



43° Congresso della Società Italiana di Biologia Marina

Marina di Camerota (SA), 4-8 giugno 2012



VOLUME DEI PRE-PRINT



A. MENGONI, E. PAGOTO, A. UGOLINI

Dipartimento di Biologia Evoluzionistica, Università di Firenze,
Via Romana, 17 - 50125 Firenze, Italia.
alberto.ugolini@unifi.it

**CARATTERIZZAZIONE DELLE COMUNITÀ MICROBICHE
DI SPIAGGE SABBIOSE DELL'ISOLA DI FAVIGNANA (EGADI, TP)**

*CHARACTERIZATION OF BACTERIAL COMMUNITIES
IN SANDY BEACHES FROM FAVIGNANA ISLAND (EGADI, ITALY)*

Abstract - Marine coasts represent highly dynamic ecosystems, with sandy beaches being one of the most heterogeneous and subjected to seasonal fluctuations and anthropic pressure due to recreational activities. Here we investigate the composition and dynamics of bacterial communities in three sandy beaches, at Favignana Islands, aiming to evaluate the effect of the transect sea-land on the bacterial community. Results obtained using metagenetic approaches (T-RFLP and sequencing of 16S rRNA gene) showed the presence of a different bacterial communities both in the transect and in the different beaches and an abundance of members of Alphaproteobacteria and Firmicutes classes.

Key-words: bacterial communities, sandy beaches, anthropic pressure, Egadi Islands.

Introduzione - Le coste sabbiose agiscono come filtri biocatalitici per vari tipi di materiali trasportati dalle correnti e dal vento, tra cui materiale organico particolato e disciolto derivante da biomasse vive e morte di origine terrestre e marina. I sedimenti sabbiosi sono costantemente soggetti a fenomeni di disturbo contaminazione di tipo biotico e abiotico (es. uso turistico delle spiagge, vicinanza di zone antropizzate, ecc.). Negli ultimi anni le problematiche microbiologiche dei sedimenti sabbiosi sono state oggetto di attenzione, sia per quanto riguarda i microrganismi coltivabili, sia per la frazione microbica totale (Gobet *et al.*, 2012). Questi studi hanno mostrato come l'habitat sabbioso, con l'elevata diversità di microniche ecologiche presenti, supporti una ricca comunità batterica costituita essenzialmente da specie "residenti" ben adattate all'adesione sui granelli di sabbia, e da specie più "occasional", legate alle fluttuazioni stagionali o all'impatto antropico. A fronte tuttavia di un numero consistente di lavori sui sedimenti sabbiosi sommersi, ancora sono scarsi gli studi sulla fascia sopralitorale delle coste sabbiose. Nella strutturazione della comunità batterica della spiaggia giocano potenzialmente infatti anche altri fattori ambientali, oltre a quelli sopramenzionati per i sedimenti sommersi. Uno dei più rilevanti è la distanza dalla linea di battigia, che determina un gradiente nel contenuto di acqua e salinità, soprattutto nella stagione estiva. Per cominciare a indagare la composizione delle comunità batteriche delle spiagge e la loro relazione con la pressione antropica e con il gradiente rispetto alla linea di battigia, sono stati effettuati dei campionamenti su tre spiagge dell'isola di Favignana, nell'Area Marina Protetta delle Isole Egadi (TP), caratterizzate da situazioni diverse di pressione antropica e fattori abiotici.

Materiali e metodi - Campioni di sabbia (0-10 cm di profondità) sono stati prelevati in settembre e dicembre 2011, nelle spiagge di Favignana Paese (porto turistico), Lido Burrone (uso turistico) e Faraglioni (scarsamente frequentata dal turismo). Per ogni spiaggia sono stati campionati tre punti lungo un transetto mare-terra (linea di battigia, metà spiaggia, fine spiaggia) e per ogni punto sono stati prelevati 3 campioni. I

campioni sono stati mantenuti a temperatura ambiente per tre giorni e poi congelati a -80 °C prima dell'estrazione del DNA. Sui campioni è stata determinata l'umidità, la granulometria, il contenuto di carbonio organico e la presenza di metalli pesanti. Il DNA totale è stato estratto con il FastDNA Kit for Soil (QBiogene) per un totale di 27 campioni. Da ciascun campione di DNA è stato amplificato il gene codificante il 16S rRNA ed analizzato mediante la tecnica del Terminal-Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP) usando gli enzimi di restrizione *AluI* e *TaqI* (Mengoni *et al.*, 2007). I frammenti ottenuti (TRFs) sono stati analizzati mediante elettroforesi capillare su sequenziatore automatico ABI310. Su tre pool di campioni rappresentativi del transetto mare-terra è stata infine effettuata un'analisi metagenetica sulla regione variabile V3 del gene 16S rRNA mediante sequenziamento massivo con tecnica Illumina.

Risultati - La diversità tassonomica della comunità batterica (misurata come richness mediante il numero di TRFs) risulta essere influenzata sia dalla distanza dalla linea di battigia, sia, in misura minore, dalla pressione antropica. In particolare le maggiori differenze si sono osservate lungo il transetto mare-terra, tra i campioni della linea di battigia (diversità maggiore, richness=20±4 TRFs) e quelli del fine spiaggia (diversità minore, richness=13±2 TRFs). Riguardo alle differenze nella struttura della comunità batterica, la spiaggia meno impattata dal turismo (Faraglioni) risulta essere quella con le maggiori eterogeneità lungo il transetto. Riguardo all'analisi metagenetica, le classi batteriche più rappresentate in termini di diversità tassonomica sono risultate essere quelle degli Alphaproteobacteria e dei Firmicutes, suggerendo, soprattutto per la prima classe, una stretta relazione con i batteri pelagici.

Conclusioni - I risultati fin qui ottenuti indicano che il sistema spiaggia costituisce un serbatoio di biodiversità batterica, anche in presenza di scarsità di nutrienti e acqua e alta salinità, come nei campioni di fine spiaggia. Restano da chiarire gli aspetti funzionali delle comunità batteriche identificate nei riguardi dei cicli dei nutrienti. Questi risultati possono avere implicazioni per chiarire gli aspetti di transizione tra spiaggia e suolo (es. colonizzazione vegetale della duna) e per modellizzare la desertificazione e salinizzazione dei suoli.

Ringraziamenti - Si ringrazia la direzione dell'Area Marina Protetta delle Isole Egadi (TP) per l'autorizzazione ai campionamenti ed il supporto logistico in loco.

Bibliografia

GOBET A., BOER S.I., HUSE S.M., VAN BEUSEKOM J.E.E., QUINCE C., SOGIN M.L., BOETIUS A., RAMETTE A. (2012) - Diversity and dynamics of rare and of resident bacterial populations in coastal sands. *ISME J.*, **6**: 542-553.
MENGONI A., GIUNTINI E., BAZZICALUPO M. (2007) - Application of Terminal-Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP) for Molecular Analysis of Soil Bacterial Communities. In: Varma A. (ed), *Advanced Techniques in Soil Microbiology*. Springer, New-York: 295-305.