

**NUOVI STRUMENTI E TECNOLOGIE
PER LA VALORIZZAZIONE DEI
PRODOTTI ITTICI**

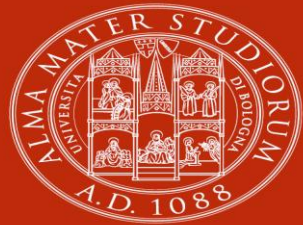
A cura dei GTI Acquacoltura e pesca

**2023 OPEN
DISTAL**



ALMA MATER STUDIORUM
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

DIPARTIMENTO DI
SCIENZE E TECNOLOGIE AGRO-ALIMENTARI



ALMA MATER STUDIORUM
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

OpenDISTAL

22 Settembre 2023

Le oloturie come specie alternative per un'acquacoltura sostenibile: un quadro delle risorse genetiche disponibili

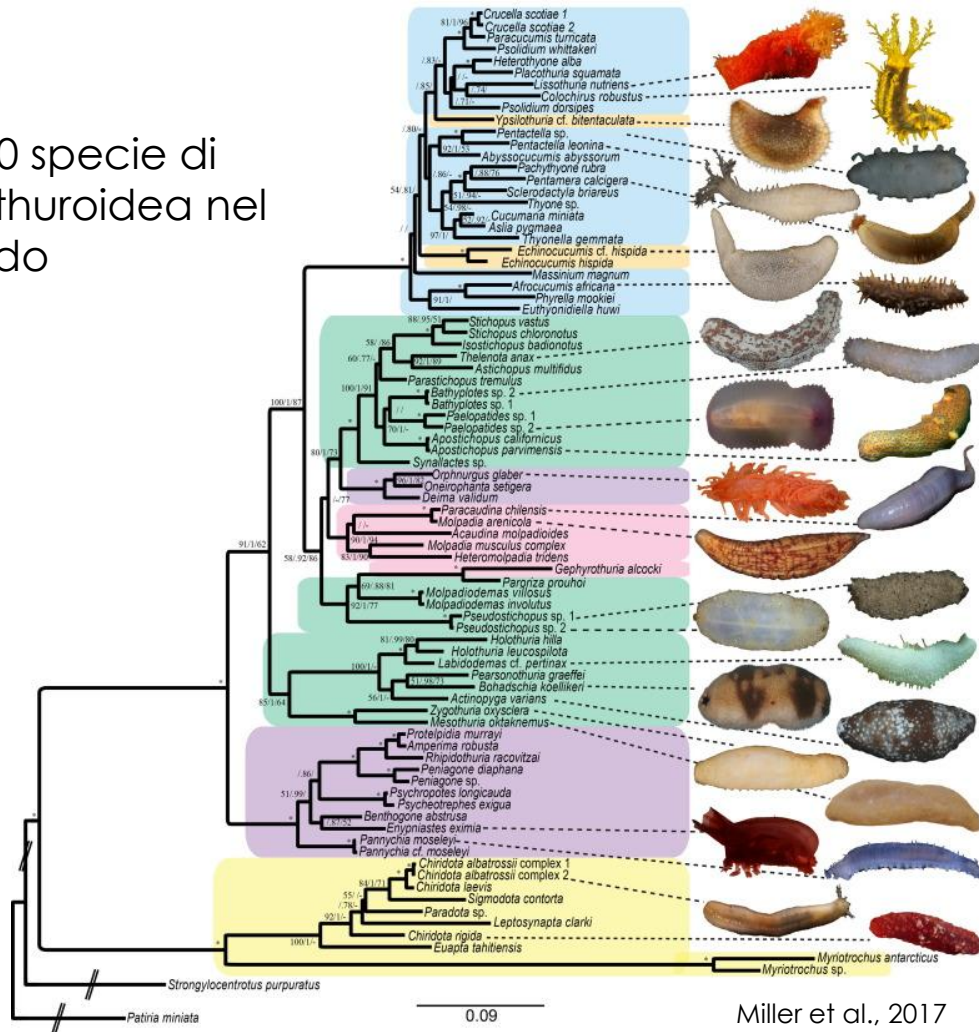
Anisa Ribani

Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-Alimentari,
Università di Bologna

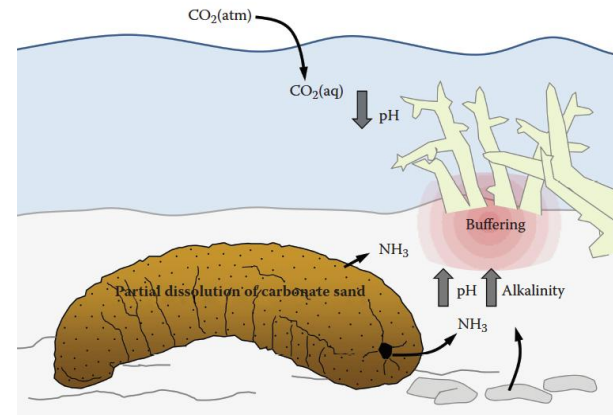
Introduzione

Le **oloturie (Holothuroidea, Echinodermata)** sono animali detritivori delle comunità bentoniche marine

~1500 specie di Holothuroidea nel mondo



Ruolo ecologico chiave per bioturbamento del sedimento marino → contribuiscono al ciclo dell'azoto, contrastano l'acidificazione del mare, ossigenano il sedimento



Purcell et al., 2016

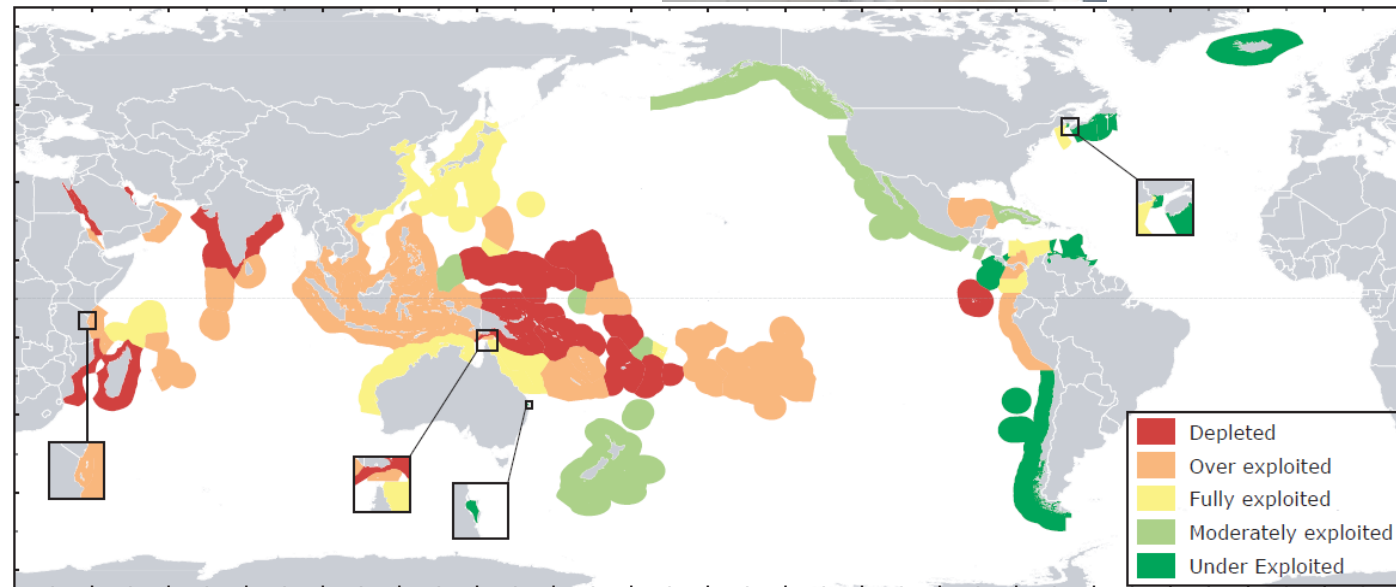


Introduzione

Molte specie sono considerate **alimento di lusso** nella cucina tradizionale asiatica (*trepang*, 100-2000€/Kg) e utilizzate anche nel settore farmaceutico e cosmetico



Pesca incontrollata di oloturie prima nei mari asiatici, poi nel Mediterraneo → depauperamento delle popolazioni selvatiche e **perdita di biodiversità** con impatto negativo sull'ecosistema marino

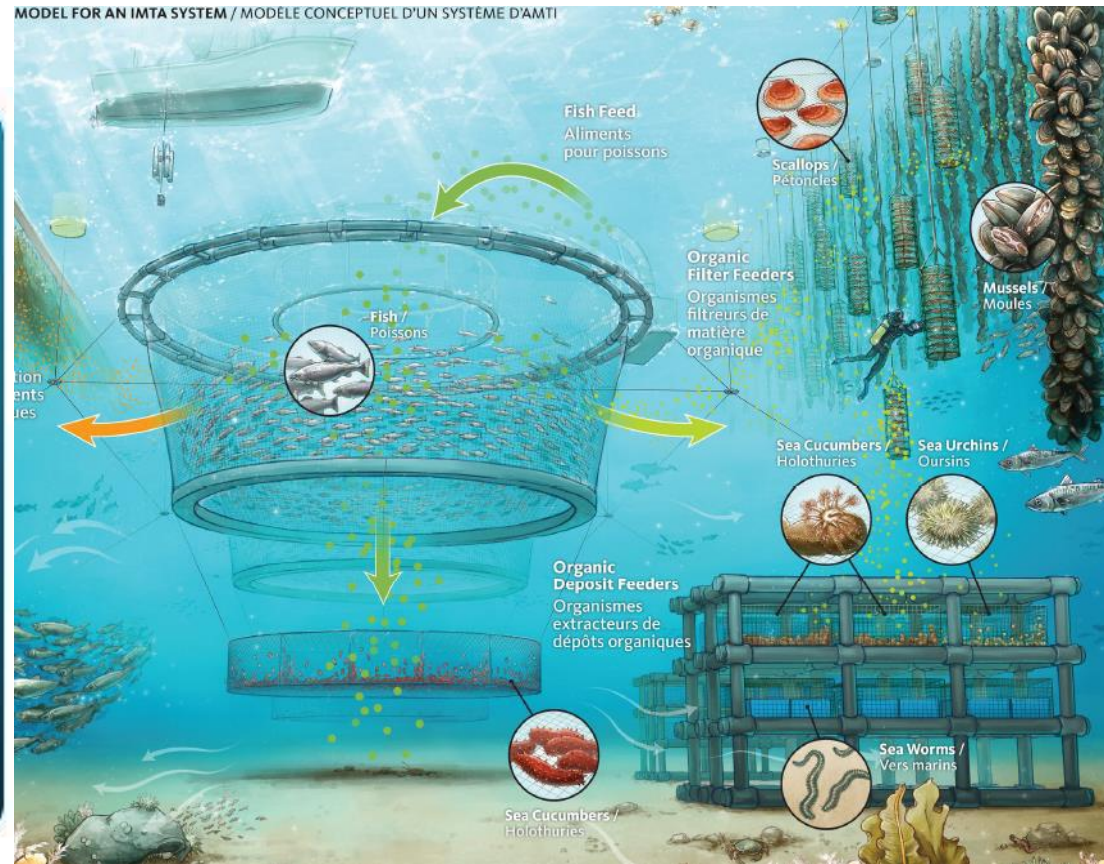
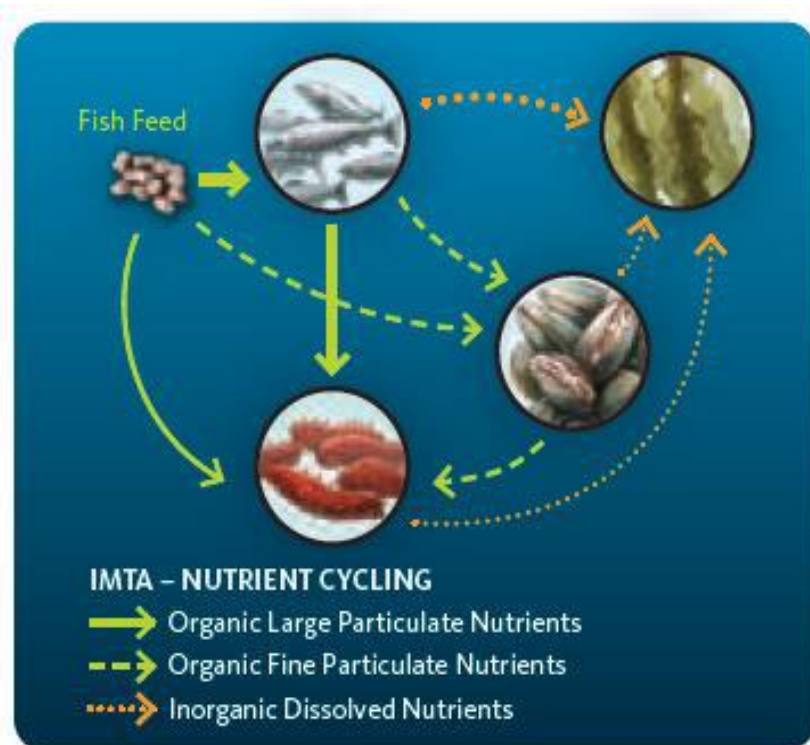


Introduzione

Valutazione delle oloturie come specie per **acquacoltura** per:

- **Ripopolamento**
- **Consumo diretto**
- **Acquacoltura Multi-Trofica Integrata (IMTA)** → mitigazione dell'impatto dell'acquacoltura intensiva

Rakaj et al., 2022



Grosso et al., 2021



Scopo

Valutazione del livello di **diversità genetica** di due specie simpatriche di *Holothuria* in diversi siti del Mediterraneo come primo step per stabilire popolazioni da destinare all'acquacoltura.



Holothuria tubulosa



Holothuria polii



Risultati – diversità genetica (*p*-distance)

Tra specie: *H. polii* e *H. tubulosa*



p-distance: 0.180

Soglia media di distanza per il gene *cox1* per discriminazione tra due specie: **0.05** (Ren et al., 2018)



Risultati – diversità genetica (*p*-distance)

Tra specie: *H. polii* e *H. tubulosa*



p-distance: 0.180

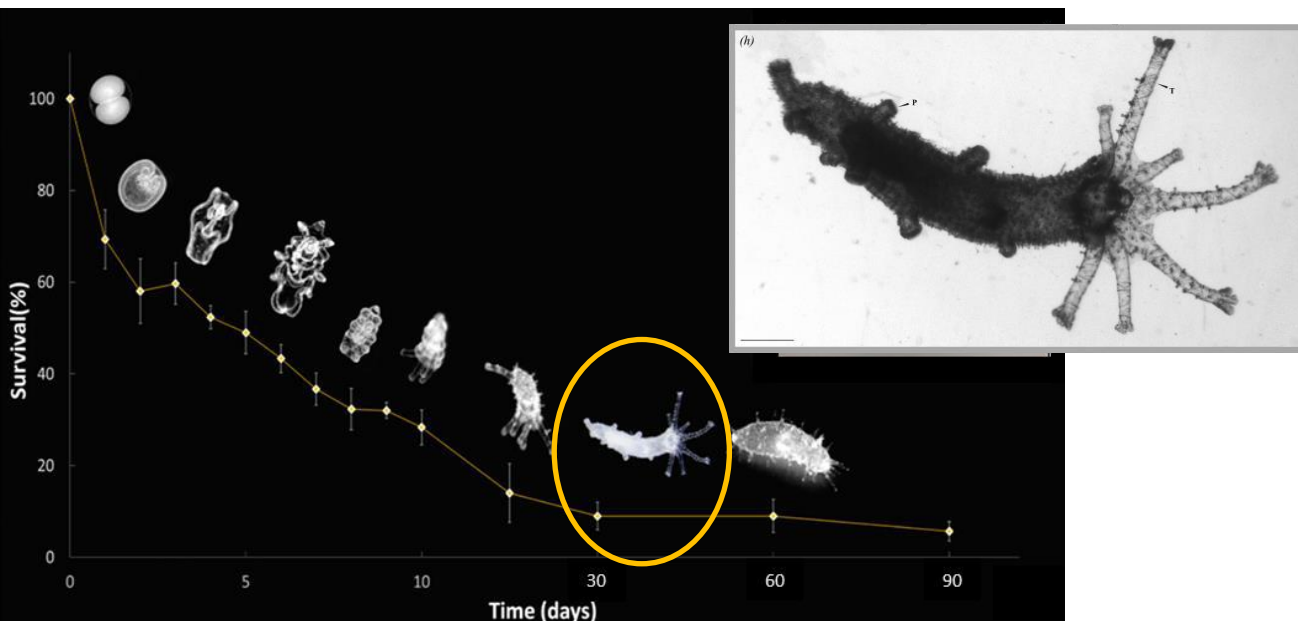
Soglia media di distanza per il gene *cox1* per discriminazione tra due specie: **0.05** (Ren et al., 2018)

Intra specie

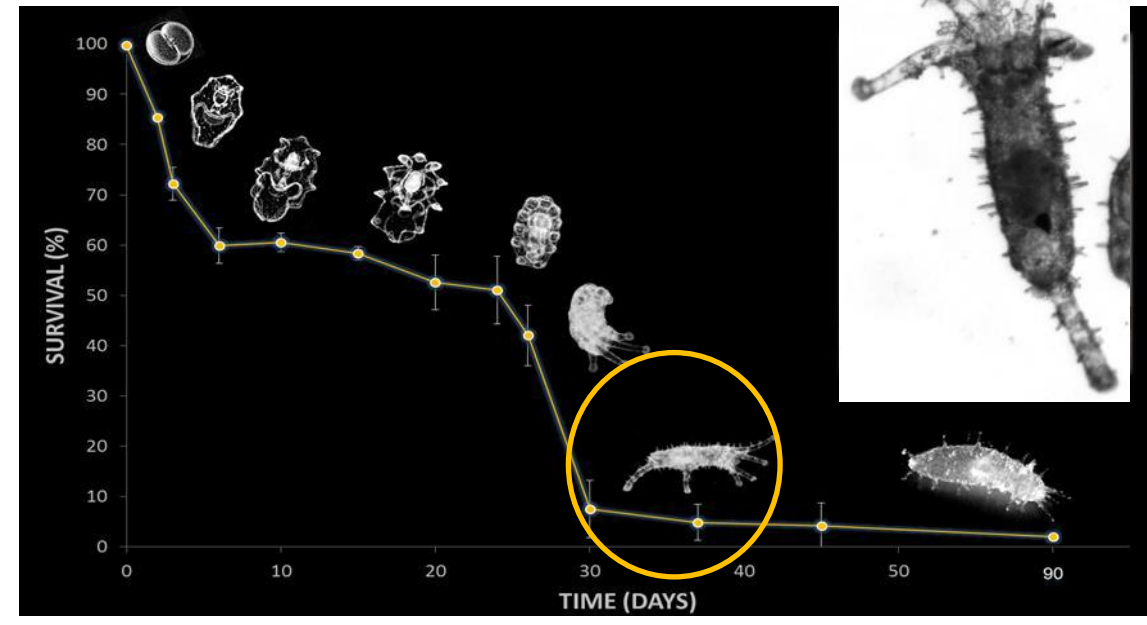
<i>Holothuria polii</i>	0.0085
<i>Holothuria tubulosa</i>	0.0295

Stadio larvale Pentactula → oloturie lasciano la vita planctonica

Holothuria polii



Holothuria tubulosa



Risultati – diversità genetica tra popolazioni (*p*-distance)

	HP_TM	HT_TM	HP_IM	HP_CS	HT_TO	HP_AM	HP_IS	HP_TS	HT_AM	HT_IS	HT_TS	HP_TO	HP_AS	HT_AS	HP_MDS	HT_MDS
HP_TM																
HT_TM	0.20192															
HP_IM	0.00630	0.20220														
HP_CS	0.00651	0.20202	0.00651													
HT_TO	0.19390	0.01489	0.19457	0.19431												
HP_AM	0.00696	0.19500	0.00644	0.00675	0.18816											
HP_IS	0.00681	0.18545	0.00564	0.00661	0.17936	0.00661										
HP_TS	0.00955	0.18495	0.00846	0.00983	0.17874	0.00956	0.00893									
HT_AM	0.17742	0.01347	0.17935	0.17701	0.01958	0.17910	0.17775	0.17598								
HT_IS	0.18381	0.01107	0.18573	0.18342	0.01756	0.18575	0.18441	0.18250	0.01844							
HT_TS	0.18491	0.00591	0.18647	0.18441	0.01239	0.18614	0.18328	0.18130	0.01311	0.01066						
HP_TO	0.00660	0.20233	0.00625	0.00664	0.19458	0.00689	0.00636	0.00877	0.17830	0.18488	0.18570					
HP_AS	0.01656	0.19265	0.01644	0.01652	0.18583	0.01658	0.01584	0.01830	0.17087	0.17684	0.17757	0.01663				
HT_AS	0.19784	0.01322	0.19803	0.19796	0.01949	0.19258	0.18350	0.18340	0.01826	0.01546	0.01076	0.19839	0.18901			
HP_MDS	0.00613	0.20009	0.00522	0.00618	0.19265	0.00622	0.00538	0.00792	0.17760	0.18404	0.18474	0.00584	0.01603	0.19604		
HT_MDS	0.20110	0.00939	0.20177	0.20095	0.01547	0.19380	0.18412	0.18371	0.01516	0.01297	0.00759	0.20153	0.19161	0.01427	0.19960	

Massima distanza genetica: 0.202
HP_TO vs HT_TM



Intraspecie: *p*-distance range 0.000 – 0.017

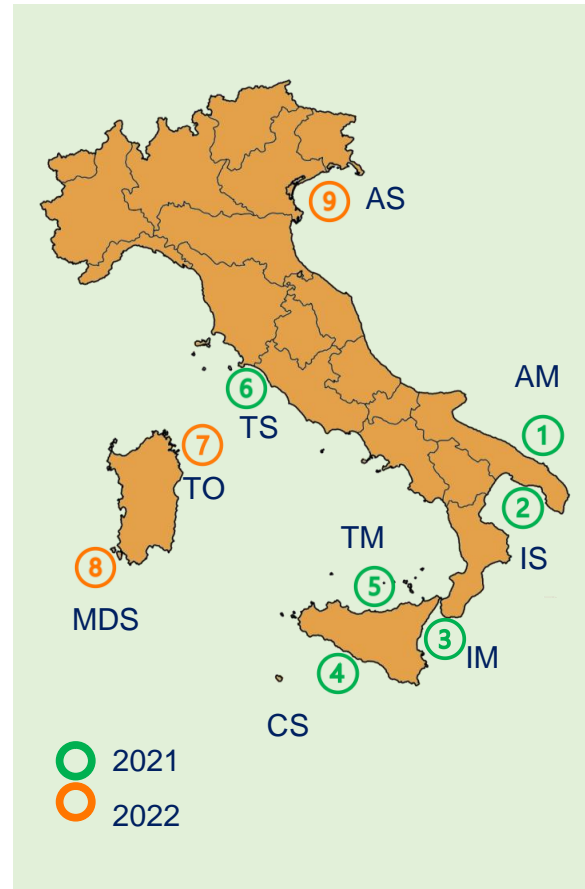
Inter specie (HT vs HP): *p*-distance range 0.174 - 0.202



Risultati – diversità genetica intrapopolazioni (*p*-distance)

p-distance within groups

HP_TM	0.006464
HT_TM	0.008295
HP_IM	0.005615
HP_CS	0.00667
HT_TO	0.021305
HP_AM	0.006951
HP_IS	0.006263
HP_TS	0.008807
HT_AM	0.021123
HT_IS	0.016188
HT_TS	0.005557
HP_TO	0.006571
HP_AS	0.026951
HT_AS	0.018153
HP_MDS	0.005107
HT_MDS	0.009723



**No differenziamento
genetico
intrapopolazioni**

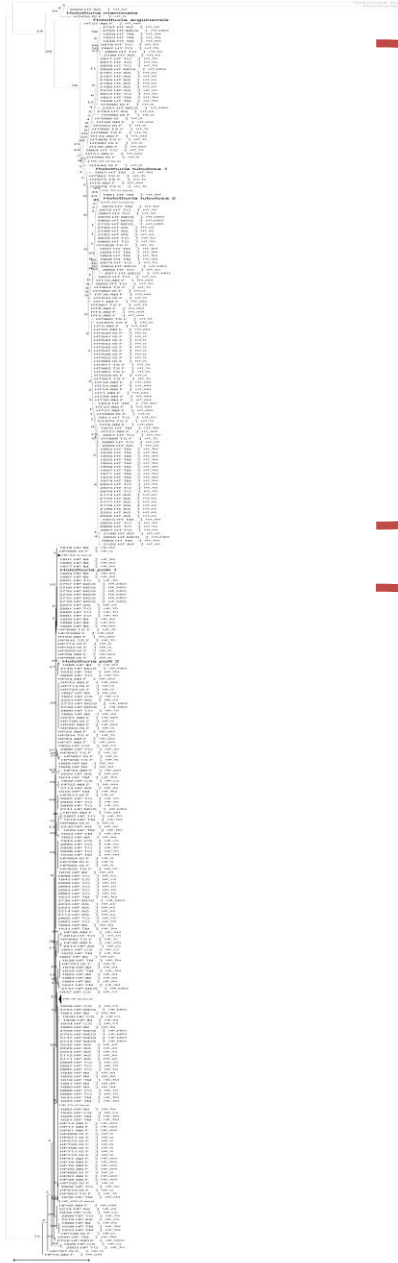
p-distance range:
0.005 (HP_MDS) –
0.027 (HP_AS)



Flusso genico attivo nel Mediterraneo



Risultati – Albero filogenetico NJ



Holothuria tubulosa



Holothuria polii

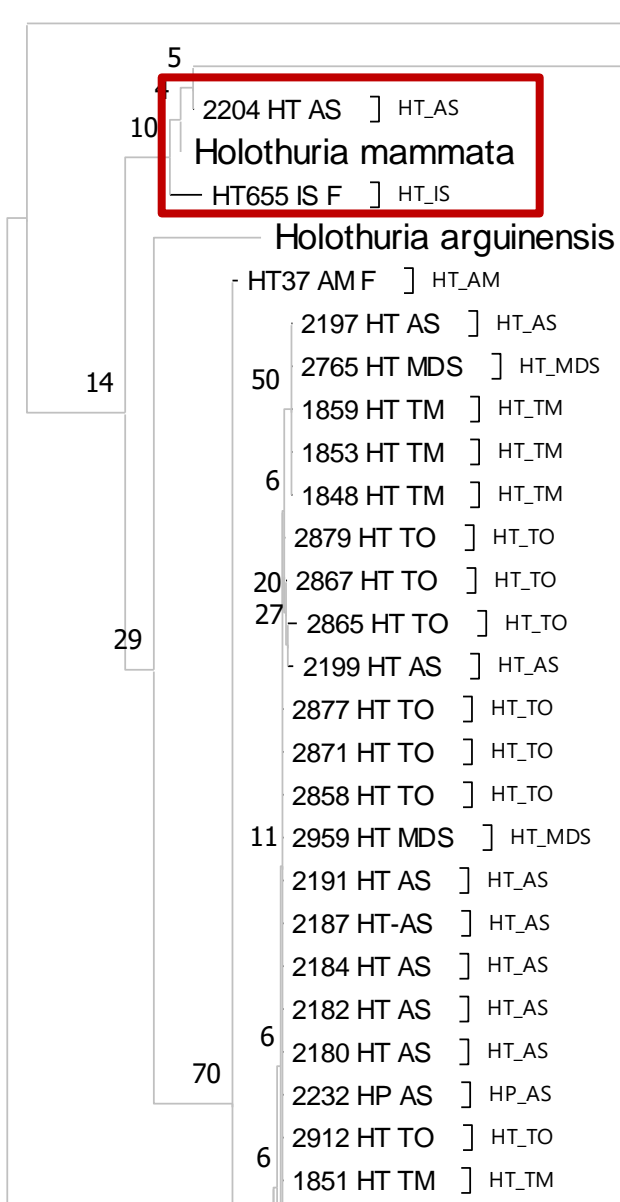
Differenziamento in due cladi distinti per le due specie



cox1 è un buon marcatore per discriminare le due specie



Risultati – clade *H. tubulosa*



2 HT si raggruppano con *H. mammata* →
complesso morfologico *H. tubulosa*-*H. mammata*



H. tubulosa



H. mammata

Grande variabilità
 morfologica
 intraspecifica

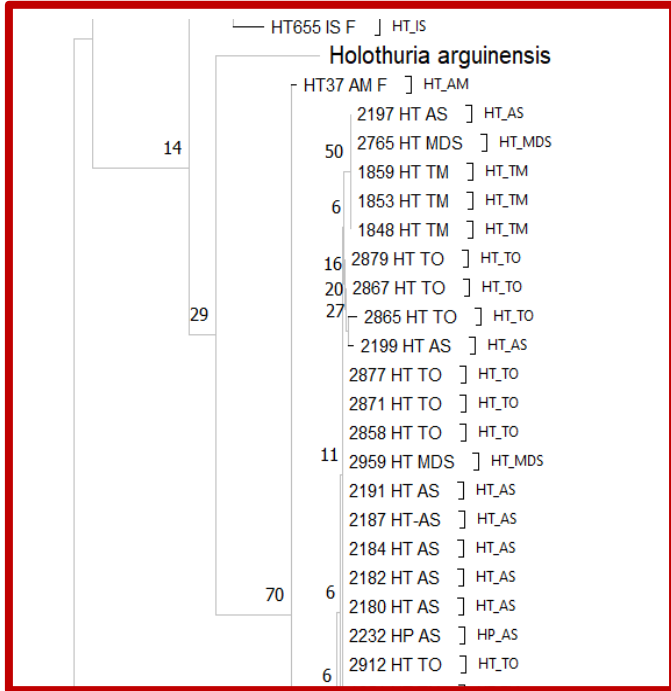
p-distance media con *H. mammata*: 0.003

p-distance media con *H. tubulosa*: 0.102

La genetica risolve problemi di determinazione tassonomica per queste specie



Risultati – clade *H. tubulosa*



H. arguinensis risulta in posizione basale rispetto al clade di *H. tubulosa*



Il complesso *H. tubulosa*-*H. mammata* può comprendere altre specie criptiche



H. tubulosa



H. mammata

...

Altre specie?



H. arguinensis

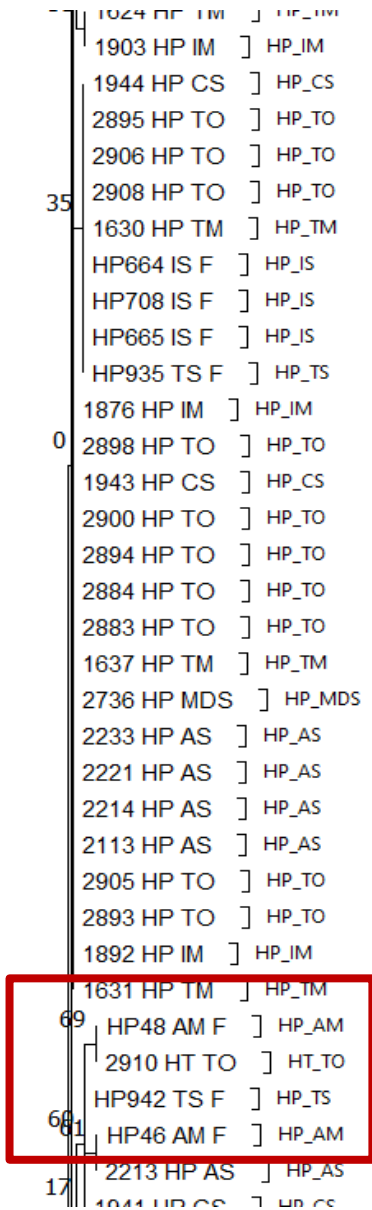


H. stellati

No cox1 data



Risultati – clade *H. polii*



2 esemplari HT si sono raggruppati nel clade *H. polii*



- Eventi di ibridazione tra specie simpatriche?
- Eteroplasmia del mtDNA?



H. tubulosa



H. polii



Conclusioni

- **Cox1** risulta essere un buon marcatore per l'identificazione delle specie nelle oloturie
- La distanza genetica ha rilevato differenza tra le due specie *H. tubulosa* e *H. polii* ma non all'interno delle popolazioni → **flusso genico attivo nei siti del Mediterraneo**
- L'albero filogenetico NJ ha chiarito l'appartenenza tassonomica di alcuni esemplari incerti → determinazione di **eventi di ibridazione** o del complesso *H.tubulosa-H.mammata*
- Le **analisi genetiche** e **morfologiche** possono essere integrate per attribuire le specie corrette, anche in caso di specie criptiche → **tassonomia integrata**



Questi risultati e questi metodi saranno utili per stabilire **popolazioni ad alta variabilità genetica** da destinare all'**acquacoltura**



Animal and Food Genomics Group @ DISTAL (UNIBO)



L. Fontanesi
PI, Full
Professor



F. Bertolini
Associate
Professor



S. Dall'Olio
Associate Professor



P. Zambonelli
Associate
Professor



S. Bovo
Assistant
Professor



A. Ribani
Assistant
Professor



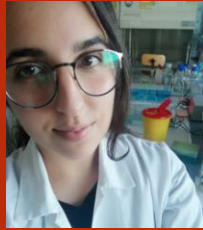
G. Schiavo
Assistant
Professor



M. Ballan
PhD student



M. Bolner
PhD student



V. Taurisano
PhD student



J. Vegni
Research Fellow



Grazie!

anisa.ribani2@unibo.it

**NUOVI STRUMENTI E TECNOLOGIE
PER LA VALORIZZAZIONE DEI
PRODOTTI ITTICI**

A cura dei GTI Acquacoltura e pesca

**2023 OPEN
DISTAL**



ALMA MATER STUDIORUM
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

DIPARTIMENTO DI
SCIENZE E TECNOLOGIE AGRO-ALIMENTARI