

# Valutazione di impatto ambientale di PGM sulla diversità delle comunità microbiche del suolo: caso studio *Brassica napus*

Canfora L., Neri U., Felici B., Benedetti A.

Consiglio per la ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura, Centro di Ricerca per lo Studio delle relazioni tra pianta e Suolo CRA- RPS Center for plant and soil system, via della Navicella 2, Roma, Italy, 00184, E-mail: [loredana.canfora@entecra.it](mailto:loredana.canfora@entecra.it)

## Introduzione

Nell'ambito del progetto **LIFE+ MAN-GMP-ITA Validation of risk management for genetically modified plants in protected and sensitive areas in Italy** (NAT/IT/000334) (<http://www.man-gmp-ita.sinanet.isprambiente.it/progetto>), finalizzato alla standardizzazione di una metodologia utilizzabile nell'analisi dei potenziali rischi derivanti dal rilascio di piante geneticamente modificate sugli agrosistemi e su aree di alto valore naturalistico ad essi adiacenti.

Quali indicatori di impatto sono stati prescelti come organismi bersaglio lepidotteri e coccinellidi.

Nel presente lavoro verrà presentato il caso studio di *Brassica napus* pianta ospite delle larve di *Pieris napus* e quindi particolarmente esposta al rischio di flusso genico tra specie GM e specie wild type. In particolare verranno discussi i risultati ottenuti sull'impatto sul suolo.

Le colture geneticamente modificate infatti potrebbero impattare sulla qualità del suolo e sulla diversità microbica in termini sia di struttura che di funzionalità. I microrganismi del suolo, responsabili della fertilità biologica, sono utilizzati come indicatori della qualità del suolo per le funzioni da loro svolte per la loro risposta rapida ai cambiamenti dell'ambiente e dell'uso del suolo (Bloem et al 2006).

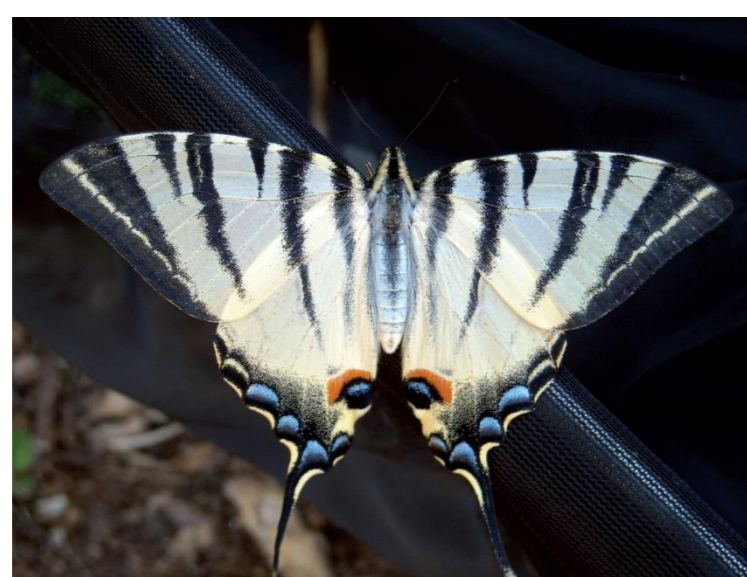
## Materiali e Metodi

Quali siti di osservazione sono stati prescelti tre siti di interesse comunitario (SIC) localizzati nelle aree di Bologna, Metaponto e Tor Mancina (RM)

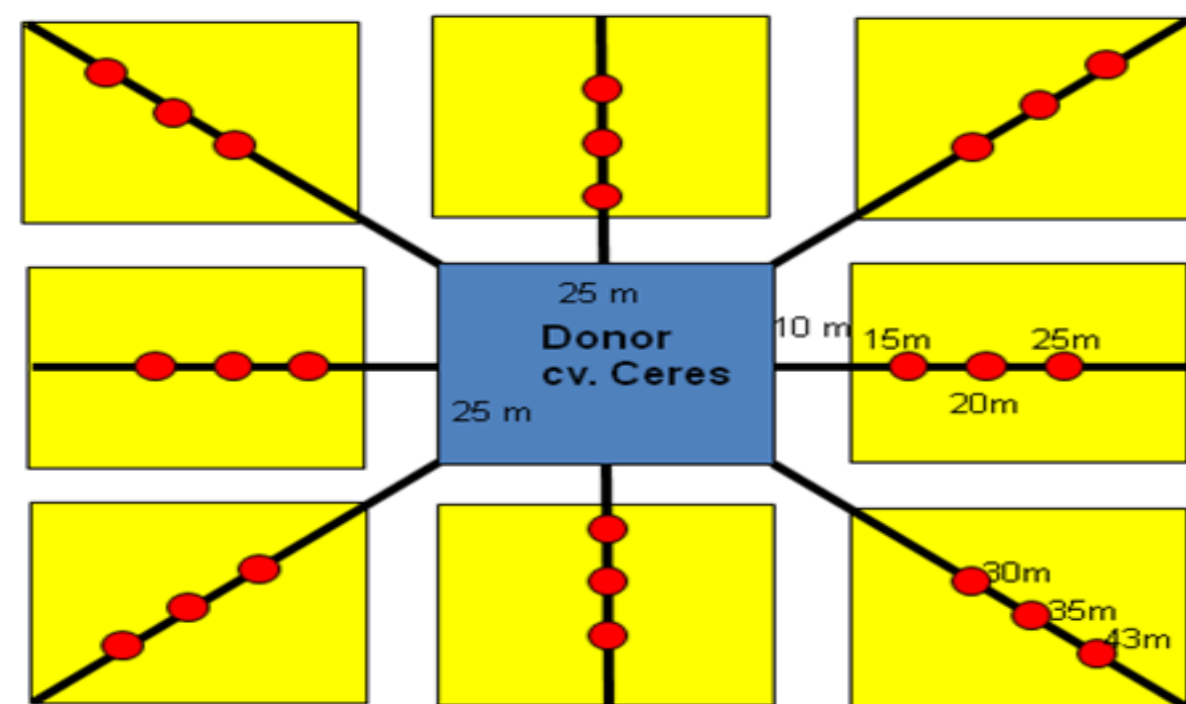
**SIC IT 6030015 "Macchia Sant'angelo Romano"**

**SIC IT4050001 "Gessi bolognesi e Calanchi dell'Abbadessa".**

**SIC IT9220090 "Costa Ionica e Foce Bradano".**



Le varietà di *Brassica napus* utilizzate sono state Ceres e Dante, selezionate rispettivamente come donatore e ricevente sulla base della presenza/assenza del marcatore discriminante la cultivar. I disegni sperimentali dei tre siti sono stati realizzati secondo le brevi e le lunghe distanze come riportato in precedenti studi di flusso genico (Scheffler JA, Parkinson R, Dale PJ. 1993; <http://www.isb.vt.edu/news/2006/artspdf/apr0601.pdf>). I campionamenti di suolo sono stati effettuati secondo lo schema riportato in Fig.1.



**Fig. 2** Schema di campionamento del campo di Brassicaceae

La valutazione dell'impatto delle colture GM sulla diversità della comunità microbica del suolo è stata determinata secondo una procedura precedentemente standardizzata (Benedetti A. e Mocali S. 2009) che prevede:

-l'analisi della ricchezza e dell'abbondanza, Biomassa microbica

-l'analisi delle funzioni della comunità microbica, BIOLOG

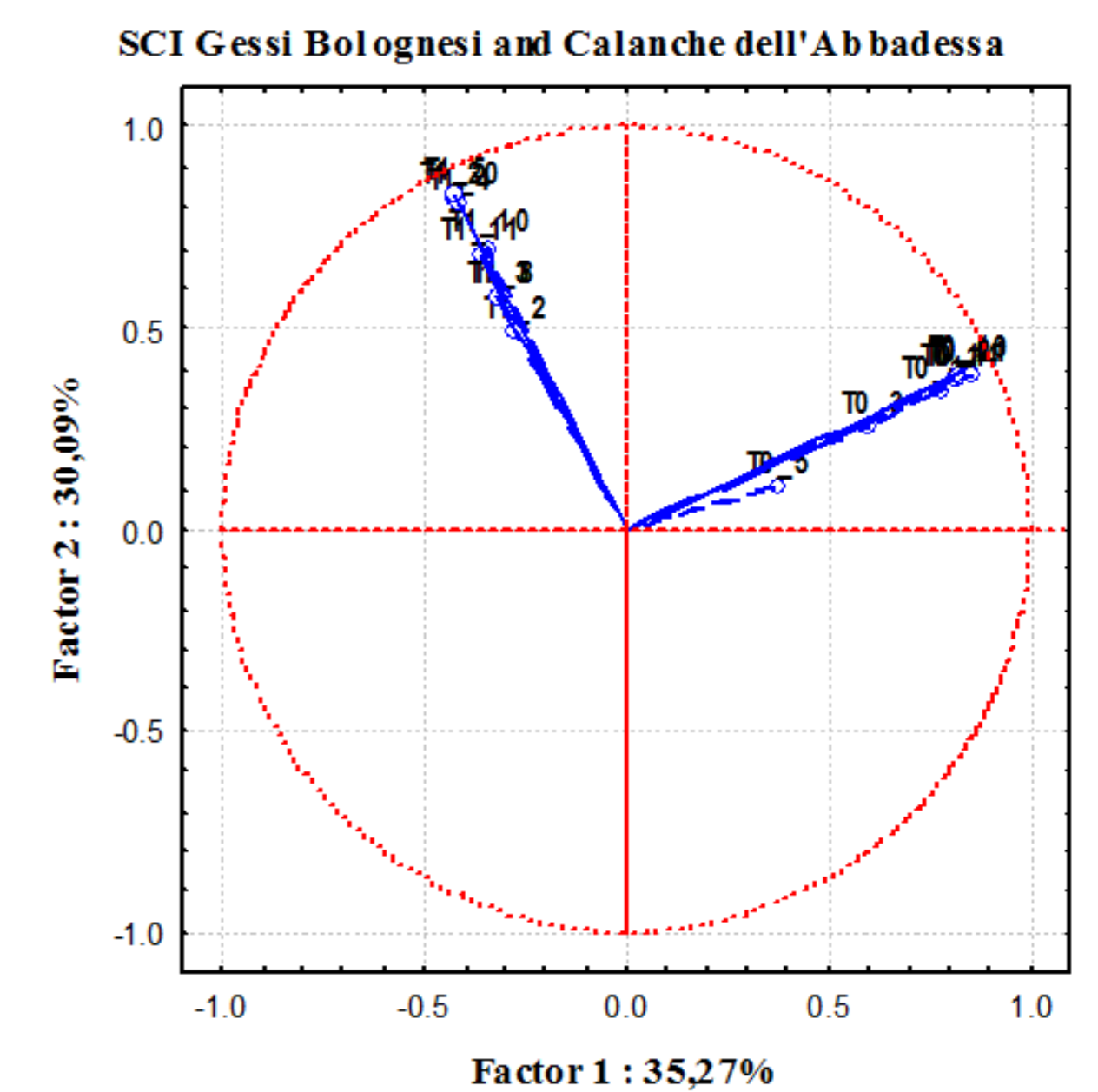
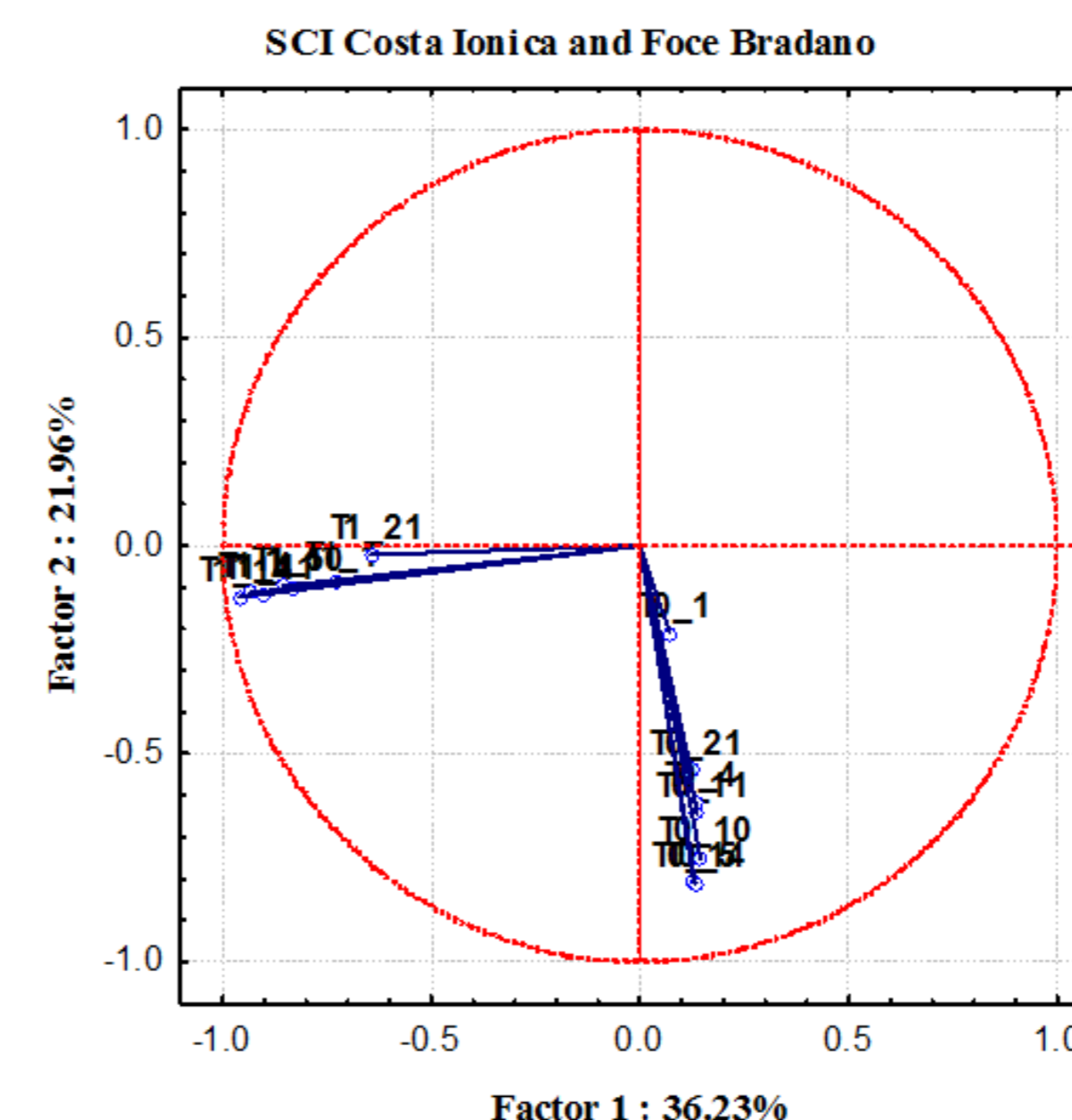
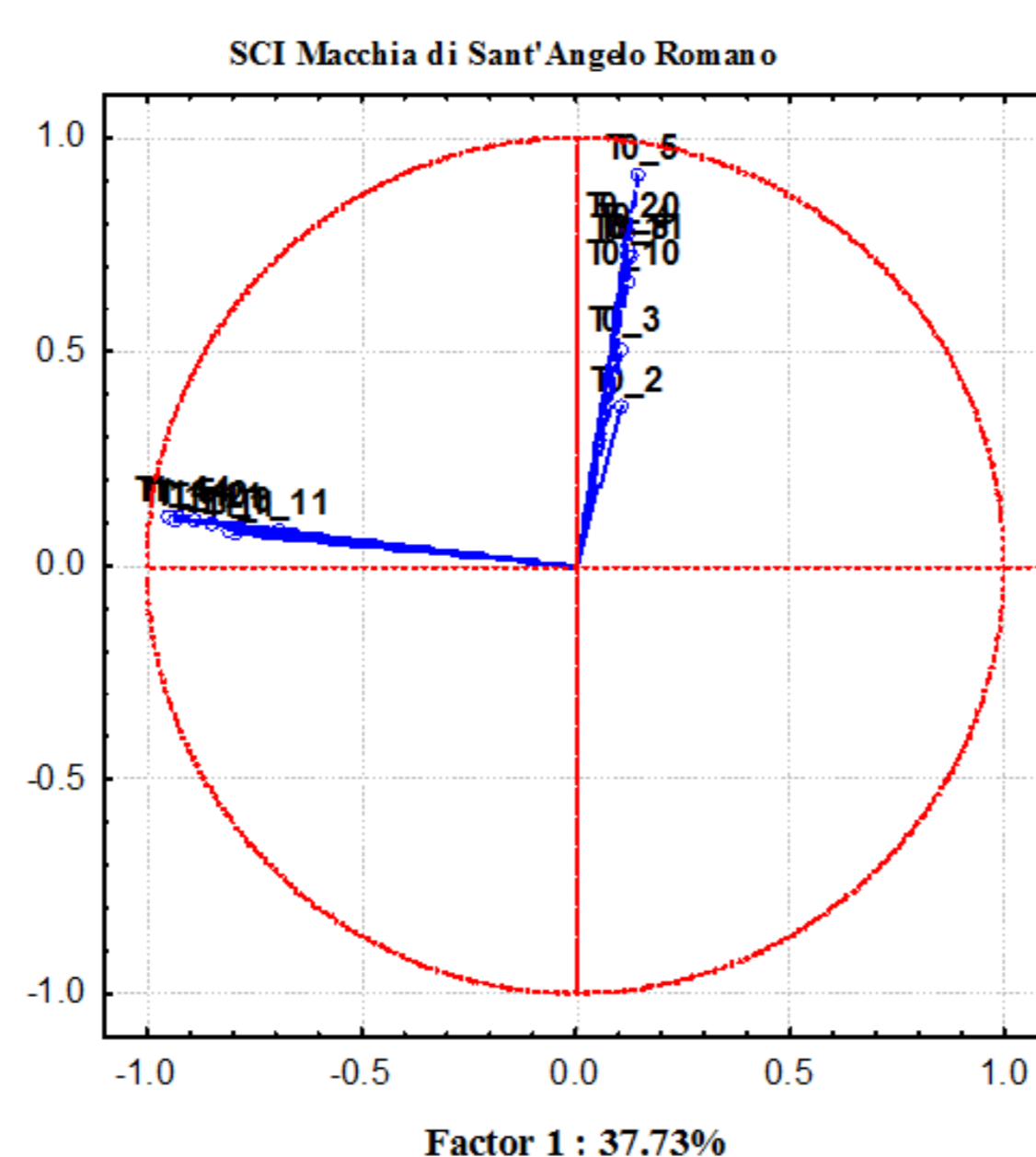
-la caratterizzazione della diversità genetica della comunità microbica di un suolo, T-RFLP (Terminal- Restriction Length Polymorphism)

E' stato inoltre analizzato il flusso genico identificando un gene costitutivo delle colza, *CruA*, dai protocolli messi a disposizione del JRC per la tracciabilità degli OGM negli alimenti.

## Risultati e discussioni

I suoli considerati in questo studio sono rappresentativi di diverse situazioni, da sabbioso come nel caso di Tor Mancina, con un contenuto estremamente basso in SOM (sostanza organica del suolo) a argilloso come nel caso di Bologna con un basso contenuto di SOM, e infine a limoso di Metaponto con un più alto ma ancora basso contenuto di SOM. Tutti i suoli sono caratterizzati da un alta ESC (*Exchangeable Sorption Capacity*), rispetto ad un apparente omogeneità mostrata per altri importanti parametri (K, Mg, Na, P disponibile). L'analisi del contenuto in Biomassa microbica è risultato più alto in Metaponto, più basso a Tor Mancina, mostrando valori intermedi a Bologna, come ci si aspettava.

In termini di struttura della comunità e della diversità della comunità microbica, l'elaborazione dei dati relativi alle analisi molecolari condotte sul tempo zero e su due anni di campionamenti, hanno mostrato un trend omologo, in accordo con le precedenti analisi biochimiche, confermando un effetto sulla struttura e la diversità della comunità microbica in presenza della pianta. Tuttavia questo risultato non è ascrivibile e riconducibile ad una risposta e ad un effetto in presenza di PGM, piuttosto in accordo con le precedenti analisi, è riconducibile all'estrema eterogeneità di questo suolo e del contesto in cui si trova. L'analisi del flusso genico nel suolo, ha mostrato in tutti e tre i siti una bassissima presenza del potenziale nel suolo, in accordo con quanto atteso.



## Conclusioni

Il lavoro ha permesso di validare e mettere a punto un approccio metodologico per l'analisi dell'impatto delle PGM sulla biodiversità microbica del suolo. La caratterizzazione delle aree studio ha permesso di aggiungere informazioni preziose circa aree e siti protetti fino ad ora inesplorati, e queste informazioni possono essere utili per futuri programmi di monitoraggio e per future ricerche più approfondite.

**NON SONO STATI USATI OGM**