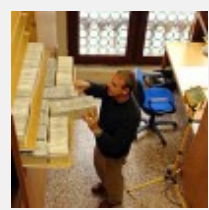


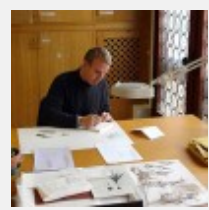


Progetti

Sequenziamento DNA delle collezioni micologiche



Questo ambizioso progetto di catalogazione della collezione micologica del Museo di Storia Naturale di Venezia, utilizzando le informazioni del DNA, è stato reso possibile grazie ad una **collaborazione tra la Fondazione Musei Civici di Venezia e la Forest Pathology and Mycology Laboratory of the College of Natural Resources at U.C. Berkeley**. Il progetto è **iniziato nel mese di aprile del 2006**, e la raccolta di dati di sequenza del DNA è stata **completata nel 2011**.



Il Museo ospita **la più grande e meglio conservata raccolta di funghi in Italia con più di 25.000 campioni**, in **rappresentanza di circa 6.000 specie**, tra cui molti esemplari rari. La collezione è unica in quanto è interamente creata e curata dai volontari dalla più grande associazione micologica amatoriale nel mondo, l'Associazione Micologica Bresadola, che attualmente conta 13.000 membri attivi. Anche le attività scientifiche condotte durante il tempo libero da comuni cittadini appassionati di scienza, indicate con l'espressione inglese di "*citizen science*", possono infatti dare un contributo fondamentale al lavoro dei ricercatori professionisti, che vi si affidano con crescente interesse. Infatti ciò che rende speciale questa ricerca è proprio il lavoro dei ricercatori non professionisti, che hanno raccolto, preparato e identificato tutti i campioni della collezione studiata.

Matteo Garbelotto (UC Berkeley) ha lavorato con il **micologo italiano Giovanni Robich** e con **Luca Mizzan, curatore di Biologia Marina** presso il Museo di Storia Naturale di Venezia, per ordinare i campioni nel museo che venivano inviati al laboratorio di Berkeley per il **sequenziamento e l'analisi del DNA**.

I dati di sequenza DNA generati da questo progetto sono ora disponibili al pubblico e alla comunità di ricerca. L'identificazione basata sul DNA dei funghi in ambiente può aiutare nella diagnosi delle malattie di piante e animali, migliorare gli studi sull'evoluzione e diversità fungina, e portare ad una migliore comprensione dei fattori che influenzano il ciclo dei nutrienti e la produttività delle foreste e degli ecosistemi agricoli. Garbelotto commenta: *"Questo fornisce ai governi le informazioni chiave necessarie per evitare ripetute introduzioni di agenti patogeni."*

La **pubblicazione scientifica** che descrive la raccolta e analisi dei dati è stata accettata per la pubblicazione ed è attualmente in corso di stampa (disponibile in primavera, o estate, 2013):

Osmundson T.W., Robert V.A., Schoch C.L., Baker L.J., Smith A., Robich G., Mizzan L., Garbelotto M., 2013. ***Filling gaps in biodiversity***

knowledge for macrofungi: contributions and assessment of an herbarium collection DNA barcode sequencing project. in stampa, PLoS ONE.

Scopri di più: <http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0062419>

Dati supplementari sul progetto:

> [List of specimens with full-length, double-stranded ITS sequences analyzed \(XLSX 46 KB\) >>>](#)

> [Sequence data analyzed, grouped by genus \(ZIP 107 KB\) >>>](#)

> [Please read the important "readme file" first \(DOC 25 KB\) >>>](#)

Contatti Matteo Garbelotto - matteog@berkeley.edu per richiedere ulteriori dati e informazioni sul progetto.



[Newsletter](#)

[Virtual tour](#)

[Gare e appalti](#)

[Bookshops e caffetterie](#)