



WP2 - linea 1



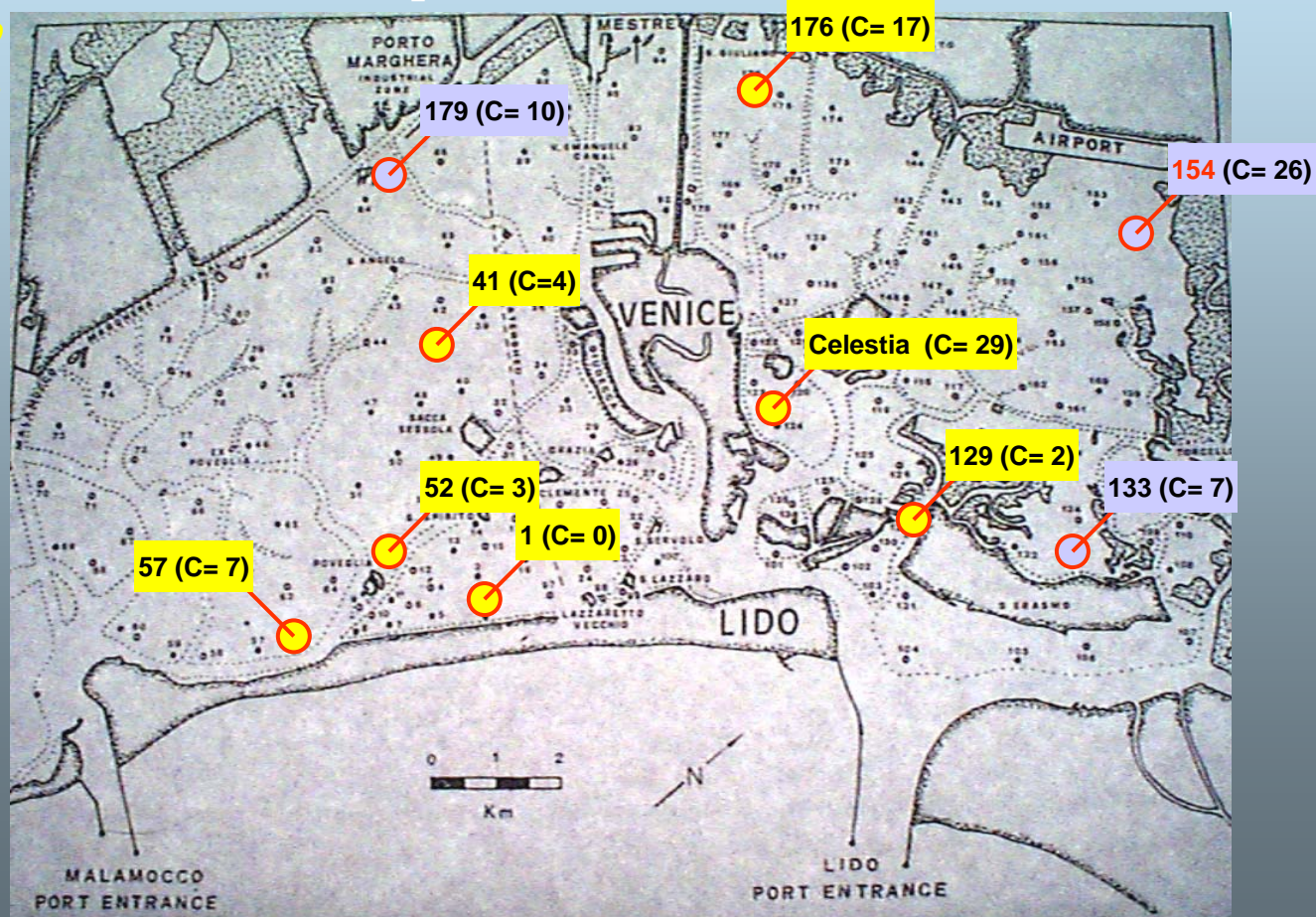
Responsabile della Ricerca: Prof. Baldi Franco

Profili metabolici in aerobiosi di comunità microbiche di sedimenti

Punti di campionamento

Punti di campionamento di campagne precedenti:

- Trezzo (C= 29/31);
- S. Nicolò (C= 28/31);



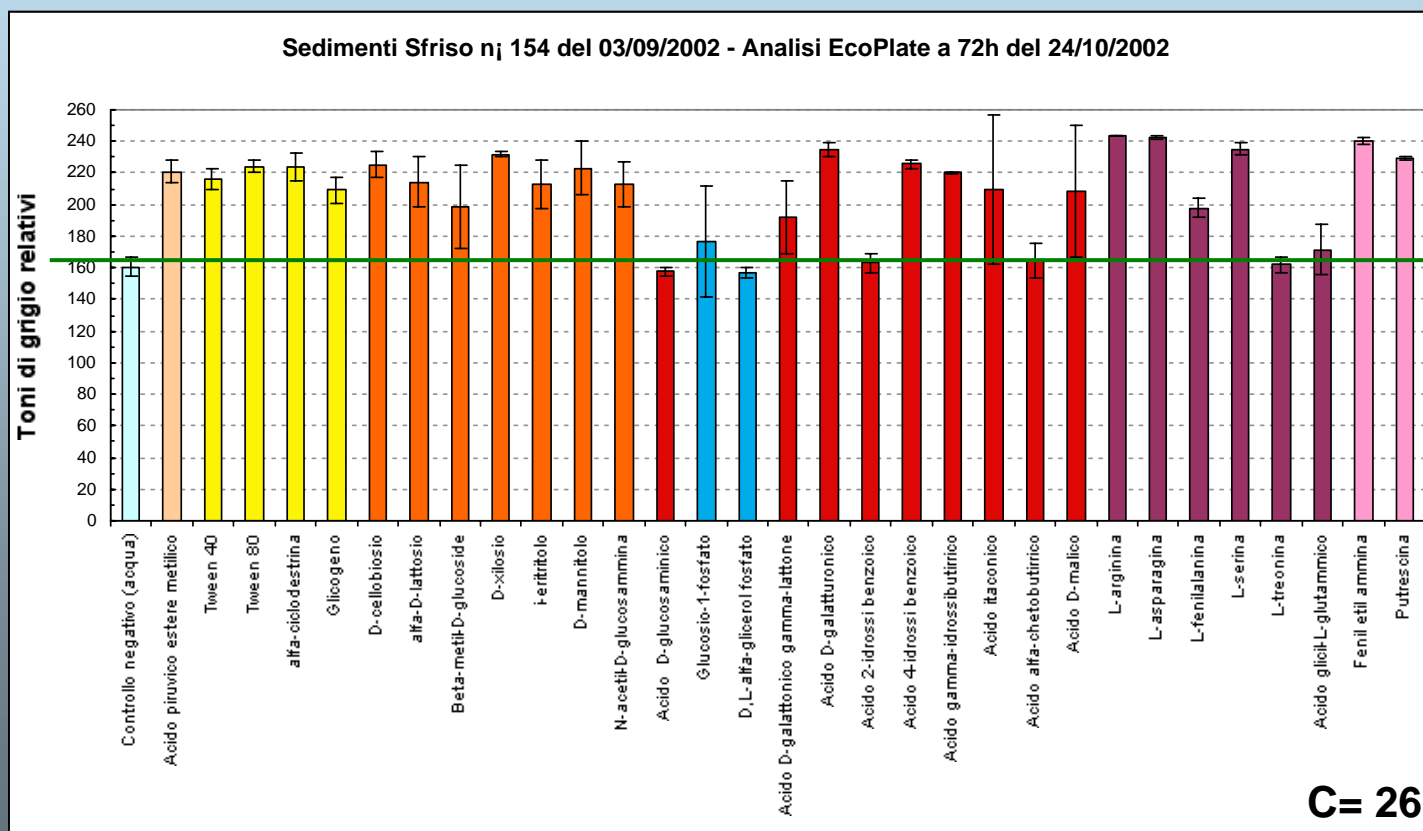


WP2 - linea 1

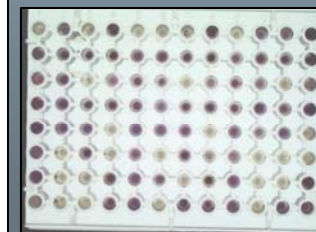


Responsabile della Ricerca: Prof. Baldi Franco

Profili metabolici in aerobiosi di comunità microbiche di sedimenti
Punto con massimo utilizzo di fonti di C in aerobiosi da parte della com. microbica



S



S valore soglia

esteri

polimeri

carboidrati

acidi carbossilici

composti fosforilati

amminoacidi

ammine

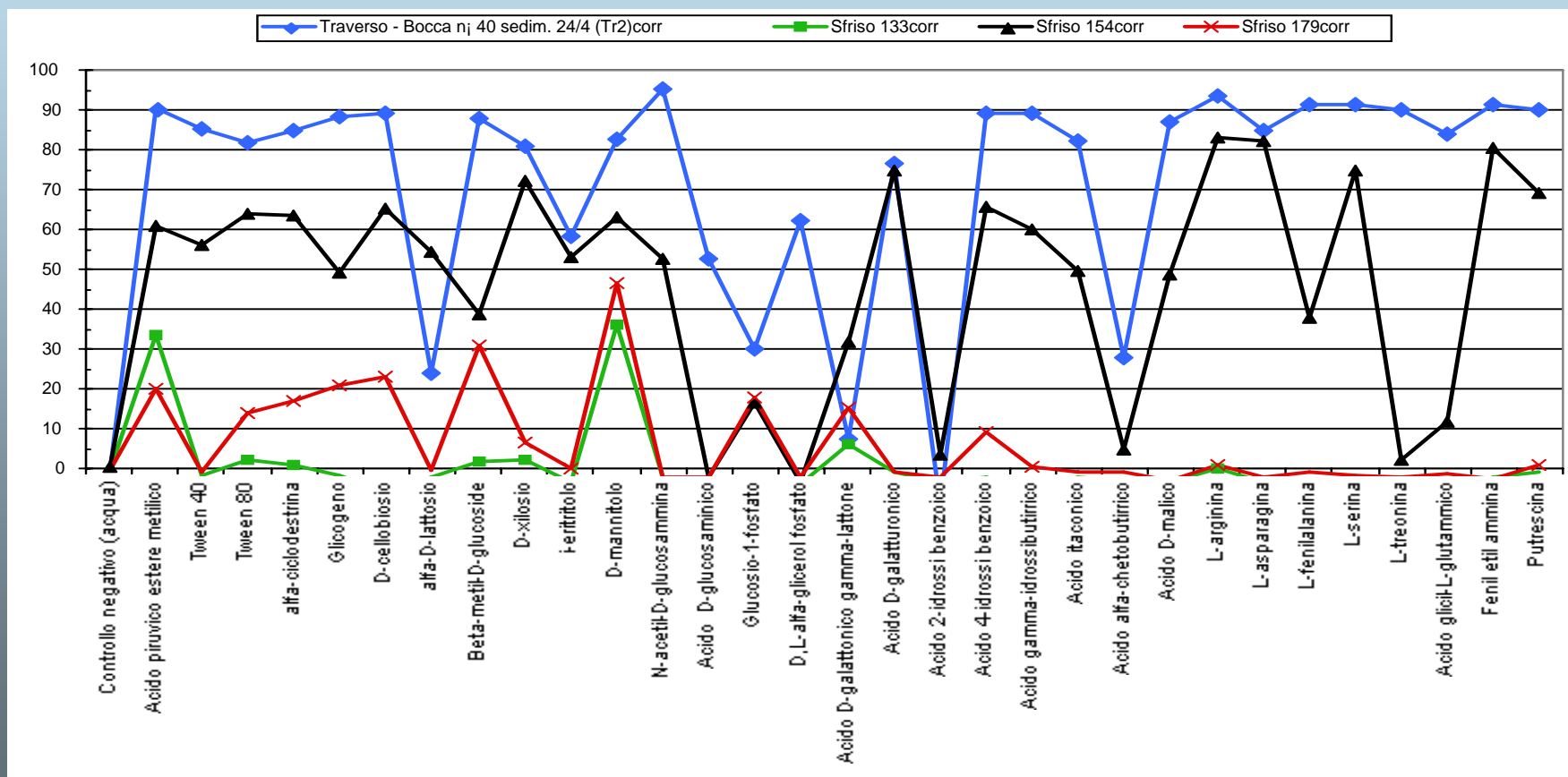


WP2 - linea 1



Responsabile della Ricerca: Prof. Baldi Franco

Profili metabolici in aerobiosi di comunità microbiche di sedimenti *Confronto del profilo metabolico in aree diverse*





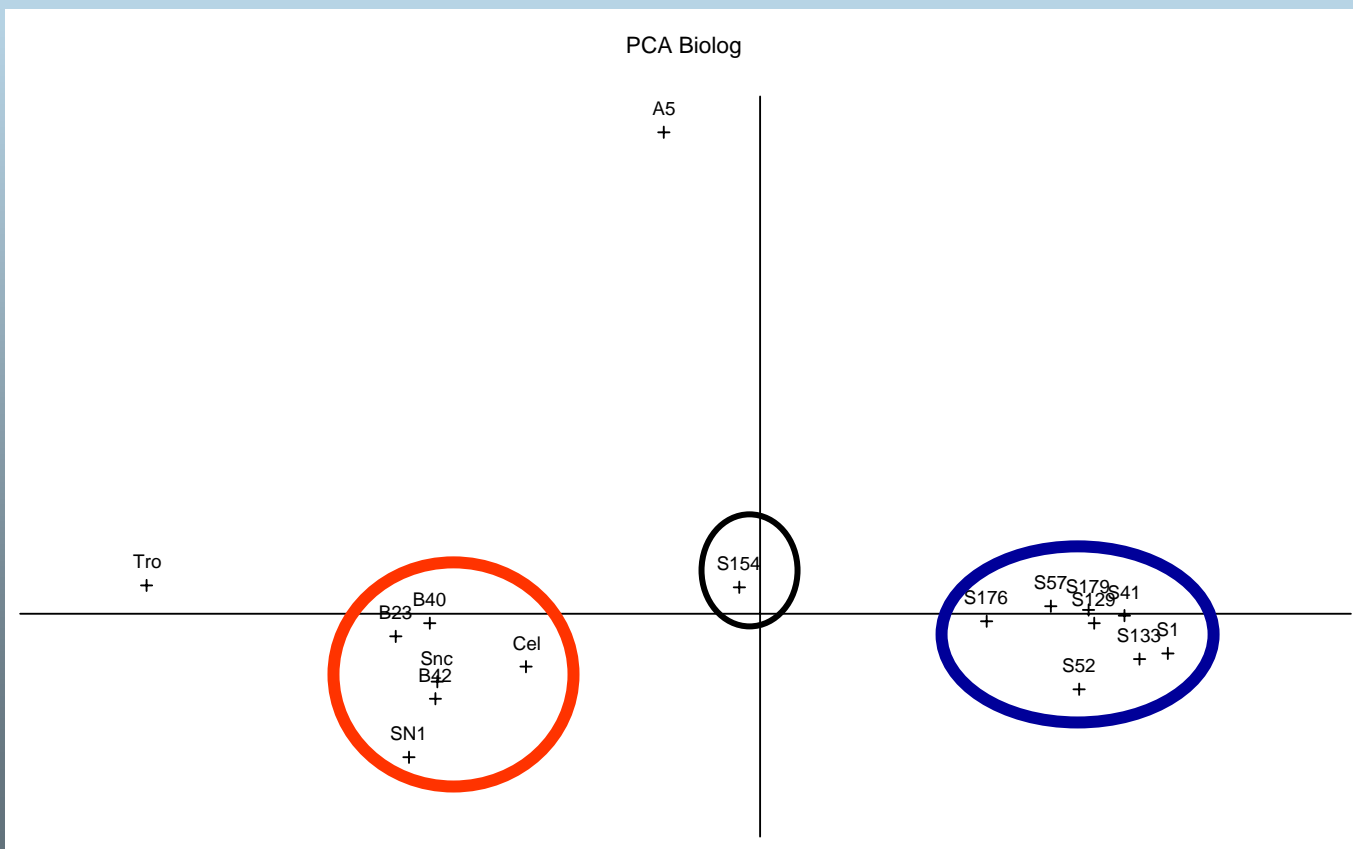
WP2 - linea 1



Responsabile della Ricerca: Prof. Baldi Franco

Profili metabolici in aerobiosi di comunità microbiche di sedimenti

PCA



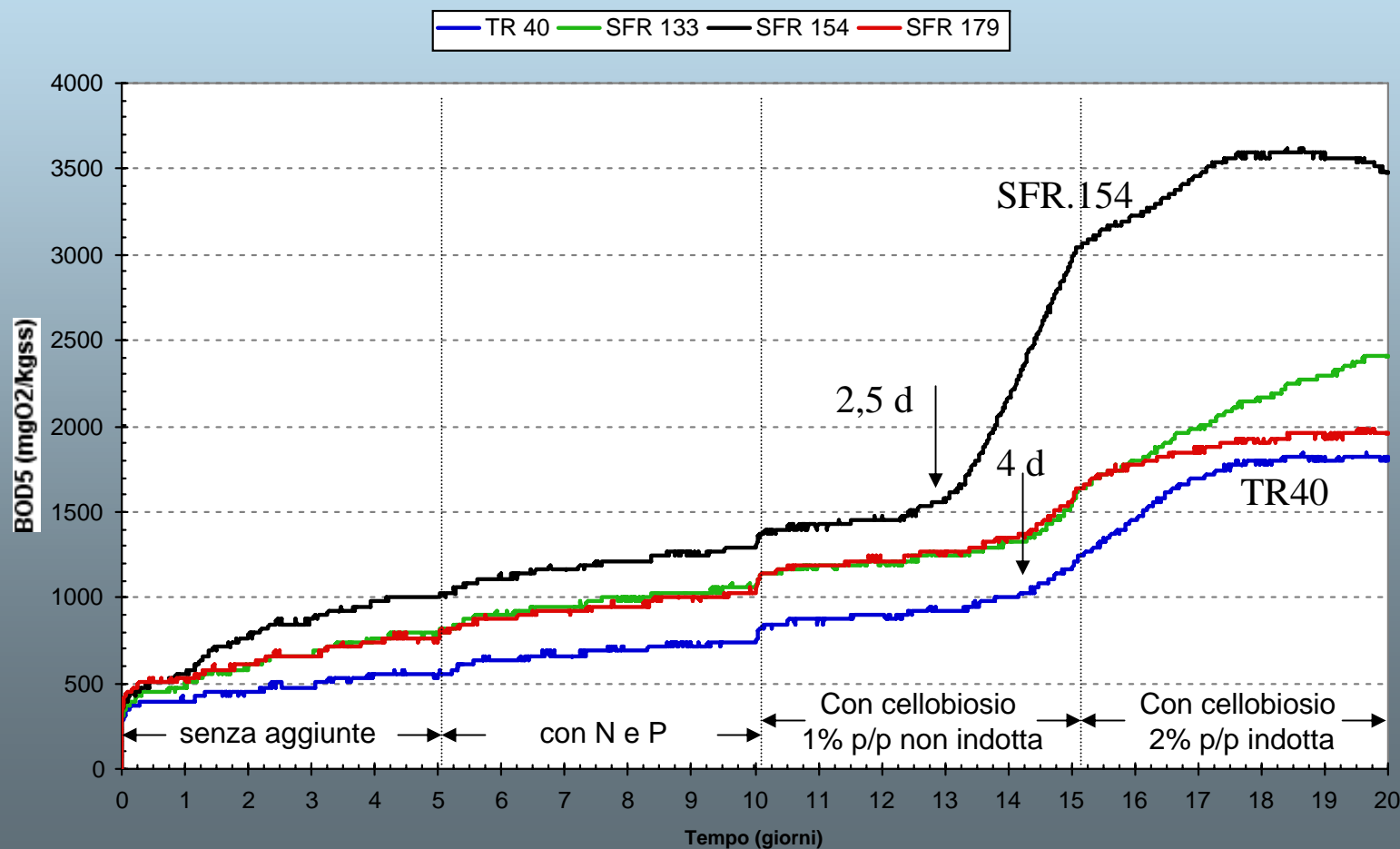


WP2 - linea 1

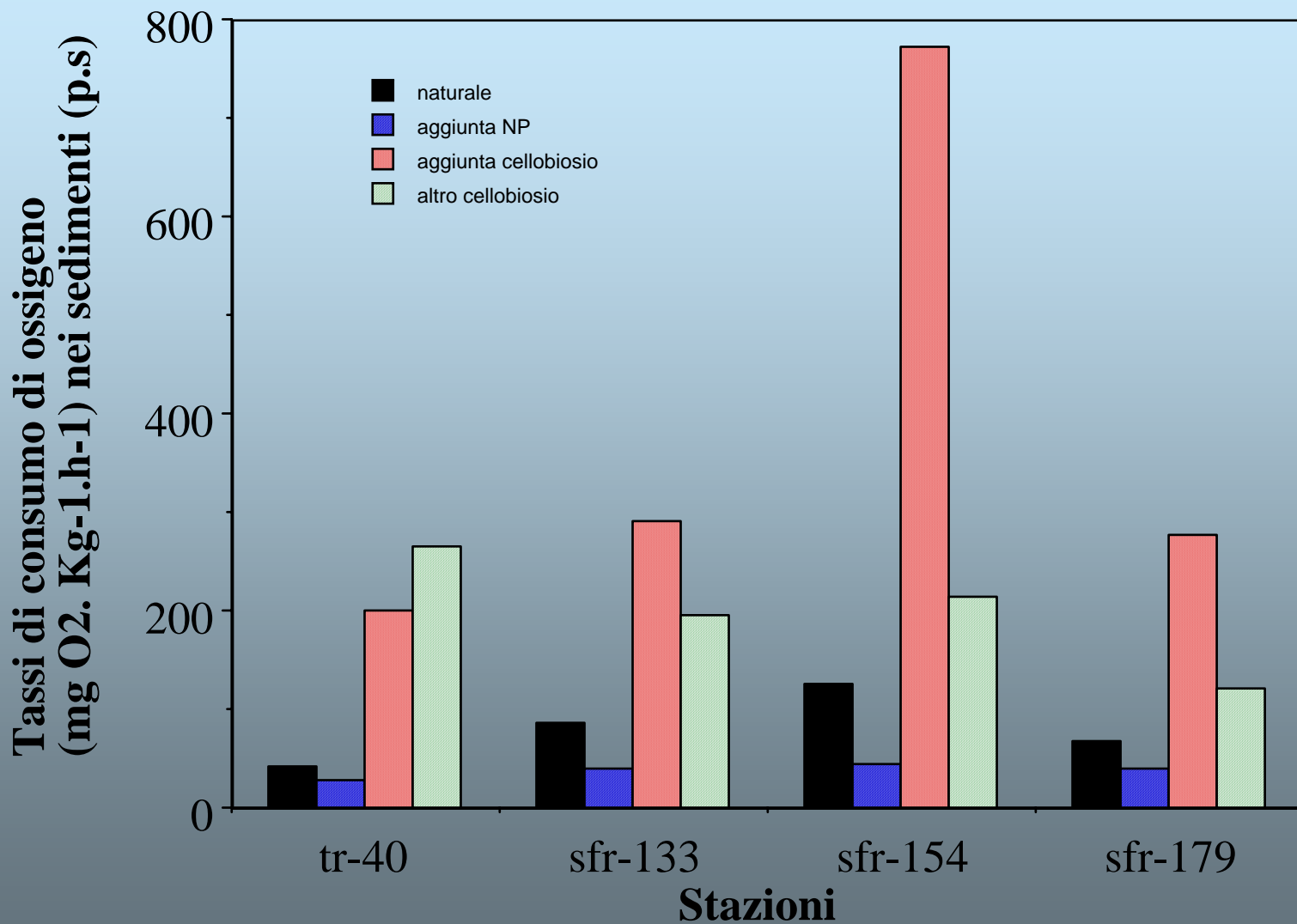


Responsabile della Ricerca: Prof. Baldi Franco

Test respirometrici su sedimenti della laguna *Confronto del consumo di ossigeno in aree diverse*



Cellobiosio





WP2 - linea 1



Responsabile della Ricerca: Prof. Baldi Franco

Identificazione genetica ceppo SN1: sequenziamento rRNA 16S

Specie e ceppo	Punteggio parziale di omologia	Riferimento banca dati sequenze
Pseudomonas chloritidismutans	2212	gi 18476076 gb AY017341.1
Pseudomonas stutzeri	2208	gi 2708833 gb AF038653.1 AF038653
Pseudomonas sp. BU	2202	gi 19550729 gb AF482684.1
Pseudomonas stutzeri strain DSM	2202	gi 1142689 gb U26415.1 PSU26415
Pseudomonas sp. NAP-3-1	2200	gi 3372815 gb AF064636.1 AF064636
Pseudomonas sp. 5.1	2198	gi 15778356 gb AF411853.1 AF411853
Pseudomonas stutzeri strain AN11	2194	gi 1142677 gb U25280.1 PSU25280
Pseudomonas stutzeri strain AN10	2194	gi 1142655 gb U22427.1 PSU22427

Sequenza consenso (1120 basi)

```
CTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGATGAAGAGAGCTTGCTCTCTGATTACGCGGCGG  
ACGGGTGAGTAATGCCTAGGAATCTGCCTGATAGTGGGGGACAACGTTTCGAAAGGAACGCTAATACCGCATACTGCTCCTA  
CGGGAGAAAGCAGGGGACCTTCGGGCCTTGCCTATCAGATGAGCCTAGGTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAAYGGCT  
CACCAAGGCGACGATCCGTAACCTGGTCTGAGAGGATGATCAGTCACACTGGAACCTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGG  
AGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCTCTTCGGATTG  
TAAAGCACTTTAAGTTGGGAGGAAGGGCATTAACTAATACGTTAGTGTTTTGACGTTACCGACAGAATAAGCACCAGCT  
AACTTCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGAAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGTGG  
TTTGTTAAGTTGAATGTGAAAGCCCCGGCTCAACCTGGGAACTGCATCCAAAAGCTGGAAGCTAGAGTATGGCAGAGGG  
TGGTGGAATTTCTGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATAGGAAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACCACCTGGGCTAAT  
ACTGACACTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGGTAACCGATGTCGACTA  
GCCGTTGGGATCCTTGAGATCTTAGTGCGCAGCTAACGCATTAAGTCGACCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAA  
ACTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGG  
CCTTGACATGCAGAGAACTTCCAGAGATGGATTGGTGCCTTCGGGAACTCTGACACAGGTGCTGCATGGCTGTGCTCAG  
CTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGTAAACGAGCGCAACCCCTGTCTTAGTTACCAGCACGTTAAGGTGGGCAC  
TCTAAGGAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGGCCCTTACGGCCTGGGCTACA  
CACGTGCTACAATGGTCGGTACAAAGGTTGCCAAGCCGCGAGGTGGAGCTAATCCCATAAAACCGATCGTAGTCCGGAT  
CGCAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGAATCAGAATGTCACGGTGAATACGTTCCCGGG  
CCTTGTACACACCGCCCGTACACCATGGGAGTGGGTTGCTCCAGAAGTAGCTAGTCTAACCTTCGGGGGGACGGTTACC  
ACGGAGTGATTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGGGAACCTGCGGCTG
```



WP2 - linea 1



Responsabile della Ricerca: Prof. Baldi Franco

Identificazione genetica ceppo SB1: sequenziamento rRNA 16S

Specie e ceppo	Punteggio parziale di omologia	Riferimento banca dati sequenze
Pseudomonas chloritidismutans	2944	gi 18476076 gb AY017341.1
Pseudomonas sp. BU	2938	gi 19550729 gb AF482684.1
Pseudomonas stutzeri	2918	gi 3139129 gb AF063219.1 AF063219
Pseudomonas cf. stutzeri V4	2886	gi 22217940 emb AJ244724.1 PCF244724
Pseudomonas sp. 5.1	2865	gi 15778356 gb AF411853.1 AF411853
Pseudomonas stutzeri strain DSM	2863	gi 1142689 gb U26415.1 PSU26415

Confronto metabolismo tra SN 1 e SB 1

Parametro	SN 1	SB 1
D-fruttosio	+	-
D-psicosio	+	-
D-trealosio	-	+
Acido γ -idrossibutirrico	+	-
Acido γ amminobutirrico	-	+
Naftalene	+	-
Bifenile	-	+
2,3 diossigenasi	-	+

Sequenza consenso (1508 basi)

ACTGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGATGAAGAGGGCTTGCTCTCTGATTACAGC
GGCGGACGGGTGAGTAATGCCTAGGAATCTGCCTGATAGTGGGGACAACGTTTCGAAAGGAACGCTAATACCGCATAACG
TCCTACGGGAGAAAAGCAGGGGACCTTCGGGCTTGCGCTATCAGATGAGCCTAGGTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAA
CGGCTACCAAGGCGACGATCCGTAACCTGGTCTGAGAGGATGATCAGTCACACTGGAATGAGACCGTCCAGACTCCT
ACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTAAGAAGGTCTTCG
GATTGTAAGCACTTTAAGTTGGGAGGAAGGCATTAACCTAATACGTTAGTGTMTTACGTTACCGACAGAATAAGCAC
CGGCTAACCTCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGAAGGGTGAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTA
GGTGGTTTGTAAAGTTGAATGTGAAAGCCCCGGGCTCAACCTGGGAAGTGCATCCAAAAGTGGCAAGCTAGAGTATGGCA
GAGGGTGGTGAATTTCTGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATAGGAAGGAACACCAAGTGGCGAAGGCGACCACCTGGG
CTAATACTGACACTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTC
GACTAGCCGTTGGGATCCTTGAGATCTTAGTGCGCAGCTAACGCATTAAGTCGACCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGG
TTAAAAGTCAAATGAATTGACGGGGGCCGACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTA
CCAGGCCCTTGACATGCAGAGAAGCTTCCAGAGATGGATTGGTGCCTTCGGGAAGTCTGACACAGGTGCTGCATGGCTGTC
GTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGTAACGAGCGCAACCTTGTCTTAGTTACCAGCAGTAATGGTG
GGCACTCTAAGGAGACTGCCGTTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGGCCCTACGGCCTGGG
CTACACACGTGCTACAATGGTCGGTACAAAAGGTTGCCAAGCCGCGAGGTGGAGCTAATCCCATAAAACCGATCGTAGTC
CGGATCGCAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGAATCAGAATGTCACGGTGAATACGTTT
CCGGGCTTGTACACACCGCCCGTACACCATGGGAGTGGGTTGCTCCAGAAGTAGCTAGTCTAACCTTCGGGGGGACGG
TTACCACGGAGTGATTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGGGAACCTGCGGCTGT

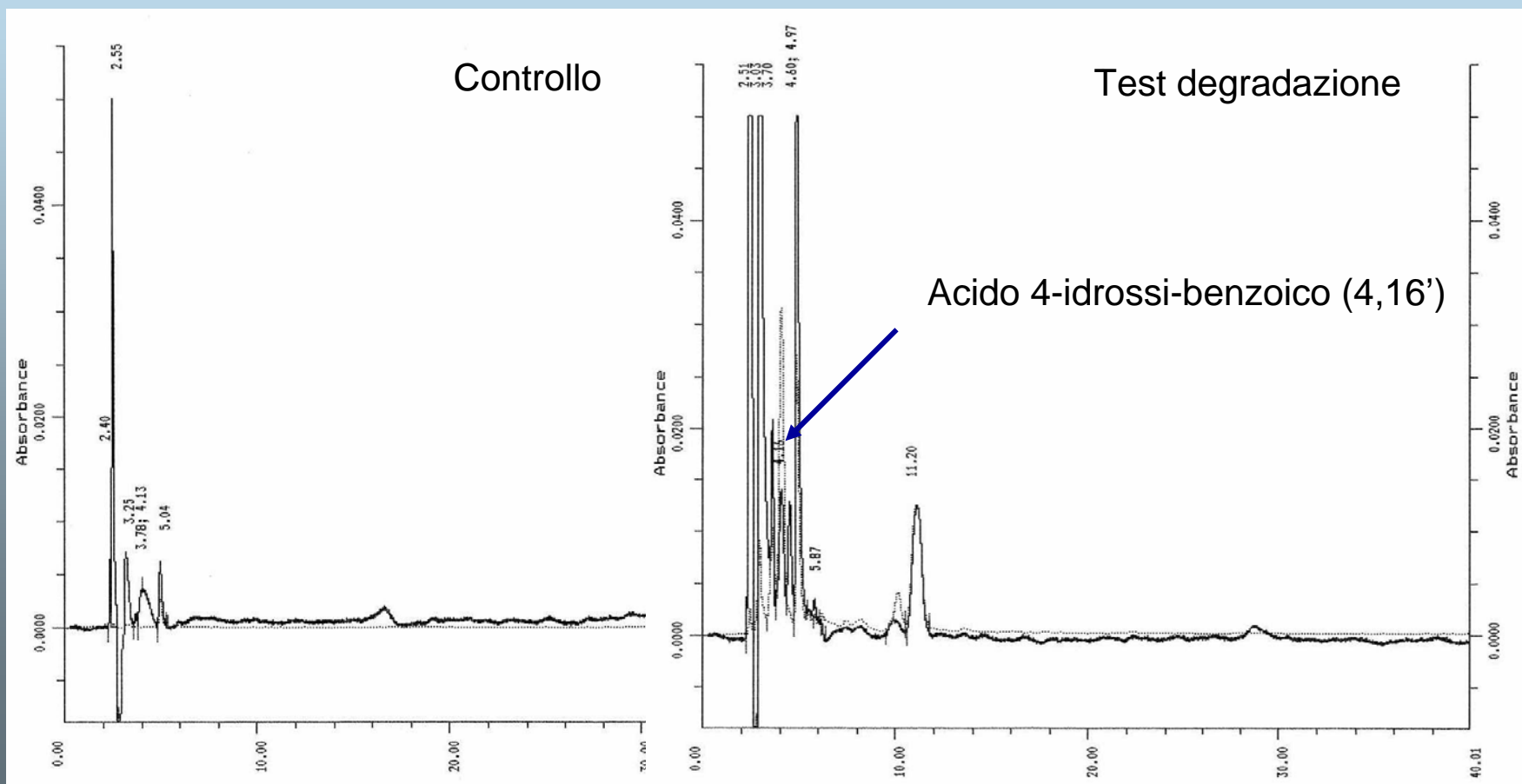


WP2 - linea 1



Responsabile della Ricerca: Prof. Baldi Franco

Pathway di degradazione del naftalene
Cromatogramma dei prodotti di degradazione con SIN 1





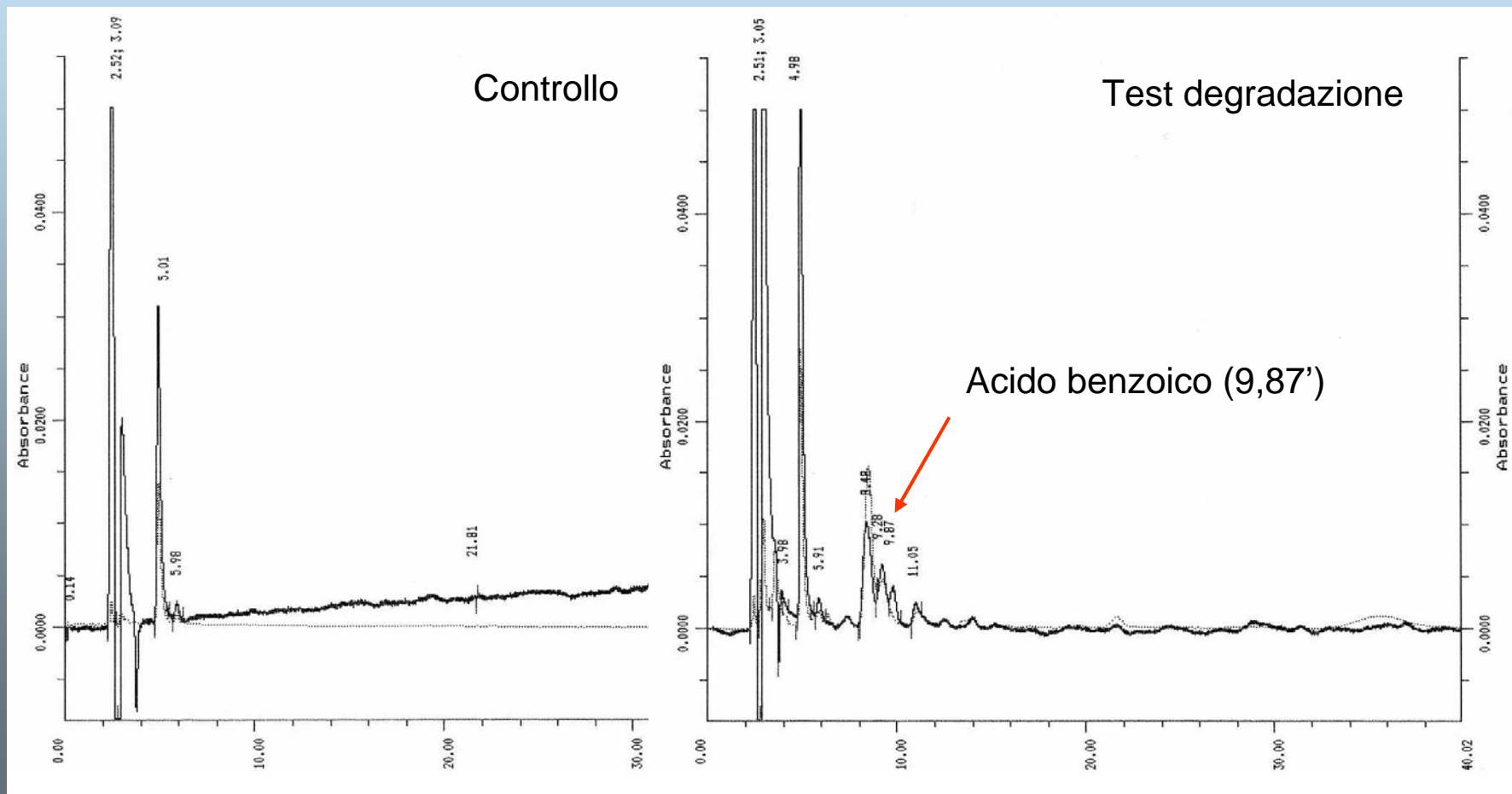
WP2 - linea 1



Responsabile della Ricerca: Prof. Baldi Franco

Pathway di degradazione del bifenile

Cromatogramma dei prodotti di degradazione con di SB 1



CONCLUSIONI

1- Utilizzando il Biolog™ è stato possibile identificare e classificare i sedimenti della laguna per l'ossidazione di 32 diversi substrati.

2- I sedimenti a nord della laguna hanno dei tassi di respirazione del cellobiosio - dimero della cellulosa ed indicatore della degradazione delle pareti algali- 3 volte superiori a quelli di altri siti della laguna e/o di lagune adiacenti

3 - Sono stati isolati 5 ceppi di cui 2 classificati e caratterizzati come *Pseudomonas* capaci di degradare naftalene e bifenili. Insieme all' *Acinetobacter venetianus*, queste *Pseudomonas* sono i maggiori responsabili della degradazione degli idrocarburi nella laguna.