



XLIII Congresso

Grosseto, 25 – 27 ottobre 2024

Museo di Storia Naturale della Maremma

Come cambia la biodiversità in Italia Strumenti, Banche Dati, Citizen Science

Programma dei lavori e Riassunti delle
comunicazioni



MUSEO
DI **STORIA NATURALE**
DELLA **MAREMMA**

Come cambia la biodiversità in Italia. Strumenti, Banche Dati, Citizen Science

Programma dei lavori e Riassunti delle Comunicazioni

Comitato scientifico

Lorenzo PERUZZI

Marco A. BOLOGNA

Pietro BRANDMAYR

Diego FONTANETO

Stefano MARTELLOS

Bruno MASSA

Andrea SFORZI

Marzio ZAPPAROLI

Comitato organizzatore

Andrea SFORZI, Lorenzo PERUZZI, Marco A. BOLOGNA, Pietro BRANDMAYR, Diego FONTANETO,
Stefano MARTELLOS, Bruno MASSA, Marzio ZAPPAROLI

Sede del congresso

Museo di Storia Naturale della Maremma, Strada Corsini 5, Grosseto
tel: 0564 488501

Programma dei lavori

Le relazioni avranno durata massima di 20 minuti (15 + 5 per domande/discussione)

Come cambia la biodiversità in Italia. Strumenti, Banche Dati, Citizen Science

Programma dei lavori e Riassunti delle Comunicazioni

Venerdì 25 Ottobre 2024

12.00-14.00: Arrivo dei partecipanti e registrazione.

14.00-15.00: Apertura del Congresso, con **cerimonia di attribuzione del Premio “Valerio Sbordoni”** e relazione scientifica su invito del vincitore:

Leonardo PLATANIA – **Diversità ed evoluzione dei crisomelidi Eumolpini (Coleoptera: Chrysomelidae) del Pacifico meridionale e il ruolo della Nuova Caledonia nella loro diversificazione**

I Sessione: Chairman Lorenzo PERUZZI

15.00-15.20: Fabrizio STEFANI, Stefano MAMMOLA, Leonardo ANCILLOTTO, Ernesto AZZURRO, Gerolama BIONDO, Lucia BONGIORNI, Luca BRACCHETTI, Mattia BRAMBILLA, Federico CALÌ, Alessandro CHIARUCCI, Fabio CIANFERONI, Paolo COLANGELO, Manuela D’AMEN, Tiziana DI LORENZO, Paolo DOMENICI, Emanuela FANELLI, Carmelo FRUCIANO, Adriana GIANGRANDE, Mauro GOBBI, Cinzia GRAVILI, Angelina LO GIUDICE, Flavio MONTI, Michelangelo MORGANTI, Emiliano MORI, Paola POLLEGIONI, Ilaria ROSATI, Davide SOGLIANI, Barbara VALLE, Diego FONTANETO – **Unveiling the main trends of change for the Italian biodiversity: a systematic review approach.**

15.20-15.40: Jacopo FRANZONI, Gianluigi BACCHETTA, Fabio CONTI, Gianniantonio DOMINA, Simone FIOR, Luigi MINUTO, Lorenzo PERUZZI – **L’impatto della tassonomia integrata sulla biogeografia: un esempio dal complesso di *Dianthus virgineus*.**

15.40-16.00: Paolo PANTINI, Marco ISAIA – **Comprendere e studiare la diversità dei ragni in Italia.**

16.00-16.30: Coffee break

(bar "Quando basta", piazza antistante il Museo di Storia Naturale della Maremma)

II Sessione: Chairman Stefano MARTELLI

16.30-16.50: Matteo MARCOCCIA, Enzo RUMA, Antonio LECCE – **Diversità ed ecologia delle specie vegetali nel lago di Posta Fibreno.**

16.50-17.10: Flavio MONTI, Rosario BALESTRIERI, Emiliano MORI, Letizia CAMPIONI – **“Marini da Nord”: monitoring changes in abundance and distribution of Atlantic seabirds wintering in Italian seas using a *Citizen Science* approach.**

17.10-17.30: Davide CASALINO, Martino ADAMO, Gabriele CASAZZA, Maria GUERRINA, Luigi MINUTO, Marco MUCCIARELLI – **Database della flora delle Alpi Liguri, Marittime, Alpi e Prealpi di Provenza.**

Come cambia la biodiversità in Italia. Strumenti, Banche Dati, Citizen Science

Programma dei lavori e Riassunti delle Comunicazioni

- 17.30-17.50: Lorenzo ROOK, Andrea FAGGI, Saverio BARTOLINI-LUCENTI – **Geological evolution and (paleo)biogeography through time: The case-history of southern Tuscany as revealed by the Baccinello-Cinigiano geo-paleontological record.**
- 17.50-18.10: Gianluca FORTI, Flavio ROCCHI, Nicola MARGNELLI – **Conferma della presenza di specie di interesse conservazionistico e nuove segnalazioni per la Riserva Naturale di Monte Rufeno (Viterbo) attraverso percorsi di *Citizen Science*.**
- 18.10-18.30: Luca PUGLISI, Emiliano ARCAMONE, Lorenzo VANNI – **Le dinamiche dell'avifauna toscana raccontate da banche dati articolate: il secondo atlante ornitologico toscano.**
- 18.30-19.30: Assemblea dei Soci della Società Italiana di Biogeografia.

Cena sociale

Ristoro Da Poldo, Via Amiata 1, Grosseto, ore 20

Sabato 26 Ottobre 2024

III Sessione: Chairman Marina COBOLLI

- 09.00-09.20: Leonardo DAPPORTO, Mattia MENCHETTI, Vlad DINCĂ, Gerard TALAVERA, Aurora GARCIA-BERRO, Jacopo D'ERCOLE, Paul D.N. HEBERT, Roger VILA – **The genetic legacy of the Quaternary ice ages on West Palearctic butterflies: a tool for predicting future biodiversity changes.**
- 09.20-09.40: Marco D'ANTRACCOLI, Pietro PICCONI, Alessio MO, Davide BORGIOI, Lorenzo PERUZZI – **Dall'Archivio Cartaceo al Database Digitale: l'esperienza dell'Orto Botanico dell'Università di Pisa nella creazione di un sistema di documentazione per le piante in collezione.**
- 09.40-10.00: Lorenzo MINELLI, Alessandra RICCIERI, Marco A. BOLOGNA – **Investigating the phylogeny, phylogeography and population genetics of *Mylabris obsoleta* Nowicki, 1872, an endemic beetle (Coleoptera: Meloidae) of the Italian peninsula, with a multilocus approach.**
- 10.00-10.20: Maria GUERRINA, Loris TUBINO, Ambra GENTILE, Fabiano MARTINELLO, Angelica PISCHEDDA, Gabriele CASAZZA, Luigi MINUTO – **Approccio di tassonomia integrata applicato al genere *Iberis* in Liguria.**
- 10.20-10.40: Lorenzo PERUZZI, David DOLCI, Paola DE GIORGI, Antonio GIACÒ, Alessandro CHIARUCCI – **Una possibile causa climatica per la scomparsa delle popolazioni periferiche di *Santolina etrusca* (Asteraceae), specie endemica italiana a rischio di estinzione.**

Come cambia la biodiversità in Italia. Strumenti, Banche Dati, Citizen Science

Programma dei lavori e Riassunti delle Comunicazioni

10.40-11.10: Coffee break

(bar "Quando basta", piazzetta antistante il Museo di Storia Naturale della Maremma)

IV Sessione: Chairman Marco Alberto BOLOGNA

- 11.10-11.30: Agostino LETARDI – **I Neuropterida italiani nel progetto di community science di iNaturalist: prospettive e confronti con i database nazionali ufficiali.**
- 11.30-11.50: Fernando LUCCHESI – **Modelli floristici di distribuzione tra Maremma Toscana e Laziale.**
- 11.50-12.10: Barbara VALLE, Claudio CUCINI, Francesco NARDI, Roberto AMBROSINI, Sara BOSCHI, Jakub BUDA, Gentile Francesco FICETOLA, Francesco FRATI, L'ubomir KOVAČ, Silvio MARTA, Riccardo SCOTTI, Virginia TOSCANO RIVALTA, Anais ZIMMER, Mauro GOBBI, Marco CACCIANIGA – **Glacier fleas (Collembola) of European Alps and Apennines: the first insights on taxonomy, ecology and biogeography of glacial indicator.**
- 12.10-12.30: Daniele VELA, Antonio PICA, Sergio BUONO, Massimiliano REMPICCI, Sara MAGRINI – **La distribuzione delle Orchidaceae nel SIC "Boschi mesofili di Allumiere": materiali per un atlante orchidologico.**
- 12.30-12.50: Pietro GARDINI, Simone SABATELLI, Stefano TAITI, Paolo AUDISIO – **Hidden species diversity and phylogenetic relationships within the terrestrial isopod genus *Tiroloscia* (Crustacea, Isopoda, Oniscidea).**

12.50-14.00: Pausa pranzo (libero)

V Sessione: Chairman Marzio ZAPPAROLI

- 14.00-14.20: Maura FRANCONI, Anna ANDREETTA, Alessandro BRICCA, Giorgio BRUNIALTI, Filippo BUSSOTTI, Giandiego CAMPETELLA, Roberto CANULLO, Stefano CARNICELLI, Marco CERVELLINI, Francesco CHIANUCCI, Simone DI PIAZZA, Zuzana FAČKOVCOVÁ, Luisa FRATI, Paolo GIORDANI, Martina POLLASTRINI, Nicola PULETTI, Mirca ZOTTI, Stefano CHELLI – **Variazione della diversità vegetale nelle foreste italiane: risultati dopo 24 anni di monitoraggio nella rete ICP Forests.**
- 14.20-14.40: Francesco FORTE, Joaquín ORTEGO, Marina TRILLO, Fabrizio FREDA, Marco A. BOLOGNA, Bruno MASSA, Paolo FONTANA, Alessandra RICCIERI – **ddRADseq and geometric morphometry: two approaches to unravel the complex phylogeny and biogeography of the Italian endemic genus *Italopodisma* Harz, 1973 (Orthoptera: Acrididae).**
- 14.40-15.00: Fabio MONDELLO, Marina MORABITO, Antonio MANGHISI, Salvatore GIACOBBE – **Ricostruzione delle dinamiche sul lungo periodo della vegetazione nella Riserva Naturale Orientata "Laghetti di Marinello", integrando serie storiche di foto aeree e dati bibliografici.**

Come cambia la biodiversità in Italia. Strumenti, Banche Dati, Citizen Science

Programma dei lavori e Riassunti delle Comunicazioni

- 15.00-15.20: Serena BAINI, Alessio DE BIASE – **Curated georeferenced genetic database for conservation of insect species listed in the IUCN Italian Red Lists.**
- 15.20-15.40: Elisa PROIETTI, Paola FORTINI, Leonardo FILESI, Lorenzo Antonino GIANGUZZI, Giovanni SPAMPINATO, Romeo DI PIETRO – **Nuclear genetic diversity and differentiation across Italian populations of the *Quercus petraea* complex.**
- 15.40-16.00: Alessio USAI, Federica DI LAURO, Bruno DOVERE, Francesca ELICIO, Marina GUGLIELMI, Gabriele DE FILIPPO – **Integrated approach for biodiversity long-term monitoring in the Domitian coast protected area system (Campania - Southern Italy).**

16.00-16.30: Coffee break

(bar "Quando basta", piazza antistante il Museo di Storia Naturale della Maremma)

VI Sessione: Chairman Andrea SFORZI

- 16.30-16.50: Iduna ARDUINI, Viola ALESSANDRINI – **Utilità degli erbari virtuali per ricostruire i percorsi di introduzione e diffusione delle specie aliene.**
- 16.50-17.10: Matteo NIGRO, Alessio PICCIOLI – **“Acqua Sorgente”, un progetto di *Citizen Science* per il monitoraggio delle sorgenti d’acqua in ambiente montano a scala nazionale, del Club Alpino Italiano.**
- 17.10-17.30: Leonardo COCCHI – **Considerazioni sul monitoraggio degli uccelli dell’Orto Botanico di Pisa negli anni 2012-2023 e conferma del declino della presenza del Torcicollo (*Jynx torquilla*, Aves: Piciformes: Picidae).**
- 17.30-17.50: Leonardo ROSATI, Matia Martin AZZELLA, Laura CANCELLIERI, Fabio FILIPPELLI, Goffredo FILIBECK – **Cinque anni di cambiamenti (in meglio) della diversità floristica nel Lago di Barrea (Parco Nazionale d’Abruzzo, Lazio e Molise).**
- 17.50-18.10: Emanuela CARLI, Emiliano AGRILLO, Nicola ALESSI, Pierangela ANGELINI, Laura CASELLA, Giulia MARCHETTI, Martina PEREZ, Alice PEZZAROSSA, Francesca PRETTO – **“Alice Through The Looking Glass”: le banche dati riflettono gli effetti del clima che cambia sulle trasformazioni degli habitat.**
- 18.10-18.30: Marco VALLE, Omar LODOVICI – **La conoscenza dei Tricotteri in Italia: dalle collezioni storiche ai sequenziatori.**
- 18.30-19.30: Visita guidata al Museo di Storia Naturale della Maremma

Domenica 27 Ottobre 2024

Escursione nel Parco Regionale della Maremma (procurarsi pranzo al sacco)

Relazione su invito

LEONARDO PLATANIA

Diversità ed evoluzione delle Eumolpinae (Coleoptera: Chrysomelidae) del Pacifico Meridionale e il ruolo della Nuova Caledonia nella loro diversificazione

Il Pacifico Meridionale è una regione caratterizzata da una diversità biologica unica con un altissimo tasso di endemicità. Per questo e per la sua complessità geologica, questa regione ha acquisito una grande importanza nello studio dell'evoluzione e della biogeografia. Tuttavia, la conoscenza tassonomica incompleta di molti gruppi, specialmente tra gli invertebrati, continua a rappresentare un ostacolo per una comprensione approfondita dei processi evolutivi e biogeografici che hanno modellato l'attuale diversità del Pacifico. Tra questi, i Crisomelidi Eumolpini emergono come un gruppo particolarmente adatto a colmare queste lacune. Gli Eumolpini sono infatti distribuiti in tutte le isole dell'area una volta occupata dal continente Zealandia, e il loro studio può fornire un importante contributo alla conoscenza delle dinamiche evolutive e biogeografiche della regione. Attraverso uno studio tassonomico, macroevolutivo e biogeografico, questo lavoro ha contribuito a migliorare la nostra conoscenza della diversità e dell'evoluzione dei Crisomelidi Eumolpini nel Pacifico Meridionale, aggiungendo un altro tassello alla comprensione generale dei processi evolutivi e biogeografici della regione. In questo lavoro è stato effettuato inizialmente uno studio sulla Nuova Caledonia, un arcipelago ricchissimo di Eumolpini, i quali sono caratterizzati da un alto livello di microendemicità, per poi allargarsi all'intera regione, includendo Australia, Nuova Zelanda, Norfolk Island e Lord Howe Island. Integrando metodi molecolari e morfologici, sono state descritte venti nuove specie dei generi *Taophila* e *Tricholapita*, endemici della Nuova Caledonia, e successivamente è stato approfondito lo studio sui possibili fattori che hanno influito sulla distribuzione microendemica delle varie specie di questi due generi. La speciazione allopatrica, insieme a fattori ambientali, sono emersi come gli elementi principali coinvolti. Un'analisi filogenetica basata su marker nucleari e mitocondriali di 127 specie e l'analisi biogeografica infine hanno evidenziato il ruolo centrale della Nuova Caledonia come importante centro di diversificazione per gli Eumolpini. Dalla Nuova Caledonia il gruppo ha colonizzato ripetutamente altre aree del Pacifico Meridionale durante il Neogene, dimostrando una sorprendente frequenza nella dispersione transoceanica. Oltre a migliorare la conoscenza biogeografica nell'area di Zealandia, questi risultati sottolineano l'importanza della conoscenza tassonomica come base per studi evolutivisti, biogeografici ed ecologici.

Riassunti delle comunicazioni

(in ordine alfabetico per primo autore)

IDUNA ARDUINI, VIOLA ALESSANDRINI

Utilità degli erbari virtuali per ricostruire i percorsi di introduzione e diffusione delle specie aliene

Il legame tra specie aliene e conservazione della biodiversità è molto stretto. Le invasioni biologiche figurano tra le prime cinque cause dirette della perdita di biodiversità e la Convenzione sulla Diversità Biologica del 1992 individua le “specie aliene” come un ostacolo alla conservazione in-situ della biodiversità, rendendo necessario “prevenire l’introduzione, controllare e/o eradicare le specie aliene che minacciano gli ecosistemi, gli habitat o le singole specie” (CBD art. 8, comma h). La legislazione europea (Reg. UE 1143/2014) indica la prevenzione e l’intervento precoce come i metodi più efficaci e meno costosi per il controllo delle invasioni biologiche, dando grande importanza alla individuazione e prioritizzazione dei percorsi di introduzione di queste specie verso l’Europa e tra gli Stati membri. La ricostruzione del percorso di una specie aliena non è semplice. Negli ultimi decenni i dati sulla loro presenza sono incrementati esponenzialmente grazie alla nascita di numerosi database dedicati alla raccolta di segnalazioni naturalistiche e al crescente coinvolgimento dei cittadini. Tuttavia, rimangono scarse le informazioni per il passato, indispensabili sia per individuare i punti di arrivo e i vettori di introduzione di queste specie, che per tracciarne le prime vie di diffusione. La digitalizzazione degli erbari e la loro diffusione on-line sta rendendo disponibile una gran mole di dati, spesso corredati da indicazioni sull’habitat colonizzato e sulla fenologia della specie, utilissimi per ricostruire il percorso delle specie aliene e per stabilire quali fattori possono favorirne o ostacolarne la stabilizzazione. *Salpiglossa origanifolia* (Lam.) Baillon (Solanaceae) è una specie nativa dell’Argentina. Sebbene al momento non sia inserita tra le specie aliene di interesse unionale, recentemente sta assumendo carattere invasivo in diverse aree del Mediterraneo. In questa ricerca abbiamo utilizzato i database EASIN e GBIF e diversi erbari virtuali per ricostruirne i tempi di introduzione e le vie di diffusione nella regione EPPO. Ciò ha permesso di attestare la presenza di *S. origanifolia* già nel 1849 in Francia, nel 1855 in Germania, nel 1897 in Algeria, nel 1901 nei Paesi Bassi e nel 1906 in Italia. Le annotazioni sulle tavole degli erbari riportano, che in Italia e in Algeria la specie manifestava già allora la tendenza a spontaneizzare e rivelano che le principali vie di introduzione sono state gli Orti Botanici e i porti. I luoghi di ritrovamento indicano che gli habitat preferenziali di colonizzazione sono le coste, sia sabbiose che rocciose, le zone ruderali e il verde urbano. L’incremento temporale delle segnalazioni evidenzia una rapida diffusione di *S. origanifolia* lungo le coste mediterranee e atlantiche, da cui la specie è poi penetrata verso l’interno seguendo i corsi d’acqua. Nei climi più freddi e continentali non è stata, invece, riscontrata alcuna radiazione e la specie è rimasta, finora, confinata nei punti di arrivo.

SERENA BAINI, ALESSIO DE BIASE

Curated georeferenced genetic database for conservation of insect species listed in the IUCN Italian Red Lists

Despite the decline of insect populations, critical gaps remain in our understanding of genetic spatial patterns and the evolutionary history of insects, hindering effective conservation efforts. Genetic data offer essential insights into the diversity and evolutionary relationships of insect species and populations, emphasizing the crucial role of genetic diversity in conservation. Preserving genetic diversity is essential for the long-term survival of species and for maintaining the overall health and functionality of ecosystems. Public repositories like GenBank and BOLD host vast archives of genetic data and associated metadata, serving as indispensable resources for researchers. However, these data are often scattered and affected by inaccuracies due to inconsistent sampling protocols and missing metadata. In this study, we present a curated and georeferenced database of genetic data from GenBank and BOLD for dragonflies, bees, saproxylic beetles, and butterflies species listed in the IUCN Italian Red Lists. Our dataset, compiled through extensive querying, quality control, and standardization, includes approximately 33,000 mitochondrial sequences and related metadata, including taxonomy, collection localities, geographic coordinates, and IUCN Red List status for 1,466 species. We analyzed the current state of geographical metadata, identifying gaps that hinder conservation prioritization. Notably, only 41% of Hymenoptera and 53% of Coleoptera listed on the IUCN Red Lists were represented in public genetic repositories. The lack of genetic data for threatened species highlights the need for more data collection. We also excluded 32% of sequences due to missing or inaccurate metadata, poor quality, or taxonomic issues, underscoring the need to validate data before using it for conservation. Our curated dataset, available through the Zenodo repository in SQL format, is a valuable resource for comparative studies and research in phylogeography, macrogenetics, and conservation strategies. This database, carefully curated to ensure taxonomic and geographic accuracy, also emphasizes the importance of adhering to established metadata standards and underscores the potential of genetic data for enhancing our understanding of insect biodiversity and distribution. The integration of georeferenced genetic data into conservation planning is crucial, particularly in light of global environmental changes. While our dataset focuses on species listed in the IUCN Italian Red Lists, it represents a significant step towards addressing the broader challenges in insect conservation. By repurposing these data for spatial analyses, researchers can identify evolutionary hotspots, barriers to gene flow, and spatial genetic patterns across multiple species, aiding in the prioritization of conservation efforts. Future expansions of this database, through our automated workflow will further enhance its utility in the ongoing efforts to conserve insect diversity.

EMANUELA CARLI, EMILIANO AGRILLO, NICOLA ALESSI, PIERANGELA ANGELINI, LAURA CASELLA, GIULIA MARCHETTI, MARTINA PEREZ, ALICE PEZZAROSSA, FRANCESCA PRETTO

“Alice Through The Looking Glass”: le banche dati riflettono gli effetti del clima che cambia sulle trasformazioni degli habitat

Negli ultimi decenni, i cambiamenti climatici mostrano un impatto crescente sulle comunità vegetali. In particolare, l'aumento delle temperature, la riduzione delle precipitazioni durante la fase vegetativa delle piante e l'incremento degli eventi climatici estremi sono di frequente associati alla variazione della composizione floristica o della struttura delle comunità vegetali (Bonanomi et al. 2023; Palombo et al. 2013; Mainetti et al. 2021). Per comprendere e monitorare queste dinamiche, è fondamentale disporre di strumenti efficaci che consentano di mettere a sistema e analizzare i dati raccolti nel tempo. Le banche dati vegetazionali multi-temporali rappresentano risorse fondamentali in questo senso. Esse raccolgono informazioni dettagliate e spazializzate su specie vegetali, comunità e habitat. Contengono dati di presenza/assenza di specie e loro abbondanza relativa, fornendo dunque informazioni sulla composizione floristica di specifiche comunità in vari momenti nel tempo. Alcune banche dati includono anche informazioni aggiuntive come dati climatici, geomorfologici e antropici. ISPRA sta predisponendo un geodatabase con dati di vegetazione e dati da satelliti, con il contributo di Regioni/Province Autonome e della Comunità Scientifica, grazie al finanziamento da parte del MASE del progetto PNRR DigitAP (<https://www.isprambiente.gov.it/it/progetti/cartella-progetti-in-corso/biodiversita-1/digitap-digitalizzazione-dei-parchi-nazionali-e-delle-aree-marine-protette>). La banca dati geografica multi-temporale così predisposta consentirà di analizzare la variazione nel tempo della composizione specifica e della fenologia degli habitat di Allegato I, in relazione alle variazioni climatiche o meteorologiche, fornendo un quadro delle dinamiche ecologiche e dei fattori che le influenzano le risposte a lungo termine alla variazione climatica e alla ricorrenza di eventi estremi. Inoltre, il prodotto sarà di grande supporto anche in occasione della preparazione alla stesura dei report esennali sullo stato di conservazione degli habitat ex art. 17 (Direttiva 92/43/CEE). Mostriamo qui un'applicazione per realizzare indicatori floristico-vegetazionali e indicatori climatici su un dataset che contiene informazioni raccolte da ISPRA per il territorio dei Parchi Nazionali: 5259 rilievi floristico-vegetazionali di letteratura (Agrillo et al. 2017); 209 rilievi floristico-vegetazionali realizzati ex novo da ISPRA in occasione della campagna DigitAP nel 2024 (95 rilievi) e con altri progetti di ricerca sul monitoraggio degli habitat dal 2019 (114 rilievi); dati climatici elaborati dal modello BigBang; dati satellitari per la derivazione di indici di vegetazione. L'uso delle banche dati vegetazionali per l'analisi multi-temporale delle variazioni degli habitat rappresenta un approccio sicuramente di grande interesse e che potrà consentire un monitoraggio quantitativo della biodiversità. Tuttavia, per massimizzare l'efficacia di questi strumenti, è fondamentale affrontare le sfide legate alla qualità e alla standardizzazione dei dati, alla copertura spaziale e temporale, e all'interpretazione dei risultati. La discussione con la Comunità Scientifica crediamo sia la chiave per assicurare la costruzione di modelli di interpretazione utili alla gestione del territorio.

DAVIDE CASALINO, MARTINO ADAMO, GABRIELE CASAZZA, MARIA GUERRINA, LUIGI MINUTO, MARCO MUCCIARELLI

Database della flora delle Alpi Liguri, Marittime, Alpi e Prealpi di Provenza

Le Alpi Liguri e Marittime hanno da molto tempo attirato l'attenzione degli studiosi grazie ad una ricchezza floristica straordinaria e per il numero di endemismi tra i più significativi della catena alpina. Il settore presenta una notevole diversità floristica anche grazie alla frequente risalita in quota di taxa mediterranei e alla discesa di specie tipiche di latitudini e altitudini maggiori. Nonostante l'evidente interesse botanico, non era mai stata pubblicata una checklist di questa flora, comprensiva di tratti funzionali, habitat e stato di conservazione delle specie. L'ambito territoriale di analisi che comprenderebbe le sezioni SOIUSA I e II, rispettivamente Alpi Liguri e Alpi Marittime, è stato ampliato con le Alpi e Prealpi di Provenza così da rappresentare il contingente floristico a maggiore gravitazione mediterranea, per un totale di circa 16.631 km² di superficie. Utilizzando le conoscenze pregresse presenti in bibliografia, è stata redatta una checklist della flora. Per omogeneizzare i differenti sistemi nomenclaturali per l'Italia e la Francia, i nomi delle specie sono stati aggiornati utilizzando la nomenclatura proposta da World Checklist of Vascular Plants. La tassonomia, i tratti ecologici, morfologici, gli habitat e lo stato di conservazione delle specie sono stati ottenuti da diverse fonti (TRY, baseflor, GIFT, ECOPARD-Granier e normative nazionali e sovranazionali). Laddove il dato era assente, si è provveduto a integrarlo con le flore nazionali. I caratteri di interesse consistono in: a) tipo di infiorescenza; b) modalità riproduttive; c) impollinazione; d) morfologia dei frutti; e) dispersione; f) colore del fiore; g) periodo di fioritura; h) dimensioni; i) forma biologica; l) forma di crescita; m) massa dei semi; n) corologia; o) fascia altitudinale; p) habitat; q) sintassonomia; u) indici di Ellenberg, w) stato di conservazione IUCN, presenza in direttiva habitat ed endemicità. Secondo i risultati preliminari, sono presenti 4098 specie, di cui il 95,4% ha portamento erbaceo. La forma biologica dominante è quella delle emicriptofite (44,7 %) seguite dalle terofite (21,1%), fanerofite (8,2%), geofite (7,4%) e camefite (5,5%). Il tipo di impollinazione entomofila risulta la più diffusa (53,1%) seguita da quella anemofila (18,8%). Le strategie di dispersione principali sono la zoocoria (34%), l'autocoria (30,9%) e l'anemocoria (27,1%). Sono presenti 86 endemiti o subendemiti per il 95% dei quali non è valutato lo stato di conservazione, il restante è valutato come vulnerabile o in pericolo. Il database sarà liberamente accessibile e verrà aggiornato nel tempo. Contenendo informazioni sui tratti funzionali e sullo stato di conservazione delle specie, questo strumento si configura come un importante supporto sia per lo sviluppo di azioni volte alla conservazione e gestione delle specie, sia per studi scientifici in questa importante area.

LEONARDO COCCHI

Considerazioni sul monitoraggio degli uccelli dell'Orto Botanico di Pisa negli anni 2012-2023 e conferma del declino della presenza del Torcicollo (*Jynx torquilla*, Aves: Piciformes: Picidae)

L'Orto Botanico di Pisa è una istituzione rivolta e finalizzata alla ricerca, didattica, divulgazione e conservazione in ambito botanico. È il più antico orto accademico del mondo per data di fondazione (1543), anche se l'attuale collocazione nel centro storico risale al 1591. Ha una estensione di circa 25.000 mq suddivisa in 7 settori, con 29 collezioni e circa 2000 specie di piante. Vi sono coltivate circa 200 specie di alberi, molti dei quali rilevanti per anno di impianto o per altezza, di cui 13 sono inclusi nell'elenco degli alberi monumentali d'Italia (Legge n. 10/2013 e Decreto 23/10/2014). Gli Orti botanici storici come quello pisano, ubicati nel cuore urbano delle grandi città, rappresentano aree a elevata biodiversità, dove molte specie ornitiche hanno la possibilità di trovare nicchie ecologiche ideali in tutte le stagioni, grazie alla ampia disponibilità di cibo, come frutti, semi, insetti e altri piccoli invertebrati. Il monitoraggio degli uccelli è stato effettuato in modo continuativo nell'arco dell'intero periodo di studio. Si è basato su osservazioni strutturate, tramite l'effettuazione di transetti e punti di ascolto nelle fasce orarie di chiusura al pubblico o di minore frequentazione (alla mattina presto, alla sera prima della chiusura). I dati ottenuti sono stati integrati con quelli derivanti da osservazioni focalizzate sulle relazioni ecologiche, principalmente di tipo trofico, tra gli uccelli e i frutti delle piante, nonché da osservazioni occasionali e dalla comunicazione da parte del personale in servizio del ritrovamento di nidi, pulli e giovani non autosufficienti. Nel complesso ciò ha consentito di avere un quadro chiaro della composizione specifica della comunità di uccelli durante l'intero ciclo annuale. Nell'Orto si contano almeno 50 specie di uccelli. Ne ricordiamo 10, meritevoli di essere menzionate per vari aspetti, quali la grande dimensione (Airone cenerino, *Ardea cinerea*), le vocalizzazioni peculiari (Assiolo, *Otus scops*, Picchio verde, *Picus viridis*), il canto prolungato (Capinera, *Sylvia atricapilla*, Codiroso comune, *Phoenicurus phoenicurus*), la colorazione vistosa (Upupa, *Upupa epops*, Cinciarella, *Cyanistes caeruleus*, Cardellino, *Carduelis carduelis*), l'elusività (Codibugnolo, *Aegithalos caudatus*, Fiorrancino, *Regulus ignicapilla*). Tra le specie che attraversano un periodo di conservazione sfavorevole ricordiamo invece il Torcicollo (*Jynx torquilla*), specie migratrice trans-sahariana, parzialmente migratrice nella regione mediterranea e presente tutto l'anno in alcune aree toscane. In Orto il Torcicollo è stato rilevato nelle stagioni riproduttive del triennio 2012-2014, dopo di che non si sono registrate ulteriori osservazioni confermantì la nidificazione, nonostante l'Orto offra la presenza di alberi maturi con cavità idonee alla riproduzione. Questa situazione si allinea con il trend negativo della specie in Toscana e in Italia (è infatti inserita nella Lista Rossa Italiana come specie minacciata).

MARCO D'ANTRACCOLI, PIETRO PICCONI, ALESSIO MO, DAVIDE
BORGIOI, LORENZO PERUZZI

Dall'Archivio Cartaceo al Database Digitale: l'esperienza dell'Orto Botanico dell'Università di Pisa nella creazione di un sistema di documentazione per le piante in collezione

La documentazione delle collezioni è una prerogativa imprescindibile di ogni Museo. Le collezioni di un orto botanico, essendo costituite da esemplari vivi, presentano ulteriori livelli di complessità, in quanto estremamente dinamiche e mutevoli nel tempo. La documentazione delle collezioni dell'Orto Botanico di Pisa risale ad almeno il XVII secolo, proseguendo da allora su supporto cartaceo, fino alla transizione verso la fine del secolo scorso a un sistema digitale. Tuttavia, le prime fasi della documentazione prevedevano sempre la compilazione di fogli con la scheda di accessione, in un approccio ibrido tra cartaceo e digitale. Nel 2019 l'Orto Botanico ha deciso di rinnovare e ottimizzare i propri flussi di lavoro tramite la creazione di un nuovo sistema di documentazione, in collaborazione con il Sistema Informatico di Ateneo. L'ambiente di produzione è Windows Server 2019 con WebServer IIS, con.NET framework 4.7. L'architettura del database, denominato U-Plant, consiste in una serie di (1) Tabelle di Amministrazione, (2) moduli di inserimento dati, sia per le accessioni che i singoli esemplari, (3) moduli di ricerca per l'interrogazione del database, (4) funzionalità per l'esportazione dei dati e (5) strumenti di supporto per la gestione di operazioni specifiche all'interno del database. Nel 2021 il sistema è stato ulteriormente sviluppato in modo da permettere, tramite U-Plant DISCOVER (<https://uplantdiscover.sma.unipi.it/>), l'accesso alla banca dati anche a visitatori e utenti esterni. La piattaforma è strutturata in (1) campi di ricerca, (2) ultimi arrivi nelle collezioni, (3) una sezione che propone una serie di visite tematiche e (4) una mappa del giardino. La ricerca può essere sia di base (per nome) che avanzata, in modo da restituire un elenco di esemplari abbinati a una mappa georeferenziata riportante la loro posizione nel giardino. Il pulsante "Dettagli" permette di aprire il singolo record ed accedere ad informazioni aggiuntive, come la modalità di acquisizione, il tipo di provenienza e i dati di campionamento (se disponibili), oltre a una galleria di immagini con la documentazione fotografica dell'esemplare. Lo sviluppo di un sistema di documentazione ad hoc ha permesso di ottenere uno strumento per l'archiviazione di dati stabile e funzionale, che coniuga le informazioni inerenti alle stazioni di raccolta in natura con aspetti più prettamente collezionistici e orticolturnali. Ciò ha anche permesso un significativo miglioramento della fruizione e valorizzazione delle collezioni, permettendo l'accesso ai dati degli esemplari, alla loro localizzazione, nonché la possibilità di proporre visite tematiche. Nell'ottica di una condivisione di questo strumento digitale con la comunità degli orti botanici, si è deciso di aggiornare l'ambiente di produzione (.NET Core 7.0), con pubblicazione dei codici sorgente di U-Plant/U-Plant DISCOVER su GitHub in modalità open source.

LEONARDO DAPPORTO, MATTIA MENCHETTI, VLAD DINCĂ, GERARD
TALAVERA, AURORA GARCIA-BERRO, JACOPO D'ERCOLE, PAUL D.N.
HEBERT, ROGER VILA

The Genetic Legacy of the Quaternary Ice Ages on West Palearctic Butterflies: A Tool for Predicting Future Biodiversity Changes

The temperature increase that occurred around 11,000 years ago marked the onset of the current interglacial. It is widely accepted that the interplay between climatic oscillations over the last 2.6 million years and geographic barriers played a central role in shaping the genetic variation of European biota. Tracing the fingerprints of historical climatic oscillations can provide fundamental insights for understanding the future of genetic diversity under current climatic changes. Two landmark papers by G. Hewitt and P. Taberlet and co-workers proposed the Genetic Legacy of Quaternary Ice Ages (GLQ) hypothesis, but a comprehensive data-driven assessment has yet to be attempted. We constructed and released a massive dataset comprising 31,653 COI sequences from 494 butterfly species across the West Palearctic and applied novel comparative landscape genetic methods. This approach allowed us to present an objective model of the GLQ, covering Europe, North Africa, and the Middle East. Our analysis identified eight genetic bioregions, generalizing evidence for glacial refugia in the Maghreb, Iberia, the Italian Peninsula and Alps, and the Balkans, all characterized by hotspots of genetic endemism. In contrast, there is minor evidence for extra-Mediterranean refugia around the Carpathians. We also demonstrated that Mediterranean mountain regions functioned as barriers during glacial periods but now serve as refugia for many species during the current interglacial—and likely even more so with climate change. Finally, we document latitudinal gradients in genetic variation and haplotype endemism, largely caused by strong fragmentation among bioregions in the south, confirming allopatric divergence as a primary driver of genetic differentiation. Understanding these processes from past climate changes provides insights into the potential impacts of the ongoing climatic crisis on biodiversity. Since most genetic diversity involves the differentiation of the Maghreb from Eurasia and among southern European refugia, conservation efforts should prioritize preserving heterogeneous landscapes in southern regions, particularly mountain chains, to minimize the loss of intraspecific genetic lineages. In fact, as temperatures rise, populations are shifting to higher altitudes, making southern mountain chains clear hotspots for genetic erosion. Moreover, interglacial expansion has produced a spatial pattern of genetic diversity characterized by longitudinal differentiation and latitudinal impoverishment. This suggests that while the northward expansion of taxa in response to global warming may favor species survival, populations in northern regions will likely be genetically impoverished. Therefore, in Central and Northern Europe, maintaining multiple biological corridors can foster northward dispersal while minimizing genetic filtering. Current efforts dedicated to mtDNA and genome-wide sequencing, will enable comparisons among taxa, regions and genetic markers.

FRANCESCO FORTE, JOAQUÍN ORTEGO, MARINA TRILLO, FABRIZIO
FREDA, MARCO A. BOLOGNA, BRUNO MASSA, PAOLO FONTANA,
ALESSANDRA RICCIERI

**ddRADseq and geometric morphometry: two approaches to unravel
the complex phylogeny and biogeography of the Italian endemic genus
Italopodisma Harz, 1973 (Orthoptera: Acrididae)**

The Italian Apennines are an important biodiversity hotspot and host a huge number of endemic taxa. However, the speciation processes occurring in this range, particularly in the Central Apennines, are poorly investigated. The grasshopper genus *Italopodisma*, strictly endemic to the Central Apennines from Sibillini Mountains to the Matese Massif, represent an interesting model for outlining one of the possible patterns of speciation in this area. This genus is mainly distributed in alpine meadows and rocky slope (1600-2800 m a.s.l.), and it includes nine species and five subspecies spread across the summits of mountain ranges. We propose an integrative approach that combines molecular data (ddRADseq, >4000 loci) with geometric morphometric analysis of aedeagus dorsal stylet shape to clarify the real taxonomic status of the putative species and subspecies and comprehend their phylogenetic relationships. In addition, we assess the potential existence of hybrids and/or co-distributed species in the same or nearby areas to delineate a speciation pattern. The relationships between genital shapes analyzed by geometric morphometry appear to be comparable to the clades of the phylogenetic tree. Population structure did not support the co-existence of different lineages in the same localities and showed a hierarchical genetic structure congruent with phylogenetic inferences. To better understand the evolution of this genus, divergence time estimates and species delimitation analyses are underway.

GIANLUCA FORTI, FLAVIO ROCCHI, NICOLA MARGNELLI

Conferma della presenza di specie di interesse conservazionistico e nuove segnalazioni per la Riserva Naturale di Monte Rufeno (Lazio, Viterbo) attraverso percorsi di *Citizen Science*

Il Museo del Fiore ha attivato dal settembre 2022 dei progetti locali di *Citizen Science* a diversa scala territoriale in collaborazione con il portale iNaturalist e in particolare, il 19 settembre 2023 per festeggiare i suoi 40 anni, il progetto sulla Biodiversità della Riserva Naturale Monte Rufeno (RNMR), con l'obiettivo di far scoprire e condividere la ricchezza naturalistica che vi si può osservare attraverso la fruizione dei sentieri, le iniziative di operatori didattici, delle scuole secondarie locali di primo e secondo grado coinvolte e varie associazioni interessate. Il presente lavoro si propone di evidenziare le segnalazioni effettuate in più di un anno dagli utenti tramite APP iNaturalist, in termini di presenza in detto territorio (*occurrence*) con rilevanza per interesse conservazionistico, biogeografico o di alloctonia. Un primo database è stato integrato con segnalazioni ricavate per aree molto prossime al territorio protetto e per le ZSC/ZPS confinanti e in particolare per la ZSC Media valle del Paglia e il Monumento Naturale Bosco del Sasseto, in analogia a studi precedentemente pubblicati e che sono stati presi a confronto, ed è costituito da oltre 1.800 osservazioni caricate da oltre 120 osservatori. I dati hanno confermato a livello nazionale la presenza di endemiti [*Santolina etrusca* (Lacaita) Marchi et D'Amato, *Salamandrina perspicillata* Savi, 1821, *Rana italica* Dubois, 1987, *Sarmarutilus rubilio* (Bonaparte, 1837)], di taxa al limite di areale per distribuzione [*Calluna vulgaris* (L.) Hull, *Quercus frainetto* Ten.] o rarefazione antropica [*Hottonia palustris* L.] e varie specie di interesse comunitario [con prima segnalazione di *Proserpinus proserpina* Pallas, 1772] e inserite nelle liste rosse [prima evidenza di nidificazione nell'area di *Accipiter gentilis* L., 1758]. Purtroppo, si è evidenziata anche la presenza di nuove alloctone invasive come *Silurus glanis* L., 1758. Un secondo obiettivo dello studio è stato quello di individuare i punti di forza di un simile strumento per la mappatura della biodiversità, ma anche i limiti dovuti ad un utilizzo di utenti per lo più non specialisti e si definisce un concetto di "iNattabilità": un bias che vede gli utenti preferire nella segnalazione alcuni gruppi piuttosto che altri ovvero specie più carismatiche, facilmente fotografabili e meno elusive. Ad esempio, le Orchidaceae della RNMR hanno una percentuale di riconferma da parte degli utenti del 40,5 % (13 specie su 37) contro lo 0,9 % delle Poaceae (1 specie su 108), oppure con i rettili si arriva all'83%, con i Lacertidae più "contattabili" che arrivano al 100%, mentre con gli uccelli solo al 5%. Il dato delle segnalazioni rispetto ai segnalatori ha evidenziato anche una vivacità delle realtà che hanno aderito ai progetti e avviato una rete relazionale tra "sentinelle dell'ambiente" e partecipato a iniziative, corsi, seminari, progetti scolastici P.T.C.O. e Bioblitz lungo il fiume che ci stimolano a proseguire per una parallela via educativa.

MAURA FRANCONI, ANNA ANDREETTA, ALESSANDRO BRICCA,
GIORGIO BRUNIALTI, FILIPPO BUSSOTTI, GIANDIEGO CAMPETELLA,
ROBERTO CANULLO, STEFANO CARNICELLI, MARCO CERVELLINI,
FRANCESCO CHIANUCCI, SIMONE DI PIAZZA, ZUZANA FAČKOVCOVÁ,
LUISA FRATI, PAOLO GIORDANI, MARTINA POLLASTRINI, NICOLA
PULETTI, MIRCA ZOTTI, STEFANO CHELLI

Variazione della diversità vegetale nelle foreste italiane: risultati dopo 24 anni di monitoraggio nella rete ICP Forests

Gli ecosistemi forestali sono ampiamente diffusi in Europa e sono minacciati dai cambiamenti globali. Le piante vascolari del sottobosco costituiscono la componente predominante della biodiversità vegetale, e sono influenzate da molteplici fattori, tra cui il clima, le caratteristiche del suolo, e lo strato arboreo. Data la variazione dei fattori ambientali e le dinamiche di successione della vegetazione, è cruciale effettuare monitoraggi a lungo termine per studiare i processi di cambiamento delle comunità vegetali. Infatti, le risposte delle specie possono manifestarsi con un ritardo temporale rispetto alle variazioni ambientali. Nonostante il crescente numero di studi che si basano sul “resurvey”, esso spesso implica una rappresentazione statica di una comunità in due distinti momenti nel tempo. Ciò limita la possibilità di catturare in maniera esaustiva le dinamiche delle comunità stesse. Il nostro studio si basa su frequenti ricampionamenti di 31 plot 50 × 50 m permanenti della rete ICP Forests LII (ConEcoFor), classificati secondo quattro biomi presenti in Italia, in un arco temporale di 24 anni (1999-2023). L'obiettivo dello studio è valutare: (i) i trend temporali della diversità vegetale (alfa e beta) e (ii) i driver climatici, pedologici e di struttura forestale in relazione alla diversità vegetale. Rispetto al clima, abbiamo estratto dati di temperatura media e precipitazioni totali giornaliere dal dataset E-OBS, forniti dal servizio Copernicus Climate Change Service, e li abbiamo utilizzati per calcolare indici climatici relativi al periodo di riferimento. Le variabili pedologiche (pH, NH₄, SO₄, K, NO₃) e la struttura forestale (copertura arborea e grado di defogliazione), sono state misurate direttamente in campo. Sono stati utilizzati i modelli misti lineari, come “fixed factor” abbiamo scelto gli anni per il primo obiettivo, e le variabili ambientali per il secondo obiettivo. I plot sono stati considerati come “random factor”. Dalle analisi è emersa una riduzione della ricchezza specifica nei biomi nemorali (faggete e quercete decidue) e in quello boreale (peccete), a differenza del bioma mediterraneo (leccete) che invece non mostra trend temporali significativi. Tale assenza di trend di ricchezza specifica nel bioma mediterraneo maschera, comunque, un elevato turnover di specie, sia considerando coppie di anni temporalmente vicine, sia considerando l'intero periodo. I parametri che influenzano la ricchezza specifica sono quelli strutturali, il pH del suolo, indici di aridità e variabilità delle precipitazioni, con ruoli e pesi diversi in base al bioma preso in considerazione. Dopo molti anni di raccolta dati, i siti di monitoraggio della rete ICP Forests mostrano cambiamenti rilevanti nella diversità vegetale delle foreste italiane. Tali cambiamenti dovranno essere approfonditi ed esplorati anche dal punto di vista funzionale e con un approccio multitassonomico.

JACOPO FRANZONI, GIANLUIGI BACCHETTA, FABIO CONTI,
GIANNIANTONIO DOMINA, SIMONE FIOR, LUIGI MINUTO, LORENZO
PERUZZI

L'impatto della tassonomia integrata sulla biogeografia: un esempio dal complesso di *Dianthus virginicus*

La biogeografia è primariamente basata sulla distribuzione delle specie, che però sono da considerarsi ipotesi sul raggruppamento della variabilità biologica in natura da testare con diverse fonti di dati. I taxa endemici di un certo territorio sono di estremo valore biogeografico, ma devono essere quindi supportati da solidi dati sistematici. Tra i numerosi endemiti presenti nel Mediterraneo, i garofani selvatici inclusi nel complesso di *Dianthus virginicus* (Caryophyllaceae) sono organizzati in 21 taxa, molti dei quali endemici ristretti di Sardegna, Sicilia o Italia centro meridionale. Tuttavia, molti di questi taxa sono stati descritti solo su base morfologica qualitativa. Per testare il loro valore tassonomico e biogeografico, abbiamo avviato un progetto di tassonomia integrata, effettuando analisi morfometriche, citotassonomiche e genetiche su oltre 100 popolazioni riferibili a tutti i taxa sopra citati. Un approccio di clustering morfometrico basato sui Gaussian Mixture Models (GMMs) permette di riconoscere su base statistica 10 gruppi, che però solo in pochi casi corrispondono a unità tassonomiche o geografiche coerenti. Tra le ipotesi subottimali di raggruppamento, un'ipotesi a due gruppi costituiti su base geografica è molto più supportata dell'ipotesi tassonomica attuale (21 taxa). Il gruppo geografico che include le popolazioni sarde, siciliane e tunisine è caratterizzato da denti del calice e mucroni delle squame dell'epicalice più lunghi rispetto all'altro, che include invece le popolazioni italiane, francesi, corse e dell'Arcipelago Toscano. Le analisi citogenetiche rivelano che tutte le popolazioni studiate sono diploidi con $2n = 30$ cromosomi, ma con una discreta variazione della quantità di DNA, che segue pattern geografici e non l'attuale tassonomia. Infatti, le popolazioni corse, sarde e siciliane mostrano genomi più grandi di quelli delle popolazioni francesi e italiane. La caratterizzazione di migliaia di SNPs su ddRAD-seq evidenzia come tutte le popolazioni centro-mediterranee appartengano a un singolo gruppo genetico, strutturato in due sottogruppi geograficamente separati, non congruenti con la tassonomia attuale. Un sottogruppo contiene le popolazioni distribuite tra Francia meridionale, penisola italiana e Corsica, l'altro quelle distribuite tra Sardegna, Tunisia e Sicilia. Alla luce dei nuovi dati biosistematici ottenuti, i numerosi endemiti del complesso non sono supportati. Al contrario, un'ipotesi ben sostenuta da tutte le linee di evidenza disponibili prevedrebbe il riconoscimento di due sole sottospecie vicarianti geografiche e più ampiamente distribuite, molto informative circa le relazioni biogeografiche nell'area centro-mediterranea.

PIETRO GARDINI, SIMONE SABATELLI, STEFANO TAITI, PAOLO AUDISIO

Hidden species diversity and phylogenetic relationships within the terrestrial isopod genus *Tiroloscia* (Crustacea, Isopoda, Oniscidea)

Species are fundamental units in many fields of biological research. Defining their boundaries is therefore necessary but can be challenging, especially in cases of cryptic or “pseudocryptic” species, and has been a widely debated issue in recent decades. Despite relatively extensive past investigations, the species diversity of terrestrial isopods in Italy remains largely underestimated, as evidenced by continuous new discoveries, even in well-studied regions. Additionally, the taxonomy, systematics, and distribution of many taxa is still poorly understood and often confused, primarily due to inadequate descriptions and illustrations in papers published before the mid-1900s, which make accurate species identification challenging. In this broader context, molecular approaches can be valuable tools for testing taxonomic hypotheses and significantly complementing morphological taxonomy. Here, we present the case of *Tiroloscia exigua*, a species with a wide distribution across the Alpine chain, Jura Mountains, and Po Plain, but with a rather complex and confused taxonomic history. We employed two mitochondrial and one nuclear molecular markers to investigate the genetic diversity within *T. exigua*, as well as its phylogenetic relationships with other species of the genus. Additionally, we used a molecular clock to estimate a time frame for the diversification of the main lineages within the species and to explore aspects of its evolutionary history. Four species delimitation methods were applied to define species boundaries within our dataset and to assess whether the current taxonomic status of *T. exigua* reflects genetic diversity. Our findings revealed a surprisingly high level of genetic diversity within *T. exigua*, supported by morphological data, and strong evidence against the monophyly of *Tiroloscia*. Notably, five evolutionary lineages were identified within *T. exigua*, suggesting the presence of distinct taxonomic entities. Divergence time estimates place the onset of *T. exigua* diversification around the middle Miocene (~12.7 Mya). Based on our phylogenetic and morphological results, we propose the resurrection of *Tiroloscia squamuligera*, previously considered a junior synonym of *T. exigua*, as a valid species. Our results underscore the importance of integrative approaches in uncovering hidden diversity and better defining species boundaries in poorly known or taxonomically complex taxa.

MARIA GUERRINA, LORIS TUBINO, AMBRA GENTILE, FABIANO
MARTINELLO, ANGELICA PISCHEDDA, GABRIELE CASAZZA, LUIGI
MINUTO

Approccio di tassonomia integrata applicato al genere *Iberis* in Liguria

La descrizione della biodiversità è fondamentale sia per valutare i processi che modellano la distribuzione della vita sulla Terra, sia per massimizzare la protezione della biodiversità. Il genere *Iberis* è caratterizzato da un elevato grado di polimorfismo, che rende difficile l'identificazione e lo studio delle specie al suo interno. La complessa tassonomia del genere ha portato a metà del secolo scorso ad affermare una urgente necessità di una revisione del genere. La revisione completa più recente per questo del genere è quella presente in Flora Europea (1964), ad opera di Franco e Da Silva. L'ultima revisione, principalmente basta sulle specie iberiche, risale alla metà degli anni '80 del secolo scorso. Su questi lavori si basa la trattazione presente nella seconda edizione della Flora d'Italia (2017). In Liguria sono attualmente presenti quattro specie appartenenti al genere *Iberis*: *I. umbellata*, *I. pinnata*, *I. sempervirens* e *I. saxatilis*. Sono segnate come specie non più ritrovate *I. linifolia* e *I. stricta* subsp. *leptophylla*, endemismo ligure-provenzale. Inoltre, sono presenti due gruppi di popolazioni, principalmente nel gruppo serpentinitico di Voltri, che non sono attribuibili a nessuna delle specie presenti in Liguria, ma che negli ultimi anni sono state attribuite genericamente sulla base del colore dei fiori, talvolta a *I. umbellata*, talvolta a *I. sempervirens*. Tramite un approccio di tassonomia integrata, e in particolare confrontando dati morfologici e di nicchia ecologica, questo studio si pone l'obiettivo di definire le entità appartenenti al genere *Iberis* presenti in Liguria. Abbiamo misurato 37 caratteri morfologici da 81 campioni per le 4 specie presenti in Liguria e *I. linifolia*, più le 2 entità del gruppo di Voltri. Per quanto riguarda l'analisi della nicchia ecologica, abbiamo utilizzato un dataset con 5404 punti provenienti da SILENE, GBIF e osservazioni personali. I risultati preliminari del confronto morfologico suggeriscono che non ci sia una netta separazione fra *I. umbellata* e *I. linifolia* e che i 2 taxa presenti in Liguria non ricadono in nessuna delle specie presenti sul territorio regionale. Il confronto delle nicchie ecologiche suggerisce che i 2 taxa da definire siano presenti in condizioni climatiche diverse rispetto alle altre 6 specie analizzate. Per sostenere i primi risultati ottenuti è necessaria l'acquisizione di ulteriori campioni per il confronto morfologico, includendo sia un maggior numero di esemplari per le specie già misurate sia campioni di *I. stricta* subsp. *leptophylla*. Inoltre, l'approccio di tassonomia integrata verrà ulteriormente supportato da analisi sul cariotipo.

AGOSTINO LETARDI

I Neuropterida italiani nel progetto di community science di iNaturalist: prospettive e confronti con i database nazionali ufficiali

Da alcuni decenni, la distribuzione italiana di un piccolo gruppo di ordini di insetti, i Neuropterida, è stata oggetto di una intensa attenzione, grazie alla collaborazione del piccolo gruppo di studiosi italiani in grado di valutare l'attendibilità dei dati ufficiali relativi a questi insetti, poco numerosi (un paio di centinaia di specie in Italia) ma spesso confusi con altri ordini di insetti o tra specie simili di questi tre ordini stessi (ovvero Neuroptera, Megaloptera e Raphidioptera). A partire dai lavori della fine del secolo scorso e proseguendo con gli aggiornamenti in database ufficiali e riviste scientifiche, la diffusione di tali conoscenze è proseguita in rete, inserita in una prospettiva europea, attraverso atlanti iconografici ed integrata attraverso eventi di *Citizen Science*. Dieci anni fa è stato iniziato un progetto di community science sulla piattaforma iNaturalist per accompagnare il database europeo pubblicato l'anno successivo. Questa iniziativa (visibile a link <https://www.inaturalist.org/projects/european-neuropterida>) non ha avuto uno sviluppo scientificamente interessante, ma nel 2021 è stata rilanciata focalizzando l'attenzione in particolare sulle osservazioni riportate in questa piattaforma di condivisione di dati relative al territorio italiano. In questo triennio sono state raccolte oltre 1200 osservazioni relative ad un terzo circa della fauna italiana (64 specie), grazie ad oltre 700 osservatori e quasi 200 persone (sia italiane che del resto del mondo) che hanno fornito la propria esperienza per la determinazione specifica che ha portato ad un consolidamento del valore del dato immesso in questo repertorio che mette in comunicazione virtuale specialisti del settore e appassionati di natura. In questa comunicazione vengono presentati in dettaglio i risultati di questo triennio di osservazioni sulla piattaforma iNaturalist, mettendo in risalto il valore di questa modalità di collaborazione tra comunità scientifica e cittadinanza attiva per integrare ed arricchire le conoscenze sviluppate negli anni dagli specialisti che si sono dedicati allo studio faunistico italiano di questi insetti.

FERNANDO LUCCHESI

Modelli floristici di distribuzione tra Maremma Toscana e Laziale

I limiti geografici di un numero considerevole di taxa floristici sia verso il confine toscano sia verso il confine campano dimostrano la presenza di processi anche molto antichi che hanno creato delle discontinuità e/o delle zone di transizione e di filtro tra le aree. Si possono quindi evidenziare due zone di transizione, la prima a nord verso la Toscana e la seconda a sud verso la Campania; di queste la più notevole e meglio definita da molti taxa è sicuramente quella a nord verso il confine con la Toscana, una zona in cui si osserva un turnover di specie che implica un processo evolutivo e smistamento biogeografico antico (Neogene) o anche più recente (Pliocene-Pleistocene). Un confronto critico può essere fatto con la suddivisione regionale di Giacomini e Fenaroli (1958) in cui il Distretto Tirrenico viene diviso in un settore settentrionale Ligure, a cui segue a sud un settore Tosco-Laziale e a questo un settore Campano-Calabro. Un'area di transizione è ben delineata in base al quadro pliocenico in cui la Toscana meridionale e la Maremma costituivano un arcipelago con i rilievi più elevati emergenti e isolati. Tuttora molte specie toscane (Selvi, 2010) hanno il loro limite meridionale sul versante tirrenico nel M. Amiata o M. Labbro, molte altre specie sono in comune tra Lazio e Toscana ma con rarefazione verso nord in Toscana e in Maremma. Alcune specie (*Astragalus muelleri*, *Armeria saviana*, *A. denticulata*) sono esclusive della Maremma Toscana, endemiche o di provenienza SE-Europea; altre specie sono assenti nel Lazio, ma presenti nella Maremma Toscana e in poche altre regioni. Per confermare queste due aree come aree di transizione con un elevato turnover relativo anche alle specie già indicate sopra basta citare le moltissime altre specie in comune tra Maremma Toscana e Laziale, di cui alcune a gravitazione tirrenica o W-mediterranea: *Asplenium septentrionale*, *Beckmannia eruciformis*, *Sphenopus divaricatus*, etc. Alcune specie presentano ampia disgiunzione tra Maremma Toscana e Lazio meridionale, come *Convolvulus siculus*, *Brassica incana*, *Biscutella mollis*, *B. cichoriifolia*, *Vicia altissima*, etc. Risultano assenti nella Maremma Toscana alcune specie che si rinvencono invece nel Lazio almeno nel Complesso Tolfetano-Cerete o nella Tuscia quali *Muscari parviflorum*, *Glaucium corniculatum*, *Vicia barbazitae* (limite nord nella Tuscia). In questa discontinuità biogeografica nel complesso sono stati riconosciuti tre differenti modelli distributivi: i) specie a gravitazione settentrionale a nord del Tevere; ii) specie a gravitazione meridionale che sono presenti con un unico nucleo di presenze localizzato nei settori pianiziali e/o collinari a sud del Tevere; iii) specie a distribuzione disgiunta che sono presenti con due nuclei separati localizzati rispettivamente nei settori pianiziali e/o collinari a nord e a sud del Tevere.

MATTEO MARCOCCIA, ENZO RUMA, ANTONIO LECCE

Diversità ed ecologia delle specie vegetali nel lago di Posta Fibreno

La conservazione del patrimonio naturalistico è un tema di grande attualità che necessita di adeguate conoscenze di base sullo stato delle singole specie e sulla loro distribuzione puntuale. A tale riguardo, la compilazione di un censimento con un elenco delle specie maggiormente minacciate costituisce un passaggio di fondamentale importanza per gli enti locali e regionali che sono preposti alla valutazione degli interventi di salvaguardia e alla gestione e alla pianificazione del territorio. Il lavoro è articolato in un monitoraggio fitosociologico di presenza e distribuzione di specie vegetali all'interno dell'area della Riserva Naturale Lago di Posta Fibreno della durata di due stagioni (programma iniziato all'inizio dell'anno in corso). Il rilievo permetterà di constatare l'effettiva variazione di specie nell'area suddetta nel tempo, fornendo indicazioni anche sul loro status di conservazione. Tutto ciò permetterà di ottenere un indice di Biodiversità dell'area, di conoscere i principali fattori di disturbo e di stress dando modo di poter costruire dei modelli ecologici per le specie prese in esame durante la campagna di monitoraggio. Le evidenze botaniche di maggiormente minacciate saranno evidenziate in un data-base grafico per la loro individuazione e studio nel tempo. I fattori di disturbo studiati per le specie chiave daranno indicazioni fondamentali per la conduzione delle attività di protezione della Riserva in modo da poter ridurre al massimo fattori di minaccia per le singole specie e per l'intero ecosistema lacuale e peri lacuale.

LORENZO MINELLI, ALESSANDRA RICCIERI, MARCO A. BOLOGNA

Investigating the phylogeny, phylogeography and population genetics of *Mylabris obsoleta* Nowicki, 1872, an endemic beetle (Coleoptera: Meloidae) of the Italian peninsula, with a multilocus approach

Mylabris obsoleta Nowicki, 1872 is a species endemic to central and southern Italy. It inhabits dry mediterranean and continental steppe with sparse floral species and xeric riverbeds, from sea level up to 1500 m asl. However, due to the ongoing soil conversion for cultivation, suitable ecosystems for this species have become increasingly rare and fragmented. The species belongs to the subgenus *Micrabris*, which includes about 50 species distributed from the Mediterranean region to central Asia. Most *M. obsoleta* populations are still present in Apulia, Basilicata and Calabria, and isolated populations in southern Abruzzo, but others were documented in Campania and Latium. Considering its restricted range, *M. obsoleta* is an interesting model to explore the biogeographical processes shaping the Mediterranean biodiversity and for better understand the role of glacial refugia in Italy. Given the lack of genetic information, which can be critical for its conservation, the objectives of this study are (i) to assess the phylogenetic position of *M. obsoleta* within the subgenus *Micrabris*, aiming to discover its evolutionary origin and (ii) to reconstruct its phylogeographic history and population genetic structure using both mitochondrial (COI, 16S) and nuclear (CAD, ITS2, Rpp0) genes. Preliminary results suggest that the current range may be the result of post-glacial dispersal from a southern refugium due to the observed low levels of genetic differentiation across populations. This genetic homogeneity may reflect a post-glacial range expansion or the persistence of extended gene flow also during cyclic range contractions/expansions. However, the present extent of habitat fragmentation likely results in significant barriers to contemporary gene flow, raising concerns about the species' long-term viability.

FABIO MONDELLO, MARINA MORABITO, ANTONIO MANGHISI,
SALVATORE GIACOBBE

Ricostruzione delle dinamiche sul lungo periodo della vegetazione nella Riserva Naturale Orientata “Laghetti di Marinello”, integrando serie storiche di foto aeree e dati bibliografici

La Riserva Naturale Orientata “Laghetti di Marinello”, istituita con D.A. 745/44 del 10/12/98 e ubicata lungo la costa tirrenica siciliana, comprende un vasto arenile che include bacini litoranei eurialini delimitati da un sistema di frecce litorali (flèches) estremamente dinamico. L’origine del sistema, nella sua attuale conformazione, risale alla metà del XIX secolo, secondo la cartografia dell’Istituto Geografico Militare del 1895. Su questa struttura geomorfologica dinamica, si impianta una flora molto versatile, caratterizzata da una rapida migrazione e trasformazione delle varie componenti vegetali. Dalle osservazioni di campo la vegetazione ripariale sembra più stabile e ben diversificata tra le sponde. Nelle sponde prossime al promontorio è presente una formazione dominata da *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud., mentre nelle sponde prossime al mare domina *Juncus acutus* L. Sulle zone sabbiose tra gli stagni si sviluppa una prateria a *Hyparrhenia hirta* (L.) Stapf, in cui osserva anche la presenza di numerose plantule di *Pinus halepensis* Mill. Rilevante è la presenza di alcune specie esotiche, tra cui *Cenchrus setaceus* (Forssk.) Morrone e *Opuntia tuna* (L.) Mill. In mancanza di dati di campo sistematici, la dinamica su lungo periodo della vegetazione può essere ricostruita integrando la scarsa bibliografia esistente con l’analisi di immagini aeree (da archivio) e satellitari (Google Earth). Ad oggi le principali risultanze evidenziano come l’insediamento delle principali specie esotiche sia riconoscibile da oltre una decina d’anni, così come la colonizzazione di *Pinus halepensis*, tuttora in attiva espansione. In conclusione, la comprensione delle dinamiche di trasformazione della vegetazione è essenziale per la tutela e la conservazione di questa unicità paesaggistica e, in quest’ottica, il metodo adottato risulta promettente.

FLAVIO MONTI, ROSARIO BALESTRIERI, EMILIANO MORI, LETIZIA
CAMPIONI

**“Marini da Nord”: monitoring changes in abundance and distribution
of Atlantic seabirds wintering in Italian seas using a *Citizen Science*
approach**

The Mediterranean basin is a hotspot of biodiversity and a region that is particularly subject to current climate change effects, such as increasing surface water temperatures and extreme events. Seabirds represent a target group to investigate how species can respond to such rapid climate and environmental changes, being tightly linked to the sea. In addition to local species, less common bird species typical of the North Atlantic, may migrate extremely southward and end up to winter in the Mediterranean waters, where they can be occasionally observed and reported. In recent years, unusual observations and anomalous irruption phenomena were recorded precisely in this area. However, to date, there is very little information on the distribution, abundance and temporal trends of these species for the central Mediterranean. Here we present a new project, “Marini da Nord”, that takes advantage of data collected by ornithologists and uploaded on the online platform Ornitho.it, in order to monitor the spatio-temporal changes in the abundance and distribution of 23 North Atlantic seabird species that winter in the Italian seas. The continuously growing dataset currently includes over 41,700 records spanning a 58-year period, from 1966 to the present. The dataset will continue to expand with future observations and may incorporate data from other *Citizen Science* platforms, as well as photos and videos shared on social media. We present the results of the first exploratory analyses on the dataset and comment on future developments for investigating how the most recent changes in climate and variations in the availability/accessibility of trophic resources could cause oscillations in the abundance and phenology of these species. The final objective of this pilot project is to develop a better understanding of the distribution dynamics of these species in the Mediterranean and to identify the environmental factors that determine them, ultimately affecting seabirds’ survival and population dynamics. Finally, we emphasize the crucial role of open social platforms and data sharing, such as Ornitho.it, in enhancing species detection and abundance estimation, reporting uncommon observations on a wide scale and in real-time, and preserving historical data for temporal analyses.

MATTEO NIGRO, ALESSIO PICCIOLI

“Acqua Sorgente”, un progetto di *Citizen Science* per il monitoraggio delle sorgenti d’acqua in ambiente montano a scala nazionale, del Club Alpino Italiano

Le sorgenti d’acqua costituiscono un tassello fondamentale del territorio. Manifestazione superficiale di riserve idriche sotterranee, le loro caratteristiche fisico-chimiche (portata, permanenza, temperatura, conducibilità elettrica, pH, ecc) dipendono da molteplici fattori tra cui, le litologie degli acquiferi, la pedologia, le condizioni meteorologiche. Le sorgenti sono luoghi di grande biodiversità, ospitando numerose specie vegetali e fornendo acqua a tutti gli ecosistemi a valle. Non solo gli ecosistemi naturali, ma anche le comunità umane sono strettamente dipendenti dalla disponibilità d’acqua alle sorgenti, che vengono largamente sfruttate per scopi di approvvigionamento idropotabile. La permanenza del deflusso idrico alle sorgenti è ultimamente legata alle condizioni meteo climatiche che influenzano quei processi, precipitazioni, intercettazione, evapotraspirazione, ecc, che controllano la ricarica dei corpi idrici sotterranei. La tendenza climatica attuale vede una diminuzione della ricarica delle risorse idriche sotterranee in buona parte d’Europa, mettendo a rischio ecosistemi e comunità; a cui si aggiungono le attività antropiche che possono contribuire alla scomparsa e all’inquinamento delle sorgenti naturali. Si rende quindi necessario adottare azioni di tutela delle sorgenti che mettano insieme il monitoraggio e la sensibilizzazione delle comunità. Per questo motivo, ad Aprile 2024, il Club Alpino Italiano (CAI) ha avviato il progetto di *Citizen Science* denominato “Acqua Sorgente”, che sfrutta l’ampia rete territoriale del corpo sociale composto da ca. 350’000 Socie e Soci e più di 800 Sezioni in tutta Italia. Il progetto si pone due obiettivi principali, realizzare un database delle sorgenti sul territorio nazionale e sensibilizzare le comunità alle tematiche legate alle sorgenti ed alle risorse idriche. Il database delle sorgenti è già in fase di crescita e raccoglie i monitoraggi effettuati dalle persone che partecipano su base volontaria al progetto (<https://maps.acquasorgente.cai.it/>). Attraverso le applicazioni sviluppate dal CAI è possibile raccogliere le seguenti informazioni: posizione, fotografie, portata, conducibilità elettrica e temperatura delle sorgenti (grazie anche agli strumenti forniti dal CAI). Inoltre, il progetto si sta già impegnando in numerose attività di disseminazione sia in eventi pubblici che con enti scolastici al fine di perseguire l’obiettivo della sensibilizzazione. Verrà quindi presentata la struttura del progetto, il database e le attività di disseminazione. Inoltre, verranno presentati i dati finora raccolti e le caratterizzazioni idrogeologiche che è stato possibile formulare in merito alle sorgenti monitorate. Infine, questa presentazione vuole essere un invito a conoscere il progetto e potenzialmente favorire la nascita di collaborazioni per attività di ricerca sulle tematiche legate alle sorgenti ed alle risorse idriche, che il progetto “Acqua Sorgente” vuole e può supportare.

PAOLO PANTINI, MARCO ISAIA

Comprendere e studiare la diversità dei ragni in Italia

Dal 2019 un nuovo strumento on line permette di comprendere e studiare la diversità dei ragni in Italia. Il catalogo on line dei ragni italiani (www.araneae.it) sintetizza quanto pubblicato su riviste scientifiche dal 1868 ad oggi. Da poche centinaia di specie segnalate nel primo inventario del 1868, a circa 1500 elencate nella check-list promossa dal Ministero dell’Ambiente del 1995 alle 1717 specie, riferibili a 53 famiglie e 444 generi, segnalate nel catalogo on line grazie all’analisi di 1289 riferimenti bibliografici. L’araneofauna cambia, così come cambiano nel tempo gli strumenti di indagine, le risorse e le finalità delle ricerche sul territorio. Ogni anno nuovi dati faunistici vengono pubblicati, specie nuove vengono descritte, altre sono segnalate per la prima volta nel nostro Paese e altre ancora vanno in sinonimia e solo un attento lavoro di aggiornamento e revisione periodica consente di mantenere aggiornate le conoscenze. L’analisi dei dati contenuti permette di valutare come cambia la biodiversità. Da quest’anno il catalogo è stato ulteriormente arricchito con mappe di distribuzione che consentono rapidamente di visualizzare la distribuzione sul territorio italiano delle singole specie. Valutiamo infine quale può essere il contributo di altri strumenti a disposizione in rete (per esempio, iNaturalist e GBIF), per la conoscenza della biodiversità dei ragni nel nostro Paese.

LORENZO PERUZZI, DAVID DOLCI, PAOLA DE GIORGI, ANTONIO
GIACÒ, ALESSANDRO CHIARUCCI

**Una possibile causa climatica per la scomparsa delle popolazioni
periferiche di *Santolina etrusca* (Asteraceae), specie endemica italiana
a rischio di estinzione**

Il ruolo del cambiamento climatico con causa diretta di estinzioni locali è stato testato raramente usando dati primari di biodiversità, per la scarsa disponibilità di questo tipo di dati in numerose specie, soprattutto relativamente alla distribuzione pregressa. *Santolina etrusca* (Asteraceae), un arbusto endemico italiano considerato quasi a rischio (Near Threatened) a livello globale secondo il protocollo IUCN, è un caso di studio peculiare, nel quale sono ben conosciute sia la distribuzione pregressa sia quella attuale. In questo lavoro abbiamo documentato i cambiamenti distributivi avvenuti in questa specie, mettendo in evidenza l'estinzione locale - avvenuta durante il ventesimo secolo - delle popolazioni collocate agli estremi settentrionali e meridionali dell'areale pregresso. L'analisi delle condizioni ecologiche dei siti di presenza storici e attuali ha permesso di indentificare alcuni agenti climatici significativamente correlati con la contrazione dell'areale. Questa ricerca dimostra empiricamente il ruolo giocato dal cambiamento climatico nel causare estinzioni locali in specie vegetali e identifica la stagionalità e la variazione annuale delle temperature, nonché la continentalità, come principali agenti del cambiamento distributivo.

ELISA PROIETTI, PAOLA FORTINI, LEONARDO FILESI, LORENZO ANTONINO GIANGUZZI, GIOVANNI SPAMPINATO, ROMEO DI PIETRO

Nuclear genetic diversity and differentiation across Italian populations of the *Quercus petraea* complex

Deciduous oaks (white oaks) give rise to the most widespread forest type in the Italian Peninsula. These oaks substantially belong to the following four species complexes: *Quercus frainetto*, *Q. petraea*, *Q. pubescens*, and *Q. robur*. The genetic structure and diversity of sixteen natural populations of *Quercus petraea* s.l. from central and southern Europe were investigated on the basis of twelve nuclear microsatellite markers. Nine oak populations have been collected throughout the Italian Peninsula. These populations are the object of this study. The local floristic and vegetation literature classifies the dominant species of the populations investigated in the following taxa: *Quercus petraea* subsp. *petraea* (throughout the Peninsula), *Q. petraea* subsp. *austrotyrrhenica* (Sicily and Calabria), and *Q. dalechampii* (northern Italy). Some populations of *Q. pubescens* and *Q. robur* were included in the sampling design to delve into the differences within the *Q. petraea* group. The genetic diversity and differentiation within and among populations were assessed by means of the mean number of alleles, the number of private alleles, the allelic richness, the observed and expected heterozygosity, and the Wright's indices (FIS and FST). The genetic structure was assessed through a Bayesian clustering method and a UPGMA rooted phylogenetic tree based on the Nei's minimum genetic distance was also built. In order to examine the genetic relationships among populations and among taxa and to evaluate the geometric distances between the genotypes, PCoA, PCA, and DAPC were carried out. Focusing on the populations of the *Q. petraea* complex, uniform values of genetic diversity were documented. Most of the populations showed higher values of observed heterozygosity than expected heterozygosity, resulting in positive FIS values. The highest value of allelic richness was found in a population from central Italy, while the lowest one in northern Italy. Overall, the three major species groups (*Q. petraea*, *Q. pubescens*, and *Q. robur*) appeared genetically well differentiated to each other. Five major genetic groups were detected on the basis of the Delta K test. Two of them were almost exclusively composed of the *Q. robur* and *Q. pubescens* populations respectively, and the three remaining clusters were found to be related to *Q. petraea*. The three different genotypes emerging from the samples of *Q. petraea* s.l. was found to be more distinguishable on the basis of biogeography than on the current taxonomic knowledge. Accordingly, the genetic analyses of this study support only partially the taxonomic value of some taxa belonging to the *Q. petraea* complex documented in literature and accepted in some local floras and checklists.

LUCA PUGLISI, EMILIANO ARCAMONE, LORENZO VANNI

Le dinamiche dell'avifauna toscana raccontate da banche dati articolate: il secondo atlante ornitologico toscano

In Toscana è possibile osservare oltre 400 specie di uccelli con differenti comportamenti migratorio e sociale. Raccogliere informazioni sulla loro distribuzione e consistenza richiede pertanto una molteplicità di approcci metodologici che si riflettono a loro volta in dati con struttura almeno in parte differente. Il Centro Ornitologico Toscano opera dal 1984 con svariati programmi di ricerca e monitoraggio che hanno permesso la costituzione di una banca dati complessa, strutturata in archivi in parte differenti. Nel 2003 il COT si è dotato di un proprio software, Cronaca, grazie al quale i soci potevano raccogliere in un archivio centralizzato le osservazioni spontaneamente svolte mentre dal 2009 ha sostenuto insieme ad altre associazioni ornitologiche italiane il lancio di Ornitho.it – attualmente la principale piattaforma italiana di *Citizen Science* in ambito faunistico – mediante la quale è stato possibile coinvolgere migliaia di cittadini nella raccolta di dati ornitologici. Con questi strumenti negli anni 2010-16 è stato realizzato un progetto atlante per mappare la distribuzione in periodo riproduttivo e invernale (dicembre-gennaio) di tutte le specie di uccelli presenti nel territorio regionale e nazionale. I dati raccolti sono stati impiegati per produrre la seconda edizione dell'atlante degli uccelli nidificanti in Italia (2022) e sono confluiti nel secondo atlante degli uccelli nidificanti in Europa (2020). A scala regionale, grazie alla disponibilità di una banca dati più articolata, è stato possibile produrre la seconda edizione dell'atlante degli uccelli nidificanti e svernanti (2023) che tratta della presenza in Toscana di 371 specie in queste due fasi biologiche, riportando accanto alle classiche mappe di distribuzione qualitativa secondo la griglia UTM 10 x 10 km, mappe quantitative e grafici altitudinali, modelli distributivi, grafici di tendenza della popolazione e altre informazioni. Il confronto con le mappe distributive ottenute nel primo atlante regionale (1986-92) e i dati di consistenza assoluta o relativa acquisiti negli anni hanno permesso di definire lo stato delle popolazioni ornitiche nidificanti e svernanti in Toscana. Alcuni gruppi ecologici o funzionali, come gli uccelli acquatici, quelli forestali o i rapaci, fanno registrare andamenti di lungo periodo positivi, in molti casi però stabilizzatisi in anni recenti, altri gruppi, come gli uccelli degli agroecosistemi o quelli di canneto, fanno spesso registrare andamenti negativi. Una valutazione dei cambiamenti registrati a livello ambientale e sociale negli ultimi decenni indica nella maggior tutela e nell'incremento del patrimonio boschivo i principali fattori che hanno concorso a determinare gli andamenti positivi registrati mentre quelli negativi appaiono riconducibili all'intensificazione delle pratiche agricole e allo scadimento delle condizioni ecologiche nei principali complessi palustri.

LORENZO ROOK, ANDREA FAGGI, SAVERIO BARTOLINI-LUCENTI

Geological evolution and (paleo)biogeography through time: The case-history of southern Tuscany as revealed by the Baccinello-Cinigiano geo-paleontological record

The link between Geodiversity and Biodiversity is nowadays object of much attention in conservation and, in turn, Geoconservation deserves growing interest within the Geoheritage community. Reading and interpreting the present-day geodiversity and biodiversity has a stronger basis if implemented throughout the palaeobiological and geological approach of the “through (deep) time” eyes, typical of Earth scientist. Here is presented the case study of the Baccinello-Cinigiano basin (BCB; the longest continuous vertebrate-bearing continental succession in the Italian Neogene) where the geological history closely tracks the changes in environment and biodiversity occurred during the 9-6 Ma interval. The geological history of the BCB documents the existence of a unique fauna during the older phases, characterized by vertebrates with manifestly endemic features and extremely low diversity. Along the 3 myr geological and evolutionary history of the BCB the total extinction of this older endemic a low-diversity fauna is documented, followed by its complete replacement by a high-diverse continental fauna forerunner of the present-day biodiversity. The geological evolution and the palaeontological record, as documented along the BCB sedimentary succession, attest that the regional tectonism that affected the northern circum-Tyrrhenian areas in latest Miocene times is the geological base for setting of modern biodiversity.

LEONARDO ROSATI, MATIA MARTIN AZZELLA, LAURA CANCELLIERI,
FABIO FILIPPELLI, GOFFREDO FILIBECK

Cinque anni di cambiamenti (in meglio) della diversità floristica nel Lago di Barrea (Parco Nazionale d’Abruzzo, Lazio e Molise)

La vegetazione idrofita dei bacini idroelettrici – che costituiscono la maggior parte delle superfici lacustri nella regione biogeografica mediterranea – è generalmente ritenuta povera di specie o assente; gli studi dettagliati sono però rari. Nel 2020 abbiamo iniziato pertanto il rilevamento della vegetazione bentonica di alcuni laghi artificiali appenninici. Il Lago di Barrea, nel Parco Nazionale d’Abruzzo Lazio e Molise, alla quota di 970 m, copre circa 200 ha con una profondità massima di circa 30 m; la diga fu costruita nel 1951. Nonostante ricada in un’importante area protetta e sia designato come Zona Ramsar, non ne era mai stata studiata la vegetazione sommersa. Nel 2020 il nostro rilevamento ha riscontrato caratteristiche inattese per un lago artificiale: a) elevata diversità di macrofite; b) articolazione in differenti fasce di vegetazione sommersa; c) ampie superfici di praterie sommerse a Characeae, tipiche dell’Habitat di Interesse Comunitario 3140. È da notare come alcune macrofite del L. di Barrea fossero nel 2020 chiaramente visibili anche da riva, mentre non comparivano in nessuno degli elenchi floristici del Parco compilati tra il 1953 e il 2015 (ad es. *Potamogeton perfoliatus* e *P. nodosus*), facendo ipotizzare che il loro sviluppo sia piuttosto recente. Dal 2020 al 2024 abbiamo ripetuto annualmente il rilevamento di questo Lago, riscontrando un incremento della ricchezza di macrofite, delle superfici coperte da esse e della complessità dell’articolazione delle fitocenosi. Ad esempio, dalle 7 specie totali di macrofite osservate nel 2020 si è passati a 13 nel 2023; le Characeae sono passate da una specie nel 2020 a tre nel 2023; fra le Angiosperme, *Potamogeton crispus* è stata osservata nel Lago per la prima volta nel 2022, e già nel 2024 copriva estese superfici. Notevole anche l’assenza di specie aliene, una delle più gravi fonti di degrado dei bacini lacustri italiani. L’incremento di diversità floristica e copertura delle fitocenosi dal 2020 al 2024 sembra, quindi, supportare la nostra ipotesi iniziale che molte specie e comunità acquatiche del Lago di Barrea siano di recente insediamento. Le cause non sono ancora chiare, ma potrebbero essere dovute ad un protocollo stipulato nel 2017 fra l’Ente Parco e il gestore idroelettrico, che ha limitato a 7 m la differenza fra quota massima e minima, e soprattutto ha stabilito che il livello venga mantenuto alla quota massima per tutto il periodo estivo. La peculiarità del Lago di Barrea risulta evidente dal confronto con altri bacini in studio nell’Appennino Centrale (artificiali o naturali) che, seppur in un quadro variegato, mostrano ad esempio una totale assenza di macrofite (Lago del Salto, L. di Castel S. Vincenzo), bassi livelli di biodiversità (L. del Turano) oppure una tendenza diacronica negativa della vegetazione sommersa (L. di Scanno).

Come cambia la biodiversità in Italia. Strumenti, Banche Dati, Citizen Science

Programma dei lavori e Riassunti delle Comunicazioni

FABRIZIO STEFANI, STEFANO MAMMOLA, LEONARDO ANCILLOTTO,
ERNESTO AZZURRO, GEROLAMA BIONDO, LUCIA BONGIORNI, LUCA
BRACCHETTI, MATTIA BRAMBILLA, FEDERICO CALÌ, ALESSANDRO
CHIARUCCI, FABIO CIANFERONI, PAOLO COLANGELO, MANUELA
D'AMEN, TIZIANA DI LORENZO, PAOLO DOMENICI, EMANUELA
FANELLI, CARMELO FRUCIANO, ADRIANA GIANGRANDE, MAURO
GOBBI, CINZIA GRAVILI, ANGELINA LO GIUDICE, FLAVIO MONTI,
MICHELANGELO MORGANTI, EMILIANO MORI, PAOLA POLLEGIONI,
ILARIA ROSATI, DAVIDE SOGLIANI, BARBARA VALLE, DIEGO
FONTANETO

**Unveiling the main trends of change for the Italian biodiversity: a
systematic review approach**

Amidst a global biodiversity crisis, it is essential to rapidly implement bold conservation actions at both regional and global scales. For conservation action to be effective, we need first to map biodiversity trends in space and time. However, our understanding of global biodiversity patterns is far from complete, as responses of communities and ecosystems to natural drivers and anthropogenic stressors are commonly idiosyncratic with respect to taxonomic groups, geographical regions, and time span. It follows that patterns of biodiversity change – whether decrease, increase, or shifts – are hardly predictable and strongly dependent on the scale of surveys. This challenge is particularly germane to biodiversity hotspots, such as the Mediterranean basin, where many endemic taxa are present, with peculiar functional traits, whose role in ecosystem functioning are largely undisclosed. Indeed, description of trends for biodiversity hotspots are commonly biased towards few, often more charismatic, taxonomic groups, or specific geographic areas and habitats. Moreover, a presumably large amount of biodiversity data is currently available only as “grey literature”, which is notoriously hardly discoverable. To fill this gap, we are carrying out a systematic review aimed at compiling available published data on biodiversity trends (last 100 years) across different taxonomic groups, ecoregions, and realms (freshwater, marine, and terrestrial ecosystems) of the Italian peninsula – one of the most biodiverse area in Europe and a representative portion of the Mediterranean basin. Moreover, the role of main drivers, such as climate or land use change, or exotic species, is being investigated. More specifically, we asked the following questions: a) Are there significantly congruent trends in biodiversity changes within and between the main taxonomic groups? b) Which are the realms and ecoregions that are changing the most in their biodiversity? To retrieve relevant literature, we combined standardized searches in the main literature databases (Web of Science, Scopus, Google Scholar) with unstandardized sampling of “grey literature” performed by a panel of experts covering most of the taxonomic groups of the Italian peninsula. Here, the preliminary results of the literature search will be presented and discussed.

Come cambia la biodiversità in Italia. Strumenti, Banche Dati, Citizen Science

Programma dei lavori e Riassunti delle Comunicazioni

ALESSIO USAI, FEDERICA DI LAURO, BRUNO DOVERE, FRANCESCA ELICIO, MARINA GUGLIELMI, GABRIELE DE FILIPPO

Integrated approach for biodiversity long-term monitoring in the Domitian coast protected area system (Campania, Southern Italy)

Domitian coast, located along the Volturno River Plain (provinces of Caserta and Naples), features high environmental heterogeneity and significant anthropogenic impact. The few remaining natural habitats are included in the protected area system of Natura2000 sites and the Regional Natural Reserve "Foce Volturno-Costa di Licola," which preserves natural and artificial wetlands, dunes, mediterranean forest, including localities Variconi, Soglitelle, Regi Lagni Mouth, and Patria Lake. Naturalistic interest in these areas dates back to the 1980s but gained new momentum with the creation, in 2014, of the SMFVS - Wildlife Monitoring Station "I Variconi" and "Le Soglitelle," a public-private partnership between the Protected Area Management Authority and the Institute for Wildlife Management (IGF). This continuous biodiversity monitoring model focuses on bird populations but extends to other animal and plant groups characterizing the biocenosis. Activities are carried out by IGF researchers supported by university students and interns, volunteers, and citizens involved in *Citizen Science* initiatives. Core activity is the ringing station which operates under the national project MonITRing coordinated by CNI-ISPRA, located in Soglitelle wetland, area created for illegal hunting purposes (and still at high risk of poaching) and now included in the system of protected areas, in the management of which LIPU ODV collaborates. Ornithological communities are studied year-round, as they are key ecological indicators reflecting the impact of anthropogenic activities and environmental crimes (see Terra dei Fuochi). Monitoring activities showed change in bird's community, by protection effect, with arrival of new species in breeding and in increasing trends, such as *Recurvirostra avosetta* and *Tadorna tadorna*, and in wintering, such as *Himantopus himantopus* related to climate change. Starting by birds, the SMFVS monitors all animal diversity through targeted projects and collaborates with Vanvitelli and Federico II Universities for flora studies. Research of Odonata has enriched regional knowledge, with first-time records of *Sehysiothemis nigra*, *Brachytron pratense* and *Orthetrum trinacria* in the Reserve, the latter reported by a citizen-scientist. Invasive alien species are another focus, showing alarming growth, such as *Threskiornis aethiopicus*, *Callinectes sapidus*, *Procambarus clarkii* and *Cotula coronopifolia*. SMFVS social media channels support the research results dissemination and engage the public in data collection. In 2023, SMFVS launched a biodiversity monitoring project on the iNaturalist platform, allowing citizens to contribute with reports and photos for species analysis and ecological emergencies. Bird sightings are constantly uploaded on eBird platform and act as an attractor for birdwatchers. This integrated approach has enabled tracking population trends and identifying the most effective conservation strategies, ensuring adequate public sharing.

BARBARA VALLE, CLAUDIO CUCINI, FRANCESCO NARDI, ROBERTO AMBROSINI, SARA BOSCHI, JAKUB BUDA, GENTILE FRANCESCO FICETOLA, FRANCESCO FRATI, L'UBOMIRKOVAČ, SILVIO MARTA, RICCARDO SCOTTI, VIRGINIA TOSCANO RIVALTA, ANAIS ZIMMER, MAURO GOBBI, MARCO CACCIANIGA

Glacier fleas (Collembola) of European Alps and Apennines: the first insights on taxonomy, ecology and biogeography of glacial indicator

Springtails are edaphic arthropods particularly linked to glacial habitat and to cold biomes in general; they are the only group, among Alpine arthropods, including cryophilic ice-dwelling species, i.e. adapted to survive only in direct contact to the glacial ice: the so called “glacier fleas”. Springtails are key components of glacier food webs, feeding on glacial biofilm and inblown organic material and serving as prey of numerous predator. Their evolutionary history is strictly linked to the glacial history, and they represent an important portion of biodiversity at risk of disappearing with the ongoing climate change and subsequent glacier disappearance. Despite their relevance, springtail diversity and distribution in the European Alps and Apennines have been few considered until now and, due to the lack of information, their diversity is underestimated hindering conservation efforts. Thank to five years of sampling on European Alp and Apennines glaciers, the first comprehensive description of ice-dwelling springtails of these massifs through integrative taxonomy approach was presented, in order to give a first overview also of phylogeny, ecology and potentiality as biogeographic indicators of ice-dwelling cryophilic springtails. In particular, morphological identification was supported by the use of two mitochondrial gene, *cox1* and *16s*. Five new species were identified and described on the Alps: *Desoria orobica* sp. nov., *Vertagopus glacialis* sp. nov., *V. psychrophilus* sp. nov., *V. glacieinigrae* sp. nov., *V. fradustaensis* sp. nov., together with the already known *Desoria saltans* and *Vertagopus alpinus*. The evidence for two further new species was also reported, with the first occurrence of *Gnathisotoma bicolor* for the Alpine chain. *D. calderonis* occurs on the only glacier of the Apennines. Among the new species, *V. glacialis* and *V. psychrophilus* exhibit a wide range distribution, while the other species show a narrow endemic distribution. Their current distribution suggests the presence of past refugia in the massifs characterized by higher glaciation that should be considered the hub of future conservation project of glacial biodiversity. On the other on the peripheral areas, microendemic species are present on single, isolated glaciers. The study highlighted the unexplored diversity of Alpine “glacier fleas” and their ecological and biogeographic interest, together with the conservation concern in the context of the present warming cycle.

MARCO VALLE, OMAR LODOVICI

La conoscenza dei Tricotteri in Italia: dalle collezioni storiche ai sequenziatori

I Tricotteri sono un ordine di insetti che popola le acque interne mostrando una grande specializzazione verso questi ambienti. Essi sono in grado di colonizzare una grande varietà di habitat dai laghi salmastri fino alle fredde fonti a quote elevate. Un patrimonio naturale di grande valore del quale vengono delineate le peculiarità e le fragilità. Per comprendere i cambiamenti della biodiversità è quindi fondamentale prestare innanzitutto attenzione alle fonti, in primo luogo alle fonti storiche ossia le collezioni conservate nei musei. In verità questo gruppo tassonomico, salvo poche eccezioni, non ha riscosso molta attenzione da parte di entomologi italiani e sono pochi i musei che conservano collezioni storiche rappresentative del gruppo. È stato per noi di grande interesse poter consultare alcune di queste raccolte: la collezione giovanile del Professor Moretti, quella del museo di Storia Naturale di Genova e del Museo di Trento. L'esame di tale materiale ha consentito di valutare la scomparsa o rarefazione di alcune specie in vaste aree territoriali o correggere attribuzioni specifiche fatte in passato alla luce delle nuove conoscenze e a all'uso di strumentazioni di indagine più efficienti. L'analisi delle collezioni storiche e di quelle di più recente istituzione mostra anche il mutamento dei metodi di conservazione e di campionamento di questi insetti con il conseguente incremento delle conoscenze, anche grazie all'introduzione delle analisi molecolari che offrono nuovi spunti di approfondimento. Sebbene si tratti di uno strumento essenziale per lo studio della biodiversità, le librerie di riferimento per la tricotterofauna italiana ad oggi comprendono solo 121 specie, di queste solo 16 sono endemiche, impedendo a questo strumento di raggiungere il suo pieno potenziale. Una recente fonte di conoscenza è rappresentata dalle piattaforme di *Citizen Science*, che tuttavia per i tricotteri risulta essere poco funzionale in quanto le immagini presenti solo in rari casi, e per poche specie, ha mostrato elementi diagnostici utili ai fini del riconoscimento. L'analisi di oltre 600 lavori che riportano dati su questi insetti nel nostro Paese, a partire da 1816 ad oggi, consente di tracciare un quadro della fauna tricotterologica caratterizzata dalla presenza di oltre 400 specie delle quali circa un quarto endemiche. Negli ultimi anni si è assistito ad un incremento delle specie endemiche descritte anche se i caratteri diagnostici considerati lasciano forti dubbi sulla validità delle stesse, questo rende sempre più attuale la necessità di un continuo aggiornamento delle conoscenze che tengano conto di tutti gli elementi disponibili.

DANIELE VELA, ANTONIO PICA, SERGIO BUONO, MASSIMILIANO
REMPICCI, SARA MAGRINI

La distribuzione delle Orchidaceae nel SIC "Boschi mesofili di Allumiere": materiali per un atlante orchidologico

I Monti della Tolfa sono un massiccio collinare dell'antiappennino laziale che delimita a ovest la Campagna Romana subcostiera, e che si distingue per la sua ricchezza forestale in un'area, quella del litorale tirrenico, intensamente sfruttata. La presenza di vaste aree boschive ben conservate è sorprendente in un territorio fortemente antropizzato. Il comprensorio annovera una flora orchidologica di 33 taxa tra specie e sottospecie appartenenti a 12 generi, censita a partire dal 1977 fino al 2014. I lavori pregressi non riportano dati sulla distribuzione delle specie e si limitano a semplici check-list per l'areale. Inoltre, i recenti aggiornamenti tassonomici nonché la descrizione di nuove specie rendono necessarie ulteriori ricerche. L'obiettivo del lavoro è di ampliare la conoscenza delle Orchidaceae dei Monti della Tolfa, partendo da una prima area di notevole importanza conservazionistica ma di dimensioni contenute. Questo approccio vede l'applicazione di una metodologia d'indagine sistematica in grado di quantificare la distribuzione e l'abbondanza delle specie. L'area scelta è il SIC IT6030003 "Boschi mesofili di Allumiere", che presenta caratteristiche fitogeografiche rilevanti, come la presenza delle faggete definite "deprese", perché notevolmente al di sotto della tipica fascia altimetrica occupata. La ricchezza di ambienti differenti e la grande eterogeneità lo rendono un sito potenzialmente idoneo ad ospitare numerose specie di orchidee. Il sito, con una superficie di circa 628 ha, è stato suddiviso in 42 quadranti di area 0,25 km², costruiti sul reticolato UTM. La ricerca in campo si è avvalsa di nuovi strumenti di raccolta e stoccaggio dati (Mergin Maps e QGIS). Il coinvolgimento delle comunità locali ha permesso inoltre di ottenere dati anche nelle aree private di difficile esplorazione. I risultati preliminari evidenziano come il territorio del SIC appaia ancora poco esplorato dal punto di vista orchidologico. Le specie censite sono 21, pari al 64% di quelle presenti nei Monti della Tolfa. Alcune sono di particolare interesse: è il caso di *Neotinea maculata* (Desf.) Stearn, specie steno-mediterranea poco appariscente, della quale sono state rinvenute nuove popolazioni che si aggiungono alla prima segnalazione nel SIC del 2020, ovvero la prima per il comprensorio dei Monti della Tolfa. Risultati interessanti provengono dall'indagine di alcuni quadranti: è il caso delle cave di caolino, abbandonate da decenni. L'abbondanza di specie in queste aree risulta inaspettatamente alta. La colonizzazione delle Orchidaceae in questi ambienti andrebbe ulteriormente approfondita. Lo studio rappresenta un primo tassello per la conoscenza di un territorio molto più ampio e costituisce la base per la costruzione di un database spaziale aggiornabile da utilizzare come strumento gestionale. Il coinvolgimento attivo della cittadinanza potrà garantire una conservazione più oculata delle orchidee e dei loro habitat.

Elenco alfabetico degli autori e affiliazioni

- ADAMO Martino - Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi, Università di Torino
- AGRILLO Emiliano - Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale (ISPRA), Roma
- ALESSANDRINI Viola - Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Agroambientali, Università di Pisa
- ALESSI Nicola - Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale, Roma
- AMBROSINI Roberto – Dipartimento di Scienze e Politiche ambientali, Università di Milano
- ANCILOTTO Leonardo - Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi Terrestri IRET, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Sesto Fiorentino (Firenze)
- ANDREETTA Anna - Dipartimento di Scienze Chimiche e Geologiche, Università di Cagliari
- ANGELINI Pierangela - Istituto per la Protezione e la Ricerca Ambientale (ISPRA), Roma
- ANGELINI Pierangela - Istituto Superiore di Ricerca e Protezione Ambientale (ISPRA), Roma
- ARCAMONE Emiliano - Centro Ornitologico Toscano “Paolo Savi” ETS, Livorno
- ARDUINI Iduna - Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Agroambientali, Università di Pisa
- AUDISIO Paolo - Dipartimento di Biologia e Biotecnologie “Charles Darwin”, Sapienza Università di Roma
- AZZELLA Mattia Martin - Dipartimento di Pianificazione, Design e Tecnologia dell'Architettura, Sapienza Università di Roma
- AZZURRO Ernesto - Istituto per le Risorse Biologiche e le Biotecnologie Marine, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Ancona
- BACCHETTA Gianluigi - Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente, Università degli Studi di Cagliari
- BAINI Serena - Dipartimento di Biologia Ambientale, Sapienza Università di Roma
- BALESTRIERI Rosario - Stazione Zoologica Anton Dohrn, Napoli
- BARTOLINI-LUCENTI Saverio - Dipartimento di Scienze della Terra, Università di Firenze
- BIONDO Gerolama - Istituto per lo studio degli impatti Antropici e Sostenibilità in ambiente marino, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Capo Granitola (Trapani)
- BOLOGNA Marco A. - Dipartimento di Biologia, Università “Roma Tre”, Roma
- BONGIORNI Lucia - Istituto di Scienze Marine, ISMAR, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Venezia
- BORGIOLO Davide - Sistema Informatico di Ateneo, Università di Pisa
- BOSCHI Sara - Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Siena
- BRACCHETTI Luca - Unità Ricerca e Didattica, Università di Camerino, San Benedetto Del Tronto (Ascoli Piceno)
- BRAMBILLA Mattia - Dipartimento di Scienze e Politiche Ambientali, Università di Milano
- BRICCA Alessandro - Facoltà di Scienze Agrarie, Ambientali e Alimentari, Libera Università di Bolzano

Come cambia la biodiversità in Italia. Strumenti, Banche Dati, Citizen Science

Programma dei lavori e Riassunti delle Comunicazioni

- BRUNIALTI Giorgio - TerraData Environmetrics, Spin-Off Company dell'Università di Siena, Monterotondo Marittimo (Grosseto)
- BUDA Jakub - Department of Animal Taxonomy and Ecology, Adam Mickiewicz University, Poznań, Polonia
- BUONO Sergio - Oriolo Romano (Viterbo)
- BUSSOTTI Filippo - Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali, Università di Firenze
- CACCIANIGA Marco - Dipartimento di Bioscienze, Università di Milano
- CALÌ Federico - Istituto per le Risorse Biologiche Marine e le Biotecnologie, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Ancona
- CAMPETELLA Giandiego - Scuola di Bioscienze e Medicina Veterinaria, Università di Camerino
- CAMPIONI Letizia - MARE - Marine and Environmental Sciences Centre/ARNET - Aquatic Research Network, Ispa - Instituto Universitário de Ciências Psicológicas, Sociais e da Vida, Lisboa, Portogallo
- CANCELLIERI Laura - Dipartimento di Scienze Agrarie e Forestali, Università della Tuscia, Viterbo
- CANULLO Roberto - Scuola di Bioscienze e Medicina Veterinaria, Università di Camerino
- CARLI Emanuela - Istituto Superiore di Ricerca e Protezione Ambientale (ISPRA), Roma
- CARNICELLI Stefano - Dipartimento di Scienze della Terra, Università di Firenze
- CASALINO Davide - Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi, Università di Torino
- CASAZZA Gabriele - Dipartimento di Scienze della Terra, dell'Ambiente e della Vita, Università di Genova
- CASELLA Laura - Istituto Superiore di Ricerca e Protezione Ambientale (ISPRA), Roma
- CERVELLINI Marco - Scuola di Bioscienze e Medicina Veterinaria, Università di Camerino
- CHELLI Stefano - Scuola di Bioscienze e Medicina Veterinaria, Università di Camerino
- CHIANUCCI Francesco - Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'analisi dell'economia agraria, Forestry Research Centre (CRA-SEL), Arezzo
- CHIARUCCI Alessandro - Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali, Università di Bologna
- CIANFERONI Fabio - Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi Terrestri, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Firenze
- COCCHI Leonardo - Società Toscana di Scienze Naturali, Pisa
- COLANGELO Paolo - Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi Terrestri, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Montelibretti (Roma)
- CONTI Fabio - Centro Ricerche Floristiche dell'Appennino (Scuola di Bioscienze e Medicina Veterinaria, Università di Camerino-Parco Nazionale del Gran Sasso e Monti della Laga), Barisciano (L'Aquila)
- CUCINI Claudio - Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Siena
- D'AMEN Manuela - Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale, Roma (ISPRA); Istituto per le Risorse Biologiche e la Biotecnologia Marina, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Ancona
- D'ANTRACCOLI Marco - Orto e Museo Botanico, Università di Pisa
- DAPPORTO Leonardo - Dipartimento di Biologia, Università di Firenze
- DE BIASE Alessio - Dipartimento di Biologia e Biotecnologie "Charles Darwin", Sapienza Università di Roma
- DE FILIPPO Gabriele - Istituto di Gestione della Fauna (IGF), Napoli

Come cambia la biodiversità in Italia. Strumenti, Banche Dati, Citizen Science

Programma dei lavori e Riassunti delle Comunicazioni

- DE GIORGI Paola – Dipartimento di Biologia, Università di Pisa
- D'ERCOLE Jacopo - Centre for Biodiversity Genomics, Guelph, Canada
- DI LAURO Federica - Istituto di Gestione della Fauna, Napoli
- DI LORENZO Tiziana - Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi Terrestri, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Sesto Fiorentino, Firenze
- DI PIAZZA Simone - Dipartimento di Scienze della Terra, dell'Ambiente e della Vita, Università di Genova
- DI PIETRO Romeo - Dipartimento di Pianificazione, Design, Tecnologia dell'Architettura, Sapienza Università di Roma
- DINČA Vlad - Ecology and Genetics Research Unit, University of Oulu, Oulu, Finlandia
- DOLCI David - Stabilimento Chimico Farmaceutico Militare, Firenze
- DOMENICI Paolo - Istituto di Biofisica, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Area di Ricerca San Cataldo, Pisa
- DOMINA Gianniantonio - Dipartimento di Scienze Agrari, Alimentari, Forestali, Università di Palermo
- DOVERE Bruno - Associazione Studi Ornitologici Italia Meridionale, San Giorgio a Cremano, Napoli
- ELICIO Francesca - Istituto di Gestione della Fauna, Napoli
- FAČKOVCOVÁ Zuzana - Plant Science and Biodiversity Centre, Slovak Academy of Sciences, Bratislava, Slovakia
- FAGGI Andrea - Dipartimento di Scienze della Terra, Università di Firenze
- FANELLI Emanuela - Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente, Università Politecnica delle Marche, Ancona
- FICETOLA Gentile Francesco - Dipartimento di Scienze e Politiche Ambientali, Università di Milano
- FILESI Leonardo - Università IUAV, Venezia
- FILIBECK Goffredo - Dipartimento di Scienze Agrarie e Forestali, Università della Tuscia, Viterbo
- FILIPPELLI Fabio - Dipartimento di Scienze Agrarie e Forestali, Università della Tuscia, Viterbo
- FIOR Simone - Department of Environmental Systems Science, ETH Zurich, Svizzera
- FONTANA Paolo - Fondazione Edmund Mach di San Michele all'Adige - Centro Trasferimento Tecnologico, Trento
- FONTANETO Diego - Istituto di Ricerca sulle Acque, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Pallanza (Verbania)
- FORTE Francesco - Dipartimento di Scienze, Università di "Roma Tre", Roma
- FORTI Gianluca – Museo del Fiore, Torre Alfina, Viterbo
- FORTINI Paola – Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università del Molise, Termoli, Campobasso
- FRANCIONI Maura - Dipartimento di Scienze Ambientali, Università di Camerino
- FRANZONI Jacopo - Dipartimento di Biologia, Università di Pisa
- FRATI Francesco - Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Siena
- FRATI Luisa - TerraData Environmetrics, Spin-Off Company dell'Università di Siena, Monterotondo Marittimo (Grosseto)
- FREDA Fabrizio - Dipartimento di Scienze, Università di "Roma Tre", Roma
- FRUCIANO Carmelo - Istituto per le Risorse Biologiche Marine e la Biotecnologia, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Messina
- GARCIA-BERRO Aurora - Institut Botànic de Barcelona (iBB, cSic- cMcnB), Barcellona, Spagna

Come cambia la biodiversità in Italia. Strumenti, Banche Dati, Citizen Science

Programma dei lavori e Riassunti delle Comunicazioni

- GARDINI Pietro - Dipartimento di Biologia e Biotecnologie “Charles Darwin”, Sapienza Università di Roma
- GENTILE Ambra - Dipartimento di Scienze della Terra, dell’Ambiente e della Vita, Università di Genova
- GIACÒ Antonio – Dipartimento di Biologia, Università di Pisa
- GIACOBBE Salvatore - Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche e Ambientali, Università di Messina
- GIANGRANDE Adriana - Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche ed Ambientali, Università del Salento, Lecce
- GIANGUZZI Lorenzo Antonino - Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali, Università di Palermo
- GIORDANI Paolo - Dipartimento di Farmacia, Università di Genova
- GOBBI Mauro - Museo delle Scienze, Trento
- GRAVILI Cinzia - Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche ed Ambientali, Università del Salento, Lecce
- GUERRINA Maria - Dipartimento di Scienze della Terra, dell’Ambiente e della Vita, Università di Genova
- GUGLIELMI Marina - Istituto di Gestione della Fauna, Napoli
- HEBERT Paul D.N. - Centre for Biodiversity Genomics, Guelph, Canada
- ISAIA Marco - Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi, Università di Torino
- KOVAČ Lubomir - Institute of Biology and Ecology, Faculty of Science, P. J. Šafárik University, Košice, Slovakia
- LECCE Antonio - Regione Lazio, Riserva Naturale Regionale “Lago di Posta Fibreno”, Posta Fibreno (Frosinone)
- LETARDI Agostino - ENEA, Via Anguillarese 301, Roma
- LO GIUDICE Angelina - Istituto di Scienze Polari, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Messina
- LODOVICI Omar - Museo Civico di Scienze Naturali “E. Caffi”, Bergamo
- LUCCHESI Fernando - Dipartimento di Biologia, Università “Roma Tre”, Roma
- MAGRINI Sara - Dipartimento di Scienze Ecologiche e Biologiche, Università della Tuscia, Viterbo
- MAMMOLA Stefano - Istituto di Ricerca sulle Acque, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Pallanza (Verbania)
- MANGHISI Antonio - Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche e Ambientali, Università di Messina
- MARCHETTI Giulia - Istituto Superiore di Ricerca e Protezione Ambientale (ISPRA), Roma
- MARCOCCIA Matteo – Alatri, Frosinone
- MARGNELLI Nicola - Cooperativa Sociale Myosotis m.m., Settore Ambiente, c/o Museo Civico di Zoologia di Roma
- MARTA Silvio - Istituto di Geoscienze e Georisorse, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Pisa
- MARTINELLO Fabiano - Dipartimento di Scienze della Terra, dell’Ambiente e della Vita, Università di Genova
- MASSA Bruno - Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali, Università di Palermo
- MENCHE’TTI Mattia - Institut de Biologia Evolutiva (CSIC Universitat Pompeu Fabra), Barcelona, Spagna
- MINELLI Lorenzo - Dipartimento di Scienze, Università di “Roma Tre”, Roma
- MINUTO Luigi - Dipartimento di Scienze della Terra, dell’Ambiente e della Vita, Università di Genova
- MO Alessio - Orto e Museo Botanico, Università di Pisa

Come cambia la biodiversità in Italia. Strumenti, Banche Dati, Citizen Science

Programma dei lavori e Riassunti delle Comunicazioni

- MONDELLO Fabio - Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche e Ambientali, Università di Messina
- MONTI Flavio - Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi Terrestri, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Lecce
- MORABITO Marina - Dipartimento di Scienze chimiche, biologiche, farmaceutiche e ambientali, Università di Messina
- MORGANTI Michelangelo - Istituto di Ricerca sulle Acque, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Brugherio (Monza-Brianza)
- MORI Emiliano - Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi Terrestri, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Sesto Fiorentino (Firenze)
- MUCCIARELLI Marco - Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi, Università di Torino
- NARDI Francesco - Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Siena
- NIGRO Matteo - Club Alpino Italiano, Milano
- ORTEGO Joaquín - Department of Ecology and Evolution, Estación Biológica de Doñana, EBD-CSIC, Seville, Spagna
- PANTINI Paolo - Museo Civico di Scienze Naturali “E. Caffi”, Bergamo
- PEREZ Martina - Istituto Superiore di Ricerca e Protezione Ambientale (ISPRA), Roma
- PERUZZI Lorenzo - Dipartimento di Biologia, Università di Pisa
- PEZZAROSSA Alice - Istituto Superiore di Ricerca e Protezione Ambientale (ISPRA), Roma
- PICA Antonio - Dipartimento di Scienze Ecologiche e Biologiche, Università della Tuscia, Viterbo
- PICCIOLI Alessio - Club Alpino Italiano, Sezione di Pisa
- PICCONI Pietro - Sistema Informatico di Ateneo, Università di Pisa
- PISCHEDDA Angelica - Dipartimento di Scienze della Terra, dell’Ambiente e della Vita, Università di Genova
- PLATANIA Leonardo - Institut Botànic de Barcelona (IBB-CSIC), Barcelona, Spain
- POLLASTRINI Martina - Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali, Università di Firenze
- POLLEGIONI Paola - Istituto di ricerca sugli ecosistemi terrestri, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Porano (Terni)
- PRETTO Francesca - Istituto Superiore di Ricerca e Protezione Ambientale (ISPRA), Roma
- PROIETTI Elisa - Dipartimento di Pianificazione, Design, Tecnologia dell’Architettura, Sapienza Università di Roma
- PUGLISI Luca - Centro Ornitologico Toscano “Paolo Savi” ETS, Livorno
- PULETTI Nicola - Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l’Economia agraria, Centro di ricerca per le Foreste e il Legno (CREA-FL), Arezzo
- REMPICCI Massimiliano - G.I.R.O.S. Sezione “Etruria meridionale”, Sezione “Etruria meridionale”, Oriolo Romano (Viterbo)
- RICCIERI Alessandra - Dipartimento di Biologia, Università di RomaTre, Roma
- ROCCHI Flavio - Cooperativa Sociale Myosotis m.m., Settore Ambiente, c/o Museo Civico di Zoologia di Roma
- ROOK Lorenzo - Dipartimento di Scienze della Terra, Università di Firenze
- ROSATI Ilaria - Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi Terrestri, Unità di Ricerca presso Terzi (URT), Consiglio Nazionale delle Ricerche, Lecce
- ROSATI Leonardo - Dipartimento di Scienze della Salute, Università della Basilicata, Potenza
- RUMA Enzo - Regione Lazio, Riserva Naturale Regionale “Lago di Posta Fibreno”, Posta Fibreno (Frosinone)
- SABATELLI Simone - Dipartimento di Biologia e Biotecnologie “Charles Darwin”, Sapienza Università di Roma

Come cambia la biodiversità in Italia. Strumenti, Banche Dati, Citizen Science

Programma dei lavori e Riassunti delle Comunicazioni

- SCOTTI Riccardo - Servizio Glaciologico Lombardo
- USAI Alessio - Istituto di Gestione della Fauna, Napoli
- SOGLIANI Davide - Dipartimento di Biologia e Biotecnologie, Università di Pavia
- VALLE Barbara - Università di Siena, Centro Nazionale di Biodiversità (NBFC), Siena
- SPAMPINATO Giovanni - Dipartimento di Agraria, Università Mediterranea di Reggio Calabria
- VALLE Marco - Museo Civico di Scienze Naturali “E. Caffi”, Bergamo
- STEFANI Fabrizio - Istituto di Ricerca sulle Acque, CNR, Brugherio (Milano)
- VANNI Lorenzo - Centro Ornitologico Toscano “Paolo Savi” ETS, Livorno
- TAITI Stefano - Istituto di Ricerca sugli Ecosistemi terrestri, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Sesto Fiorentino (Firenze)
- VELA Daniele - Dipartimento di Scienze Ecologiche e Biologiche, Università della Tuscia, Viterbo
- TALAVERA Gerard - Institut Botànic de Barcelona (IBB-CSIC), Barcelona, Spagna
- VILA Roger - Institut de Biologia evolutiva (CSIC Universitat Pompeu Fabra), Barcelona, Spagna
- TOSCANO RIVALTA Virginia - Dipartimento di Scienze della Vita, Università di Siena
- ZIMMER ANAIS - Institut de Recherche pour le Développement (IRD Occitanie), Montferrier-Sur-Lez, Francia
- TRILLO Marina - Estación Biológica de Doñana, EBD-CSIC, Seville, Spagna
- ZOTTI Mirca - Dipartimento di Scienze della Terra, dell'Ambiente e della Vita, Università di Genova
- TUBINO Loris - Dipartimento di Scienze della Terra, dell'Ambiente e della Vita, Università di Genova