

Lo ZooPlantLab, nasce all'inizio del 2007, dall'incontro di due ricercatori del Dipartimento di Biotecnologie e Bioscienze dell'Università degli Studi di Milano Bicocca, Massimo Labra e Maurizio Casiraghi. Il laboratorio coniuga ricerca di base ed applicata in ambito zoologico e botanico.

Lo ZooPlantLab è impegnato in numerosi progetti di ricerca italiani e internazionali, e vanta diverse collaborazioni scientifiche sia con enti pubblici che privati.

Una delle tecniche principalmente utilizzate nello ZooPlantLab è il DNA barcoding, una metodica molecolare per l'identificazione di entità biologiche, che sfrutta la variabilità di un marcatore molecolare. Nel mondo vegetale vengono utilizzati sia marcatori nucleari (geni orologi COS) che plastidiali (lo spaziatore intergenico *trnH-psbA* ed il gene *matK*), nel mondo animale la molecola maggiormente utilizzata è il gene mitocondriale *coxI*. I principali progetti attivi nello ZooPlantLab prevedono in particolare l'integrazione dell'approccio molecolare (DNA barcoding) con quello tradizionale basato sull'identificazione morfologica degli organismi. L'approccio integrato permette la generazione di un dataset di riferimento, morfologico e molecolare, che possa essere utilizzato come sistema di identificazione anche per un "non esperto" di un determinato gruppo tassonomico. Nello ZooPlantLab è stato anche sviluppato un metodo comparativo di analisi del dato (l'Optimum Threshold) per una valutazione della bontà di un sistema discriminatorio basato sul DNA barcoding.



L'utilizzo dell'approccio integrato è applicato in particolare per l'identificazione di:

- piante spontanee della Sardegna con l'obiettivo di proteggerle e valorizzarle (in collaborazione con l'Università di Cagliari e con l'Università di Trieste). Questo progetto prevede inoltre il trasferimento di competenze biomolecolari e bioinformatiche da laboratori di ricerca nazionali ed internazionali in centri di ricerca della Sardegna ed in particolare presso il Dipartimento di Scienze Botaniche dell'Università di Cagliari. Si prevede altresì il trasferimento dei risultati su sistemi

informatici facilmente accessibili (ad esempio sito web) al fine di renderli fruibili a Parchi, Riserve, Enti Gestori del territorio ma anche a persone comuni interessati alla ricchezza floristica dell'Isola;

- specie di una flora locale completa composta da circa 300 specie della Val Rosandra (supportato finanziariamente dal MIUR ed in collaborazione con l'Università degli Studi di Trieste e l'Università degli Studi di Catania). Nel progetto ci si occuperà inoltre di una revisione del programma FRIDA, per permettere l'uso dei dati molecolari di ogni specie nei database del sistema di generazione degli strumenti di identificazione. Particolare attenzione verrà data alla costruzione di un prototipo utilizzabile via supporti mobili (palmari e telefoni cellulari di ultima generazione), la cui importanza appare ovvia nel probabile caso della costruzione e commercializzazione di strumenti analitici per l'analisi del DNA in campo. Inoltre il progetto verterà allo sviluppo di un approccio innovativo per l'identificazione tassonomica dei semi conservati nelle banche del seme basato sull'integrazione dei dati relativi all'analisi DNA barcoding e quelli provenienti dalle indagini micro-morfologiche. Al fine di identificare un DNA barcoding idoneo per la caratterizzazione univoca dei semi sarà valutata la variabilità genetica di differenti possibili marcatori. Tra questi saranno considerati sia geni ortologi, molto conservati e presenti in basso numero di copie (COS), sia alcuni marcatori relativi al DNA plastidiale (tra cui *trnH-psbA* e *matK*) descritti in precedenti pubblicazioni scientifiche



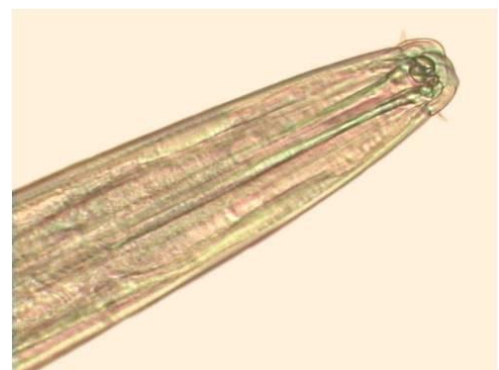
- piante velenose a partire da campioni raccolti presso centri specializzati per avvelenamenti. Il progetto è condotto in collaborazione con il Centro Antiveneni dell'ospedale Cà Granda di Niguarda ed il Museo Civico di Storia Naturale di Milano. Da un'analisi effettuata nei centri antiveneni nazionali ed internazionali emerge con preoccupazione che gli avvelenamenti dovuti ad ingestione accidentale di porzioni di piante velenose è sempre più diffuso. Quando un paziente si reca in un



centro specializzato con sintomi di avvelenamento, l'obiettivo dei medici è quello di identificare la specie (e quindi il principio attivo) responsabile dell'intossicazione al fine di pianificare la corretta terapia. Questo può essere semplice se il paziente ha con sé la specie responsabile dell'avvelenamento oppure se fornisce dettagli specifici della pianta mangiata mentre risulta molto complesso se vi sono solo porzioni della specie tossica (foglie, frutti, semi) o addirittura frammenti derivati da aspirati gastrici.



- nematodi parassiti appartenenti all'ordine Spirurida e alla famiglia Rhabdiasidae (in collaborazione con il Museo di Storia Naturale di Parigi). Un sistema di identificazione molecolare è un valido aiuto nella diagnosi clinica delle parassitosi da nematodi. E' stato messo a punto un sistema di identificazione basato su due marker mitocondriali, la *coxI* e il 12S rDNA.



- prodotti ittici per i quali non è possibile procedere a sicure identificazioni morfologiche. Lo ZooPlantLab utilizza il DNA barcoding come metodo diagnostico per la discriminazione di prodotti ittici per i quali non è possibile procedere a sicure identificazioni morfologiche. Il primo caso di cui ci siamo occupati è stato quello del palombo, nome comune (e commerciale) di uno squaliforme commercializzato in Italia. Sebbene due specie possano essere vendute con questa denominazione, nel mercato ittico nazionale vengono riscontrate più di una decina di altre entità biologiche, appartenenti a 4 differenti famiglie.



- pipistrelli in collaborazione con alcuni ricercatori del Gruppo Italiano Ricerca Chiroterri (GIRC). Un immediato riconoscimento morfologico di tutte le specie presenti nella nostra penisola (e in particolare per quanto riguarda i rappresentanti della famiglia Vespertilionidae) è spesso ostacolato dalla presenza di specie criptiche o di nuovi lineaggi mai descritti in precedenza. La disponibilità di un metodo di identificazione molecolare per questi organismi può fornire quindi un sistema di rapida identificazione della presenza di chiroterri, ad esempio tramite l'analisi dei resti fecali in assenza degli adulti, di indubbio vantaggio nella pianificazione di piani di tutela.



Lo ZooPlantLab inoltre si sta occupando, grazie al supporto di Fondazione Cariplo ed in collaborazione con musei di Storia Naturale lombardi di creare una genoteca (banca di DNA) di organismi viventi appartenenti al regno delle piante (Angiosperme e in parte Gimnosperme) ed animale (Vertebrati e alcuni gruppi di Invertebrati). La genoteca avrà un'ubicazione fisica presso lo ZooPlantLab del Dipartimento di Biotecnologie e Bioscienze dell'Università degli Studi di Milano-Bicocca, mentre l'accesso sarà garantito dal sito web: www.zooplantlab.btbs.unimib.it. Inoltre si sta procedendo alla razionalizzazione e valorizzazione degli erbari e delle collezioni museali al fine di creare una banca di campioni biologici presso il Civico Museo di Storia Naturale di Milano corrispondente alla banca genomica.