

TITOLO (sessione 1)

## **Biodiversità microbica e idrologia nel tratto urbano del fiume Tevere**

AUTORI

**Stefano Amalfitano<sup>1</sup>, Stefano Casadei<sup>2</sup>, Andrea Butturini<sup>3</sup>, Stefano Fazi<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Istituto di Ricerca Sulle Acque (IRSA-CNR), Roma, Italia

<sup>2</sup>Università degli Studi di Perugia, Italia

<sup>3</sup>Università di Barcellona, Spagna

### **RIASSUNTO**

I bacini fluviali sono soggetti a crescenti livelli di urbanizzazione, con importanti implicazioni per il funzionamento e la stabilità dell'intero ecosistema. Nonostante il regime idrologico alterato possa influenzare notevolmente le caratteristiche fisiche e chimiche delle acque e modulare l'impatto delle pressioni antropiche, poco si sa sugli effetti delle variazioni idrologiche sulle comunità microbiche planctoniche. Queste comunità microbiche giocano un ruolo chiave nella decomposizione della materia organica e nei cicli dei nutrienti lungo il continuum fluviale.

Nell'ambito delle giornate mondiali per il campionamento dei fiumi (Progetto River Sampling Day - RSD), l'obiettivo del nostro studio è stato quello di esplorare i legami tra idrologia, contaminazione chimica e struttura della comunità microbica nel tratto del bacino del fiume Tevere più interessato da fenomeni di urbanizzazione. I nostri risultati hanno mostrato cambiamenti ricorrenti nella struttura della comunità microbica lungo un gradiente di urbanizzazione, fornendo quindi nuove indicazioni sui potenziali effetti dell'impatto antropico in diversi contesti idrologici.

### **INTRODUZIONE**

I fiumi urbani subiscono un disturbo antropico diretto dovuto allo sfruttamento delle risorse idriche e al gradiente di urbanizzazione, con importanti implicazioni sul funzionamento e i servizi dell'ecosistema (1). Le variazioni idrologiche, sempre più estreme nella zona del Mediterraneo, possono inoltre alterare drasticamente la funzionalità fluviale e la qualità chimica e microbiologica delle acque (2). Nonostante la comunità microbica acquatica nel suo complesso svolga un ruolo centrale nei processi ecosistemici, la contaminazione microbiologica è stimata solo attraverso la coltivazione selettiva di batteri indicatori di contaminazione fecale (unità formanti colonia UFC/100 mL; Decreto Legislativo 152/06). In particolare, non si conoscono gli effetti dell'impatto antropico sulla diversità strutturale e funzionale delle comunità microbiche naturali, che trasportate dalle acque correnti influenzano l'ecologia e la qualità delle acque lungo il continuum fluviale fino fascia costiera. Nell'ambito delle giornate mondiali per il campionamento dei fiumi (Progetto River Sampling Day), l'obiettivo di questo studio era quello di esplorare (i) i livelli di contaminazione lungo un tratto fortemente urbanizzato del fiume Tevere e (ii) la diversità delle popolazioni microbiche planctoniche dominanti, attraverso innovativi approcci molecolari che superino i limiti delle tecniche di coltivazione.

### **AZIONI E METODI**

Il bacino del fiume Tevere (Roma, Italia) è stato campionato in aree diversamente urbanizzate in due stagioni contrastanti (inverno / estate) per un periodo di tre anni. I punti di campionamento includevano 3 siti lungo il fiume Tevere da monte a valle della città di Roma (PG, RI, LE), 1 sito sul fiume Aniene prima della confluenza con il Tevere (AN), e 3 siti sul fiume Cremera, affluente minore che scorrendo all'interno del Parco regionale di Veio, risulta poco impattato da attività antropiche (FS, CS, CL).

Le condizioni idrologiche (es., livello idrometrico e flusso) sono state misurate al giorno del campionamento o estratte dai set di dati forniti dalle agenzie di monitoraggio. Gli indici idrologici sintetici sono stati elaborati nelle sezioni fluviali selezionate (3).

I dati di campo includevano localizzazione GPS, temperatura dell'aria e dell'acqua (T), pH, conduttività (EC), ossigeno disciolto (DO). Le caratteristiche chimiche inorganiche (cioè gli oligoelementi metallici) sono state valutate mediante spettrometria di massa al plasma accoppiato induttivamente (ICP-MS).

La struttura della comunità microbica è stata analizzata mediante citometria a flusso per la quantificazione rapida dei microrganismi planctonici (es., microalghe e batteri) e metodi molecolari quali il sequenziamento del gene per il 16S RNA. Un approccio statistico multivariato è stato utilizzato per interpretare le relazioni tra i set di dati idrochimici e microbiologici (4).

## RISULTATI

L'area indagata è caratterizzata da un forte impatto antropico, con prelievi importanti sia numericamente che quantitativamente, che superano il limite di portata minima. I livelli di contaminazione chimica erano significativamente diversi tra i tre gruppi di acque fluviali (Tevere ≠ Aniene ≠ Cremera; ANOSIM test,  $p < 0,001$ ). Il test multi-gruppo SIMilarity PERcentage (SIMPER), eseguito sul dataset log-trasformato, ha evidenziato che gli elementi in traccia più importanti nella dinamica di urbanizzazione erano nell'ordine il vanadio, l'arsenico, il potassio, il cesio, l'uranio e l'alluminio. I *Proteobacteria* della classi Alpha, Beta e Gamma, dominavano la comunità microbica totale, seguiti da *Bacteroidetes* e *Verrucomicrobia*. L'abbondanza cellulare mostrava valori più alti a valle della città di Roma (fino a  $4 \times 10^6$  cellule/ml) (Figura 1). Il contenuto di acidi nucleici per cellula, inteso come proxy dell'attività metabolica cellulare, aumentava lungo il fiume verso la foce. Il rapporto tra microrganismi pigmentati (es. microalghe fotosintetizzanti) e non (es., batteri eterotrofi) ha mostrato un andamento stagionale evidente (inverno < estate) e in diminuzione dopo la confluenza con il fiume Aniene in cui è stato registrato il valore più basso (1:10000).

## CONCLUSIONI

Diverse caratteristiche strutturali e funzionali della comunità batterica acquatica sono state proposte come primi indicatori di cambiamenti che si verificano all'interno degli ecosistemi fluviali (5). L'abbondanza batterica, l'attività e la diversità della comunità variano in gran parte nello spazio e nel tempo in risposta a condizioni biologiche e abiotiche, con cambiamenti significativi osservati nelle diverse stagioni, in particolare in relazione alle variazioni di temperatura e di chimica dell'acqua. Precedenti studi riportano un aumento dell'abbondanza batterica, della biomassa e dei tassi metabolici correlati allo stato trofico delle acque dolci, con valori più elevati in ambienti eutrofici e altamente inquinati (6). Sulla base dei legami tra i modelli idrologici e le comunità microbiche, i microrganismi fluviali potrebbero fornire preziose indicazioni sugli effetti ecologici dell'urbanizzazione e delle condizioni idrologiche altamente variabili. Inoltre, i metodi molecolari per la caratterizzazione *in situ* della comunità microbica acquatica rappresentano approcci innovativi per fornire rapidamente dati multiparametrici per una migliore comprensione dei processi biogeochimici nei sistemi fluviali.

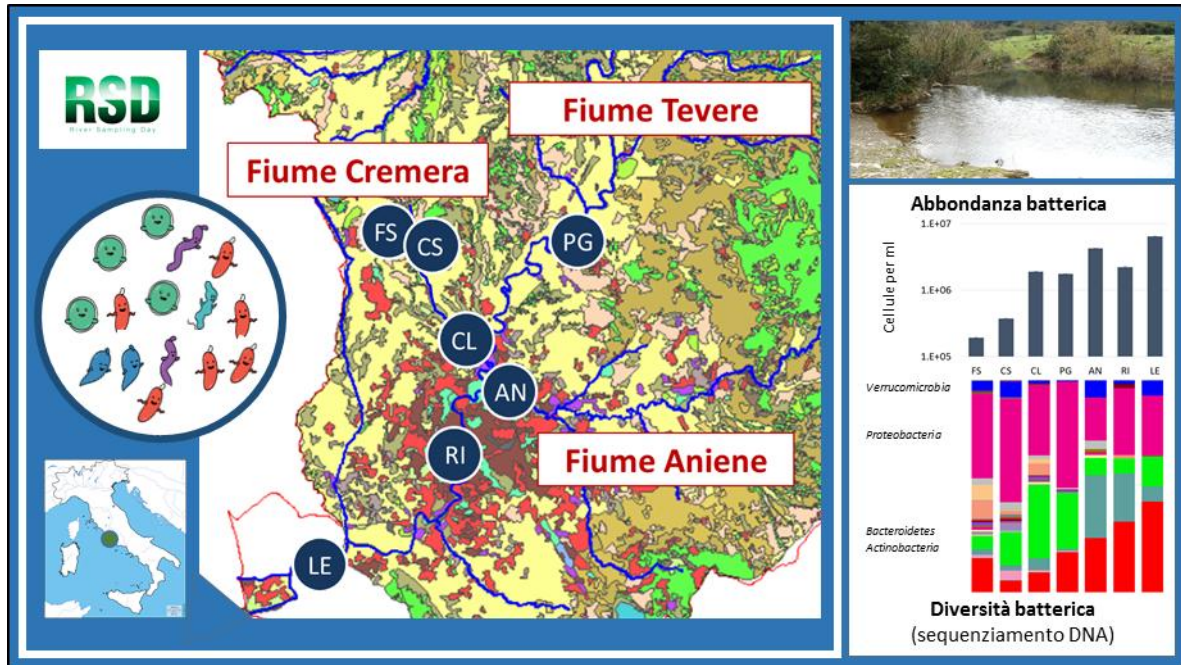
## BIBLIOGRAFIA

1. Gurnell A, Lee M, Souch C. Urban Rivers: Hydrology, Geomorphology, Ecology and Opportunities for Change. *Geogr. Compass* 2007; 1:1118–1137.
2. Butturini A, Guarch A, Romanò AM, Freixa A, Amalfitano S, Fazi S, Ejarque E. Hydrological conditions control in situ DOM retention and release along a Mediterranean river. *Water Res.* 2016; 99: 33–45.
3. Casadei S, Bellezza M, Casagrande L, Pierleoni A. An analytic-geospatial approach for sustainable water resource management: a case study in the province of Perugia. *J. Agric. Eng.* 2013; 814-818.
4. Amalfitano S, Del Bon A, Zoppini A, Ghergo S, Fazi S, Parrone D, Casella P, Stano F, Preziosi E. Groundwater geochemistry and microbial community structure in the aquifer transition from

volcanic to alluvial areas. *Water Res.* 2014; 65: 384–394.

5. Boi P, Amalfitano S, Manti A, Semprucci F, Sisti D, Rocchi MB, Balsamo M, Papa S. Strategies for Water Quality Assessment: A Multiparametric Analysis of Microbiological Changes in River Waters. *River Res. Appl.* 2016; 32: 490–500.

6. Fazi S, Vázquez E, Casamayor EO, Amalfitano S, Butturini A. Stream Hydrological Fragmentation Drives Bacterioplankton Community Composition. *PLoS One* 2013; 8: e64109.



**Figura 1.** Localizzazione dei siti di campionamento e principali risultati sull'abbondanza cellulare (cellule/ml) e sulla diversità filogenetica (percentuale delle unità tassonomiche totali) della comunità microbica acquatica lungo il tratto urbano del fiume Tevere.