



**Università di Pisa**

**Dipartimento di Chimica e Biotecnologie Agrarie**

**SOCIETA' ITALIANA DI CHIMICA AGRARIA**

**XXV CONVEGNO NAZIONALE**

**Pisa, 18-21 Settembre 2007**



**Aula F, Facoltà di Agraria**



*Riassunti delle comunicazioni e dei poster*

## FINGERPRINTING GENETICO E METABOLICO DELLE COMUNITA' BATTERICHE DEL SUOLO IN UN ACTINIDIETO SOTTOPOSTO A DIFFERENTI SISTEMI DI GESTIONE

Sofa A.<sup>a</sup>, Ricciuti P.<sup>b</sup>, Pascazio S.<sup>b</sup>, Celano G.<sup>a</sup>, Dichio B.<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Dipartimento di Scienze dei Sistemi Colturali, Forestali e dell'Ambiente,  
Università degli Studi della Basilicata, Via dell'Ateneo Lucano 10, 85100 Potenza

<sup>b</sup> Dipartimento di Biologia e Chimica Agroforestale ed Ambientale,  
Università degli Studi di Bari, Via G. Amendola 165/A, 70126 Bari

L'obiettivo del presente studio è stato quello di comparare in un sistema frutticolo di actinidia (*Actinidia deliciosa* (A. Chev.) C. F. Liang et A. R. Ferguson; cv. Hayward), in ambiente semi-arido mediterraneo, l'effetto della gestione del suolo "innovativa" e "convenzionale" sulla composizione e sull'attività delle comunità microbiche telluriche. La tesi "innovativa" ha previsto: non lavorazione del suolo, inerbimento, apporto di compost, interrimento dei residui di potatura, irrigazione guidata secondo il bilancio idrologico semplificato e interventi di potatura finalizzati all'equilibrio vegeto-produttivo. La tesi "convenzionale" è stata invece condotta mediante: lavorazione del suolo, fertilizzazione chimica, allontanamento dei residui di potatura, interventi irrigui e di potatura empirici. Le tecniche di gestione "innovative" hanno avuto come scopo quello di incrementare la fertilità chimica e biologica del suolo, sequestrare carbonio atmosferico e creare condizioni ottimali di disponibilità nutrizionale.

La sperimentazione è iniziata nel 2003 a Bernalda (MT). Il campionamento del suolo ha interessato i due profili 0-10 e 10-20 cm. Per ogni tesi è stato analizzato un campione composito di bulk soil, costituito da 20 sub-campioni prelevati secondo uno schema random. Sono state condotte le seguenti analisi: conta batterica e fungina totale, estrazione di DNA e RNA totale, retro-trascrizione di RNA, amplificazione di 16S-rDNA-rRNA batterici e 18S-rDNA-rRNA fungini mediante appositi primers, visualizzazione dei frammenti amplificati mediante gel elettroforesi su gradiente denaturante (DGGE) e diversità funzionale microbica mediante metodo Biolog®.

Non sono state riscontrate differenze significative (ANOVA,  $P \leq 0.05$ ) dei valori di conta batterica sia tra i due sistemi di gestione che tra i due profili di suolo analizzati. Per quanto riguarda i risultati relativi ai 16rDNA-rRNA batterici, è stato individuato un cluster distinto corrispondente ai due profili di suolo relativi alla tesi "convenzionale". Al contrario, i campioni della tesi "innovativa" hanno mostrato coefficienti di similarità di Dice più bassi. I profili DGGE dei 18SrDNA-rRNA fungini hanno anch'essi mostrato due diversi clusters relativi ai due differenti sistemi di gestione del suolo. Infine, i dati Biolog® hanno evidenziato che esistono differenze significative ( $P \leq 0.05$ ) di substrate richness tra la tesi "innovativa" e quella "tradizionale", mentre non sono state riscontrate differenze riguardanti l'indice di diversità di Shannon e la substrate evenness.

Concludendo, i dendrogrammi relativi all'analisi DGGE ed i valori di substrate richness suggeriscono che il sistema di gestione "innovativo" ha determinato variazioni significative nella composizione delle comunità microbiche del suolo. Non sono invece state riscontrate differenze quantitative dei microrganismi sia tra sistemi di gestione che tra profondità. Sono ora in corso attività di ricerca per lo studio di gruppi microbici correlati agli indici di fertilità del suolo.