



Società Italiana di Ecologia

XX²
CON⁰
GRE¹
SSO⁰

**Società Italiana
di Ecologia**

LE SCIENZE
ECOLOGICHE
OGGI



SAPIENZA
UNIVERSITÀ DI ROMA



Con l'Alto Patronato della
Presidenza della Repubblica Italiana



Federazione Italiana di Scienze
della Natura e dell'Ambiente

S.It.E. Atti XXXIV (Vol. n° 1), 2010

Atti dei Workshop del XX Congresso Nazionale della Società Italiana di Ecologia
"Le Scienze Ecologiche Oggi"
Sapienza Università di Roma, Aula Magna

Roma, 27 - 30 settembre 2010

Società Italiana di Ecologia

Sede Legale: Dipartimento di Scienze Ambientali, Università di Parma

ISSN 1127-5006

progetto grafico e impaginazione:

GIORGIO MORETTI
Dipartimento di
Biologia Ambientale



Etica e ambiente

FABRIZIO RUFO

Dipartimento di Biologia e Biotecnologie "C. Darwin", Sapienza Università di Roma

In questi ultimi decenni si sono generati una serie di interrogativi e di questioni morali che hanno posto al centro della riflessione etica la nostra responsabilità di specie che, al contrario delle altre, ha la capacità di trasformare profondamente gli ambienti in cui vive. Questa presa di consapevolezza non è però indolore perché l'idea del dominio della natura tramite il progresso tecnologico e scientifico è il fondamento teorico sia della rivoluzione scientifica sia della rivoluzione industriale. Il rapporto tra etica e ambiente si presenta quindi come la rottura di questo consolidato quadro epistemologico e ci costringe a superare la dicotomia tra *uomo e natura* e a ragionare nei termini dell'*uomo nella natura*. Questa inversione di ragionamento ha evidenziato la tensione esistente tra organizzazione sociale dell'essere umano e il ciclo dell'ecosistema. Nello stesso tempo la crescente interdipendenza tra questi elementi porta alla luce connessioni insospettate e comunque assai più intense fra i vari livelli dell'attività umana: l'ambiente non ci appartiene. Ma neppure ha un valore in sé, senza di noi. Non possiamo distruggere l'ambiente. Ma non dobbiamo neppure temere di continuare a evolvere insieme.

Lo sviluppo degli “*standards di vita*” e i “*cambiamenti secolari*” delle variabili biologiche.

MARIA ENRICA DANUBIO¹⁻³, EMANUELE SANNA²⁻³

¹ Dipartimento di Scienze Ambientali - Università di L'Aquila

² Dipartimento di Biologia Sperimentale, Sez. Sci. Antropologiche - Università di Cagliari

³ Istituto Italiano di Antropologia, Roma

Gli studi sui “*cambiamenti secolari*” delle variabili biologiche, intesi sia come incrementi sia come decrementi, sono uno dei principali campi di ricerca in Antropologia e stanno sempre di più interessando anche gli economisti, i quali definiscono le variabili biologiche come “*biological indicators of the standards of living*”. Questi studi inizialmente si sono limitati all'osservazione, nei paesi industrializzati, dell'aumento della statura media e della progressiva diminuzione dell'età media alla prima mestruazione nell'arco di 6 generazioni circa, a partire dalla metà dell'Ottocento fino agli anni 1980/1990. A partire dagli anni 1990 la ricerca sui *cambiamenti secolari* e sui fattori responsabili del fenomeno si è estesa all'analisi sui tempi e le modalità di comparsa della pubertà, vale a dire sulla progressiva anticipazione dei caratteri sessuali secondari in entrambi i sessi e sulle possibili cause endogene ed esogene che ne sono alla base. Contestualmente, molti autori hanno segnalato per i paesi industrializzati una riduzione dell'intensità del fenomeno a livello di incremento delle dimensioni lineari ipotizzandone la stasi. Infine, nell'ultima decade, è iniziato lo studio del fenomeno anche nei Paesi in via di sviluppo. Ciò è reso possibile dalla disponibilità di censimenti sistematici e standardizzati condotti in molti di questi Paesi a partire dagli anni 1950 che consentono un'analisi del fenomeno nell'arco di almeno tre generazioni. È in questo contesto che l'Istituto Italiano di Antropologia (isita-org.com) ha promosso e sta sostenendo il recupero e l'informatizzazione dei numerosi dati antropologici raccolti nel corso delle molte campagne condotte in Africa, in diversi periodi, del secolo scorso al fine di contribuire a estendere l'analisi indietro nel tempo per una ricostruzione del fenomeno il più esaustiva possibile.



Planning Conservation and Site Management at Buia (Danakil, Eritrea)

YOSIEF LIBSEKAL

National Museum of Eritrea, Asmara

The Buia basin forms the north-western corner of the Afar Triangle, and the northernmost extension of the Rift Valley. In a fascinating erosive scenario, opening like a wide amphitheatre of pre-Cambrian crystalline rocks in front of the Alid volcano, the basin includes the remnants of an ancient deltaic system. Three parallel major seasonal streams - the Derraito, Dandero, and Mahabale - cut the clayey-silty shores of an ancient land-locked lake. To the south-east, desert paths lead towards the Danakil Alps and the great salt depression. A rich wildlife, dominated by ostriches, gazelles and hyenas, roams undisturbed in the area.

Today, Buia is a rapidly growing village, sustained by small-scale trading interests, the income from recently irrigated and cultivated patches of agricultural land, and by goat herding. From an ethnographic and linguistic viewpoint, the Buia site (probably settled for at least three or four millennia) lies at the boundary between the territories of the Saho groups, which are mostly narrowly specialized in goat husbandry and transhumance from the piedmont areas of the plateau to the discontinuous, narrow green belts of the Red Sea coastal regions, and the more affluent Afar tribes.

The most salient archaeological features of the Buia basin are hundreds of surface clusters of Acheulean sites. They range from clusters of a few hand-axes to major heaps of large mammalian bones associated with lithics exposed and deposited by erosion.

Geologically, the surrounding landscape includes other natural attractions such as, on the coast, ancient reef coral banks capped by massive basalt flows and the isolated black cones of minor volcanoes, surrounded by plains entirely made up of white pumice. Across the interior deltaic sediments, the dirt tracks follow the edges of deep ravines, and descend for almost 1.000 m from the local massive Pleistocene terraces of the Boulders Formations to the barren sands of the Samoti plains.

As a whole, the Buia basin - the scene of one of the most important paleoanthropological discoveries of the last two decades, i.e., the very well-preserved UA 31 cranium representing an *erectus*-like individual having lived about one million years ago - is part of an extremely rich cultural and ecological scenario.

In order to guide a flow of resources into such a highly dynamic but also fragile ecological context, we need a new assessment of the regional planning for a sustainable economical development, specifically oriented towards questions like feasibility of access and relative exposure of the landscape to different types of risks. On this basis, we should concentrate on the effort of multiplying, even before sharing, the cultural values of such heritage, and re-evaluate the role of erosion as an information agent, rather than viewing it as a plain danger.

Modificazione dei modelli nutrizionali e popolamento umano della Sardegna dal Neolitico all'età del Bronzo

ALFREDO COPPA¹, PASQUALE BANDIERA², ANDREA CUCINA³,
MICHAELA LUCCI¹, VITTORIO MAZZARELLO², RITA VARGIU¹

¹ Dipartimento di Biologia Ambientale, Università "La Sapienza", Roma Italia

² Dipartimento Scienze Biomediche, Sezione di Anatomia Umana, Università di Sassari, Italia

³ Universidad Autónoma de Yucatán, Mérida, México

Il presente lavoro si basa sullo studio sulla dentatura di individui rinvenuti in diverse necropoli della Sardegna in un periodo compreso tra il Neolitico e il Bronzo Finale allo scopo di ricostruirne il popolamento umano. Sono stati analizzati parametri dentali: le dimensioni (diametri MD e BL), la morfologia (sistema ASUDAS) e le patologie orali (carie, difetti periapicali e perdita di denti *intra-vitam*).

L'analisi delle dimensioni dentarie indica un buon livello di omogeneità dei campioni a partire dall'Eneolitico. I caratteri morfologici indicano una discontinuità nelle frequenze nel passaggio dall'Eneolitico al Bronzo Antico. Le patologie orali mostrano un netto incremento delle incidenze nel periodo Eneolitico ed una successiva brusca riduzione nei campioni del Bronzo Antico.

Queste differenziazioni sono probabilmente da mettere in relazione ad una intensificazione delle pratiche agricole durante l'Eneolitico, seguita da una loro forte contrazione a vantaggio di pratiche pastorali nel periodo successivo e probabilmente anche a flussi migratori che hanno modificato la struttura biologica dei gruppi originari.



Isolati linguistici, geografici e socio-economici in Italia: comunità modello per analizzare le interazioni bio-culturali tra uomo e ambiente

DAVIDE PETTENER, ALESSIO BOATTINI, ANTONELLA USELI, DONATA LUISELLI

Dipartimento di Biologia ES, Area di Antropologia, Università di Bologna

Lo studio di popolazioni geograficamente e/o culturalmente isolate è di grande interesse per studiare l'evoluzione storica dei rapporti tra uomo e ambiente. Il presente lavoro si propone di ricostruire ed analizzare la struttura biodemografica e genetica di diversi isolati presenti in Italia. Si prenderanno in considerazione due isolati linguistici (Arbereshe della Calabria e Walser della Valle d'Aosta), un isolato geografico (Val di Scalve nelle Pre-Alpi Orobie) ed un isolato socio-culturale (la Partecipanza di S. Giovanni in Persiceto, Bologna). Sono state analizzate informazioni biodemografiche (endogamia, consanguineità) e molecolari (SNPs e STRs del cromosoma Y e RFLPs e HVS1 del genoma mitocondriale). In tutti i casi sono stati definiti opportuni criteri di campionamento sulla base della struttura cognominale della popolazione.

Gli Arbereshe, gruppo immigrato in Italia a partire dall'Albania circa 500 anni fa, costituiscono una chiara discontinuità nel background genetico italiano, mostrando elevata consanguineità ed endogamia e forti affinità con le moderne popolazioni dei Balcani meridionali. Al contrario i Walser, comunità germanofona fondata da Alemanni migrati a sud delle Alpi nel medioevo, che pure condividono lo status di minoranza etnico-linguistica, presentano bassi livelli di endogamia ed inbreeding, e sono geneticamente indistinguibili dalle popolazioni autoctone circostanti. Solo nel primo caso l'isolamento linguistico è stato dunque determinante nella conservazione della struttura genetica originaria. La Val di Scalve, invece, presenta forti caratteri di endogamia ed elevati livelli di omozigotità; la sua struttura genetica risulta strettamente correlata con la distribuzione geografica degli insediamenti sul territorio. La Partecipanza è una antica forma di proprietà collettiva di terreni interessati a bonifiche, risalente al Medioevo e tuttora presente in alcune zone dell'Emilia. Si tratta di una singolare forma di isolato socio-economico, legato alla trasmissione in via patrilineare di un patrimonio di terre comuni alle sole famiglie originarie di "Partecipanti". La struttura genetica dei Partecipanti mostra chiari segni di riduzione della diversità e di deriva genetica. Oltre ad una elevatissima consanguineità derivante da otto secoli di inincroci presenta anche tracce riconducibili al nucleo fondatore longobardo. Tali fenomeni hanno contribuito a differenziare significativamente questa popolazione dagli esterni al gruppo. Gli isolati esaminati si sono dunque rivelati comunità modello ideali per analizzare le diverse - e non sempre prevedibili - interazioni tra aspetti culturali, storici e ambientali ed i loro effetti sulla microevoluzione della struttura biodemografica e genetica di una popolazione.

La Selezione naturale nel Neolitico: Il caso della persistenza della lattasi nelle popolazioni umane

MONTINARO F.¹, ANAGNOSTOU P.^{1,2}, COIA V.¹, BATTAGGIA C.¹ E DESTRO-BISOL G.^{1,3}

¹ Dipartimento di Biologia Animale e dell'Uomo, Università "La Sapienza", Roma, Italy

² Dipartimento di Biologia Evoluzionistica e Sperimentale, Università di Bologna, Bologna, Italy

³ Istituto Italiano di Antropologia, Roma

La tolleranza al lattosio in età adulta, risultato della persistenza dell'attività della lattasi (LPH) è un tratto autoapomorfo di *Homo sapiens*. La sua frequenza varia da meno del 5% a quasi il 100% nelle diverse popolazioni umane. Ad oggi, almeno 4 polimorfismi sono stati identificati come causali per la persistenza della lattasi. La distribuzione delle varianti è geograficamente strutturata e rispecchia la diffusione della cultura pastorale. Pur essendo relativamente recenti (T.M.R.C.A. < di ~9Ky), queste varianti mostrano frequenze particolarmente alte. Questo ha portato a ipotizzare che la selezione naturale ne avrebbe favorito la diffusione in presenza di un'economia di sussistenza basata sulla pastorizia. In Europa la persistenza della lattasi sarebbe imputabile alla variante T-13910, la cui frequenza mostra un andamento clinale nordovest-sudest (max ~90% nelle isole Britanniche, min ~10% in Grecia).

In questo studio abbiamo voluto investigare gli effetti della selezione naturale sulla variante T₋₁₃₉₁₀ in Italia. L'analisi della variante T₋₁₃₉₁₀ in 865 campioni italiani provenienti da 19 località (raggruppate utilizzando criteri geografici e storici, in 5 macroaree.), ha evidenziato una frequenza maggiore nella regione del Nord Italia (~0.24) rispetto alle restanti regioni (~0.07; ~0.13). Un sottocampione rappresentativo è stato ulteriormente analizzato per 3 loci STR strettamente associati alla variante T₋₁₃₉₁₀. Test di neutralità selettiva hanno evidenziato robusti segnali di selezione solo per il nord Italia. Per raffinare ulteriormente l'analisi abbiamo sequenziato una regione di ~700bp in 3 popolazioni del centro e sud Italia. Quattro diversi test di neutralità selettiva basati su un approccio di simulazione confermano i risultati ottenuti con gli STR.

Tali risultati potrebbero essere il prodotto di diverse dinamiche sia evolutive che demografiche quali differenze nell'impatto selettivo tra le diverse regioni e nella durata dei processi selettivi, oltre che diversi background ecologico-culturali. Come ulteriore sviluppo, intendiamo analizzare un numero maggiore di SNPs distribuiti in una regione nucleotidica di ~1,5Mb centrata sulla variante T₋₁₃₉₁₀, allo scopo di effettuare test di selezione basati sull'analisi della struttura aplo-tipica, maggiormente sensibili a eventi selettivi recenti e/o parziali.



High-altitude human populations: a unique natural laboratory to study biological adaptations

CATERINA CHIANELLA, PIERPAOLO MAISANO DELSER,
ALEX PANZIERA AND SILVIA FUSELLI

Dipartimento di Biologia ed Evoluzione, Università di Ferrara

High altitude (HA) is the only environment colonized by modern humans where no behavioural buffering is available to face the peculiar and unavoidable stress of hypoxia. Living at HA requires specific biological adaptations to deliver enough oxygen to maintain aerobic metabolism under conditions of reduced oxygen availability. The adaptation to HA in temporary residents is brought about by transient adaptive responses that disappear once the same individuals return to low-altitude environments, where the stress is no longer present. Conversely, people who have inhabited HA environments for several thousand years show distinctive and non-reversible adaptive phenotypic traits. The same people are thus expected to carry the signature of genetic adaptation to hypoxic environments in their genomes. For this reason Andean populations, populations of the Tibetan Plateau, and populations of the East African Plateau, all residing over 3,000 m, represent three 'natural experiments' to study the modulation of hypoxic responses selected under naturally chronic hypoxic conditions. Considering the major role of hypoxia in the pathogenesis of common human diseases, this may, in turn, provide important evolutionary insights into medical and pharmaceutical issues.

In the last decades many studies investigated the relationship between altitude and adaptive phenotypic traits, and recently association between genetic variants and hypoxia-responsive traits have been identified in Tibetans. However, to date no association between genes and adaptive traits to hypoxia-related stress have been found in native American highlands.

Here we aim at identifying the genetic bases of human adaptation to high altitude in the Andes by studying the evolution of candidate genes. To this goal we (i) identified candidate genes by means of a bioinformatic approach, (ii) studied their molecular evolution comparing different species and (iii) begin to investigate their genetic variation in Andean native populations. Our analysis showed that our candidate loci are extremely conserved between species and within humans, the few polymorphic sites being located in regulatory regions. Further candidate genes re-sequencing and comparison with low altitude populations from the same geographic regions will allow us to define a possible adaptive role of the genetic variation identified in our study.

Ecologia Umana: nuove prospettive nello studio delle malattie complesse

MARIA FUCIARELLI

Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Roma "Tor Vergata". Roma, Italia

Negli ultimi anni sempre maggiore attenzione viene data allo studio delle malattie complesse per comprendere quali siano i polimorfismi genetici associati con lo sviluppo di queste malattie, quali i fattori di rischio legati all'ambiente e come queste due componenti interagiscano. Dal punto di vista ecologico due sono gli aspetti che destano maggiore interesse: le differenze inter-popolazionistiche di prevalenze ed incidenza di molte patologie complesse e la variabilità della risposta inter-individuale ai fattori di rischio ambientale. Infatti lo studio di queste malattie potrebbe offrire una ottima opportunità per capire i meccanismi alla base dell'interazione di un sistema complesso, come il genoma umano, con un sistema altrettanto complesso, come l'ambiente. Le funzioni biologiche che sembrerebbero essere correlate alla variabilità della suscettibilità individuale all'ambiente sono quelle legate alla detossificazione cellulare. La maggior parte dei geni codificanti per gli enzimi detossificanti è polimorfica e questa caratteristica rappresenta la causa principale della variabilità della risposta enzimatica: una risposta enzimatica ridotta e l'esposizione a fattori di rischio ambientale potrebbero essere associati con l'espressione di un fenotipo malato. In questo ambito, il gruppo di Ecologia Umana di "Tor Vergata" sta conducendo alcuni studi con l'obiettivo di incrementare le conoscenze sull'interazione tra variabilità genetica di una superfamiglia di enzimi detossificanti, le Glutazione S-Transferasi (GST), e alcuni fattori di rischio ambientale in relazione allo sviluppo di alcune patologie complesse. Tra gli studi condotti, due possono essere considerati più significativi: Il primo in cui è stata osservata una possibile interazione tra il polimorfismo genetico di alcune GST e gli inquinanti atmosferici nello sviluppo dell'asma bronchiale; Il secondo in cui analizzando la variabilità genetica inter-popolazionistica delle GST sono stati individuati alcuni loci che potrebbero essere sottoposti a selezione naturale.



Stampa:
Stampando - Roma

finito di stampare Settembre 2010