

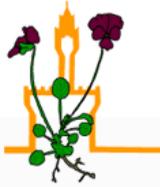


SOCIETÀ BOTANICA ITALIANA
Gruppo per la Biosistemica vegetale

PIPPs (Peripheral and Isolated Plant Populations) ed endemiti: tassonomia, filogenesi ed evoluzione

Sintesi delle
COMUNICAZIONI

Dipartimento di Biologia, Università di Pisa
Villa Celestina, Castiglioncello (Livorno), 10-11 Giugno 2011



SOCIETÀ BOTANICA ITALIANA
Gruppo per la Biosistemica vegetale

PIPPs (Peripheral and Isolated Plant Populations) ed endemiti: tassonomia, filogenesi ed evoluzione

**Sintesi delle
COMUNICAZIONI**

Dipartimento di Biologia, Università di Pisa
Villa Celestina, Castiglioncello (Livorno), 10-11 Giugno 2011

Società Botanica Italiana, Gruppo per la Biosistemica vegetale
"PIPPs (Peripheral and Isolated Plant Populations) ed endemiti:
tassonomia, filogenesi ed evoluzione"
Dipartimento di Biologia, Università di Pisa – Villa Celestina,
Castiglioncello (Livorno), 10-11 Giugno 2011-05-16

Editori: Lorenzo Peruzzi, Gianni Bedini, Fabio Garbari

Gruppo per la Biosistemica vegetale

Cristina Salmeri (Coordinatore),

Dipartimento di Biologia ambientale e biodiversità, Università di Palermo, via
Archirafi 38, 90123 Palermo; e-mail: cristinasalmeri@gmail.com

Massimo Labra (Segretario),

Dipartimento di Scienze dell'Ambiente e del Territorio, Università degli Studi di
Milano Bicocca, P.za della Scienza 1, 20126 Milano; e-mail:
massimo.labra@unimib.it

Federico Selvi,

Dipartimento di Biotecnologie Agrarie, sez. Botanica Ambientale ed Applicata,
P.le Cascine 28, 50144 Firenze; e-mail: selvi@unifi.it

Giuseppe Pellegrino,

Dipartimento di Ecologia, Università della Calabria, via P. Bucci 1, 87036
Arcavacata di Rende (Cosenza); e-mail: giuseppe.pellegrino@unical.it

Lorenzo Peruzzi,

Dipartimento di Biologia, Università di Pisa, via L. Ghini 5, 50126 Pisa; e-mail:
lperuzzi@biologia.unipi.it

In copertina: *Bellevalia webbiana* Parl., fotografata in loc. Pratolino, Fiesole
(Firenze), *locus classicus*.

In quarta di copertina: Monte Pelato, 378 m, Castiglioncello – Livorno.

Foto di Lorenzo Peruzzi.

Giugno 2011

Copyright © by Società Botanica Italiana, Firenze

Programma

Venerdì 10 Giugno

14:30: Apertura dei lavori

15:00-15:30: Carta & al., Ecologia e strategie riproduttive di *Hypericum elodes* in Italia

15:30-16:00: Fisogni & al., Biologia riproduttiva in popolazioni isolate di angiosperme entomofile

16:00-16:30: Melai & Peruzzi, Approfondimenti biosistematici su un *Leucanthemum* (Asteraceae) critico della Liguria orientale

16:30-17:00: Luca & al., Studio molecolare dell'orchidea endemica *Serapias politisii*

17:00-17:30: Bruni & al., Lo studio del polline attraverso l'approccio DNA *barcoding* identifica le specie vegetali visitate dalle api da miele

Sabato 11 Giugno

09:00-09:30: Bedini & al., Gli endemiti della flora vascolare italiana: stato delle conoscenze cariologiche archiviate in "Chrobase.it"

09:30-10:00: Federici & al., Identificazione di alcuni membri di Lamiaceae attraverso il DNA *barcoding*

10:00-10:30: Borzatti von Loewenstern & al., Relazioni filogenetiche tra le specie italiane di *Bellevalia* Lapeyr. (Asparagaceae): analisi di tipo morfologico, cariologico e molecolare

10:30-11:00: Brullo & al., Note nomenclaturali, tassonomiche e corologiche su *Cyperus papyrus* L. (Cyperaceae)

11:00-11:30: Peruzzi & al., Risultati preliminari sull'evoluzione e filogenesi, nell'ambito della serie *Verni* (*Crocus*, Iridaceae), dei due crochi endemici di Toscana

11:30-12:00: Iberite & Iamónico, Indagini sulla variabilità fenotipica di *Salicornia veneta* Pignatti & Lausi e *S. emerici* Duval-Jouve (Amaranthaceae)

12:00: Chiusura dei lavori

G. Bedini, F. Garbari & L. Peruzzi

Gli endemiti della flora vascolare italiana: stato delle conoscenze cariologiche archiviate in "Chrobase.it"

"Chrobase.it" è un database online che archivia i numeri cromosomici (n e/o $2n$) e i B-cromosomi noti per la flora vascolare italiana, assieme ai relativi dati geografico-amministrativi e riferimenti bibliografici (Bedini & al. 2010). Al 23 Maggio 2011, l'archivio consiste di 6.902 conteggi cromosomici, ricavati da 1.320 fonti bibliografiche. I dati si riferiscono a 2.867 specie e sottospecie attualmente accettate (Conti & al. 2005, 2007), pari a circa il 35% della flora considerata. Uno studio in corso di pubblicazione (Bedini & al. 2011a) mostra come i dati cariologici di base siano di estremo interesse per studi citogeografici, soprattutto se disponibili in formato digitale. Infatti, per quanto concerne la flora italiana, è stato possibile evidenziare differenze significative tra gruppi geografici (il numero cromosomico medio aumenta lungo un gradiente Isole-Sud-Nord Italia); inoltre, la frequenza dei B-cromosomi risulta doppia in Italia settentrionale rispetto a quella meridionale (Bedini et al. 2011a).

In un altro contributo (Bedini & al., 2011b) si è invece evidenziato come l'analisi quantitativa della variazione del numero cromosomico può essere molto utile nella caratterizzazione tassonomica – ed in alcuni casi filogenetica – di ordini, famiglie e generi. Questo lavoro è focalizzato sulla flora italiana, ma ulteriori studi condotti comparativamente con la flora della Nuova Zelanda confermano ampiamente tali risultati (Peruzzi & al., in preparazione).

Abbiamo ritenuto interessante, col presente contributo, fare il punto sulle conoscenze cariologiche relative alla componente di maggiore interesse di una flora: quella endemica.

Sulla base di recenti ricerche, compiute in collaborazione con il Centro Ricerche Floristiche dell'Appennino, la flora vascolare endemica dell'Italia ammonta a 1.219 taxa specifici e sottospecifici (F. Conti, F. Bartolucci, L. Peruzzi, dati inediti). Dall'analisi critica di "Chrobase.it", 680 di questi taxa, pari a circa il 56%, risultano studiati dal punto di vista cariologico (con 773 differenti citotipi); tali entità sono riferibili a 51 su 65 famiglie e 103 su 284 generi. Le specie endemiche sono quindi maggiormente studiate rispetto all'intera flora vascolare italiana.

Il numero cromosomico medio, tra quelli noti per gli endemiti italiani, è $2n = 30,60 \pm 19,91$ (mediana: $2n = 26$, moda: $2n = 18$). Questi valori sono molto vicini a quelli ottenuti per l'intera flora d'Italia (Bedini & al., 2011a: $2n = 30,51 \pm 22,09$, mediana: $2n = 24$, moda: $2n = 18$). Ciò probabilmente indica che le specie endemiche e quelle a più ampia distribuzione presentano analoghi *range* di variazione, e di conseguenza analoghe modalità evolutive.

Il numero cromosomico più basso noto per la flora endemica è $2n = 8$, caratteristico di 9 taxa (*Bellevalia dubia* (Guss.) Kunth s.s., *Crepis bursifolia* L., *C. vesicaria* subsp. *hyemalis* (Biv.) Babc., *Crocus etruscus* Parl., *C. ilvensis* Peruzzi & Carta, *C. siculus* Tineo, *Hypochaeris robertia* (Sch. Bip.) Fiori, *Leontodon anomalus* Ball e *L. intermedius* Porta), mentre quello più alto è $2n = 180, 182$ in *Colchicum gonarei* Camarda.

Si ha la presenza di più di un citotipo in 57 taxa su 680 (ca. 9%); il numero massimo di possibili citotipi riscontrati per singola unità tassonomica è di sei: $2n = 72, 73, 74, 79, 90, 108$ in *Ornithogalum etruscum* Parl. subsp. *etruscum* e $2n = 18 + 0-2B, 27 + 0-2B$ in *Genista sulcitana* Vals. In 12 taxa, la variabilità è dovuta proprio alla possibile presenza di un certo numero di B-cromosomi. La frequenza di questi ultimi nella flora vascolare endemica italiana è del 3,38%, ed il loro numero oscilla tra 1 e 4 (media: $1,73 \pm 0,91$). Tali valori risultano abbastanza ridotti rispetto a quanto noto per l'intera flora (Bedini & al. 2011a).

Tra le entità tuttora non studiate, spiccano, ad esempio: *Abies nebrodensis* (Lojac.) Mattei e diverse altre entità arboree ed arbustive, anche di recente descrizione, le specie endemiche di *Alchemilla* (12), ben 44 taxa in *Hieracium* e 30 in *Centaurea*. Nonostante un comprensibile maggiore sforzo dei sistematici italiani nello studio della componente endemica della nostra flora, i dati qui commentati evidenziano che dal punto di vista citologico conosciamo poco più della metà dei nostri endemiti e che pertanto molto lavoro resta ancora da fare.

Bibliografia

- Bedini, G., Garbari, F., Peruzzi, L. (eds.) 2010: "Chrobase.it" - Chromosome numbers for the Italian flora. www.biologia.unipi.it/chrobase.
- , –, – 2011a: Karyological knowledge of the Italian vascular flora as inferred by the analysis of "Chrobase.it". – Pl. Biosystems **145**: in press.
- , –, – 2011b: Does chromosome number count? Mapping karyological knowledge on the Italian flora in a phylogenetic framework. – Pl. Syst. Evol.: submitted.
- Conti, F., Abbate, G., Alessandrini, A., Blasi, C. (eds.) 2005: An annotated checklist of the Italian vascular flora. – Palombi Editori.
- Conti, F. & al. 2007: Integrazioni alla checklist della flora vascolare italiana. – Natura Vicentina **10(2006)**: 5-74.

Indirizzo degli autori:

G. Bedini, F. Garbari & L. Peruzzi

Dipartimento di Biologia, Università di Pisa Via L. Ghini 5, 56126 Pisa

E-mail: lperuzzi@biologia.unipi.it

A. Borzatti von Loewenstern, T. Giordani & L. Peruzzi

Relazioni filogenetiche tra le specie italiane di *Bellevalia* Lapeyr. (Asparagaceae): analisi di tipo morfologico, cariologico e molecolare

Sono state studiate le sette entità italiane del genere *Bellevalia*, che rappresentano circa il 10% dei taxa e 3 delle 6 sezioni esistenti. Il genere *Bellevalia* risulta monofiletico sia su base morfologica (55% BS) che su base molecolare (regione ITS). *B. romana* (tipo della sezione *Bellevalia*) è certamente la specie più distinta, sulla base dell'asimmetria del cariotipo. *B. boissieri* e *B. dubia*, entrambe diploidi ($2n = 2x = 8$) ed usualmente considerate entità di rango sottospecifico (la seconda endemica di Sicilia; Borzatti von Loewenstern & Garbari 2002, 2003), meritano chiaramente lo *status* di specie distinte sulla base dei risultati dell'analisi molecolare, poiché non sono collocate nello stesso clado. *B. pelagica*, allotetraploide ($2n = 4x = 16$) endemico delle Isole Pelagie (Brullo & al. 2009), risulta morfologicamente simile a *B. romana* ed effettivamente le due specie risultano *sister* (con criterio di massima parsimonia evolutiva) sia nell'analisi filogenetica su base morfologica (71% BS) che su base molecolare (96% BS). D'altro canto, la specie risulta connessa anche a *B. dubia*, sulla base dell'asimmetria del cariotipo e del confronto delle sequenze ITS. Quest'ultima specie potrebbe essere quindi coinvolta, assieme a *B. romana*, nell'origine di *B. pelagica*. Un secondo endemita allotetraploide ($2n = 4x = 16$), *B. webbiana*, ha distribuzione limitata ad Emilia-Romagna e Toscana (Gestri & al. 2010) e risulta estremamente affine, su base morfologica, cariologica e molecolare, a *B. boissieri* e *B. trifoliata* ($2n = 2x = 8$, Garbari & al. 2000), ma anche a *B. ciliata* ($2n = 2x = 8$, Peruzzi & Giordani 2010). Tutte queste specie potrebbero essere coinvolte nell'origine di *B. webbiana*. Infine, le sezioni *Conica* Feinbr. e *Nutans* Feinbr. sono state tipificate. La sezione *Conica* (specie-tipo *B. ciliata*) è stata sinonimizzata con la sezione *Nutans* (specie-tipo *B. trifoliata*).

Bibliografia

- Borzatti von Loewenstern, A., Garbari, F. 2002: *Bellevalia dubia* subsp. *boissieri* (Hyacinthaceae) in Italy. – *Webbia* **57**(2): 181-186.
- , – 2003: *Bellevalia dubia* subsp. *dubia* (Hyacinthaceae), an endemic unit for the Sicilian flora. – *Bocconea* **16**(2): 543-548.
- Brullo, C., Brullo, S., Pasta, S. 2009: *Bellevalia pelagica* (Hyacinthaceae), a new species from the Islet of Lampione (Pelagian Archipelago, Sicily). – *Edinburgh J. Bot.* **66**(1): 65-75.
- Garbari, F., Giordani, A., Marchetti, D. 2000: *Bellevalia trifoliata* (Ten.) Kunth (Hyacinthaceae), specie nuova per la Flora Toscana. – *Atti Soc. Tosc. Sci. Nat., Mem., ser. B* **106** (1999): 65-68.

- Gestri, G., Alessandrini, A., Sirotti, N., Carta, A., Peruzzi, L. 2010: Contributo alla conoscenza della flora vascolare endemica di Toscana ed aree contermini. 2. *Bellevalia webbiana* Parl. (Asparagaceae). – Inform. Bot. Ital. **42(2)**: 449-455.
- Peruzzi, L., Giordani, A. 2010: Numeri cromosomici per la Flora Italiana: 1468-1470. – Inform. Bot. Ital. **42(1)**: 363-365.

Indirizzo degli autori:

A. Borzatti von Loewenstern

Museo di Storia Naturale del Mediterraneo, Provincia di Livorno, via Roma 234, 57127 Livorno

E-mail: a.borzatti@provincia.livorno.it

T. Giordani

Dipartimento di Biologia delle Piante Agrarie, Università di Pisa, via delle Piagge 23, 56126 Pisa

E-mail: tgiordan@agr.unipi.it

L. Peruzzi

Dipartimento di Biologia, Università di Pisa Via L. Ghini 5, 56126 Pisa

E-mail: lperuzzi@biologia.unipi.it

C. Brullo, S. Brullo, P. Pavone & C. Salmeri

Note nomenclaturali, tassonomiche e corologiche su *Cyperus papyrus* L. (Cyperaceae)

In Europa, *Cyperus papyrus* L. cresce allo stato spontaneo solo nel territorio siciliano. Per questo, unitamente alla criticità dell'habitat, è considerata come specie vulnerabile della nostra flora ed inserita nelle liste nazionali e regionali della flora a rischio (Conti & al. 1992, 1997; Scoppola & Spampinato 2005). Le popolazioni siciliane di *Cyperus papyrus* L. sono state oggetto di numerose indagini tassonomiche e nomenclaturali, oltre che storiche e fitogeografiche (Cirillo 1796; Parlatore 1851, 1852, 1854; Chiovenda 1931, Tournay 1950). Da tali studi, nel complesso, emerge che le popolazioni siciliane di papiro mostrano una certa diversificazione morfologica rispetto alle altre popolazioni note per i territori africani e medio-orientali. *Cyperus papyrus* è una specie descritta da Linneo (1753), il quale la segnala come presente allo stato spontaneo in Calabria, Sicilia, Siria ed Egitto, citando fra i sinonimi diversi polinomi relativi a questa pianta riportati in precedenza da Royen (1740: 50), Monti (1719: 14), Micheli (1729: 44), Scheuchzer (1719: 387), Morison (1699: 239) e Bauhin (1658: 333). Il tipo di *Cyperus papyrus* L. (Clarke, 1895) è rappresentato da un campione di erbario in cui è annotato, per mano di Linneo, “*Papyrus*” (LINN 70.38). Come evidenziato da Chiovenda (1931) e Tournay (1950), tale campione proviene dai territori siciliani. Approfondite indagini morfologiche condotte da Parlatore (1851, 1852, 1854), Chiovenda (1931), Kükenthal (1935) e Tournay (1950), dimostrano che le popolazioni siciliane si differenziano bene da quelle presenti negli altri territori mediterranei, per svariati caratteri morfologici riguardanti soprattutto l'insieme dell'infiorescenza, le spiglette, le glume, la rachilla, le antere e gli stili.

Sulla base di queste ricerche, i suddetti autori hanno individuato diversi taxa differenziabili a livello specifico, sottospecifico e di varietà. Le popolazioni siciliane, in particolare, sono state attribuite nel tempo a diversi taxa, quali *Papyrus antiquorum* (Willdenow, 1816), *Papyrus sicula* (Parlatore, 1851), *Cyperus syriacus* (Parlatore, 1852, 1854), *Cyperus siculus* (Chiovenda, 1927), *Cyperus papyrus* subsp. *siculus* (Kükenthal, 1935), oggi collocati tra le sinonimie dal punto di vista tassonomico-nomenclaturale. Allo stato attuale delle conoscenze, in accordo con Tournay (1950) ed in parte con Kükenthal (1935), in seno a *Cyperus papyrus* è possibile distinguere numerose sottospecie a diversa distribuzione geografica, quali: subsp. *papyrus* (Sicilia), subsp. *niliacus* Tournay var. *niliacus* (Egitto, Sudan Etiopia, Guinea Francese, Costa d'Avorio, Dahomey, Nigeria, Camerun, Congo) e var. *palaestinae* (Chiov.) Kük. (Palestina), subsp. *madagascariensis* (Willd.) Kük. (Madagascar, Reunion, Maurice, Mozambico, Tanganica), subsp. *ugandensis* (Chiov.) Kük. (Uganda, Kenia, Tanganica, Zanzibar, Rhodesia, Mozambico), subsp. *zairensis* (Chiov.) Kük. (Congo, Angola), subsp. *nyassicus* (Chiov.) Kük. (Nyasaland, Mozambico). Le popolazioni siciliane sono, dunque, considerate come

le vere piante rappresentative del tipo di *Cyperus papyrus* L., il cui quadro tassonomico-nomenclaturale è il seguente:

Cyperus papyrus L. Sp. Pl. 1: 47 (1753) subsp. ***papyrus***

Lectotypus: *Papyrus*, manu *Linnaeus* (LINN 70.38!), designato da Clarke (1895).

= *Papyrus antiquorum* Willd., Abhandl. Phys. Kl. K.-Preuss. Akad. Wiss., 1812-1813: 70 (1816); *Papyrus sicula* Parl., Hook. J. Bot., ser.4, 3: 189 (1851), *nom. nud.*; *Cyperus syriacus* Parl., Fl. Ital. 2: 43 (1852); *Cyperus siculus* (Parl.) Chiov., Delect. Sem. Spor. Hort. Bot. Catinensis 1927: 2 (1927) *comb. inval.*; *Cyperus papyrus* L. subsp. *siculus* (Parl.) Kük. in Engl., Pflanzenreich 101: 48 (1935) *comb. inval.*

Bibliografia

Bauhin, G. 1658: Teatri botanici **1** – König, Basilea.

Chiovenda, E. 1927: Nota su alcune piante della Sicilia. – Ann. Bot. (Roma) **17(3)**: 81-87.

– 1931: Il Papiro in Italia. – R. Ist. Bot. Modena, pp. 120. Forlì.

Cirillo, D. 1796: *Cyperus papyrus*. – Parma.

Clarke, C.B. 1894: On certain authentic *Cyperaceae* of Linnaeus. – J. Linn. Soc. London Bot. **30**: 299-315.

Conti, F., Manzi, A., Pedrotti, F. 1992: Libro rosso delle piante d'Italia. – W.W.F. & S.B.I. Camerino.

–, –, – 1997: Liste rosse regionali delle piante d'Italia. – W.W.F. & S.B.I, Camerino.

Kükenthal, G. 1935: *Cyperaceae* – *Scirpoideae* – *Cyperaceae*. – In: Engler, A. (ed.), Das Pflanzenreich IV **20(101)**: 80–83.

Micheli, P.A. 1729: Nova Plantarum Genera. – Bernardo Paperini, Firenze.

Monti, G. 1719: Catalogi Stirpium Agri Bononiensis Prodomus. – Pisarri & Michaelis, Bologna.

Morison, R. 1699: Plantarum Historiae Universalis Oxoniensis **3**. – Sheldon, Oxford.

Parlatore, F. 1851: *Papyrus* of Sicily. – In: Hooker (ed.), J. Bot. Kew Gard. Misc. **3**: 189.

Parlatore, F. 1852: Flora Italiana **2**. – Firenze.

Parlatore, F. 1854: Mémoires sur le *Papyrus* des Ancien set sur le *Papyrus* de Sicile. – Mém. Acad. Sci. **1854**: 469-502.

Royen, A. van 1740: Florae Leydensis Prodomus. – Luchtmans, Leiden.

Scheuchzer, J. 1719: Agrostographia. – Bodmer, Zurich.

Scoppola, A., Spampinato G. 2005: Atlante delle specie a rischio d'estinzione. Cd-Rom. In Scoppola, A., Blasi, C., Stato delle conoscenze sulla flora vascolare d'Italia. – Palombi Editori, Roma.

Tournay, R. 1950: La nomenclature et la synonymie des sous-espèces de *Cyperus papyrus* – L. – Bull. Soc. Royal Bot. Belg. **82**: 345-352.

Indirizzo degli autori:

C. Brullo, S. Brullo & P. Pavone

Dipartimento di Biologia "Marcello La Greca", Università di Catania, via A. Longo 19, 95125 Catania

C. Salmeri

Dipartimento di Biologia ambientale e biodiversità, Università di Palermo, via Archirafi 38, 90123 Palermo

E-mail: cristinasalmeri@gmail.com

I. Bruni, S. Federici, F. De Mattia, M. Pozzi & M. Labra

Lo studio del polline attraverso l'approccio DNA *barcoding* identifica le specie vegetali visitate dalle api da miele

Lo studio delle relazioni che intercorrono tra piante e insetti impollinatori è sempre più importante per poter effettuare corretti interventi di ripristino ambientale e salvaguardia della biodiversità in quanto l'impollinazione entomogama permette il rimescolamento genico delle popolazioni vegetali garantendone la biodiversità intraspecifica. Tra gli impollinatori più interessanti e generalisti vi è l'ape da miele (*Apis mellifera ligustica*) che ha un'elevata mobilità sul territorio ed è in grado di bottinare fiori morfologicamente differenti in diverse stagioni. È una specie allevabile con facilità e adattabile a differenti condizioni ambientali ed è possibile monitorare i fiori che vengono visitati e potenzialmente impollinati perché fa periodicamente ritorno all'arnia di appartenenza importando e immagazzinando granuli pollinici in grandi quantità. Considerando che un'arnia con un buon grado di sviluppo conta un numero superiore alle 10.000 api bottinatrici che coprono un'area ampia circa sette chilometri quadrati, è possibile ipotizzare che questi insetti possano essere ottimi elementi per garantire un flusso genico anche tra popolazioni vegetali molto lontane.

Al fine di valutare questa ipotesi e quindi studiare strategie adatte a conservare la biodiversità ed implementare il flusso genico tra piante endemiche e specie rare è stato pianificato uno studio dei pollini raccolti dalle api in diverse aree del Parco della Grigna (Lecco). Sono state quindi posizionate arnie in diversi punti del Parco e si è proceduto alla raccolta del polline bottinato per chiarirne l'identità. Per l'identificazione tassonomica del polline raccolto è stato sviluppato un approccio DNA *barcoding* basato sia su marcatori nucleari (ITS) che plastidiali (*matK*, *trnH-psbA* e *rbcL*). Dalle prime analisi è stato possibile mettere a punto il metodo di estrazione, amplificazione e analisi del DNA da polline oltre che risalire ad alcune specie vegetali ubiquiste ed endemiche dell'area oggetto di studio. I primi risultati hanno mostrato come le api siano insetti generalisti e che sebbene prediligano alcune essenze in determinati periodi di fioritura non disdegnano di visitare più tipologie di fiori contemporaneamente.

Sono stati effettuati inoltre campionamenti della flora del Parco della Grigna, in particolare delle specie endemiche presenti, così da poter effettuare, dopo l'analisi con marcatori DNA *barcoding*, il confronto con il DNA del polline raccolto.

Attualmente sono in corso analisi sui pollini raccolti in aree diverse e nella stessa zona in tempi differenti per poter valutare le variazioni nelle specie visitate sia nel tempo che nello spazio.

Indirizzo degli autori:

I. Bruni, S. Federici, F. De Mattia, M. Pozzi & M. Labra
ZooPlantLab, Università degli Studi di Milano-Bicocca, Piazza della
Scienza 2, 20126 Milano

A. Carta, L. Savio, G. Bedini & L. Peruzzi

Ecologia e strategie riproduttive di *Hypericum elodes* in Italia

Hypericum elodes è una specie tipica degli ambienti umidi su terreni acidi a basso contenuto di minerali ed è diffusa lungo tutta la costa atlantica dell'Europa occidentale (Meusel & al. 1978). In Italia è presente in un'unica stazione situata nella Tenuta di San Rossore (Pisa), a tutti gli effetti considerabile come una PIPP. Recenti indagini hanno permesso di comprenderne l'ecologia, valutare la consistenza della popolazione, descrivere l'andamento fenologico della fioritura e degli stadi vegetativi, indagare le strategie riproduttive e la germinazione dei semi. La popolazione occupa una superficie estremamente ridotta (*Area of Occupancy*, AOO: 4 Km²; in realtà poche centinaia di mq) ed è costituita da poche centinaia di individui maturi, risultando così a forte rischio di scomparsa in Italia (Bedini & al. in stampa). Le piante vegetano nelle depressioni (lame) luminose che periodicamente si riempiono d'acqua; gran parte degli individui (70%) si concentrano ai loro margini che rimangono sommersi solo durante l'inverno. Le specie compagne più frequenti e caratterizzanti sono *Juncus bulbosus*, *Ranunculus flammula*, *Agrostis canina* e *Hydrocotyle vulgaris*.

I risultati delle indagini fenologiche hanno mostrato che *Hypericum elodes* sverna sia come emicriptofita che come elofita. Inoltre, è in grado di superare le fasi secche sotto forma di rizoma. Il periodo di fioritura va da Giugno a Settembre e il culmine si registra in Luglio ed Agosto; la dispersione dei semi inizia alla fine di Agosto.

Dagli studi sulla biologia della impollinazione è emerso che la specie è in grado di riprodursi sia per autogamia, sia per impollinazione incrociata, mentre è stata esclusa la capacità apomittica (presente invece in altre specie di *Hypericum*; Matzk & al. 2003). Ponendo a confronto la produttività dei vari trattamenti, espressa come numero di semi per capsula, si nota, sulla base dell'analisi statistica, che l'impollinazione incrociata forzata è il trattamento che ha una migliore resa, mentre l'autogamia forzata è quello che rende di meno. Il gruppo di controllo ha un comportamento intermedio, lasciando supporre che in natura la specie ricorra ad entrambe le strategie riproduttive. *H. elodes* è quindi interpretabile come specie autogama facoltativa. Per i semi ottenuti con le tre diverse modalità (autogamia forzata, impollinazione incrociata forzata e controllo) l'unico parametro morfologico che differisce significativamente è la lunghezza, maggiore nei semi derivanti da impollinazione incrociata forzata; gli stessi semi tendono a germinare più lentamente, rappresentando probabilmente un investimento per il futuro della popolazione (anche in termini di incremento della variabilità genetica). Invece, i semi derivanti da autofecondazione, germinando più velocemente, indicano che essi rappresentano per il popolamento una strategia riproduttiva a breve termine. La germinazione dei semi prodotti in condizioni naturali avviene solo in seguito ad adeguati pretrattamenti (stratificazione fredda), evidenziando la presenza di una

probabile dormienza fisiologica (PD). Le condizioni di germinazione ottimali caratterizzate da temperatura alternata (15/25 °C) in presenza di luce sono in accordo con gran parte dei vegetali di ambienti umidi non sommersi (Probert 2000). Il rapporto tra massa dei semi e forma dei semi suggerisce che il popolamento costituisce un *persistent soil seed bank* (Thompson & al. 1993). Si prevede di (1) proseguire gli studi di germinazione dei semi poiché la necessità di stratificazione fredda e le condizioni di temperatura indicano che le plantule si instaurano alla fine della primavera e/o all'inizio dell'estate, quando sopraggiunge il deficit idrico estivo, piuttosto che all'inizio dell'autunno quando i giovani nati andrebbero incontro al freddo invernale; (2) verificare tramite ulteriori esperimenti in quale momento dell'antesi la specie si affida all'autoimpollinazione e se ciò è dovuto a limitazione da impollinatori (*pollen limitation*).

Bibliografia

- Bedini, G., Carta, A., Garbari, F., Peruzzi, L.: Schede per una Lista Rossa della Flora vascolare e crittogamica italiana. *Hypericum elodes* L. – Inform. Bot. Ital.: in stampa.
- Matzk, F., Hammer, K. E Schubert, I. 2003: Coevolution of apomixis and genome size within the genus *Hypericum*. – *Sexual Plant Reproduction* **16**: 51-21.
- Meusel, H., Jäger, E.J., Rauschert, S., Weinert, E. 1978: Vergleichende Chorologie der zentraleuropäischen Flora. Band II. – Gustav Fischer Verlag, Jena.
- Probert, R.J. 2000: The role of temperature in the regulation of seed dormancy and germination. In: Fenner, M. (ed.). *Seeds: The Ecology of Regeneration in Plant Communities*, 2nd edition: 261-292. – CAB International.
- Thompson, K., Band, S.R., Hodgson, J.G. 1993: Seed Size and Shape Predict Persistence in Soil. – *Funct. Ecol.* **7**: 236-241.

Indirizzo degli autori:

A. Carta, L. Savio, G. Bedini & L. Peruzzi

Dipartimento di Biologia, Università di Pisa Via L. Ghini 5, 56126 Pisa

E-mail: acarta@biologia.unipi.it

S. Federici, I. Bruni, F. De Mattia, A. Galimberti, F. Bartolucci & M. Labra

Identificazione di alcuni membri di Lamiaceae attraverso il DNA *barcoding*

La famiglia Lamiaceae comprende circa 7.000 specie, molte delle quali sono comunemente utilizzate come spezie da cucina ed hanno quindi una considerevole importanza commerciale. La maggior parte degli studi filogenetici e sistematici effettuati su piante aromatiche si basavano generalmente su caratteri morfologici e chimici; solo raramente sono stati effettuati studi sul DNA attraverso l'applicazione di marcatori molecolari sviluppati per i diversi generi. Recentemente l'approccio DNA *barcoding* è stato proposto come metodo universale di identificazione molecolare delle specie. Questa tecnica apre nuove prospettive per il riconoscimento delle piante aromatiche, utile non solo per chiarire le criticità tassonomiche all'interno della famiglia, ma anche per la tracciabilità agroalimentare delle spezie. L'obiettivo del presente lavoro è stato quello di valutare l'efficacia dell'approccio di DNA *barcoding* come strumento per il riconoscimento delle diverse piante aromatiche. Per questa ragione sono stati scelti sei diversi generi – filogeneticamente lontani tra loro – con diverse criticità tassonomiche e con notevole importanza alimentare ovvero *Ocimum*, *Origanum*, *Mentha*, *Salvia*, *Rosmarinus* e *Thymus*. Diverse specie e cultivar appartenenti a questi sei generi sono state processate attraverso l'approccio di DNA *barcoding*, amplificando e sequenziando quattro differenti marcatori: *rpoB*, *rbcL*, *matK* e *psbA-trnH*. I risultati ottenuti mostrano che lo spaziatore intragenico non codificante *psbA-trnH* è il marcatore più adatto per l'identificazione delle specie. È stata inoltre valutata la potenzialità di un approccio *barcode* utilizzando combinazioni di due marcatori molecolari, tuttavia la combinazione più adatta composta da *matK+psbA-trnH* non incrementava di molto la capacità discriminante del singolo marcatore *psbA-trnH*. In alcuni generi l'approccio di DNA *barcoding* ha mostrato dei limiti nell'identificazione a livello specifico e questo si è osservato soprattutto nei gruppi tassonomici caratterizzati da frequenti eventi di ibridazione. A questo proposito, lo studio è stato approfondito per il genere *Thymus*, per il quale il DNA *barcoding* si è mostrato efficace nel ricondurre la spezia commerciale alla pianta originale (*T. vulgaris*), ma l'analisi a livello di specie congeneriche non ha portato alla discriminazione dei diversi *taxa*. Va sottolineato che il genere *Thymus* è particolarmente critico come evidenziato dalle numerosissime revisioni apportate da diversi esperti tassonomi ed i caratteri morfologici e micromorfologici adottati per l'identificazione delle diverse specie risultano spesso influenzati dall'ambiente e di difficile valutazione. Il DNA *barcoding* è stato quindi testato in questo caso come approccio molecolare per lo studio tassonomico di un genere piuttosto problematico. Undici diverse specie di questo genere sono state analizzate utilizzando tre diversi marcatori molecolari (*rbcL*, *matK* e *psbA-trnH*). Nessuna di queste regioni si è mostrata però efficace

per l'identificazione delle specie e non è stata osservata una corrispondenza univoca con le specie descritte su base morfologica. Dai risultati ottenuti con i tre marcatori emerge che i valori di diversità genetica intraspecifica coincidono pressoché con i valori di diversità interspecifica, facendo quindi supporre la recente evoluzione del genere e l'esigenza di un'ulteriore revisione tassonomica. Le incongruenze tra i dati molecolari e quelli morfologici evidenziano la necessità di valutare l'affidabilità dei caratteri morfologici utilizzati per l'identificazione delle specie, poiché le differenze osservabili potrebbero essere il risultato di diverse pressioni ambientali.

Indirizzo degli autori:

S. Federici, I. Bruni, F. De Mattia, A. Galimberti & M. Labra

ZooPlantLab, Università degli Studi di Milano-Bicocca, Piazza della
Scienza 2, 20126 Milano

F. Bartolucci

Scuola di Scienze Ambientali, Università di Camerino – Centro Ricerche
Floristiche dell'Appennino (Parco Nazionale del Gran Sasso e Monti della
Laga), S. Colombo, via pro.le km 4,2, 67021 Barisciano (L'Aquila)

A. Fisogni, M. Rossi, G. Cristofolini & M. Galloni

Biologia riproduttiva in popolazioni isolate di angiosperme entomofile

L'isolamento geografico svolge un ruolo chiave nei meccanismi evolutivi delle piante, rappresentando d'altro canto di per sé un fattore di minaccia per la persistenza delle popolazioni.

Lo studio della biologia riproduttiva assume particolare importanza nelle indagini riguardanti specie entomofile caratterizzate da popolazioni isolate, o popolazioni marginali e/o numericamente ridotte, sia per quanto riguarda gli aspetti evolutivi che quelli conservazionistici.

Il nostro obiettivo è quello di analizzare diversi aspetti legati all'isolamento, attraverso ricerche in campo su popolazioni naturali, considerando fattori legati alla *fitness* (efficienza dell'impollinazione, successo riproduttivo, struttura demografica delle popolazioni, fattori limitanti) ed altri caratteri critici (ricettività stigmatica, incompatibilità, vitalità dei semi, *fitness* della progenie). Le indagini sono state condotte su 3 specie modello: *Gentiana lutea* L., *Convolvulus lineatus* L. e *Dictamnus albus* L.

Gentiana lutea è una pianta erbacea perenne tipica di prati e pascoli montani compresi tra i 1000 e i 2200 m. La specie è ampiamente utilizzata in farmacologia per i numerosi principi attivi presenti nel rizoma e proprio la sua raccolta non regolamentata ne rappresenta il principale fattore di minaccia. L'areale comprende le montagne dell'Europa centrale e meridionale e si estende fino alla Turchia nord-occidentale. La specie si articola in quattro sottospecie: *G. lutea* L. subsp. *lutea*, subsp. *symphyandra* Murb. (Hayek), subsp. *vardjanii* Wraber e subsp. *montserratii* (Vivant ex Greuter) Romo. Campioni d'erbario sono stati osservati per testare la validità di alcuni caratteri discriminanti per l'identificazione delle sottospecie. Uno studio comparato di biologia riproduttiva è stato svolto su tre popolazioni appartenenti rispettivamente alle sottospecie *lutea*, *symphyandra* e *vardjanii*: sono state studiate fenologia fiorale, produttività in condizioni di controllo e di autogamia, vitalità dei semi e *fitness* della progenie. Uno studio filogenetico dei taxa appartenenti alla sez. *Gentiana* è stato condotto mediante marcatori nucleari e plastidiali con l'obiettivo di mettere in luce le relazioni entro specie. *G. lutea* risulta essere una specie autocompatibile, ma la produttività in condizioni di autogamia risulta significativamente inferiore rispetto al controllo. Semi e plantule derivanti da autogamia presentano *fitness* ridotta (depressione da *inbreeding*). In condizioni naturali il successo riproduttivo di *G. lutea* subsp. *symphyandra* è minore rispetto alla sottospecie nominale e alla subsp. *vardjanii*. A livello filogenetico *G. lutea* risulta monofiletica e, al suo interno, è supportata l'identità della sottospecie *vardjanii*. Lo sfasamento nella fioritura di *G. lutea* subsp. *vardjanii* (15-20 giorni in anticipo rispetto alle altre sottospecie, con le quali è

simpatica) rappresenta una barriera riproduttiva temporale, che potrebbe spiegare l'isolamento di questa sottospecie durante il processo microevolutivo.

Convolvulus lineatus è un'erba perenne tipica delle regioni mediterranee, minacciata da attività antropiche che ne frammentano la distribuzione. Lo studio è stato effettuato in 4 popolazioni isolate nel sud della Francia, dove la specie raggiunge il limite settentrionale di distribuzione. È stato analizzato il successo riproduttivo (rapporto frutti/fiori) in relazione a diverse distanze di impollinazione (intra- ed inter-popolazione). I risultati evidenziano una scarsa produzione di frutti in seguito ad impollinazioni tra piante adiacenti, ad indicare probabile depressione dovuta alla presenza di genotipi strettamente correlati. È stata inoltre evidenziata una tendenza significativa verso un aumento della produttività con l'aumentare della distanza di impollinazione. La scarsa *fitness* individuale potrebbe essere spiegata dall'impollinazione principalmente mediata da piccoli coleotteri osservati sui fiori, che garantiscono trasporto di polline a brevi distanze. Data la mancanza di depressione da *outbreeding* per la produzione di frutti, potrebbe essere tentato un intervento di soccorso genetico per garantire la sopravvivenza delle popolazioni più a rischio.

Dictamnus albus è una pianta perenne erbacea tipica di margini e schiarite di querceti termofili, che in Italia trova il limite meridionale di distribuzione. Le maggiori minacce sono dovute al cambiamento dell'uso del suolo da parte dell'uomo, con conseguente chiusura del bosco e generale frammentazione ed isolamento delle popolazioni. Durante le nostre ricerche è stata evidenziata, seppure irregolarmente negli anni, una limitazione nella produzione di semi attribuita a scarsità di impollinatori. Nonostante una alta diversità tassonomica di insetti visitatori, lo spettro degli impollinatori effettivi include un numero inferiore di specie. Dall'analisi demografica è stato riscontrato uno scarsissimo reclutamento da seme in situazione di bosco "maturo", dove la fioritura è praticamente nulla. Da questi presupposti è nato un progetto LIFE+ "Biodiversità" a carattere dimostrativo, della durata di 4 anni. Sono stati effettuati interventi di taglio del bosco per favorire la fioritura e lo sviluppo delle piante in condizioni ottimali di luce incidente. È inoltre previsto l'inserimento di colonie naturali di bombi e di piante nettariifere per incrementare e sostenere la fauna impollinatrice nell'area.

Indirizzo degli autori:

A. Fisogni, M. Rossi, G. Cristofolini & M. Galloni

Dipartimento di Biologia Evoluzionistica Sperimentale, Università degli Studi di Bologna.

E-mail: marta.galloni@unibo.it

M. Iberite & D. Iamonicò

Indagini sulla variabilità fenotipica di *Salicornia veneta* Pignatti & Lausi e *S. emerici* Duval-Jouve (Amaranthaceae)

Salicornia L. è uno dei generi più rappresentativi della sottofamiglia Salicornioideae Ulbr. (Amaranthaceae) ed è considerato critico in relazione alla scarsità dei caratteri discriminanti. Ciò è causato dall'habitus tipicamente succulento, dall'elevata plasticità fenotipica e dalla frequente ibridazione (Kadereit & al. 2006).

Attualmente sono riconosciute 25-30 specie, riunite in due serie (diploide e tetraploide); 15 specie sono segnalate per l'Europa (Kadereit & al. 2007) e 4 per l'Italia (Iberite 1996). *S. veneta* Pignatti & Lausi e *S. emerici* Duval-Jouve, della serie tetraploide, sono specie affini dal punto di vista molecolare (Kadereit et al. 2007), cariologico e morfologico (Iberite 1996).

S. emerici è distribuita lungo le coste del bacino del Mediterraneo, ove occupa terreni salmastri lungamente inondati, mentre *S. veneta* è considerata endemismo italico, colonizzando aree (barene) sottoposte a escursione di marea e stagni inondati dell'alto bacino adriatico (Iberite 2004); è dubbia la presenza in Sardegna (Filigheddu & al. 2000, Conti & al. 2007).

La presente ricerca ha lo scopo di affrontare lo studio dei rapporti tassonomici tra questi *taxa* mediante indagini approfondite di tipo biometrico. In questo primo contributo sono state analizzate cinque popolazioni dell'Italia centro-settentrionale, tre attribuite a *S. veneta* e una a *S. emerici*, raccolte nelle seguenti stazioni: 1 – Campalto (Venezia), depressione salmastra (margine della laguna), *locus classicus* di *S. veneta*; 2 – Chioggia (Venezia), depressione salmastra (margine della laguna); 3 – Torcello (Venezia), depressione salmastra (margine della laguna); 4 – Fondi (Latina), depressione salmastra (sponde del Lago Lungo); 5 – Sabaudia, Parco Nazionale del Circeo (Latina), depressione salmastra (presso il Lago di Caprolace). Sono stati misurati 37 caratteri morfologici su 177 campioni per un totale di circa 6550 misurazioni.

La *Cluster Analysis* e la PCA (significatività statistica per le prime sei componenti pari al 72,77%) mostrano 2 gruppi debolmente distinti, corrispondenti ai *taxa* indagati. Il contributo della prima componente è pari al 35,59% e i caratteri relativi, maggiormente significativi, sono: larghezza massima del terzo segmento fertile, larghezza massima del secondo segmento fertile, larghezza minima del secondo segmento fertile, larghezza del fiore centrale, altezza del margine scarioso del terzo segmento fertile, lunghezza dell'infiorescenza. Le analisi uni- e bivariate (Box Plot, Scatter Plot) confermano l'esistenza di gruppi scarsamente separati.

La ridotta significatività statistica dei caratteri morfologici, la presenza di *S. veneta* in paludi salmastre solitamente caratterizzate da *S. emerici* (S'Ena Arrubia, Oristano) e l'affinità molecolare, ci inducono a ipotizzare che le due entità possano essere al più riconosciute a livello sottospecifico.

Ulteriori indagini biometriche, condotte sulla popolazione sarda, saranno necessarie per definire il corretto rango tassonomico.

Bibliografia

- Conti, F. & al. 2007: Integrazioni alla checklist della flora vascolare italiana. – *Natura Vicentina* **10(2006)**: 5-74.
- Filigheddu, R., Farris, E., Biondi, E. 2000: The vegetation of S'Ena Arrubia lagoon (central-western Sardinia). – *Fitosociologia* **37(1)**: 39-59.
- Iberite, M. 1996: Contribution to knowledge of the genus *Salicornia* L. (Chenopodiaceae) in Italy. – *Ann. Bot. (Roma)* **54**: 145-154.
- 2004: Le salicornie: metodologie di indagine e problematiche tassonomiche. – *Inform. Bot. Ital.* **36(2)**: 508-511.
- Kadereit, G., Mucina, L., Freitag, H. 2006: Phylogeny of Salicornioideae (Chenopodiaceae): diversification, biogeography, and evolutionary trends in leaf and flower morphology. – *Taxon* **55(3)**: 617-642.
- , Ball, P., Beer, S., Mucina, L., Sokoloff, D., Teege, P., Yaprak, A. E., Freitag, H. 2007: A taxonomic nightmare comes true: phylogeny and biogeography of glassworts (*Salicornia* L., Chenopodiaceae). – *Taxon* **56(4)**: 1143-1170.

Indirizzo degli autori:

M. Iberite & D. Iamonicò

Università di Roma Sapienza, Dipartimento di Biologia Ambientale,
Piazzale Aldo Moro 5, 00185, Roma

A. Luca, F. Bellusci, G. Pellegrino & A. Musacchio

Studio molecolare dell'orchidea endemica *Serapias politisii*

Lo studio della struttura spaziale genetica consente di aumentare le conoscenze sulle cause di separazione tra le popolazioni naturali di specie vegetali. *Serapias politisii* Renz. è una specie endemica dello stretto di Otranto, con poche popolazioni presenti fra il Salento e le isole greche. Tale specie fu originariamente descritta per Corfù (Renz 1928), come ibrido tra *S. parviflora* Parl. e *S. vomeracea* subsp. *laxiflora* (Soò) Gözl & Reinhard. Successivamente, la sua presenza fu segnalata su altre isole della Grecia ionica (Kaptein Den Boumeester & al. 1988; Baumann & al. 1989), oltre che nel Salento (Bianco & al. 1992; Grünanger 2001; Pellegrino & al. 2005). Studi filogenetici precedenti, basati su sequenze di DNA plastidiale, hanno raggruppato le 14 specie del genere *Serapias* in due cladi principali, ognuno a sua volta suddiviso in due gruppi minori (Bellusci & al. 2008). L'unica eccezione era rappresentata da *S. politisii*, le cui popolazioni italiane e greche segregavano indipendentemente nei due gruppi principali, rivelando l'esistenza di due differenti aplotipi. In questo studio abbiamo condotto una indagine combinata su *S. politisii* e le due putative specie parentali, sequenziando cinque regioni di DNA plastidiale ed eseguendo un'analisi AFLP. Gli obiettivi della ricerca sono stati: 1) mettere in evidenza eventi di ibridazione; 2) tracciare le relazioni evolutive tra le popolazioni; 3) dedurre il ruolo giocato attraverso fattori biologici, storici e biogeografici nella formazione della struttura genetica spaziale di *S. politisii*. Sono stati ottenuti quattro aplotipi con una chiara distribuzione geografica: tre aplotipi sono presenti nelle popolazioni di Corfù e uno esclusivo è fissato in tutte le popolazioni della Penisola Salentina. Tale suddivisione geografica supporta bene la probabilità di un doppio evento di ibridazione e/o di cattura del plastidiale. Di contro, l'analisi degli AFLP dei tre taxa non supportano tale ipotesi, dal momento che *S. politisii* mostra diversi alleli esclusivi, alcuni dei quali sono condivisi dalle popolazioni italiane e greche. Alla luce della specificità floristica delle coste confinanti con lo stretto di Otranto, possiamo considerare che l'attuale disgiunzione di *S. politisii* potrebbe essersi originata o da dispersione dei semi a lunga distanza o dalla frammentazione di una antica popolazione polimorfica.

In considerazione delle recenti prove concernenti il periodo definito "lago-mare" del Mediterraneo, possiamo suggerire che l'attuale distribuzione di *S. politisii* possa essere il frutto della frammentazione di una precedente popolazione continua a cavallo dello stretto di Otranto, che lascia presumere l'esistenza di un ponte di terra (*land bridge*) tra le due aree. Questo collegamento si sarebbe creato grazie ai movimenti del "gradino" dello stretto di Otranto durante il Messiniano, quando il mare Mediterraneo era caratterizzato da zone d'acqua (laghi) poco profonde e salmastre (Steininger & al. 1984). Questa ipotesi è supportata da vari autori (Trotter 1912; Gömory & al. 1999; Vettori & al. 2004; Musacchio & al. 2006), per

spiegare la presenza di elementi floristici anfiadriatico-balcanici nella flora dell'Italia meridionale.

Bibliografia

- Baumann, H., Künkele, S. 1989: Die Gattung *Serapias* L – ine taxonomische übersicht. – Mitteilungsblatt Arbeitskreis Heimische Orchideen Baden-Württemberg **21**: 701-946.
- Bellusci, F., Pellegrino, G., Palermo, A.M., Musacchio, A. 2008: Phylogenetic relationships in the orchid genus *Serapias* L. based on non-coding regions of the chloroplast genome. – Mol. Phyl. Evol. **47**: 986-991.
- Bianco, P., D'Emérico, S., Medagli, P., Ruggiero, I., Liverani, P. 1992: *Serapias politisii* Renz. - (Orchidaceae), nuova per la Flora Italiana. – Webbia **46**: 219-223.
- Gömöry, D., Paule, L., Brus, R., Zhelev, P., Tomović, Z., Gračan, J. 1999: Genetic differentiation and phylogeny of beech on the Balkan Peninsula. – J. Evol. Biol. **12**: 746-754.
- Grünanger, P. 2001: Orchidee d'Italia. – Quaderni di Botanica Ambientale Applicata **11**: 3-80.
- Musacchio, A., Pellegrino, G., Cafasso, D., Widmer, A., Cozzolino, S. 2006: A unique *A. palustris* lineage across the Otranto strait: botanical evidence for a past landbridge? – Pl. Syst. Evol. **262**: 103-111.
- Pellegrino, G., Musacchio, A., Noce, M.E., Palermo, A.M., Widmer, A. 2005: Reproductive versus floral isolation among morphologically similar *Serapias* L. species (Orchidaceae). – J. Heredity **96**: 15–23.
- Renz, J. 1928: Zur Kenntnis der griechischen Orchideen. - Repertorium Novarum Specierum Regni Vegetabilis **25**: 225-270.
- Steininger, F.F., Rögl, F. 1984: Paleogeography and palinspastic reconstruction of the Neogene of the Mediterranean and Paratethys.- In: Dixon, J.E., Robertson, A.H.F. (eds.), The geological evolution of the eastern Mediterranean. Oxford: Blackwell, 659-668.
- Trotter, A. 1912: Gli elementi balcanico-orientali della flora italiana e l'ipotesi dell'Adriatide. – Atti del Reale Istituto di Scienze Naturali Napoli **9**: 1-119.
- Vettori, C., Vendramin, G.G., Anzidei, M., Pastorelli, R., Paffetti, D., Giannini, R. 2004: Geographic distribution of chloroplast variation in Italian populations of beech (*Fagus sylvatica* L.). – Theor. Appl. Gen. **109**:1-9.

Indirizzo degli autori:

A. Luca, F. Bellusci, G. Pellegrino & A. Musacchio

Dipartimento di Ecologia, Università della Calabria, via P. Bucci 1, 87036 Arcavacata di Rende (Cosenza)

E-mail: giuseppe.pellegrino@unical.it

M. Melai & L. Peruzzi

Approfondimenti biosistematici su un *Leucanthemum* (Asteraceae) critico della Liguria orientale

Il genere *Leucanthemum* Mill. (Asteraceae, Asteroideae tribù Anthemideae) in Italia attualmente conta 21 entità tassonomiche: 11 afferenti a *Leucanthemum vulgare* aggr., 5 a *L. atratum* aggr. e 5 a sé stanti (Euro+Med Plantbase; Conti & al. 2005). Il presente studio nasce per approfondire le conoscenze biosistematiche su alcuni popolamenti di *Leucanthemum* aventi caratteristiche peculiari (assenza di pappo sugli acheni del disco, come molte delle entità di *L. vulgare* aggr.; foglie profondamente divise come molte delle entità di *L. atratum* aggr.), rinvenuti da Dino Marchetti (Massa) in Liguria Orientale in cinque stazioni, di cui quattro su diaspro e una su gabbro.

Le ricerche sono state così impostate: innanzitutto è stata verificata la presenza dei popolamenti critici nei luoghi indicati (la stazione su gabbro non è stata confermata) e sono stati raccolti *exsiccata* e campioni vivi, dopodiché si è cercato di caratterizzare la pianta in termini sia morfologici che cariologici.

Per la caratterizzazione morfologica sono stati valutati sulla pianta critica 60 parametri selezionati in base al peso dato loro in letteratura (Pignatti 1982). Inoltre, sono state misurate le dimensioni degli acheni e calcolato il loro indice di forma (Thompson & al. 1993). Sono state poi condotte delle ricerche in FI, GE e PI, con il duplice scopo di verificare l'esistenza di campioni d'erbario eventualmente riconducibili a questa entità e di valutare gli stessi parametri morfologici sul maggior numero possibile di altre entità tassonomiche dello stesso genere. I dati raccolti sono stati sottoposti ad analisi multivariate (PCoA, UPGMA). Per la caratterizzazione cariologica, i dati relativi al cariotipo dell'entità critica sono stati acquisiti mediante trattamento degli apici radicali con il classico protocollo al Feulgen, grazie a cui sono stati poi costruiti idiogrammi per ciascuna località. I dati cariologici di altre entità tassonomiche sono stati invece acquisiti tramite la ricerca in letteratura di piastre metafasiche, cariogrammi o idiogrammi. È stata anche valutata la variabilità tra le diverse specie di *Leucanthemum* in termini di asimmetria del cariotipo (Paszko 2006).

Sulla base dei parametri morfologici valutati su 404 campioni d'erbario, è possibile affermare che la pianta si distingue nettamente da tutte le altre, dal punto di vista morfologico. I taxa ad essa più vicini sono *L. corsicum* (Less.) DC. subsp. *fenzlii* Gamisans e *L. monspeliense* (L.) H. J. Coste, piante tetraploidi ($2n = 36$) non includibili in alcun gruppo di specie, *L. pluriflorum* Pau, pianta diploide ($2n = 18$) della Penisola Iberica, afferente al gruppo di *L. vulgare*, *L. coronopifolium* Vill. subsp. *ceratophylloides* (All.) Vogt & Greuter e subsp. *tenuifolium* (Guss.) Vogt & Greuter, piante esaploidi ($2n = 54$) del gruppo di *L. atratum*. Tutte queste entità posseggono foglie profondamente divise, tuttavia la margherita ligure resta ben distinta da esse, per una particolare combinazione di stati di caratteri

morfologici associati ad un assetto genomico diploide ($2n = 2x = 18$). Ciò porta a ritenere quantomeno improbabile un'origine ibrida di questi popolamenti, mentre più verosimile appare l'inquadramento di questa entità come patroendemismo (Favarger & Contandriopoulos 1961). Qualunque sia la sua origine, questa pianta appare anche vicariante ecologica di altre specie che preferiscono suoli meno acidi (Inceer & Hayirlioglu-Ayaz 2007). In Liguria, infatti, esistono molte altre entità di *Leucanthemum* ma nessun'altra vive su diaspro. Essendo ben separata dalle altre specie note, si può pensare che questa entità rappresenti effettivamente un'unità di diversità biologica non ancora formalmente descritta, distinta dalle altre ed endemica della Liguria Orientale. Rimane comunque la possibilità che questi popolamenti possano rappresentare una nuova unità sottospecifica di *L. pluriflorum* o di *L. monspeliense*. Anche quest'ultimo taxon, riportato come tetraploide, è molto vicino alla pianta ligure, ma va evidenziato che i conteggi sono stati effettuati nella Penisola Iberica (Vogt 1991), mentre il basionimo (*Chrysanthemum monspeliense* L.) è stato descritto per la Francia sud-orientale (Linnaeus 1753), dove indagini recenti hanno mostrato che le popolazioni tipiche sono diploidi (R. Vogt, *in litt.*). Indagini molecolari potranno in futuro chiarire meglio l'origine di questa entità e le sue relazioni con le congeneri.

Bibliografia

- Conti, F., Abbate, G., Alessandrini, A., Blasi, C. (eds.) 2005: An annotated checklist of the Italian vascular flora. – Palombi Editori.
- Euro+Med PlantBase: The information resource for Euro-Mediterranean plant diversity. – <http://www.emplantbase.org>
- Favarger, C., Contandriopoulos, J. 1961: Essai sur l'endémisme. – Ber. Schweiz. Bot. Ges. **71**: 383-408.
- Inceer, H., Hayirlioglu-Ayaz, S. 2007: Chromosome numbers in the tribe *Anthemideae* (*Asteraceae*) from North East Anatolia: *Leucanthemum vulgare* Lam. – Oxeye Daisy or Grande Merguerite. – Bot. J. Linn. Soc. **153**: 203-211.
- Linnaeus, C. 1753: *Species Plantarum* **2**: 889. – Stockholm.
- Paszko, B. 2006: A critical review and a new proposal of karyotype asymmetry indices. – Pl. Syst. Evol. **258**: 39-48.
- Pignatti, S. 1982: *Flora d'Italia*, **3**: 89-96. – Edagricole Bologna.
- Thompson, K., Band, S.R., Hodgson, J.G. 1993: Seed size and shape predict persistence in the soil. – *Functional Ecology* **7**: 236-241.
- Vogt, R. 1991: Die gattung *Leucanthemum* Mill. (*Compositae* - *Anthemideae*) auf der Iberischen halbinsel. – Ruizia, Monografías del Real Jardín Botánico, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, **10**.

Indirizzo degli autori:

M. Melai & L. Peruzzi

Dipartimento di Biologia, Università di Pisa Via L. Ghini 5, 56126 Pisa

E-mail: martinamelai@yahoo.it

L. Peruzzi, D. Harpke & A. Carta

Risultati preliminari sull'evoluzione e filogenesi, nell'ambito della serie *Verni* (*Crocus*, Iridaceae), dei due crochi endemici di Toscana

Il genere *Crocus* L. (Iridaceae) appartiene alla sottofamiglia Crocoideae, tribù Croceae, assieme ad altri generi di bulbose come *Gladiolus* L. e *Romulea* Maratti (Goldblatt & al. 2008). In accordo con Petersen & al. (2008), questo genere è composto da 88 specie, 7 delle quali descritte successivamente all'importante monografia di Mathew (1982). In Italia, sono presenti 15 specie di *Crocus*, 5 delle quali endemiche. Tra queste, spiccano *Crocus etruscus* Parl. ($2n = 8$) e *Crocus ilvensis* Peruzzi & Carta ($2n = 8$), entrambi appartenenti alla serie *Verni* B. Mathew ed entrambi con presenza limitata alla Toscana: Maremma settentrionale ed Isola d'Elba, rispettivamente (Carta & al. 2010; Peruzzi & Carta 2011). Le specie della serie *Verni*, come molte altre nell'ambito del genere, presentano una marcata variabilità cariologica, con numeri cromosomici di base $x = 4, 5, 6, 7, 8, 9, 11, 14$ (Mathew, 1982).

Lo scopo del presente lavoro, ancora in fase preliminare, è quello di esplorare le relazioni filogenetiche intercorrenti tra queste due entità endemiche, anche in relazione alle altre specie della stessa serie (*C. baytopiorum* B. Mathew, *C. kosaninii* Pulević, *C. tommasinianus* Herb., *C. vernus* (L.) Hill – incl. *C. albiflorus* Kit., *C. heuffelianus* Herb. e *C. siculus* Tineo). A questo scopo, sono stati utilizzati due marcatori nucleari (regione ITS; AT103 - vedi Li & al. 2008) ed un marcatore plastidiale (*trnL-trnF* IGS).

C. etruscus, *C. ilvensis*, *C. kosaninii* ($2n = 14$) e *C. vernus* ($2n = 8, 16$) hanno identiche sequenze del marcatore *trnL-trnF* IGS; molto vicino si colloca anche *C. tommasinianus* ($2n = 16$), distinto soltanto da una *indel* di 2 paia di basi.

L'analisi filogenetica della regione ITS indica invece chiaramente 3 cladi distinti all'interno della serie: A) *C. etruscus*+*C. kosaninii*+*C. ilvensis* (100% BS) – con sequenze identiche tra *C. etruscus* e *C. ilvensis* ed una differenza di 1 bp per *C. kosaninii*; B) *C. tommasinianus*+*C. vernus* (*C. heuffelianus*, $2n = 10, 12, 18, 22, 23$) (100% BS); C) *C. vernus* (incl. *C. albiflorus*) (99% BS). *C. baytopiorum* ($2n = 28$) risulta invece molto distante dalle altre specie e probabilmente da escludere dalla serie *Verni* (specie-tipo: *C. vernus*). Al contrario, inaspettatamente, *C. longiflorus* Rafin. ($2n = 28$) (specie-tipo della serie *Longiflori* B. Mathew), forma un clado altamente supportato proprio con le specie della serie *Verni* (98% BS).

Il marcatore pCOS AT103, risultato il maggiormente variabile, conferma l'estrema affinità tra *C. etruscus*, *C. ilvensis*, mentre non chiarisce le affinità di queste due specie con le altre della serie *Verni*. *Crocus etruscus* non presenta variabilità intraindividuale (picchi multipli) nella sequenza considerata, mentre *C. ilvensis* mostra chiaramente più "aplotipi" del marcatore coesistenti su singoli individui, andando probabilmente ad indicare una origine ibrida (speciazione

omoploide ibrida?). La stessa cosa avviene con il citotipo $2n = 16$ di *Crocus vernus* (diffuso in Liguria e Toscana continentale), già noto come allopoliploide (Peruzzi & Carta 2011). Sono in corso ulteriori indagini, che vedranno l'utilizzo di marcatori con variabilità più marcata (AFLP) ed un campionamento più esteso, che vada ad includere anche i citotipi diploidi $2n = 8$ dell'Italia centro-meridionale (*C. vernus* s.s.) e Sicilia (*C. siculus*).

Bibliografia

- Carta, A., Pierini, B., Alessandrini, A., Frignani, F., Peruzzi, L., 2010: Contributo alla conoscenza della flora vascolare endemica di Toscana ed aree contermini. I. *Crocus etruscus* (Iridaceae). – Inform. Bot. Ital. **42(1)**: 47-52.
- Goldblatt, P., Rodriguez, A., Powell, M. P., Davies, T. J., Manning, J. C., Bank, van der M., Savolainen, V., 2008: Iridaceae "Out of Australasia"? Phylogeny, biogeography, and divergence time based on plastid DNA sequences. – Syst. Bot. **33(3)**: 495-508.
- Li, M., Wunder, J., Bissoli, G., Scarponi, E., Gazzani, S., Barbaro, E., Saedler, H., Varotto, C., 2008: Development of COS genes as universally amplifiable markers for phylogenetic reconstructions of closely related plant species. – Cladistics **24**: 1-19.
- Mathew, B., 1982: The *Crocus*. A revision of the genus *Crocus* (Iridaceae). – Timber Press, Portland.
- Peruzzi, L., Carta, A., 2011: *Crocus ilvensis* sp. nov. (sect. *Crocus*, Iridaceae), endemic to Elba Island (Tuscan Archipelago, Italy). – Nord. J. Bot. **29**: 6-13.
- Pignatti, S., 1982: Flora d'Italia **1-3**. Edagricole, Bologna.
- Petersen, G., Seberg, O., Thorsøe, S., Jørgensen, T., Mathew, B., 2008: A phylogeny of the genus *Crocus* (Iridaceae) based on sequence data from five plastid regions. – Taxon **57(2)**: 487-499.

Indirizzo degli autori:

L. Peruzzi & A. Carta

Dipartimento di Biologia, Università di Pisa Via L. Ghini 5, 56126 Pisa

E-mail: lperuzzi@biologia.unipi.it

D. Harpke

Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), D-06466

Gatersleben, Germany

E-mail: doerte.harpke@gmx.de

Indice

Bedini & al., Gli endemiti della flora vascolare italiana: stato delle conoscenze cariologiche archiviate in "Chrobase.it".	4
Borzatti von Loewenstern & al., Relazioni filogenetiche tra le specie italiane di <i>Bellevalia</i> Lapeyr. (Asparagaceae): analisi di tipo morfologico, cariologico e molecolare.	6
Brullo & al., Note nomenclaturali, tassonomiche e corologiche su <i>Cyperus papyrus</i> L. (Cyperaceae).	8
Bruni & al., Lo studio del polline attraverso l'approccio DNA <i>barcoding</i> identifica le specie vegetali visitate dalle api da miele.	10
Carta & al., Ecologia e strategie riproduttive di <i>Hypericum elodes</i> in Italia.	12
Federici & al., Identificazione di alcuni membri di Lamiaceae attraverso il DNA <i>barcoding</i>	14
Fisogni & al., Biologia riproduttiva in popolazioni isolate di angiosperme entomofile.	16
Iberite & Iamonico, Indagini sulla variabilità fenotipica di <i>Salicornia veneta</i> Pignatti & Lausi e <i>S. emerici</i> Duval-Jouve (Amaranthaceae).	18
Luca & al., Studio molecolare dell'orchidea endemica <i>Serapias politisii</i>	20
Melai & Peruzzi, Approfondimenti biosistematici su un <i>Leucanthemum</i> (Asteraceae) critico della Liguria orientale.	22
Peruzzi & al., Risultati preliminari sull'evoluzione e filogenesi, nell'ambito della serie <i>Verni</i> (<i>Crocus</i> , Iridaceae), dei due crochi endemici di Toscana.	24

Indice degli autori

F. Bartolucci	14	L. Peruzzi.	4, 6, 12, 22, 24
G. Bedini	4, 12	M. Pozzi.	10
F. Bellusci.	20	M. Rossi.	16
C. Brullo.	8	C. Salmeri.	8
S. Brullo.	8	L. Savio.	12
I. Bruni.	10, 14		
A. Borzatti von Loewenstern.	6		
A. Carta.	12		
G. Cristofolini.	16		
F. De Mattia.	10, 14		
S. Federici.	10, 14		
A. Fisogni.	16		
A. Galimberti.	14		
M. Galloni.	16		
F. Garbari.	4		
T. Giordani.	6		
D. Harpke.	24		
D. Iamonico.	18		
M. Iberite.	18		
M. Labra.	10, 14		
A. Luca.	20		
M. Melai.	22		
A. Musacchio.	20		
P. Pavone.	8		
G. Pellegrino.	20		



Comune di
Rosignano Marittimo



Dipartimento di Biologia
Università di Pisa

