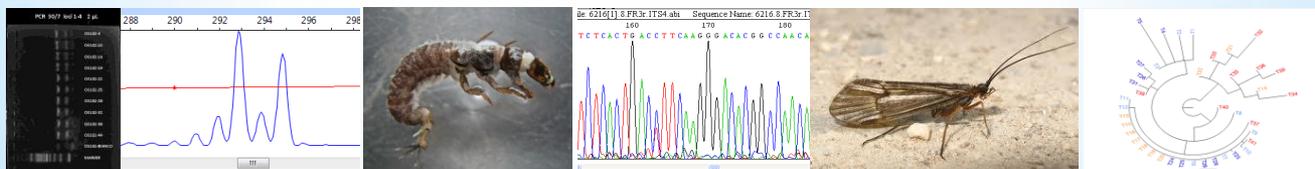


# Il rischio ecologico dei PFAS: il caso studio del fiume Bormida

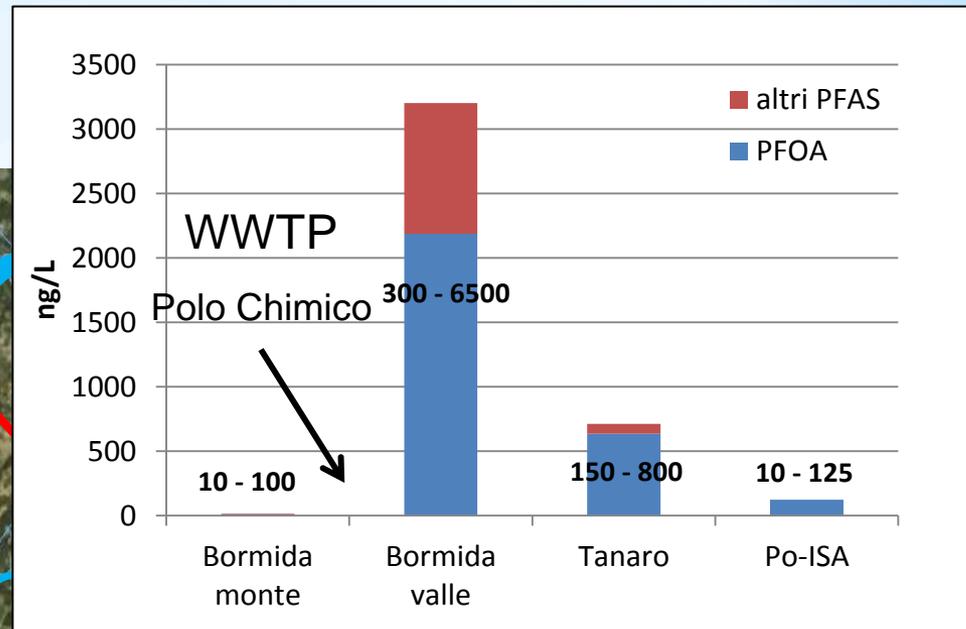
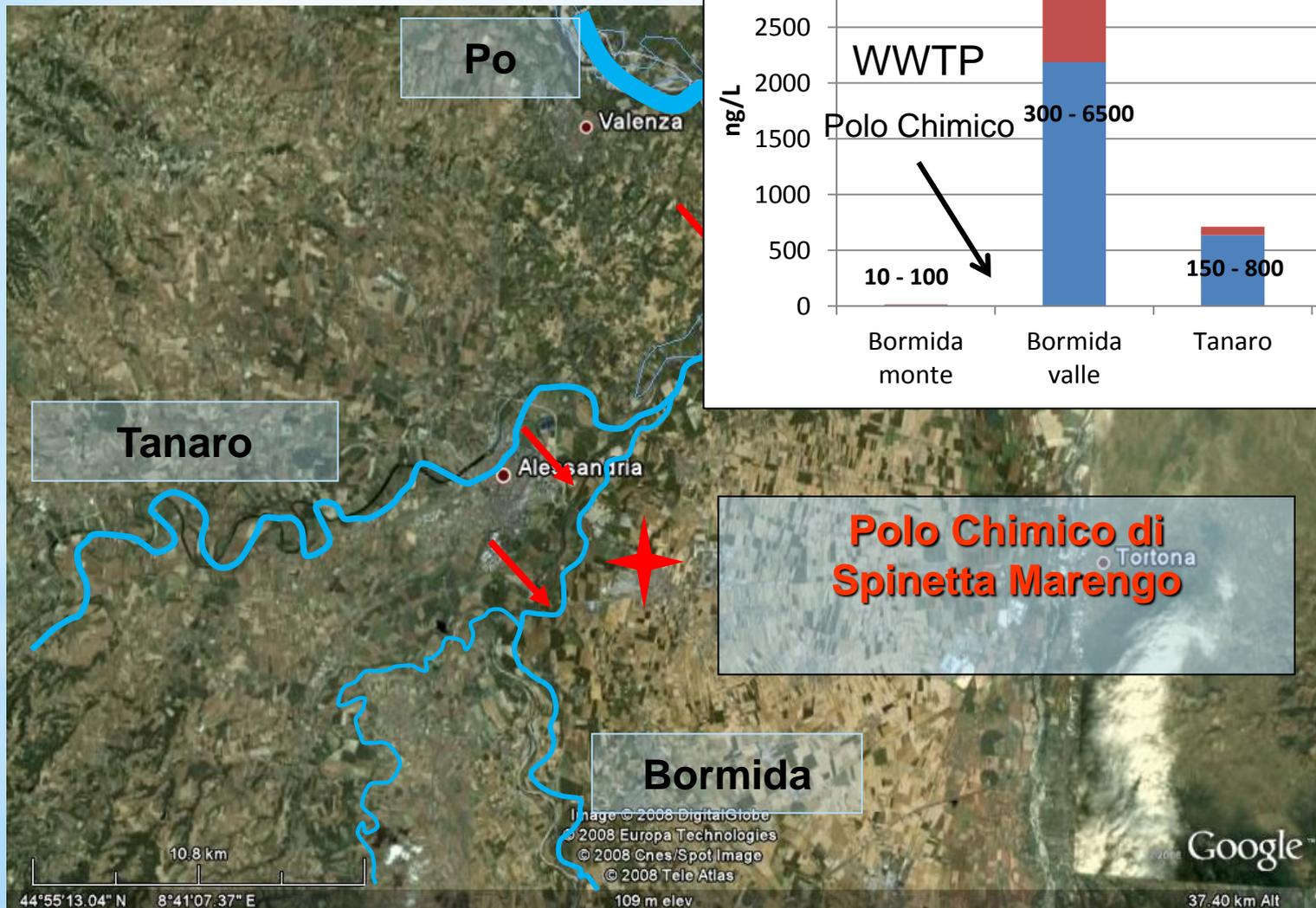
Marianna Rusconi

CNR-IRSA Istituto di Ricerca Sulle Acque, Via del Mulino 19, 20861 Brugherio (MB)

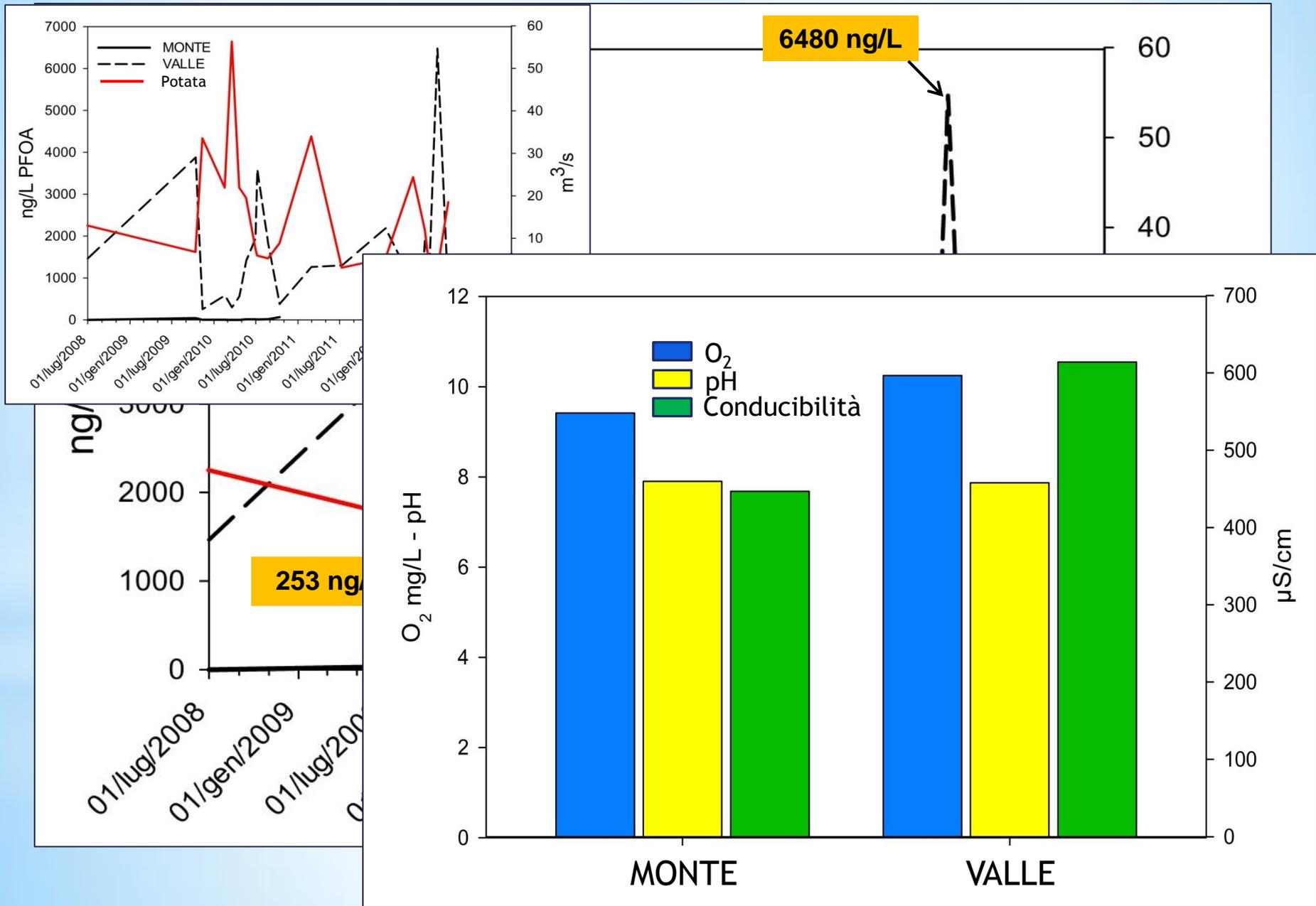
*E-mail: [rusconi@irsa.cnr.it](mailto:rusconi@irsa.cnr.it)*



# Area di studio: il fiume Bormida



# Area di studio: il fiume Bormida



determinare se la sorgente inquinante ha un IMPATTO sulla comunità  
macrobenthonica residente  
(attraverso CONFRONTO COMUNITA' MONTE – VALLE)

determinare se a valle dello scarico sono presenti EFFETTI permanenti  
(selezione) sulle popolazioni locali  
(attraverso ANALISI GENETICA di individui di singole specie)

# Campionamento con substrati

- metodo usato nei fiumi
- campionamento standard
- informazioni relative ai t
- informazioni di tipo qua

**uso di SA a lamelle  
(area di campionamento  
determinata)**



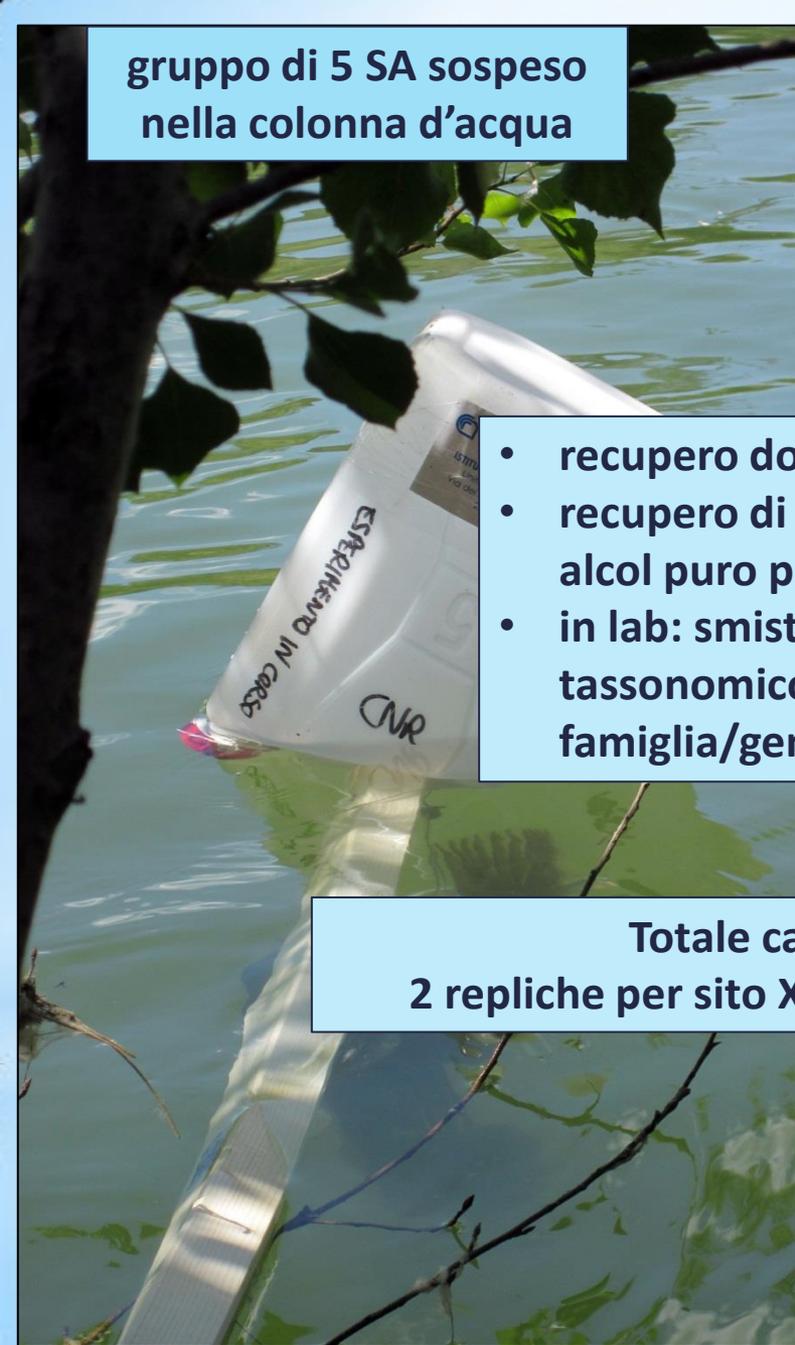
**gruppi di 5 SA appesi a  
strutture galleggianti**

**gruppo di 5 SA sospeso  
nella colonna d'acqua**

**asta distanziatrice**

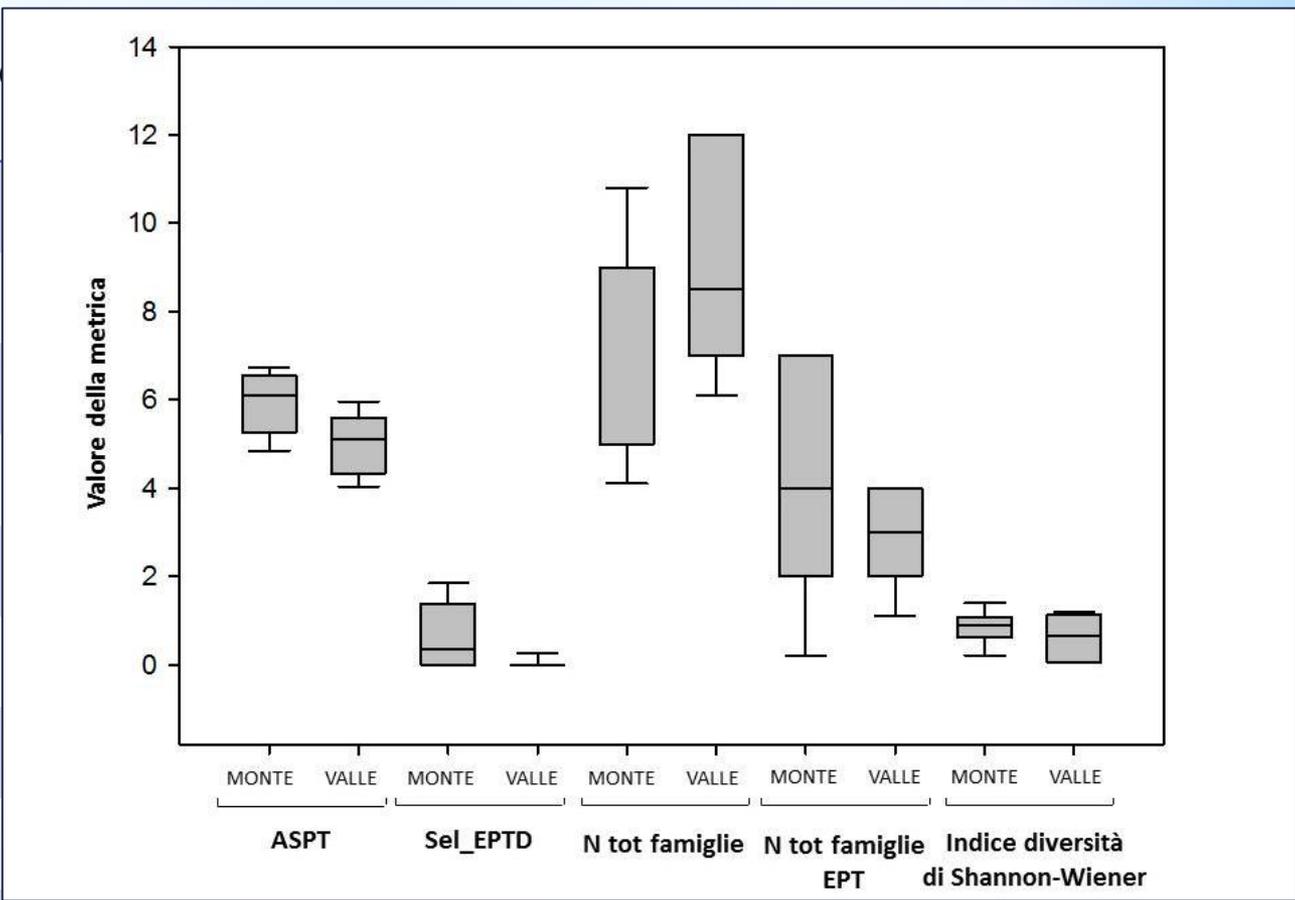
- recupero dopo circa 1 mese
- recupero di tutti gli animali fissati in alcol puro per il trasporto in lab
- in lab: smistamento e riconoscimento tassonomico della comunità a livello di famiglia/genere/specie

**Totale campioni raccolti: 12  
2 repliche per sito X 3 stagioni di campionamento**



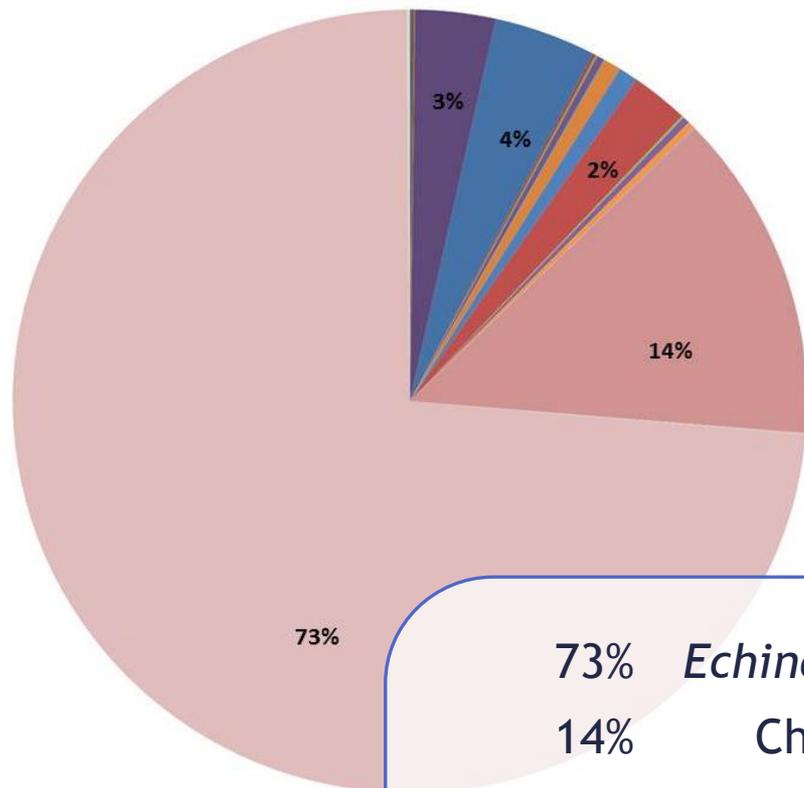
Tipo di informazione	Tipo di metrica	Nome della metrica	Taxa considerati nella metrica	Rif. Bibliografico
Tolleranza	Indice	ASPT	Intera comunità (livello di famiglia)	Armitage et al, 1983
Abbondanza	Abbondanza	$\text{Log}_{10}(\text{Sel\_EPTD}+1)$	$\text{Log}_{10}$ (somma di Heptageniidae, Ephemerida e, Leptophlebiidae, Brachycentridae, Goeridae,	Buffagni et al, 2004; Buffagni & Erba, 2004
			Polycentropodidae, Limnephilidae, Odontoceridae, Dolichopodidae, Stratyomidae, Dixidae, Empididae, Athericidae e Nemouridae+1)	
Ricchezza/ Diversità	Numero taxa	Numero totale di Famiglie	Somma di tutte le famiglie presenti nel sito	Ofenböck et al, 2004
	Numero taxa	Numero di famiglie di EPT	Somma delle famiglie di Ephemeroptera, Plecoptera, Trichoptera	Ofenböck et al, 2004; Böhmer et al, 2004
	Indice Diversità	Indice di diversità di Shannon-Wiener	$D_{S-W} = - \sum_{i=1}^s \left(\frac{n_i}{A}\right) \cdot \ln\left(\frac{n_i}{A}\right)$	Hering et al, 2004; Böhmer et al, 2004

	ASPT	Log <sub>10</sub>
Giugno MONTE SA1	6.5	
Giugno MONTE SA2	6.8	
Giugno VALLE SA1	6.0	
Giugno VALLE SA2	5.5	
Agosto MONTE SA1	5.3	
Agosto MONTE SA2	4.8	
Agosto VALLE SA1	4.0	
Agosto VALLE SA2	4.7	
Ottobre MONTE SA1	5.7	0.0
Ottobre MONTE SA2	6.6	0.7
Ottobre VALLE SA1	4.3	0.0
Ottobre VALLE SA2	5.6	0.0

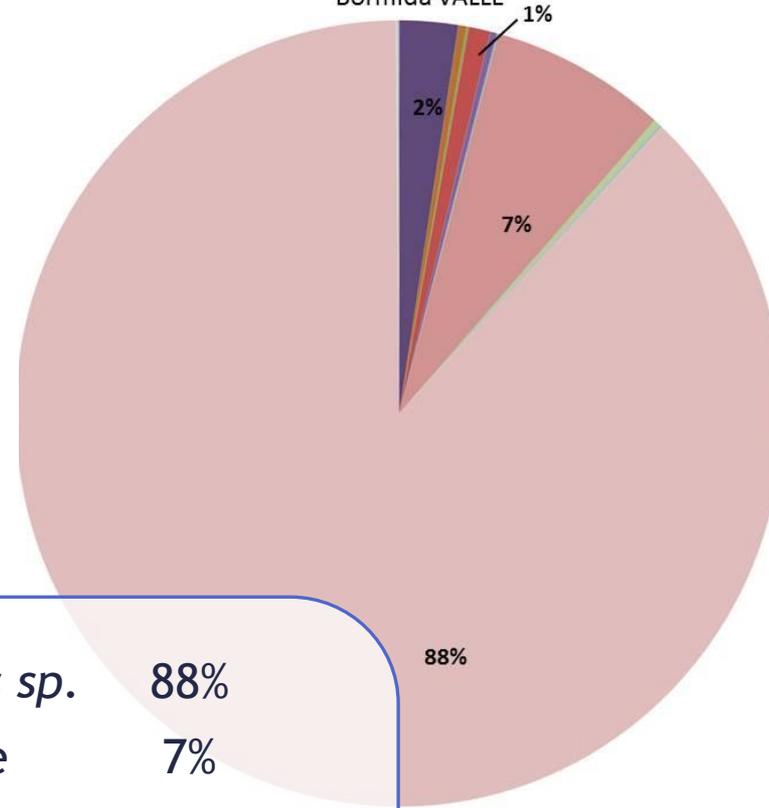


**Stato ecologico SUFFICIENTE per entrambi i siti**  
 secondo il monitoraggio di ARPA Alessandria con metodo multihabitat proporzionale e il calcolo dell'indice STAR\_ICMi

Bormida MONTE



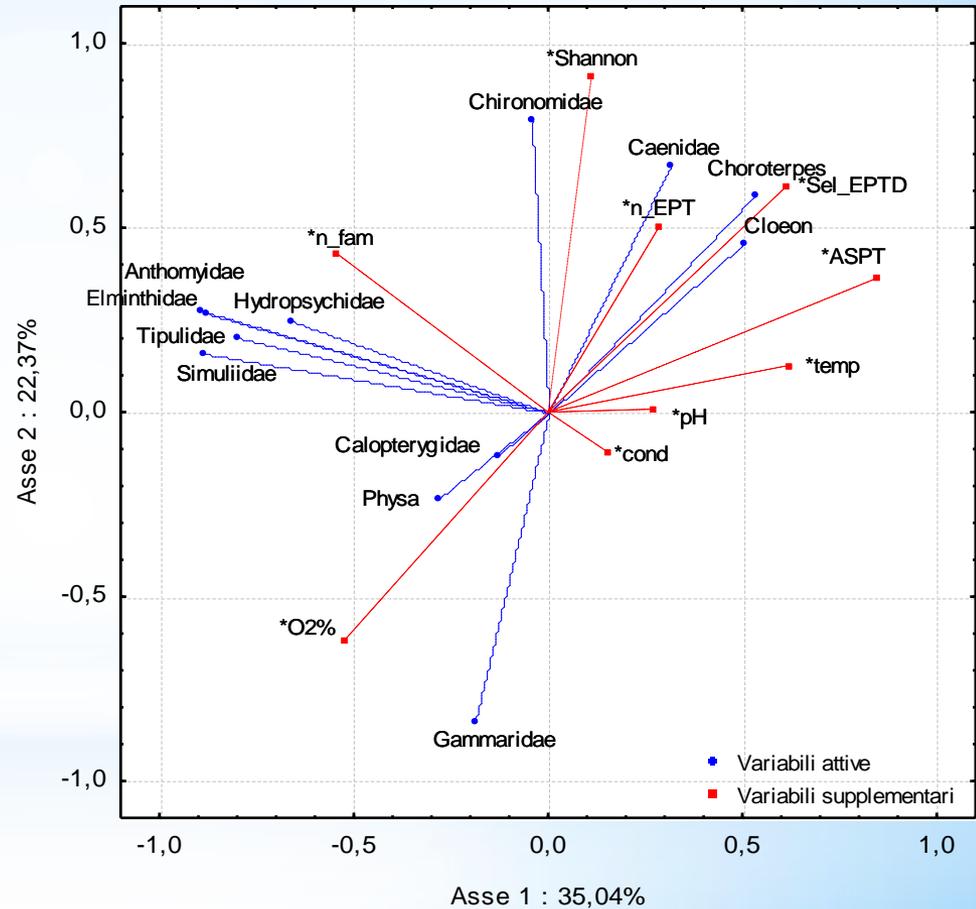
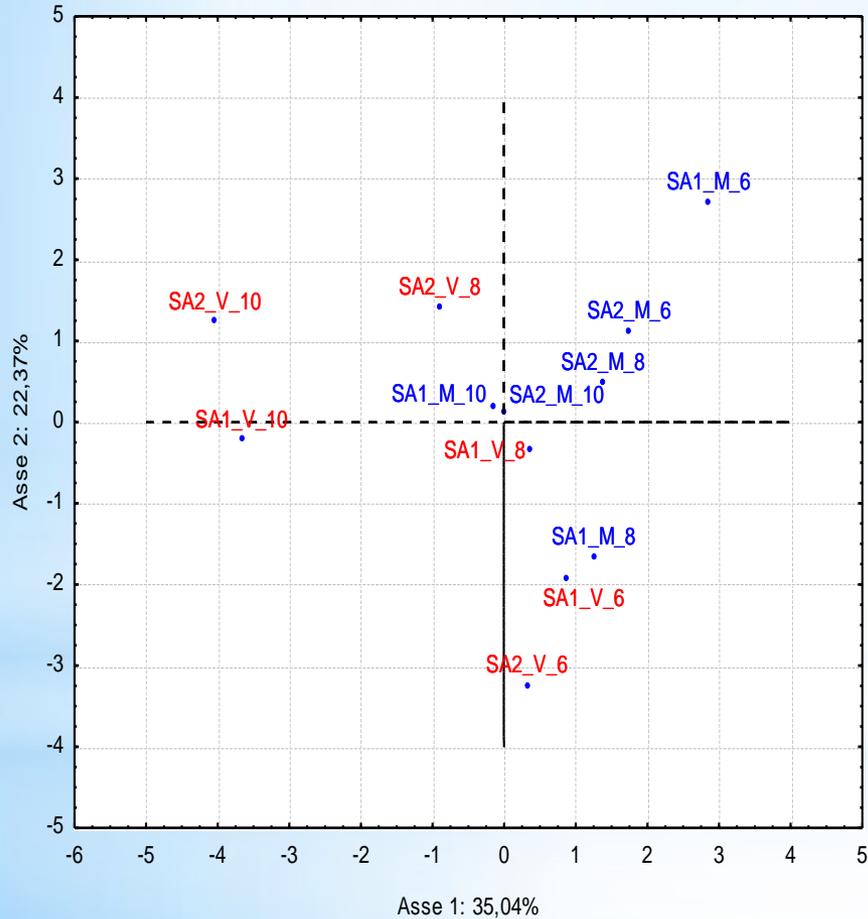
Bormida VALLE



- Leuctra
- Capnia
- Philopotamidae
- Hydropsychidae
- Rhyacophilidae
- Hydroptilidae
- Choroterpes
- Habroplebia
- Paraleptophlebia
- Ephoron
- Procleon
- Cloeon
- Ephemerella
- Caenis
- Heptagenia
- Elminthidae
- Haliplidae
- Calopteryx
- Gomphidae
- Chironomidae
- Simuliidae
- Tabanidae
- Anthomyidae
- Veliidae
- Gammaridae
- Lymnea

73%	<i>Echinogammarus sp.</i>	88%
14%	Chironomidae	7%
4%	<i>Choroterpes sp.</i>	--
3%	Hydropsychidae	2%
2%	<i>Caenis sp.</i>	1%
2 taxa	Ditteri	5 taxa
2388	TOTALE INDIVIDUI	9495

## PCA - Principal Component Analysis



## La tecnica: AFLP *Amplified Fragment Length Polymorphism*

- Tecnica molecolare largamente utilizzata in organismi con genoma non (completamente) sequenziato
- Permette di genotipizzare (distinguendoli attraverso la loro dimensione) numerosi *loci* contemporaneamente lungo il genoma di ogni singolo individuo
- Completa digestione di DNA genomico con enzimi di restrizione, amplificazione con PCR selettiva, elettroforesi per identificazione frammenti.

## L' organismo test: *Hydropsyche modesta*



- Tricottero (famiglia Hydropsychidae)
- Ciclo vitale: stadio larvale acquatico, stadio adulto aereo
- Presente in numero sufficiente sia monte che a valle dell'impatto
- Genotipizzazione di 40 individui provenienti da 4 campioni:
  - giugno 2012 monte
  - giugno 2012 valle
  - agosto 2012 monte
  - agosto 2012 valle
- Selezione di 57 loci informativi

## Analisi della varianza molecolare (AMOVA)

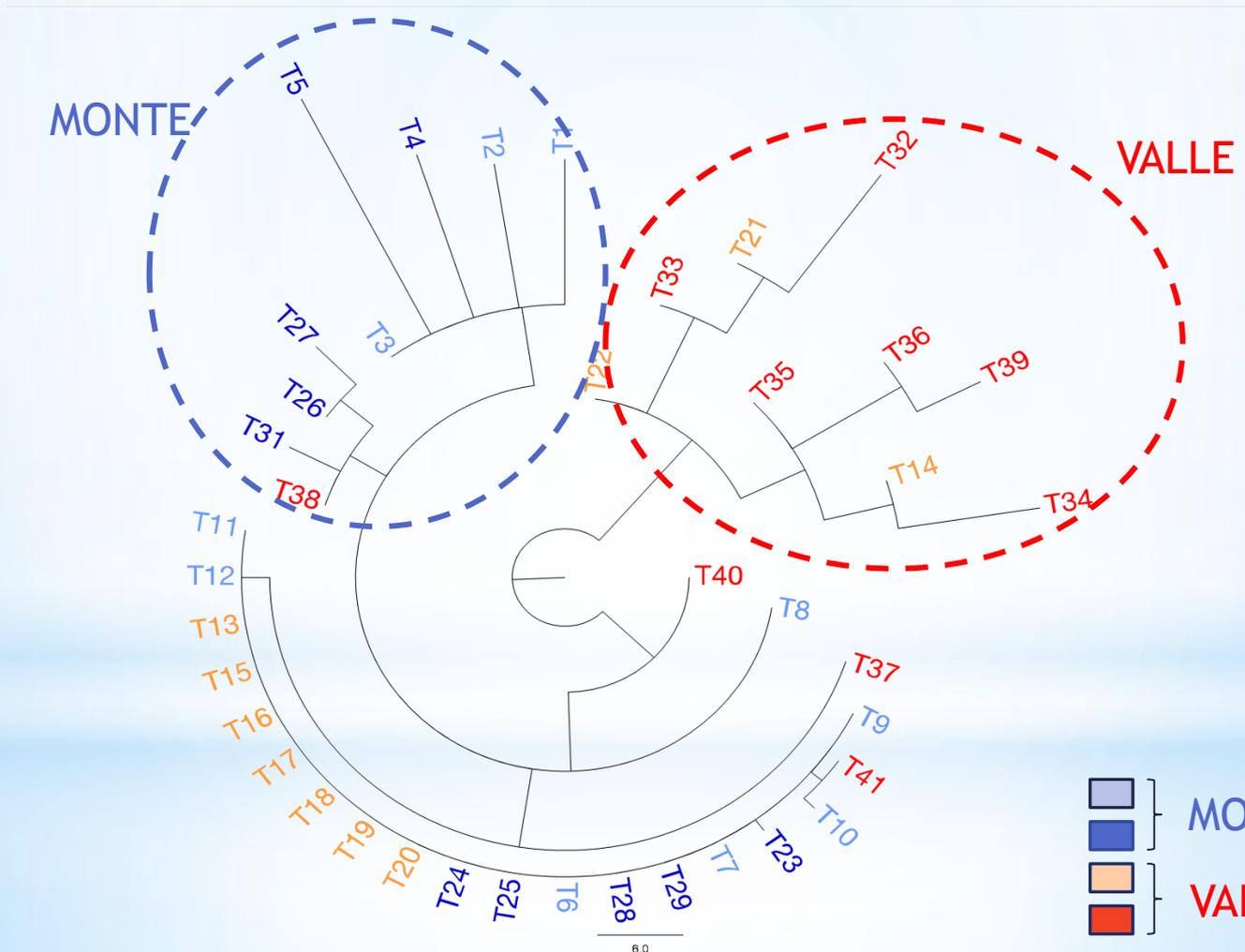
### Stagionalità: GIUGNO vs AGOSTO

SOURCE OF VARIATION	PERCENTAGE OF VARIATION	FIXATION INDICES	P-value
Among groups	0.79	$F_{CT} : 0.00791$	0.32
Among populations within groups	13.11	$F_{SC} : 0.13007$	0.03
Within populations	86.10	$F_{ST} : 0.12319$	0.01

### Spazialità: MONTE vs VALLE

SOURCE OF VARIATION	PERCENTAGE OF VARIATION	FIXATION INDICES	P-value
Among groups	3.59	$F_{CT} : 0.03593$	0.00
Among populations within groups	10.00	$F_{SC} : 0.10377$	0.04
Within populations	86.40	$F_{ST} : 0.13597$	0.01

## Minimum Spanning Network fra gli aplotipi



determinare se la sorgente inquinante ha un IMPATTO sulle comunità

Emerge differenza nella composizione della comunità di VALLE rispetto quella di MONTE che può suggerire la presenza di un impatto (presenza dello scarico o idromorfologia)

determinare se a valle dello scarico sono presenti EFFETTI permanenti (selezione) sulle popolazioni locali

La variazione riscontrata può essere spiegata da selezione genetica dovuta alla pressione di un contaminante sebbene non si possano escludere fattori ambientali (i.e. isolamento della popolazione lungo l'asse fluviale)



Stazione MONTE



Stazione VALLE

*Grazie per l'attenzione!*