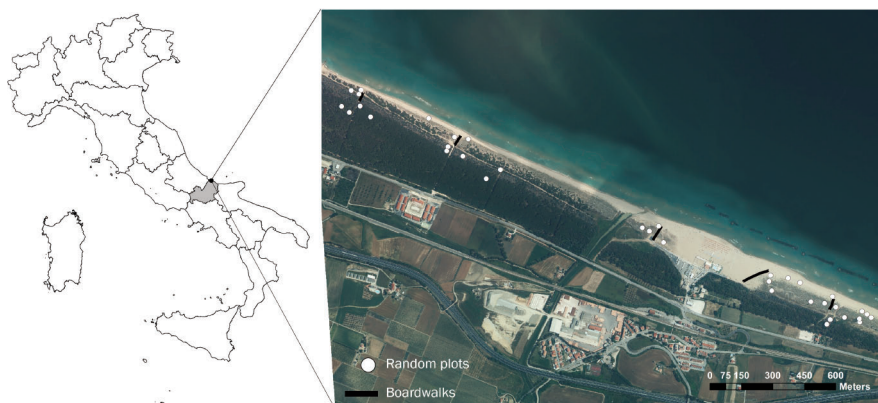


Fig. 1 - Aerial view of the study area: random plots are indicated with white circles and boardwalks with black solid lines.

functional groups: focal species, a pool of characteristic and diagnostic species that guarantee the functionality of the habitats (9, 10) and ruderal/exotic species, opportunist species well adapted to living in different habitats. We

also compared floristic composition and plant cover changes between the time intervals, the dune macro-habitats and the functional groups.

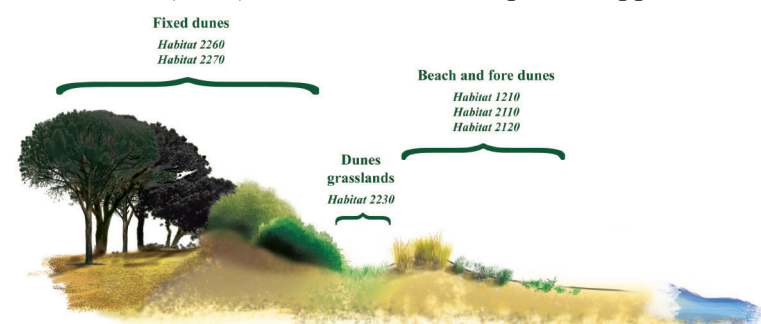


Fig. 2 - The plots were aggregated in three macro-habitats: beach and fore dunes (including upper beach, embryonic dunes and mobile dunes), dune grasslands and fixed dunes (including the Mediterranean maquis and pine forest).

RESULTS & DISCUSSION. Only after two years from the boardwalks set up across the dune system analysed, we found a rapid recovery since the human trampling was limited. In all macro-habitats the total richness of testing plots was higher than in the control ones, especially in beach and fore dunes. In these habitats nearest to the sea, focal species, such as *Cakile maritima*, *Lotus cytisoides* and

Medicago marina, drive the increase in both species richness and cover. Dune grasslands, which are already known as dynamic habitats where changes could be observe in short time spans (11), resulted the most affected by the increase of ruderal and exotic species, notoriously stress-tolerant, such as *Erodium laciniatum* subsp. *laciniatum*, *Sixalix atropurpurea*, *Bromus diandrus* subsp. *diandrus*, *Verbascum niveum* subsp. *garganicum* and the exotic *Oenothera biennis*. On the contrary, the more stable fixed dune macro-habitat was less affected by species changes.

MANAGEMENT PERSPECTIVES. Thanks to their intrinsic instability, dune vegetation is well-adapted to a rapid recovery, which is evident in the short-term (even just a couple of years) since the disturbance is interrupted or mitigated. Positive effects of a good conservation state of dune vegetation are well-known (12, 13), as well as the negative effects of human trampling (14). Indeed, human trampling limitation on the dunes is important to support conservation actions in Mediterranean coastal areas interested by mass tourism, but it could be accompanied by the promotion of a nature-aware tourism, where the informed citizens are motivated to monitoring and conserving biodiversity as their own natural heritage and wealth (15). Environmental researchers have the big responsibility to making the importance of nature conservation available to the public through a focused dissemination in agreement with socio-economic needs. Only through knowledge sharing we can aspire to an integrated environmental management that sees citizens as leading of a local sustainable development.

- 1) A.T.R. Acosta, M.L. Carranza, C.F. Izzi (2009) Biodiversity and Conservation, 18: 1087-1098.
- 2) M.L. Martínez, N.P. Psuty (2004) Springer.
- 3) L. Conti, F. de Bello, J. Lepš, A.T.R. Acosta, M. Carboni (2017) Journal of Vegetation Science, 28: 762-773.
- 4) O. Defeo, A. McLachlan, D.S. Schoeman, T.A. Schlacher, J. Dugan, A. Jones, M. Lastra, F. Scapini (2009) Estuarine, Coastal and Shelf Science, 81: 1-12.
- 5) C. Garcia-Lozano, J. Pintó, P. Daunis-i-Estadella (2018) Estuarine, Coastal and Shelf Science, 208: 235-247.
- 6) T. Bernd-Cohen, M. Gordon (1999) Coastal Management, 27 (2-3): 187-217.
- 7) E. Farris, S. Pisanu, G. Ceccherelli, R. Filigheddu (2013) Plant Biosystems, 147 (4): 1043-1051.
- 8) I. Prisco, F. Berardo, M.L. Carranza, L. Frate, S. Fusco, F. Iannotta, A. Loy, F. Roscioni, A. Stanisci (2017) Aracne Editrice, Roma. ISBN 978-88-255-0224-4.
- 9) R. Santoro, M. Carboni, M.L. Carranza, A.T.R. Acosta (2012) Journal for Nature Conservation, 20: 85-91.
- 10) C. Angiolini, G. Bonari, M. Landi (2018) Estuarine, Coastal and Shelf Science, 211: 248-258.
- 11) R. Santoro, T. Jucker, I. Prisco, M. Carboni, C. Battisti, A.T.R. Acosta (2012) Environmental Management, 49: 534-542.
- 12) M. Drius, L. Jones, F. Marzioletti, M.C. de Francesco, A. Stanisci, M.L. Carranza (2019) Science of Total Environment, <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.02.364>.
- 13) A. Stanisci, A.T.R. Acosta, M.L. Carranza, M. de Chiro, S. Del Vecchio, L. Di Martino, A.R. Frattaroli, S. Fusco, C.F. Izzi, G. Pirone, I. Prisco (2014) Plant Sociology, 51 (Suppl. 1): 51-56.
- 14) U. Šilc, D. Caković, F. Küzmič, D. Stešević (2017) Journal of Coastal Conservation, 21(1): 15-21.
- 15) S. Díaz, J. Fargione, F. Stuart Chapin III, D. Tilman (2006) PLoS Biology, 4 (8): e277.

SECONDARY LATERAL ROOT FORMATION: WHERE, HOW AND WHEN

A. ROSSI¹, G.S. SCIPPA¹, A. MONTAGNOLI², D. CHIATANTE², C. CAPRARI¹, D. TRUPIANO¹

¹Department of Biosciences and Territory, University of Molise 86090 Pesche (IS), Italy; ²Department of Biotechnology and Life Science, University of Insubria, Varese, Italy.

The root system is fundamental for plant development and growth. A major determinant of root system architecture is root branching through the initiation of new lateral roots. In primary root structure, the renewing of mitotic activity is required in competent pericycle cells to become lateral root founder cells. Root in secondary structure is also able to produce new lateral roots in sectors where primary tissues (including the pericycle) are shed but root diameter starts to increase due to the onset of vascular and cork cambia activities; only certain stem cells in the vascular cambium of roots are competent to initiate secondary lateral roots, and it is possible that their competence is inherited directly from those competent pericycle cells which were located opposite to xylem (1; Fig. 1).

To verify this hypothesis, the main objectives of the present research will be identify which founder cells in the vascular cambium are competent to initiate secondary lateral roots production and to understand the molecular fundamentals triggering this process.

To accomplish these aims, specific candidate genes, associated with the pericycle xylem poles and involved in the initiation of the lateral root, will be functionally analyzed in *Arabidopsis thaliana* model plants exhibiting secondary growth.

In detail, for the experiments, seeds of three different *A. thaliana* (Col-0) lines (GAL4-J0121pro:GFP, GATA23pro:GUS and RALF34pro:GUS) will be used.

GAL4 is Enhancer Trap J0121 line that marks the pericyclic cells associated with the xylem pole, involved in the initiation of the lateral root. The expression J0121 GFP precedes the differentiation of protoxylem and is closely associated with this tissue (2). GATA23 controls the specifics of the cells of the founders of the lateral roots. GATA23 is specifically expressed in polo pericycle xylem cells before the first asymmetric division and is correlated with maximum auxin oscillating signaling in the basal meristem. Furthermore, functional studies have revealed that GATA23 controls the identity of the cell of the founder of the lateral root (3). RALFL34 is expressed in xylem polar pericyclic cells before any visible signs of asymmetric cell division and its expression is associated with initiation of the lateral root. In subsequent phases, RALFL34 is strongly expressed in the small central cells of the site of the beginning of the lateral root (4).

The seeds of each line will be sterilized with 0.01% of SDS and 1.6% NaClO solution and washed with sterile H₂O. To synchronize the germination, the seeds will be cold-treated for 3 days at 4 °C in the dark and then plated in Petri dishes containing ½ Murashige and Skoog (MS) and incubated in long day conditions (cycles of 16 hours of light / 8 hours of darkness) with an average light intensity of 150 µmol m⁻² s⁻¹ at 23 °C.

After 12 days, seedlings will be transferred in ½ MS liquid medium and left to grow for 60 days. To increase the amount of secondary structure, the floral stalks will be regularly removed at their appearance using a surgical scalpel (5). All seedlings will be anatomically investigated for the presence of secondary growth along the root axis. Once secondary growth will be detected (i.e. presence of vascular cambium and secondary xylem tissues), secondary lateral root formation will be induced by mechanical (6,7,8) or hormonal stimulation (9; Fig. 2) and confocal microscope SP8 (Leica)

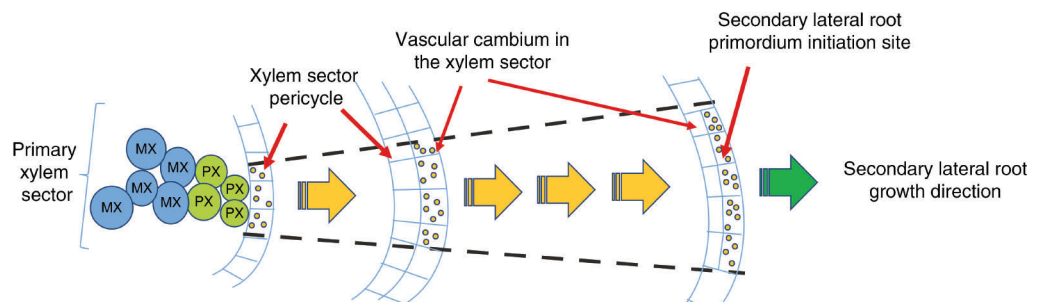


Fig. 1. Hypothetical model for the derivation of the secondary lateral root initiation site in the 'xylem' sector. The model proposes that the VC initials derived from the pericycle which face the xylem poles inherit a competence to form new 'lateral roots'. MX, metaxylem; PX, protoxylem. Image from: Chiatante et al. 2018 (1).

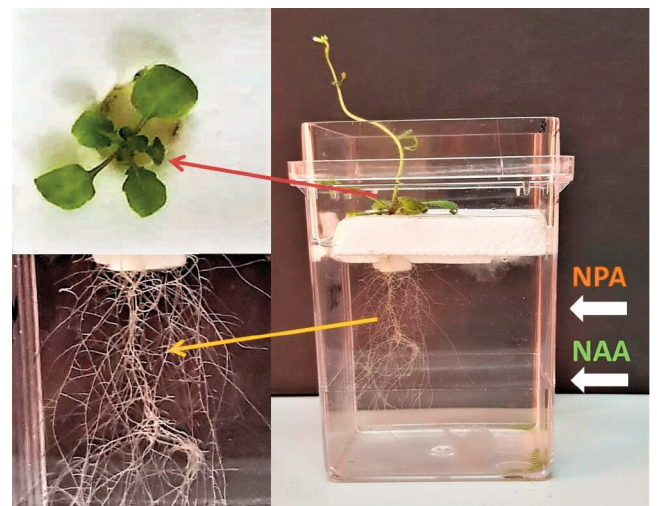


Fig. 2. Hormonal-induced secondary lateral root emission. To coordinate and enhance secondary lateral root emission, firstly seedlings will be grown for 10 days on media with NPA (auxin inhibitor) and successively on media with NAA (synthetic auxin).

analysis and GUS test will be performed in order to monitor the spatial and temporal expression of each gene markers.

Successively, to give new insight in the almost unknown biology of secondary lateral roots formation, the related signal pathway will be *in silico* analyzed by using bioinformatic approach and key candidate genes/hubs will be identified. Gene expression profiles will be analyzed by using molecular procedures. Finally, selected candidate genes will be functionally analyzed also in poplar plants to verify if the selected *Arabidopsis* markers and related pathways are conserved also in woody plants.

- 1) D. Chiatante, T. Rost, J. Bryant, G.S. Scippa (2018) *Annals of Botany*, 122: 697-710.
- 2) B. Parizot, L. Laplaze, L. Ricaud (2008) *Plant Physiology*, 146: 140-148.
- 3) B. De Rybel, V. Vassileva, B. Parizot (2010) *Current Biology*, 20(19): 1697-1706.
- 4) E. Murphy, L. Dai Vu, L. Van den Broeck (2016) *Journal of Experimental Botany*, 67(16): 4863-4875.
- 5) B. Baesso, D. Chiatante, M. Terzaghi, D. Zenga, K. Nieminen, A.P. Mahonen, R. Siligato, Y. Helariutta, G.S. Scippa, A. Montagnoli (2018) *Plant Biology*, 20(3): 426-432.
- 6) D. Trupiano, M. Rocco, A. Scaloni, G. Renzoni, M. Rossi, V. Viscosi, D. Chiatante, G.S. Scippa (2014) *Physiologia Plantarum*, 150(2): 174-193.
- 7) E. De Zio, D. Trupiano, A. Montagnoli, M. Terzaghi, D. Chiatante, A. Grosso, M. Marra, A. Scaloni, G.S. Scippa (2016) *Annals of Botany*, 118(4): 865-883.
- 8) E. De Zio, D. Trupiano, M. Karady, I. Antoniadi, A. Montagnoli, M. Terzaghi, D. Chiatante, K. Ljung, G.S. Scippa (2019) *Physiologia Plantarum*, 165(1): 101-113.
- 9) H. Crombez, I. Roberts, N. Vangheluwe, H. Motte, L. Jansen, T. Beeckman, B. Parizot (2016) *JOVE* e53481. DOI: 10.3791/53481.

THE EFFECT OF BIOAUGMENTATION AND BIOCHAR-STIMULATION ON METAL(LOID)S CONTAMINATED SOIL AND PLANT GROWTH

M. SIMIELE¹, A. BUCCI¹, S. PASQUALE¹, M. LEBRUN^{1,2}, G.S. SCIPPA¹, D. MORABITO², G. NACLERIO¹, C. CAPRARI¹, D. TRUPIANO^{1*}

¹Department of Biosciences and Territory, University of Molise, 86090 Pesche (IS), Italy; ²LBLGC-EA 1207, INRA USC1328, Orléans University, BP 6759, 45067 Orléans CEDEX 2, France. *Corresponding author e-mail: dalila.trupiano@unimol.it

Metal(loid)s accumulation in soils and plants is of increasing concern because of the potential human health risks (1). In the last decade, several efforts were carried out by scientific community to improve bioremediation effectiveness in soil management. Bioremediation is a cost effective and eco-friendly approach using organisms (microorganisms, plants or their combination) for polluted soils remediation. Success of bioremediation depends on the proper selection of tolerant metal(loid)s microorganisms and plants. Various studies have focused on bioremediation effectiveness by addition of nutrients, ameliorating soil characteristics (biostimulation), or introduction of microorganisms to contaminated sites (bioaugmentation). Biostimulation occurs by adding natural/synthetic as well as organic/inorganic nutrients to soil (2) while bioaugmentation can involve isolation of native organisms and ‘mass-cultivating’ same for reintroduction to contaminated sites (3). A limitation of bioaugmentation is that the contaminated soils are usually nutrient deficient and cannot support the rapid growth of the bioaugmented microorganisms. Thus, a strategy to stimulate the metabolism and proliferation of microorganisms is the combination of bioaugmentation and biostimulation (4, 5).

In this context, the present study aimed to evaluate the effect of the bioaugmentation and biostimulation strategies, alone and combined, in a metal(loid)s contaminated site by using *Arabidopsis thaliana* model plant. The general purposes of the study presented here were: i) to isolate and characterize a metal(loid)s resistant bacterial strain, ii) to analyze how metal(loid)s, biochar (a biostimulator) and the resistant microorganism could influence plant development and growth and iii) to understand the mechanisms involved in plant metal(loid)s tolerance.

The study focused on a site located in Pontgibaud (France), contaminated mostly by arsenic (As) and lead (Pb). For the experiment, a resistant bacterial strain was isolated from contaminated soil and, successively, characterized. Then, *A. thaliana* (Col-0) seeds were planted in a growth chamber for 32 days on four different substrates: i) Pontgibaund polluted soil (P), ii) P soil amended with 2.5% of biochar (PB), iii) P soil inoculated with the previously isolated resistant bacterial strain (PI) and iv) P soil amended with 2.5% of biochar and inoculated with bacterial strain (PBI).

Finally, in order to have a complete picture about mechanism/effect of plant-biochar-bacteria association on metal(loid)s soil remediation, the following analysis were performed: i) physic-chemical analysis to monitor soil and soil pore water (SPW) characteristics; ii) plant analysis to monitor plant growth (Fig. 1 and 2) and to evaluate As and Pb uptake and tolerance; iii) determination of metal(loid)s content in the different plant organs (Fig. 3), soil and soil pore water to evaluate heavy metal mobility/availability.

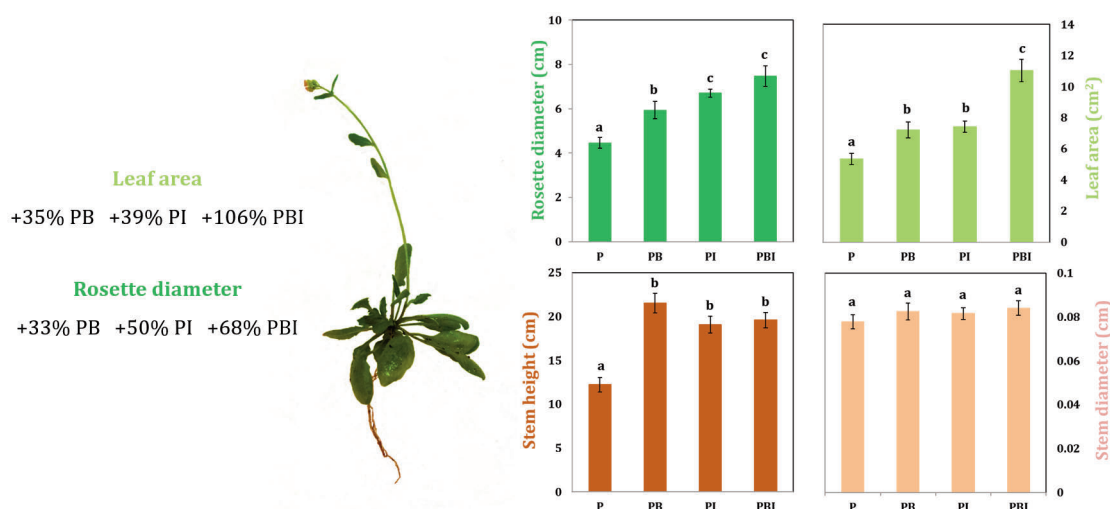


Fig. 1 - Main plant morphological measurements. Rosette diameter, leaf area, stem height and stem diameter were measured after 32 days of plant growth. Data represent the mean ($n = 6$) $\pm$ standard error. Mean values marked with the same letter are not statistically different. One-way ANOVA was applied to weigh the effects of different treatments ($p < 0.05$).

Results indicated that plants presented a similar metal(loid)s content in all treatments (Fig. 3), although they showed benefits, in term of growth and development, in the soil in which biochar and/or bacterial inoculum were

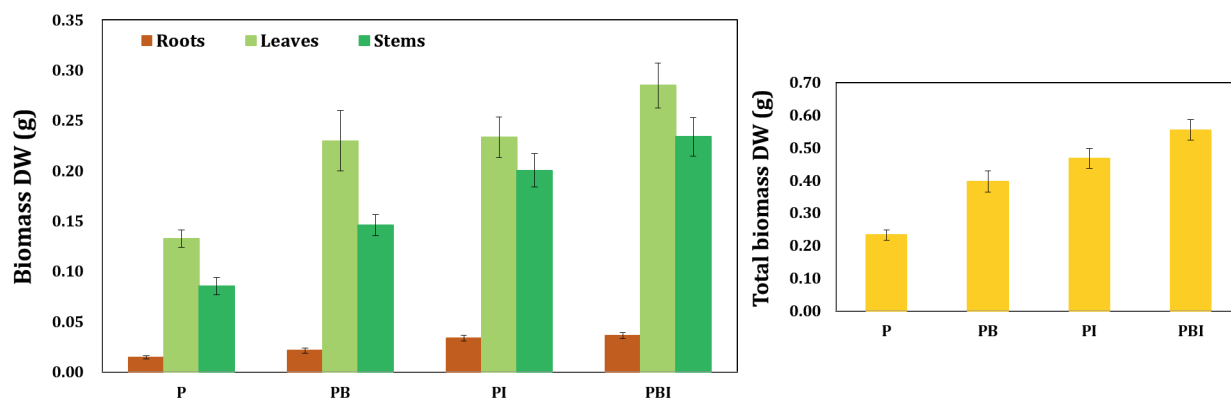


Fig. 2 - Total and organ specific biomass allocation in the different treatments. Data represent the mean ($n = 20$) $\pm$ standard error. Mean values marked with the same letter are not statistically different. One-way ANOVA was applied to weigh the effects of different treatments ($p < 0.05$).

added (Fig. 1 and 2). Thus, it's clear that biochar and inoculum, individually but mostly in association, increased plants metal(loid)s tolerance. Proteomic approach is currently used to identify specific proteins/pathways involved in this different response.

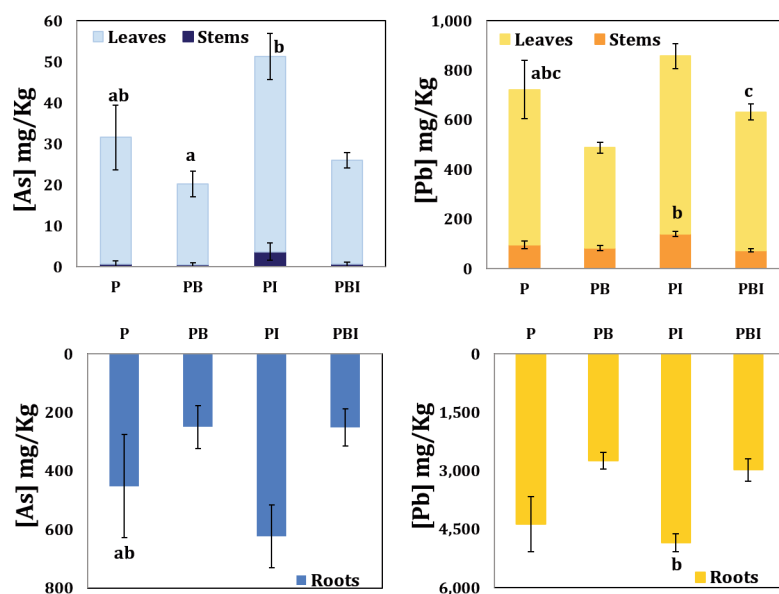


Fig. 3 - As and Pb content in the different plant organs. Data represent the mean ($n = 4$) $\pm$ standard error. Mean values marked with the same letter are not statistically different. One-way ANOVA was applied to weigh the effects of different treatments ($p < 0.05$).

- 1) Z. Tang, L. Zhang, Q. Huang, Y. Yang, Z. Nie, J. Cheng, J. Yang, Y. Wang, M. Chai (2015) Ecotoxicology and Environmental Safety, 122: 343-351.
- 2) M.A. da Conceicao Gomes, R.A. Hauser-Davis, A.N. de Souza, A.P. Vitoria (2016) Ecotoxicology and Environmental Safety, 134: 133-147.
- 3) H. Hamdia, S. Benzarti, L. Manusadzianas, I. Aoyama, N. Jedidi (2007) Soil Biology & Biochemistry, 39: 1926-1935.
- 4) P. Rojjanateeranaj, C. Sangthong, B. Prapagdee (2017) Chemosphere, 185: 764-771.
- 5) T. Wang, H. Sun, X. Ren, B. Li, H. Mao (2017) Scientific Reports.

COMPETIZIONE E FACILITAZIONE DETERMINANO VARIAZIONI NELLA CRESCITA RADIALE DI FAGGIO E ABETE BIANCO IN POPOLAMENTI MISTI E PURI LUNGO UN TRANSETTO LATITUDINALE

S. VERSACE^{1,2,3}, M. DALPONTE², L. FRIZZERA², D. GIANELLE², R. TOGNETTI^{3,4}, V. GARFI¹

¹Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università degli Studi del Molise, Contrada Fonte Lappone, 86090, Pesche, Italy; ²Dipartimento di Agrosistemi Sostenibili e Biorisorse, Centro Ricerca e Innovazione, Fondazione Edmund Mach, via Edmund Mach 1, 38010, San Michele all'Adige, Italy; ³The EFI Project Centre on Mountain Forests (MOUNTFOR), via Edmund Mach 1, 38010, San Michele all'Adige, Italy; ⁴Dipartimento di Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Università degli Studi del Molise, Via Francesco De Sanctis, 86100, Campobasso, Italy

Introduzione - La produttività in termini di crescita radiale di un popolamento forestale può dipendere da molteplici fattori sia naturali (interazioni tra le specie, condizioni climatiche) che antropici (gestione forestale). Le interazioni tra coppie di specie sono i principali meccanismi responsabili dell'effetto di complementarità di nicchia e sono considerati i driver più importanti per comprendere le dinamiche delle comunità. Questa importanza è data dal ruolo chiave che essi giocano nella regolazione della composizione di comunità ed ecosistemi (1). Le interazioni competitive in soprassuoli misti sono spesso meno forti (2, 3) e la concorrenza inter-specifica può essere inferiore a quella intra-specifica quando c'è una forte complementarità di nicchia tra specie (4). Gli effetti di competizione tra le piante sono fortemente correlati alle dimensioni degli alberi stessi. Le dinamiche evolutive e l'intensità della concorrenza possono essere indagate attraverso l'uso di indici di competizione (CI). Alcuni di questi, basati sull'individuo, riflettono la densità locale dei concorrenti che interagiscono con l'albero soggetto (5), dando la possibilità di quantificare l'influenza di individui vicini sulla crescita degli alberi soggetto. L'obiettivo dello studio è comprendere gli effetti di facilitazione e competizione che esistono tra due importanti specie forestali in soprassuoli misti e puri.

Aree di studio - Questo studio è stato condotto in tre regioni d'Italia (Trentino-Alto Adige, Molise e Calabria) selezionate lungo un transetto latitudinale. I campionamenti sono stati eseguiti nei seguenti siti forestali: I) Lavarone e Cembra (Trentino-Alto Adige), II) "Abeti Soprani" (Molise) e III) Parco Nazionale della Sila ("Sila Piccola", Calabria). In ciascun sito è stata selezionata una tripletta composta da: i) un plot puro di faggio (Fp), ii) uno di abete bianco (Ap) e iii) uno di entrambe le specie (M, con Fm per faggio e Am per abete bianco).

Misure in campo e analisi dei campioni - In ogni sito sono stati misurati e georiferiti gli alberi con diametro maggiore di 7 cm. Inoltre, per ciascun albero è stato misurato il diametro a petto d'uomo, altezza totale, i raggi della chioma nelle quattro direzioni cardinali e l'altezza del primo ramo. Il campionamento dendrocronologico è consistito nella raccolta di due campioni legnosi (carote) per pianta, mediante succhiello di Pressler. Il prelievo del materiale è avvenuto su circa 50 alberi per plot, per un totale di 100 carote (Tab. 1).

Tab. 1 - Ubicazione dei siti di studio e dei parametri strutturali ottenuti per ciascuna tripletta. Densità del soprassuolo (N. alberi / ha); diametro medio dell'albero a petto d'uomo, DBH (cm); altezza media dell'albero, H (m).

Siti	Plot	Latitudine (N)	Longitudine (E)	Densità (alberi ha ⁻¹)	DBH (cm)	H (m)	carote / alberi
Trentino - Alto Adige	pure_beech	46°12'6.12"	11°12'37.05"	1286	19	15	80/60
	pure_silver fir	45°56'57.18"	11°18'53.14"	754	27	18	100/60
	mixed_beech	45°57'43.72"	11°16'26.63"	957	13	12	54/36
	mixed_silver fir				17	16	45/36
Molise	pure_beech	41°52'13.65"	14°16'37.85"	975	19	18	110/60
	pure_silver fir	41°52'11.02"	14°17'26.03"	525	35	19	86/44
	mixed_beech	41°52'14.35"	14°16'51.26"	405	25	18	47/31
	mixed_silver fir				54	25	38/19
Calabria	pure_beech	39° 9'13.49"	16°39'53.05"	650	30	19	60/46
	pure_silver fir	39° 9'19.31"	16°41'2.30"	750	29	19	71/43
	mixed_beech	39° 9'7.96"	16°40'12.33"	613	28	18	42/25
	mixed_silver fir				37	20	42/29

La lettura dei campioni legnosi è stata effettuata tramite il software TSAP. Tutte le serie sono state prima cross-dateate usando COFECHA per valutare l'accuratezza delle letture, e successivamente standardizzate mediante il programma ARSTAN, con una funzione di spline cubica, con una risposta di frequenza del 50%, per rimuovere le tendenze non climatiche dovute all'età, alle dimensioni e alle dinamiche del popolamento. Le cronologie sono state convertite in incremento di area basale (BAI): $BAI_t = \pi r_t^2 - \pi r_{t-1}^2$

dove BAI al tempo t indica l'incremento annuale di area basale, r_t è il raggio del fusto alla fine dell'incremento

annuale, e r_{t-1} è il raggio del fusto all'inizio dell'incremento annuale. In seguito, per ogni albero è stato calcolato il BAI e successivamente standardizzato per rimuovere l'effetto età, attraverso la seguente equazione:

$$BAI_s = \sum_{i=1}^t \frac{BAI_i}{n}$$

Dove BAI_s indica l'indice di area basale standardizzato, BAI_i indica l'incremento annuale di area basale al tempo t e n è il numero totale di anni di ogni individuo.

Competizione a livello di soprassuolo - Per analizzare l'intensità della competizione nei nove plot, abbiamo usato l'indice di densità del soprassuolo (SDI) di Reineke (6), che descrive la densità come il numero di piante per ettaro con diametro medio di 25 cm (metodo Shaw per popolamenti disetanei):

$$SDI = \sum_{i=1}^n \left(\frac{d_i}{25} \right)^{1.6}$$

dove d_i è il diametro (cm) dell'albero i -esimo. L'indice di densità nei plot misti è stato ottenuto attraverso il calcolo degli SDI massimi di entrambe le specie ($SDIMAX_1$ e $SDIMAX_2$). L'SDI massimo di una specie rappresenta il grado di affollamento più alto che quella determinata specie può raggiungere. Gli SDIMAX sono stati utilizzati per derivare i coefficienti di equivalenza per le due specie $e_{2 \Rightarrow 1} = \frac{SDIMAX_1}{SDIMAX_2}$ ed $e_{1 \Rightarrow 2} = \frac{SDIMAX_2}{SDIMAX_1}$.

I coefficienti di equivalenza sono stati utilizzati per calcolare l'SDI delle specie 1 e 2 nei plot misti ($SDI_{1,2} = SDI_{1,(2)} + SDI_{(1),2} \times e_{2 \Rightarrow 1}$) e per rendere la densità dei plot misti paragonabile a quella dei puri.

Indici di competizione a livello di singolo albero - Per analizzare le dinamiche della competizione nei plot e individuare le variabili che determinano in modo efficace le relazioni competitive tra gli alberi, abbiamo utilizzato gli indici di competizione (CI) basati su singoli individui. Il primo passo per calcolare gli indici di concorrenza a livello di singolo albero è stato individuare l'area entro la quale gli alberi competono per le risorse. Per definire la zona di vicinato abbiamo utilizzato il metodo proposto da Lorimer (7), cioè definizione di un raggio di ricerca ottenuto moltiplicando il raggio medio della chioma di ogni plot per la costante 3.5. Il raggio di ricerca ottenuto per ogni plot è stato utilizzato per creare all'interno di ogni area di studio un subplot. Inoltre, per ogni albero all'interno del subplot sono stati calcolati due indici di competizione di Hegyi (8). Il primo indice basato sul diametro è stato calcolato con la seguente formula:

$$CI_{ji} = \sum_{j=1}^n \frac{DBH_j / DBH_i}{dist + 1}$$

dove DBH_j è il diametro dell'albero competitore, DBH_i è il diametro dell'albero soggetto e $Dist$ indica la distanza tra l'albero soggetto e il suo competitore.

Il secondo, invece basato sull'altezza:

$$CI_{ji} = \sum_{j=1}^n \frac{h_j / h_i}{dist + 1}$$

dove h_j è il diametro dell'albero competitore, h_i è il diametro dell'albero soggetto e $Dist$ indica la distanza tra l'albero soggetto e il suo competitore.

Risultati attesi - Maggiore competizione nei popolamenti monospecifici; Effetti di facilitazione a favore dell'abete bianco rispetto al faggio in soprassuoli misti.

- 1) R.W. Brooker (2006) *New Phytologist*, 171(2): 271-284.
- 2) K.D. Coates, E.B. Lilles, R. Astrup (2013) *Journal of Ecology*, 101(3): 806-818.
- 3) I. Mölder, C. Leuschner (2014) *Trees*, 28(3): 777-792.
- 4) M. del Río, S. Condés, H. Pretzsch (2014) *Forest Ecology and Management*, 325: 90-98.
- 5) M. Tomé, H.E. Burkhart (1989) *For. Sci.*, 35: 816-831.
- 6) C.G. Lorimer (1983) *For. Ecol. Manage.*, 6: 343-360.
- 7) L.H. Reineke (1933) *J. Agric. Res.*, 46: 627-638.
- 8) F. Hegyi (1974) *Fries J. (ed.) Royal Coll. of For., Stockholm, Sweden*, pp. 74-90.

Indice degli Autori

Acosta A.T.R.	56, 72	Frizzera L.	78
Alvites C.	7	Gallo L.	54
Aucelli P.P.C.	61	Garfi V.	61, 78
Baccigalupi L.	17	Gerbino S.	11
Battipaglia G.	7	Gianelle D.	78
Boldi F.	54	Gioiosa A.	50
Bonomo A.E.	60	Giulio S.	56
Bottone M.	65	Hampel H.	7
Bricca A.	19	Iannone G.	23
Bucci A.	17, 65, 76	Iossa S.	17
Calabrese V.	19	Jamwal P.S.	52
Cancelliere R.	17	Jozwiak A.	15
Capobianco G.	9, 40	Lasserre B.	13, 33
Capotorti G.	13	Laudato G.	54
Caprari C.	74, 76	Lebrun M.	76
Carranza M.L.	19, 31, 48, 52, 56	Lombardi F.	68
Casiraghi M.	6	Longo M.	39
Cerda A.	61	Loy A.	42, 52
Cerrone C.	40	Lucia D.	25
Chiatante D.	74	Malatesta R.	54
Ciliberti D.	21	Malavasi M.	56
Cillis G.	25	Manduca A.	15
Colardo M.	23	Marchetti M.	13, 33, 61, 68
Colavita A.R.	54	Marzialetti F.	48, 56
Colella B.	23, 29, 35	Matteucci G.	7
Conte A.L.	25, 27	Mazzoli A.	17
Crescenzo R.	17	Meffe G.	58
Cutini M.	19	Meini M.	21
Cutone A.	29	Mercaldo F.	9
Dalponi M.	78	Mignelli L.	44
De Bonis L.	66	Minervino Amodio A.	60, 61
De Cristofaro A.	68	Moccia L.E.	63
de Francesco M.C.	31, 48	Monaco A.	17
Delhomme N.	58	Monaco P.	65
De Toni A.	33	Montagnoli A.	74
De Vito L.	54	Morabito D.	76
Diamente S.	42	Moreno S.	15
Di Bartolomeo S.	23, 29, 35	Musci G.	29
Di Febbraro M.	52	Naclerio G.	17, 65, 76
Di Giacomo U.A.	9	Nardone V.	9
Di Giorgio A.	37, 42	Oliveto R.	54, 70
Di Iorio G.	42	Ottaviano G.	66
di Leva D.	11	Pagliaro A.	29
Di Luccia B.	17	Pagliaroli A.	44
Di Martino P.	33, 37	Pallottini V.	15
Di Marzio P.	27	Paniccia C.	42
Di Placido A.	40	Paoletta N.	65
Di Perna F.F.	39	Parisi F.	68
Di Pirro E.	13	Pasini E.M.	39
Donadelli G.R.	54	Pasquale S.	76
Fabbrocino G.	11	Piacentino G.M.	50
Falcione M.	42	Piantadosi V.	70
Ferrandino I.	17	Pizzi E.	39
Ferrandis Martínez A.	33	Ponzi M.	39
Fierro T.	44	Prisco I.	48, 72
Filocamo F.	46	Ranalli G.	35
Fortini P.	25, 27	Ricca E.	17
Frate L.	48	Rossi A.	74
Fratanni N.	50	Roskopf C.M.	46, 61
		Rosso P.	15
		Russo D.D.	40

Salesa D.	61
Sallustio L.	13
Santone A.	9
Santopuoli G.	7
Santucci de Magistris F.	44
Scalabrino S.	54, 70
Scasserra G.	44
Schiffthaler B.	58
Scippa G.S.	37, 74
Scirocco M.	72
Segatto M.	15
Sferra G.	39
Simiele M.	76
Sperandii M.G.	56
Stanisci A.	19, 31, 48, 72
Street N.	58
Swiezewska E.	15
Tavone P.	42
Tognetti R.	7, 68, 78
Tozzi F.P.	31
Trezza V.	15
Trupiano D.	35, 37, 74, 76
Vaquez R.F.	7
Varricchione M.	31
Velasco G.	23
Versace S.	78

