

# Libro degli Abstract



**Università  
degli Studi  
di Palermo**



**SESSIONE III**

**ECOLOGIA E CONSERVAZIONE**

**Le differenze interindividuali del microbiota intestinale in *Trypocopris pyrenaicus* (Charpentier, 1825) (Coleoptera, Geotrupidae)**

Samuele Voyron<sup>1</sup>, Erica Lumini<sup>2</sup>, Gianluca Natta<sup>1</sup>, Alex Laini<sup>1</sup>, Alfredo Santovito<sup>1</sup>, Angela Roggero<sup>1</sup>, Antonio Rolando<sup>1</sup>, Claudia Palestrini<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Università degli Studi di Torino, Italia;

<sup>2</sup> Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante (IPSP), Italia

I coleotteri coprofagi possono essere fornitori indiretti di servizi ecosistemici dal momento che ospitano un microbiota intestinale specializzato, composto da un gruppo eterogeneo, che comprende batteri, archaea e funghi e che è coinvolto nella mineralizzazione della sostanza organica e nella soppressione dei patogeni. La composizione tassonomica del microbiota intestinale è determinata da molteplici fattori, tra cui lo stadio di sviluppo e la morfologia intestinale dell'ospite, il tipo di dieta e la tassonomia dell'ospite, l'ambiente e il meccanismo di trasmissione. I microorganismi presenti nell'intestino dei coleotteri coprofagi svolgono un ruolo cruciale nella degradazione di composti come cellulosa e lignina. Ad oggi, tuttavia, si sa ancora poco sulla diversità tassonomica e sulle funzioni ecologiche che questi micro-simbionti possono fornire. Inoltre, finora sono state in maggioranza testate specie allevate in laboratorio, mentre è necessario studiare la variabilità del microbiota anche in individui raccolti direttamente in natura.

Nel nostro studio abbiamo descritto e confrontato la diversità tassonomica e funzionale di batteri, archaea e funghi presenti nel microbiota intestinale di individui adulti di *Trypocopris pyrenaicus*, una specie politipica ampiamente distribuita in Europa, che utilizza feci di diverse specie di vertebrati.

Abbiamo riscontrato una notevole variabilità interindividuale nella composizione tassonomica del microbiota intestinale degli individui esaminati. Inoltre, l'ordinazione multivariata degli individui cambia a seconda che si considerino i batteri o i funghi. Gli individui testati condividono solamente lo 0.25% delle OTU di batteri e archaea e lo 0.50% delle OTU fungine. Considerando il core a livello di famiglia abbiamo riscontrato ancora fortissima variabilità interindividuale, in quanto gli individui condividono solo lo 0.91% e il 2.35% delle famiglie batteriche-archeali e fungine rispettivamente. Tra le OTU di batteri e archaea, i Phyla più rappresentati sono Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidota, Actinobacteriota ed Euryarchaeota, anche se le abbondanze relative variano tra gli individui. Tra i funghi, il phylum più abbondante è Ascomycota, seguito da Basidiomycota.

Le funzioni batteriche e archeali più presenti sono la chemioeterotrofia aerobica, la chemioeterotrofia e la fermentazione, mentre i trofismi fungini riscontrati con maggiore frequenza in tutti gli individui sono categorie miste come patotrofo-saprotrofo o patotrofo-saprotrofo-simbionte.

La forte variabilità interindividuale evidenziata dai nostri risultati suggerisce che lo studio del microbiota intestinale dei coleotteri coprofagi non può prescindere da un campionamento consistente di individui per riuscire a descrivere tutta la variabilità intraspecifica.

**PAROLE CHIAVE:** coleotteri coprofagi, microbiota intestinale, batteri, archaea, funghi.

**POSTER**

**XXVII CONGRESSO NAZIONALE ITALIANO DI ENTOMOLOGIA**

12 - 16 GIUGNO 2023, PALERMO