

**GIORNATE DEL CUIA IN
ARGENTINA
9 - 24 APRILE 2015**



CONTRIBUTI SCIENTIFICI E BIOGRAFIA DEI RELATORI
APORTES CIENTÍFICOS Y BIOGRAFÍA DE LOS DISERTANTES

7° GIORNATE CUIA IN ARGENTINA

9 - 24 APRILE 2015



A CURA DI FEDERICA MAZZARELLI E LAURA NORTON
ROMA, APRILE 2015

DIREZIONE CUIA

PALAZZO BALEANI CORSO VITTORIO EMANUELE II, N. 244

00186 ROMA, ITALIA

TEL.: +39 06 4991 8620

CUIADIR@UNIROMA1.IT

[HTTP://WWW.CUIA.NET](http://www.cuia.net)

FRANCESCO SILVESTRI
 JOSÈ M. CARCIONE
 EMANUELE LODOLO
 CRISTIAN BILLARDI
 ROSARIA BONITO
 FABIO CARADONNA
 DARIA COPPA
 MARCO MICELI
 VALERIA MILITELLO
 SALVATRICE VIZZINI
 CRISTINA TASSORELLI
 FABIO MARIA SANTUCCI
 MARIO CERASOLI
 LETIZIA NORCI
 MARIA FELICE AREZZO
 RAIMONDO CAGIANO DE AZEVEDO
 RINALDO COLUCCIO
 SIMONE DE SIO
 DELIA GAZZOLI
 CRISTINA GIUDICI
 FRANCO LUCCHESI
 MARIO TIBERI
 GIOVANNI MARIA VIANELLI
 ALEJANDRO PATAT
 RICCARDO CARDILLI
 SALVATORE BARBERA
 ALBERTO RENZULLI

NAPOLI, FEDERICO II
 OGS TRIESTE
 OGS TRIESTE
 PALERMO
 PALERMO
 PALERMO
 PALERMO
 PALERMO
 PALERMO
 PALERMO
 PALERMO
 PAVIA
 PERUGIA
 ROMA TRE
 ROMA TRE
 SAPIENZA UNIVERSITA' DI ROMA
 SAPIENZA UNIVERSITA' DI ROMA
 SAPIENZA UNIVERSITA' DI ROMA
 SAPIENZA UNIVERSITA' DI ROMA
 SAPIENZA UNIVERSITA' DI ROMA
 SAPIENZA UNIVERSITA' DI ROMA
 SAPIENZA UNIVERSITA' DI ROMA
 SAPIENZA UNIVERSITA' DI ROMA
 STRANIERI DI SIENA
 TOR VERGATA
 TORINO
 URBINO

INDICE

SESSIONI TEMATICHE DI RICERCA IN:

SESIONES TEMÁTICAS DE INVESTIGACIÓN SOBRE:

- 1- **PATRIMONIO CULTURALE PAG. 7**
 PATRIMONIO CULTURAL
- 2- **STUDI EUROPEI ED INTEGRAZIONE REGIONALEPAG. 12**
 ESTUDIOS EUROPEOS E INTEGRACIÓN REGIONAL
- 3- **BIOSCIENZE E BIOTECNOLOGIE PAG. 27**
 BIO-CIENCIAS Y BIO-TECNOLOGÍAS
- 4- **SCIENZE E TECNOLOGIEPAG. 51**
 CIENCIA Y TECNOLOGÍA

DELEGAZIONE DEL CUIA 2015 | DELEGACIÓN DEL CUIA 2015

FLAVIO CORRADINI <i>PRESIDENTE</i>	CAMERINO
CARLA MASI DORIA <i>DIRETTORE</i>	NAPOLI "FEDERICO II"
GIUSEPPE DE MASTRO	BARI
MARIO DE TULLIO	BARI
LORENA CARLA GIANNOSSA	BARI
SILVIA ROMANELLI	BARI
LUIGI TEDONE	BARI
BRUNO CAPACCIONI	BOLOGNA
STEFANO BELARDINELLI	CAMERINO
CLAUDIO PETTINARI	CAMERINO
NICOLA BOTTIGLIERI	CASSINO
LAURA NORTON	CUIA
GABRIELE PAPARO	CUIA
DIEGO SANTARELLI	CUIA
PIETRO ALLEVA	CUIA (UNESCO)
FEDERICA MAZZARELLI	CUIA (EURAL)
GIORGIO ALLEVA	ISTAT
AMANDA SALVIONI	MACERATA
MARIA LAURA CARRANZA	MOLISE
COSIMO CASCIONE	NAPOLI, FEDERICO II
GIOVANNI MARINO	NAPOLI, FEDERICO II
CARLO NITSCH	NAPOLI, FEDERICO II

cicloesimide quale antifungino. Inoltre, da ciascun campione è stato estratto il DNA corrispondente alle comunità microbiche endofitica ed epifitica. Tale DNA è stato usato come template nell'analisi di pirosequenziamento usando primer specifici per il phylum batterico dei Firmicutes (comprendente anche i batteri lattici).

Già a partire dall'accestimento è stata riscontrata un'abbondanza relativa compresa tra 3 e 8% per *Lactobacillus plantarum* quale componente del microbiota endofitico del frumento Odisseo, e del microbiota epifitico del frumento Saragolla. Nelle successive fasi successive la stessa OTU è stata rilevata, ma a valori più bassi di abbondanza relativa. Tra queste fasi, la fioritura è caratterizzata dall'associazione tra i generi *Lactobacillus* e *Streptococcus* in particolare per la cv Odisseo. Tali risultati sono stati in parte confermati dal metodo coltura-dipendente.

Questo studio dimostra che alcuni dei batteri lattici normalmente contaminanti granella e farina entrano in contatto con il frumento già durante le fasi precedenti la raccolta.

FABIO CARADONNA

Università degli Studi di Palermo

Dipartimento di Scienze e tecnologie biologiche, chimiche e farmaceutiche

fabio.caradonna@unipa.it

University Degree in Biological Sciences 110/110 with maximum honours. PhD in Cellular and Developmental Biology, Specialist in Clinical Pathology, Permanent researcher of Genetics, University of Palermo. Assistant professor of Evolutionary Genetics, Genetics of populations, Molecular Genetics, Plant Genetics, Human genetics and cytogenetics, at University of Palermo.

Excellent experience in Cytogenetics, molecular cytogenetics, genotyping of genic polymorphisms, DNA methylation status technics, RT-PCR with taqman chemistry. Editorial Board member of "Journal of Carcinogenesis & Mutagenesis" (IF: 5,4).(Co) Author of 24 ISI papers, 2 Italian national papers ISSN, 4 book chapter ISBN, 3 book ISBN, 6 international abstracts ISI published and 45 (inter)national abstracts no-ISI.

PARTNER ARGENTINI

Hemostasis and Thrombosis Laboratory, Hospital of Infectious Diseases "Dr. F. J. Muñiz" (Dr. Gabriela F. de Larrañaga e Dr. Julian G. Chamorro)

"CYP2E1 VNTR GENOTYPING ASSOCIATED TO ANTI-TUBERCULOSIS DRUG-INDUCED HEPATOTOXICITY"

Tuberculosis (TB) remains a major worldwide health problem with an estimated of 9.0 million of new cases and 1.5 million of deaths in 2013. Anti-TB drug-induced hepatotoxicity (ATDH) is considered the most serious and prevalent adverse drug reaction in TB treatment. Isoniazid (INH), one of the first-line drugs against TB, is more commonly associated to ATDH and, it is well known that the enzyme Cytochrome P450 2E1 (CYP2E1) is involved in INH metabolism. It has been found that variable number tandem repeat (VNTR) polymorphic sequences in the promoter region regulate negatively CYP2E1 gene transcription: consequently, it could be put in relationship with adverse TB-drugs reactions.

In this report we for the first time show advanced investigations regarding the association between CYP2E1-VNTR and ATDH; the study started last year also thank

to a small grant by CUIA but was widely extended with other funds. We studied genotypic frequency distributions of the CYP2E1-VNTR (using PCR-RFLP methodology) in a cohort 294 TB patients treated with anti-TB drugs: 167 were Argentines (130 controls without ATDH and 37 cases with ATDH) and 127 were Bolivians (83 controls without ATDH and 44 cases with ATDH). Chi-squared test was used to compare proportions: a value of $P < 0.05$ was considered to be statistically significant.

In the Argentine population, we observed that the A2/A4 genotype frequency was significantly higher in cases than in controls ($P = 0.048$). In contrast, no significant differences were observed in Bolivian population between controls and cases regarding to distribution of VNTR genotypes.

Our preliminary results showed that the presence of A4 allele of CYP2E1-VNTR could be associated to ATDH, at least in the Argentine population. These results are in agreement with previously reported data which proposed that the transcriptional activity of A4 allele was higher than that of A2 allele since the transcriptional suppression of A4 was weaker than that of A2.

It will be necessary to increase the number of cases in both populations to confirm this possible and interesting association. The CYP2E1 VNTR genotype, in fact, promises to be an attractive marker that could be used to predict or prevent ATDH like the acetylator profile.

PARTNER ARGENTINI

Química Analítica y Físicoquímica, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires (Cesar G. Fraga)

“ROLE OF “MATE TEA” EXTRACTS MODULATING DNA METHYLATION: IN VITRO STUDIES FOR FUTURE SIGNIFICANCES FOR HUMAN HEALTH.”

It is known that a healthy and balanced diet is essential for maintaining a state of good health of the individual, and that the onset of many diseases is related to inadequate nutrition. Many small molecules contained in foods (Food Small Molecules, SFMs) have the ability to influence the functioning of many cellular metabolic pathways. The term nutrigenomics, in fact, refers to an emerging branch of genetics and biochemistry which has the aim of identifying how the nutrients can determine the innate risk of developing diseases (diabetes, obesity, cardiovascular disease and some cancers). In addition, with the help of epigenetics, it is possible to

LUIGI TEDONE

Università degli Studi di Bari

Scienze Agroalimentari e Territoriali

Luigi.tedone@uniba.it

PARTNER ARGENTINI

Universidad de Tucumán/Conicet (Graciela Celestina Rollan)

“I BATTERI LATTICI DEL LIEVITO NATURALE: DAL CAMPO ALLA FARINA”

Fabio Minervini¹, Luigi Tedone², Maria De Angelis¹, Giuseppe Celano¹, Anna Lattanzi¹, Giuseppe De Mastro², Marco Gobetti¹

¹*Dipartimento di Scienze del suolo, della pianta e degli alimenti, Università “A.Moro” di Bari (Di.S.S.P.A.)*

²*Dipartimento di Scienze Agro Ambientali e Territoriali, Università “A.Moro” di Bari (Di.S.A.A.T.)*

La biotecnologia del lievito naturale rappresenta un’alternativa interessante, rispetto al lievito di birra, per l’ottenimento di prodotti da forno, poiché consente di migliorare il flavour e la struttura, prolungare la shelf-life e incrementare il valore nutrizionale e “funzionale” di questi prodotti. I batteri lattici rappresentano la popolazione microbica dominante (sebbene con una serie di interazioni rilevanti con i lieviti) del lievito naturale, svolgendo ruoli pro-tecnologici quali l’acidificazione il contributo alla proteolisi. Essi sono stati rilevati nella granella e nello sfarinato, oltre che negli ambienti di lavoro in cui il lievito naturale viene impiegato. Tuttavia, non vi sono studi che attestino la presenza di tali microrganismi nel ciclo colturale del frumento. Pertanto lo scopo della presente ricerca è stato lo studio, con metodi coltura-dipendenti e -indipendenti (Illumina MiSeq), della comunità batterica del frumento duro, dalla fase di accostamento a quella di maturazione fisiologica, nonché della granella e dello sfarinato ottenuti dopo la raccolta.

A tale scopo, in areale tipico della Fossa Bradanica, del Nord Barese, su due varietà di frumento duro fra le più diffuse in zona, Odisseo e Saragolla, caratterizzate da diverso ciclo di precocità, su quattro appezzamenti, ciascuno della superficie di mezzo ettaro ciascuno, da cui sono state isolate aree di saggio di 25 m² ciascuna, dai quali sono stati effettuati campionamenti degli organi epigei e ipogei delle piante in corrispondenza di: (i) accostamento, (ii) levata, (iii) botticella, (iv) fioritura, (v) maturazione latte, e (vi) maturazione fisiologica. I batteri lattici sono stati rilevati mediante l’uso del terreno selettivo Sour Dough Bacteria supplementato con