L'antica variabilità genetica dell'orso bruno in Italia: primi dati paleogenomici sulle dinamiche di popolazione dopo l'Ultimo Massimo Glaciale.

Arianna Codato^{1,2}, Emma Prantoni², Adriana Latorre², Francesco Fontani^{2,3,4}, Alex Fontana⁵, Rossella Duches⁵, Nicola Nannini⁵, Simone Farina⁶, Stefania Sarno⁷, Fabio Bona⁸, Antonio Curci¹, Elena Maini⁹, Donata Luiselli², Edoardo Velli¹⁰, Federica Mattucci¹⁰, Elena Fabbri¹⁰, Romolo Caniglia¹⁰, Elisabetta Cilli²

¹Dipartimento di Storia Cultura Civiltà, Università di Bologna, Bologna, Italia; ²Dipartimento di Beni Culturali, Università di Bologna, Ravenna, Italia; ³Max Planck - Harvard Research Center for the Archaeoscience of the Ancient Mediterranean, Leipzig, Germany; ⁴Department of Archaeogenetics, Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology, Leipzig, Germany; ⁵Ufficio ricerca e collezioni museali, MUSE – Museo delle Scienze, Trento, Italia; ⁶Museo di Storia Naturale dell'Università di Pisa, Calci, Italia; ⁷Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali, Università di Bologna, Bologna, Italy; ⁸ Museo Civico dei Fossili di Besano (VA), Via Prestini, 5 - 21050 Besano (VA); Dipartimento di Scienze dell'Antichità, Sapienza - Università di Roma, Italia; Area per la genetica della conservazione (BIO-CGE), Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale (ISPRA), Via Cà Fornacetta 9, 40064, Ozzano dell'Emilia, Bologna, Italia

Contatti: Arianna Codato, arianna.codato2@unibo.it; Elisabetta Cilli, elisabetta.cilli@unibo.it

INTRODUZIONE

lpotesi di Distribuzione Distribuzione ricolonizzazione dai pre-LGM dei attuale dei cladi mitocondriali⁽¹⁾ rifugi glaciali⁽²⁾ cladi mitocondriali⁽³⁾ 1a tempo Analisi di pochi campioni provenienti Analisi di aDNA^(4,5) e nDNA moderno⁽⁶⁾

MATERIALI E METODI

Sequenziamento shotgun NGS di librerie genomiche ottenute dal DNA estratto dai resti di 4 orsi bruni (*Ursus arctos*) antichi della penisola italiana. Ricostruita la sequenza mitocondriale, è stata poi analizzata nel contesto della variabilità europea antica e moderna. L'antichità del dato è stata autenticata tramite i pattern di degradazione.





C121-8237

ID campione	Datazione (y cal BP)
OC1	7'445-7'310 ⁽⁷⁾
BDF3839	43'080-42'415*(8)
C121-8237	13'343-12'958* ⁽⁹⁾
C8242	13'343-12'958* ⁽⁹⁾
	OC1 BDF3839 C121-8237

^{*}Datazione relativa a campioni dello stesso contesto archeologico

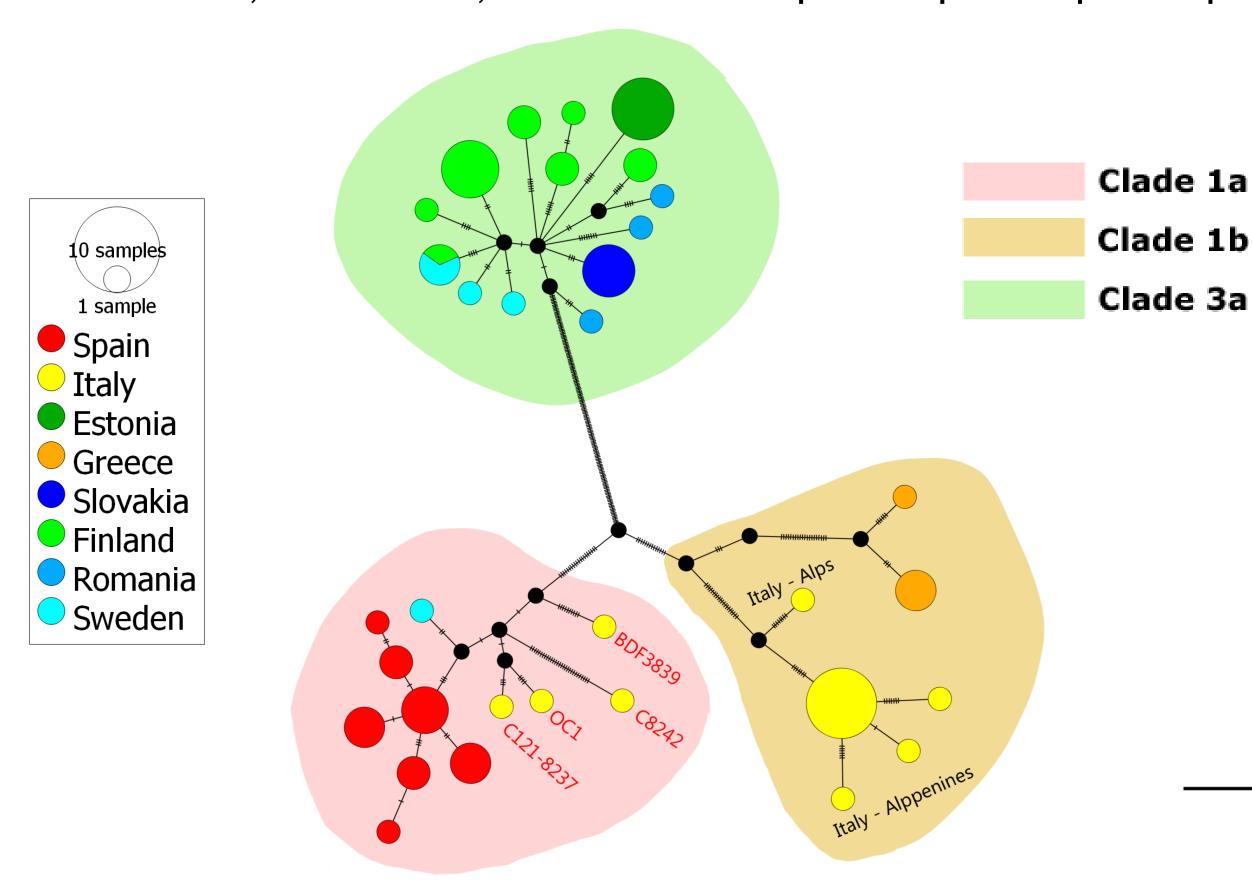
SCOPO DEL LAVORO

suggeriscono dinamiche più complesse

Investigare l'antica variabilità mitocondriale Italiana e le storie demografiche delle popolazioni ursine d'Europa

dai rifugi glaciali, di cui solo 2 italiani^(1,4)

ID Mean mt Nr seq ≥ 3X ≥ 2X Sex ≥ 1X reads endogenous campione coverage 22,2X 97,0%: 95,5%: 94,1%: OC1 $23,43 \times 10^6$ 51,81 93,4% : 89,4% : 81,8% : 5,5X $42,31 \times 10^6$ BDF3839 0,36 94,6% : 91,7% : 88,4% : 8,7X $21,13 \times 10^6$ 0,33 C121-8237 86,9% 74,9% 61,0% F $25,96 \times 10^6$

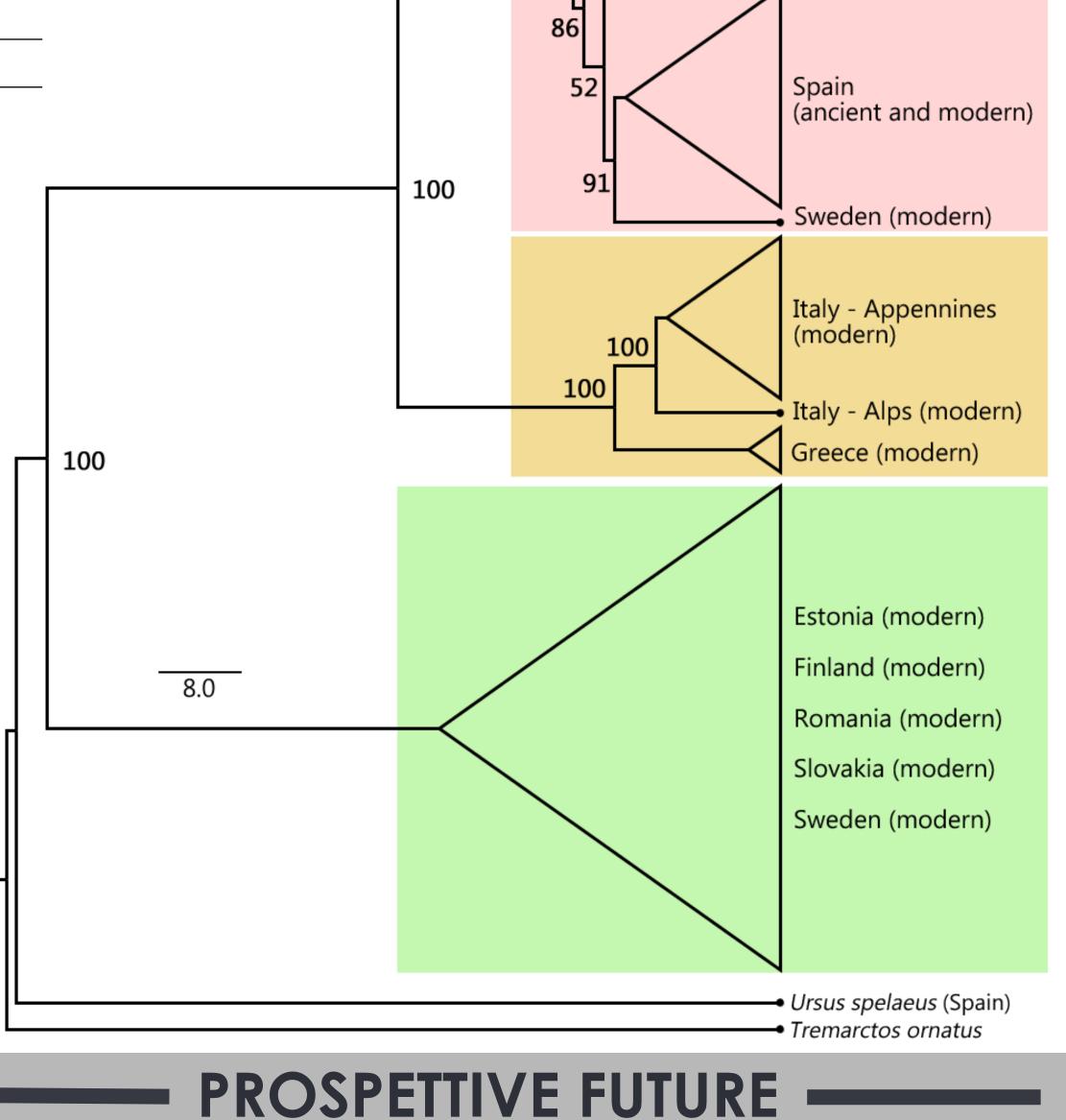


Neighbour-Joining Network (a sx) e Maximum Likelihood Tree (a dx) prodotti con un allineamento di 72 mitogenomi (antichi e moderni) lungo 15903bp.

RISULTATI

100

Presenza di struttura all'interno della popolazione italiana nel corso del tempo (FST= 0.859, p= 0.00098).



REFERENCES

- Ersmark, E., et al (2019). Ecology and Evolution, DOI: 10.1002/ece3.5172.
- Taberlet, P., & Bouvet, J. (1994). Biological Sciences, DOI: 10.1098/rspb.1994.0028. Davison, J. et al(2011). Quaternary Science Reviews, DOI: 10.1016/j.quascirev.2010.11.023..
- Valdiosera, C. E., et al (2007). Molecular Ecology, DOI: 10.1111/j.1365-294X.2007.03590.x 5) Valdiosera, C. E., et al (2008). Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America,
- DOI:10.1073/pnas.0712223105. 6) Benazzo, A., et al (2017). Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America,
- DOI:10.1080/24750263.2018.1478003
- 7) Farina, S., & Bianucci, G. (2017). Alpine and Mediterranean Quaternary, 30(1), 69–74.
- 8) Bona, F., Baioni, M., & Cilli, E. (2023). Rivista Italiana Di Paleontologia e Stratigrafia, DOI: 10.54103/2039-4942/18113. Fiore, I., & Tagliacozzo, A. (2008). Presitoria Alpina, 43, 209–236.

1. Aumentare il numero di campioni sequenziati

- 2. Aumentare il coverage tramite cattura mitocondriale
- 3. Deep sequencing dei campioni con un elevata concentrazione di DNA endogeno
- 3. Analizzare la sola Control Region (maggiormente rappresentata nelle repositories)