

## INDAGINE GENETICA SUI PINI DONESTICI (*Pinus pinea* L.) ALL'INTERNO DEL MONUMENTO NATURALE LA FRASCA



# INDAGINE GENETICA SUI PINI DONESTICI (*Pinus pinea* L.) ALL'INTERNO DEL MONUMENTO NATURALE LA FRASCA

ARSIAL Agenzia Regionale per lo Sviluppo e l'Innovazione dell'Agricoltura del Lazio

Hanno contribuito alla produzione dei dati, alla loro elaborazione e alla stesura della presente relazione: Elia Vajana, Camilla Avanzi, Francesca Bagnoli, Sara Pinosio e Andrea Piotti (Consiglio Nazionale delle Ricerche - Istituto di Bioscienze e BioRisorse di Sesto Fiorentino). Commissionata da ARSIAL al CNR – IBBR all'interno dell' Attività tecnico-scientifica a supporto del progetto “OSSIGENO” della pineta costiera La Frasca (Civitavecchia– Tarquinia).

Supervisione scientifica:

Luca Scarnati – ARSIAL Area Gestione e Valorizzazione del Patrimonio  
Ufficio Valorizzazione Patrimonio Boschivo

[www.arsial.it](http://www.arsial.it) - [l.scarnati@arsial.it](mailto:l.scarnati@arsial.it)

In copertina:

Foto di Luca Scarnati

Pubblicato nel mese di luglio 2025



**REGIONE  
LAZIO**

**ARSIAL**  
Agenzia Regionale  
per lo Sviluppo e l'Innovazione  
dell'Agricoltura del Lazio



**OSSIGENO**  
PIANTIAMO NUOVI ALBERI PER UN LAZIO PIÙ GREEN

**ibbr**  
CNR - IBBR  
Istituto di Bioscienze e BioRisorse

Per determinare l'origine e la diversità genetica del pino domestico (*Pinus pinea* L.) che vegeta nella pineta costiera La Frasca (Civitavecchia – Tarquinia) sono stati caratterizzati geneticamente 20 alberi campionati in loco (**Figura 1**). L'estrazione del DNA è stata condotta presso il laboratorio di Ecologia Molecolare del CNR-IBBR di Firenze mentre la genotipizzazione è avvenuta presso la ditta esterna Thermo Fisher (Santa Clara, CA) utilizzando l'*array* multispecie *4TREE Axiom* (Guilbaud *et al.* 2020; Archambeau *et al.* 2023) sviluppato nell'ambito del progetto *H2020 B4EST* finanziato dall'Unione Europea. Tale *array* permette la caratterizzazione in *P. pinea*, una specie caratterizzata da scarsissima diversità genetica (Vendramin *et al.* 2008; Jaramillo-Correa *et al.* 2020), di 5671 marcatori molecolari SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*).



Figura 1 – Mappa dei 20 individui campionati nella pineta costiera La Frasca

Oltre ai 20 individui provenienti dalla pineta costiera La Frasca, 213 individui di 12 popolazioni naturali provenienti dall'intero areale italiano della specie (**Figura 2**) sono stati caratterizzati con lo stesso *set* di marcatori. Tali individui sono stati usati come *dataset* di riferimento per determinare l'origine genetica dei pini domestici della pineta costiera La Frasca, e le sue relazioni filogeografiche con le popolazioni italiane di pino domestico. Per questo scopo è stata utilizzata un'analisi di *clustering* condotta con il *software* sNMF (Frichot *et al.* 2014). Tale *software* analizza un *set* di genotipi individuali e cerca di assegnarli ad un numero ottimale di gruppi genetici ( $K$ ), fornendo la probabilità di ogni individuo (o popolazione) di appartenere a ciascuno di essi. I valori più rappresentativi di  $K$  sono stati scelti sulla base del criterio della minimizzazione del parametro *cross-entropy*.

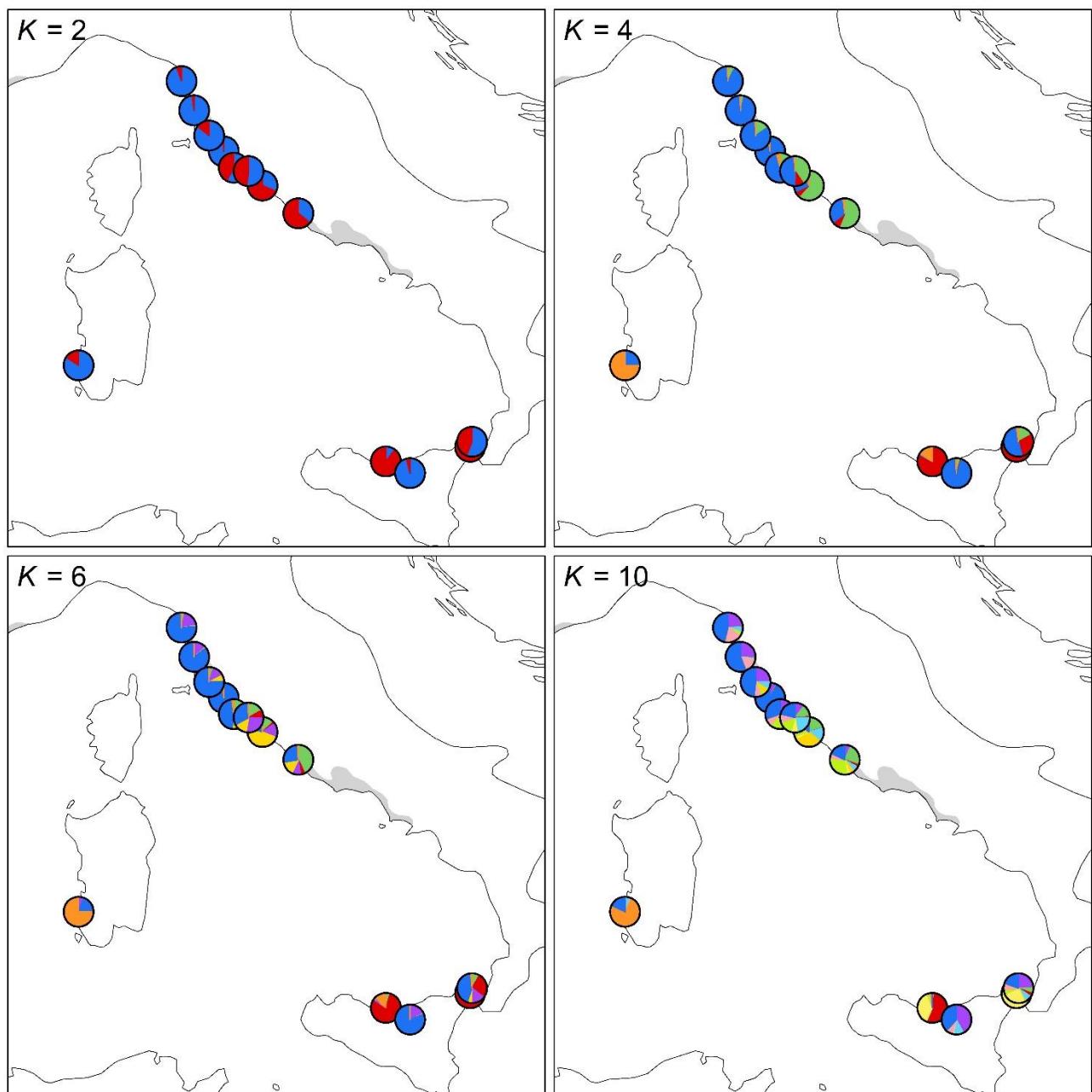


Figura 2 – Mappa delle popolazioni utilizzate per ricostruire l'origine dei pini domestici della pineta costiera La Frasca.

Ogni popolazione viene rappresentata da un grafico a torta che riassume l'assegnazione degli individui analizzati a diversi gruppi genetici, raffigurati con diversi colori.

Il numero di gruppi genetici più rilevante in cui sembrano suddivise le popolazioni italiane è K=2, in cui si dividono nettamente le popolazioni del nord della Toscana (colore blu in Figura 2) da quelle siciliane (colore rosso). Le popolazioni laziali e grossetane sembrerebbero rappresentare una zona di transizione tra questi due gruppi principali. A K=4 (e nei raggruppamenti crescenti successivi) emerge una sotto-strutturazione di questa struttura principale, con una peculiarità emergente delle popolazioni laziali e grossetane, rappresentate dal colore verde a K=4.

Interessante notare che nei livelli di strutturazione successiva (K=6 e K=10) emerge, per La Frasca, un colore peculiare, scarsamente presente anche nelle popolazioni geograficamente più vicine al nucleo, corrispondente al giallo ocra in Figura 2. Questa componente genetica peculiare della pineta costiera La Frasca è dovuta unicamente agli individui presenti in uno dei due sotto-nuclei in cui è suddivisa la popolazione, ben visibili in **Figura 3**. In particolare, tale componente genetica è presente nella parte settentrionale della pineta, mentre quella meridionale sembra maggiormente caratterizzata da un mix di origine diversa del materiale utilizzato per l'impianto.

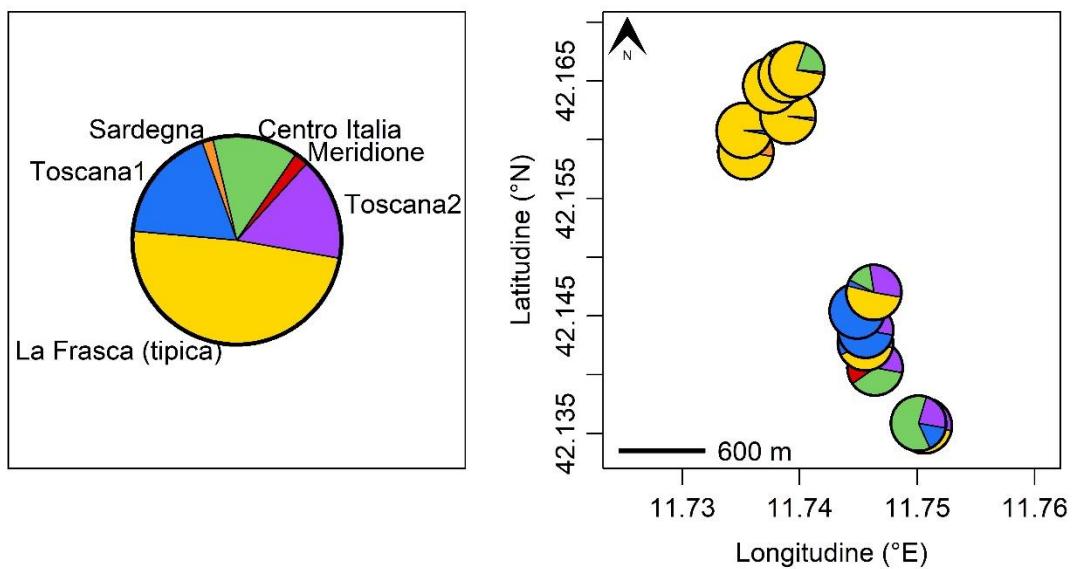


Figura 3 – Riassunto delle provenienze riscontrate nella pineta costiera La Frasca (sinistra) e mappa di dettaglio dell'origine degli individui presenti in tale nucleo (destra). Ogni individuo viene rappresentata da un grafico a torta che riassume l'assegnazione a diversi gruppi genetici, raffigurati con colori coerenti con quelli presentati in Figura 2.

La diversità genetica dei 13 nuclei di pino domestici studiati è stata quantificata calcolando il parametro chiamato eterozigosi attesa ( $H_E$ ), che esprime sostanzialmente il numero di individui eterozigoti (aventi due alleli diversi per il marcitore molecolare in esame) attesi nella popolazione se fosse in equilibrio di *Hardy-Weinberg*. Dal confronto tra i valori calcolati nelle diverse popolazioni emerge che la pineta costiera La Frasca ha una diversità genetica nella media della specie in Italia, con poca eterogeneità tra gli individui che compongono il nucleo (**Figura 4**).

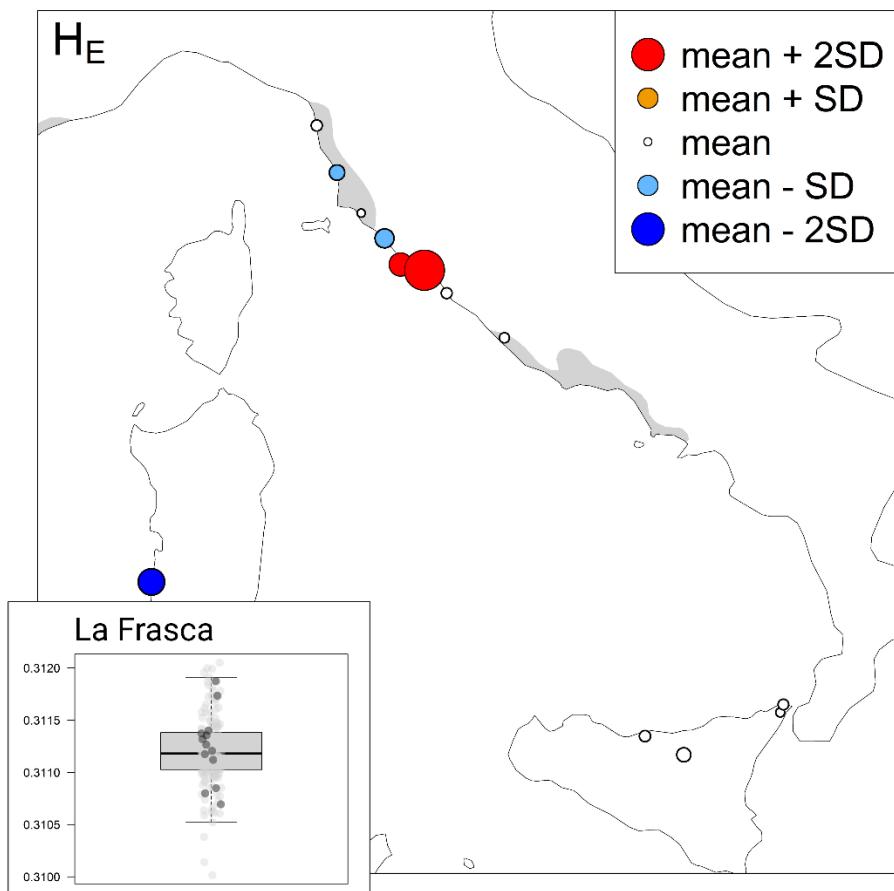


Figura 4 – Diversità genetica dei 13 nuclei di pino domestico studiati

Emerge peraltro che i due nuclei studiati immediatamente a nord de La Frasca, e cioè quelli Marina di Pescia Romana e del Tombolo della Feniglia hanno valori decisamente più elevati di diversità genetica, rappresentando quindi potenziali fonti di materiale geneticamente più variabile da utilizzare in eventuali interventi forestali. Eventuali progetti in tale direzione andrebbero però attentamente vagliati alla luce delle peculiarità genetiche riscontrate a La Frasca. Se tali peculiarità risultassero private di questo nucleo, cioè completamente assenti altrove, eventuali operazioni di rimboschimento dovrebbero essere indirizzate a preservare questa peculiarità genetica.

## Conclusioni

- L'**origine** più probabile del pino domestico della pineta costiera La Frasca sembrerebbe essere locale, risultandone le caratteristiche genetiche per lo più simili alle altre piantagioni di pino domestico laziali e grossetane, con però una componente genetica peculiare che meriterebbe ulteriori approfondimenti.
- La **diversità genetica** del nucleo è **vicina alla media dei popolamenti italiani della specie**, non destando particolari preoccupazioni relative ad un'eccessiva erosione della diversità genetica.

## Bibliografia

- Archambeau, J., Bianchi, S., Buiteveld, J., Callejas-Díaz, M., Cavers, S., Hallingbäck, H., Kastally, C., de Miguel, M., Mutke, S., Sánchez, L., Whittet, R., González-Martínez, S. C., & Bastien, C. (2023). Managing forest genetic resources for an uncertain future: Findings and perspectives from an international conference. *Tree Genetics & Genomes*, 19(3), 26. <https://doi.org/10.1007/s11295-023-01603-z>
- Fritchot, E., Mathieu, F., Trouillon, T., Bouchard, G., & François, O. (2014). Fast and Efficient Estimation of Individual Ancestry Coefficients. *Genetics*, 196(4), 973–983. <https://doi.org/10.1534/genetics.113.160572>
- Guilbaud, R., Biselli, C., Buiteveld, J., Cattivelli, L., Copini, P., Dowkiw, A., Esselink, D., Fricano, A., Guerin, V., Jorge, V., Kelly, Laura. J., Kodde, L., Metheringham, C. L., Pinosio, S., Rogier, O., Segura, V., Spanu, I., Buggs, R., Gonzalez-Martinez, S. C., ... Faivre-Rampant, P. (2020, January). Development of a new tool (4TREE) for adapted genome selection in European tree species. <https://hal.inrae.fr/hal-02928391>
- Jaramillo-Correa, J. P., Bagnoli, F., Grivet, D., Fady, B., Aravanopoulos, F. A., Vendramin, G. G., & González-Martínez, S. C. (2020). Evolutionary rate and genetic load in an emblematic Mediterranean tree following an ancient and prolonged population collapse. *Molecular Ecology*, 29(24), 4797–4811. <https://doi.org/10.1111/mec.15684>
- Vendramin, G. G., Fady, B., González-Martínez, S. C., Hu, F. S., Scotti, I., Sebastiani, F., Soto, Á., & Petit, R. J. (2008). Genetically depauperate but widespread: The case of an emblematic Mediterranean pine. *Evolution*, 62(3), 680–688. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.2007.00294.x>

Un ringraziamento particolare all'Associazione Culturale Naturalistica di Civitavecchia Bioma, per il supporto nella raccolta dei campioni e per il continuo monitoraggio dell'area.

