



Ancona, 29 settembre 2025

Al Direttore del DISVA

Prof. Francesco Regoli

OGGETTO: Relazione relativa al secondo anno di attività (2024/25) della Dott.ssa Federica Carducci in qualità di Ricercatore a tempo determinato (tipo A) del settore scientifico disciplinare BIOS-14/A Genetica.

COMPITI DIDATTICI SVOLTI:

Corso di Laurea Magistrale in Biologia Molecolare e Applicata e in Biologia Marina: insegnamento di Bioinformatica, modulo 1 (6 CFU), previsto per l'A.A. 2024/2025 e per l'anno accademico in corso. Eccezionalmente, per l'A.A. 2025/2026, l'insegnamento del modulo 1 del C.I. di Bioinformatica sarà collocato al secondo semestre.

COMMISSIONI D'ESAME:

Membro effettivo delle seguenti commissioni di esame di profitto:

A.A. 2024/2025: Genetica, Genetica Applicata, Bioinformatica, Laboratorio di Genetica Molecolare, Fondamenti di Biologia, Biotecnologie Cellulari, Citologia ed Istologia A-L.

RELATORE E CORRELATORE DI TESI:

In qualità di correlatore ha curato l'elaborazione e revisione della tesi di Laurea Magistrale in Biologia Molecolare e Applicata: "Implementazione del Comprehensive Genomic Profiling per l'analisi di Homologous Recombination Deficiency in pazienti affette da carcinoma sieroso di alto grado dell'ovaio mediante applicazione del test Trusight Oncology 500 HRD® e valutazione dei risultati nel contesto del Molecular Tumor Board" discussa dalla candidata Francesca Barbetta in data 22 luglio.



Attualmente sono correlatrice di tesi magistrale del candidato Dott. Alessandro Orsini. Inoltre, sono stata referente di tre relazioni triennali finali (candidati: Vittoria Buccella, Veronica Vici e Andrea Rotili).

ATTIVITÀ DI RICERCA E RELATIVE PUBBLICAZIONI:

In questo secondo anno da RTD/a sono state pubblicate le seguenti ricerche:

- Carotti E, Tittarelli E, **Carducci F**, Barucca M, Canapa A, Biscotti MA (2024). The arms race of ray-finned fish against the de-repression of young LTR retroelements. *Scientific reports*, 14(1), 29431. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-81149-9>

Questo studio indaga i meccanismi di regolazione degli elementi trasponibili nei pesci attinopterigi, privi di TRIM28 e KRAB-ZFP tipici dei sarcopterigi. Viene ipotizzato un ruolo sostitutivo di TRIM33 e una relazione evolutiva con le famiglie di ZNF specifiche dei ciprinidi. Analisi di interazioni proteiche ed espressione genica in zebrafish e anguilla suggeriscono nuovi scenari nell'adattamento evolutivo dei pesci a pinne raggiate.

- Tittarelli E, Carotti E, **Carducci F**, Barucca M, Canapa A, & Biscotti MA (2025). Transposable element dynamics in *Xenopus laevis* embryogenesis: a tale of two coexisting subgenomes. *Mobile DNA*, 16(1), 17. <https://doi.org/10.1186/s13100-025-00350-3>.

Lo studio analizza la dinamica degli elementi trasponibili (TEs) nei due subgenomi allotetraploidi di *Xenopus laevis*, evidenziando differenze tra retroelementi LTR nel subgenoma L e LINE nel subgenoma S. I risultati mostrano che, pur emergendo pattern trascrizionali specifici per subgenoma, i sistemi di controllo dei TEs (NuRD e Argonaute) risultano attivi ed evoluti simmetricamente durante l'embriogenesi. Questi dati chiariscono il contributo dei TEs alla regolazione genomica e allo sviluppo precoce del modello anfibio.

- Spinsante C[†], **Carducci F[†]**, Carotti E, Canapa A, Bizzaro D, Biscotti MA, Barucca M (2025). New candidates as vitellogenin receptors from a characterization of the Low Density Lipoprotein Receptor superfamily in the newt *Cynops orientalis*. *Scientific reports*, 15(1), 3403. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-88011-6>.



Questo lavoro caratterizza il recettore VTGR in *Cynops orientalis*, confermandone il ruolo nel trasporto di vitellogenina agli ovociti attraverso analisi strutturali ed espressive. Parallelamente, è stata condotta un'analisi filogenetica su 161 sequenze di 15 geni della famiglia LDLR in 11 generi di vertebrati. I risultati indicano che, oltre a VTGR, altri membri della famiglia (come LRP8) potrebbero partecipare ai processi di vitellogenesi.

Attualmente è in corso di revisione il seguente lavoro:

- Tittarelli E, Carotti E, Palladinelli C, Barucca M, **Carducci F**, Santovito G, Piva E, Canapa A, Biscotti MA. Unfreezing the Genome: Transposable Element transcription induced by thermal stress in the Antarctic fish *Trematomus bernacchii*. *Scientific reports*, under revision.

Lo studio analizza la risposta trascrizionale degli elementi trasponibili (TEs) e dei loro meccanismi di silenziamento in *Trematomus bernacchii* sottoposto a stress termico. I risultati mostrano un'attivazione transitoria dei TEs seguita dall'induzione di geni silenzianti, con risposte più coordinate nel fegato e più persistenti nelle branchie. Questi dati rivelano un complesso equilibrio molecolare che potrebbe sostenere la resilienza di specie antartiche di fronte al cambiamento climatico.

Fra le attività di ricerca in corso di svolgimento, ho terminato la caratterizzazione genotipica delle specie *Bromus erectus* e *Phleum ambiguum*. Il lavoro da me svolto rientra nel sottogruppo per azioni n. 3: miglioramento della qualità di miscugli di sementi idonei alla semina e trasemina, rispetto a quelli commerciali, nell'ambito del progetto HABITAT finanziato dalla Fondazione Cariverona, al quale stiamo lavorando in collaborazione con i colleghi del Dipartimento D3A (responsabile scientifico: Prof.ssa Marina Allegrezza). Queste azioni hanno come finalità il contrasto alla perdita di biodiversità e mantenimento di ecosistemi ad elevato grado di naturalità come le praterie secondarie. In linea con queste premesse sono state campionate le due specie *B. erectus* e *P. ambiguum*, in tre differenti siti, Vallemontagnana, Castelletta e Monte Murano. Attualmente sto finalizzando la stesura del manoscritto.



Ho terminato la caratterizzazione genotipica dei campioni di *Apis mellifera* nell'ambito del progetto HABITAT finanziato dalla Fondazione Cariverona, al quale stiamo lavorando in collaborazione con i colleghi del Dipartimento D3A (responsabile scientifico: Prof.ssa Simona Casavecchia). Lo studio ha analizzato il patrimonio genetico di tre regine di *Apis mellifera ligustica* provenienti dal Parco del Conero tramite sequenziamento genomico dei fuchi. Le analisi hanno confermato l'appartenenza alla sottospecie *ligustica*, rilevando però deboli segnali di introgressione, soprattutto da *A. m. carnica*. Sono stati inoltre identificati SNP privati utili al monitoraggio genetico, sottolineando l'importanza di conservare il pool genico locale per la resilienza delle api italiane. Attualmente sto finalizzando la stesura del manoscritto.

Ho terminato la caratterizzazione genotipica del finocchio marino *Crithmum maritimum*. Il lavoro da me svolto rientra nella working package 2 nell'ambito del progetto SEAFENNEL4MED finanziato dal programma PRIMA, al quale stiamo lavorando in collaborazione con i colleghi del Dipartimento D3A (responsabile scientifico: Prof.ssa Lucia Aquilanti).

Dall'altra parte mi sono focalizzata sullo svolgimento delle attività correlate al progetto **PRIN 2022NY7Z29** dal titolo **“GAMES: Population Genetics and local Adaptation of the Mediterranean *Chamelea gallina* for conservation and management actionS”** (responsabile scientifico Prof. Marco Barucca). Lo studio ha come obiettivo la valutazione della variabilità genetica delle vongole del genere *Chamelea*, organismi marini di grande rilevanza ecologica ed economica. Questi bivalvi svolgono un ruolo cruciale negli ecosistemi costieri (ciclo dei nutrienti, filtrazione, bioindicatori di inquinamento). Tuttavia, negli ultimi decenni le popolazioni hanno subito un forte declino a causa di fattori ambientali, pressioni antropiche e malattie, con possibile perdita di diversità genetica e conseguente maggiore vulnerabilità. La ricerca ha analizzato la struttura genetica di popolazione di *Chamelea gallina* e *C. striatula*, campionando individui in diverse aree del Mediterraneo e oltre (Adriatico, Sicilia, Spagna, Portogallo, Mare del Nord). I risultati sono fondamentali per valutare lo stato di salute delle popolazioni e

sviluppare strategie di conservazione, poiché un'elevata variabilità genetica è essenziale per la sopravvivenza e l'adattamento delle specie. Lo studio ha riguardato 200 campioni di vongole *Chamelea*. Il DNA è stato estratto impiegando i kit commerciali (in questo caso DNeasy Blood and Tissue Kit della Qiagen) e sequenziato tramite la tecnica ddRAD-seq, che consente di individuare polimorfismi a singolo nucleotide (SNPs) ed evitare il dropout allelico grazie ad una doppia digestione enzimatica. Dopo la preparazione e il sequenziamento delle librerie, i dati sono stati processati *in house*, filtrati e analizzati con software bioinformatici (Stacks, fineRADstructure, adegenet, LEA), producendo matrici di coancestry, PCA e analisi di admixture. I risultati hanno evidenziato due gruppi genetici distinti (uno per *C. gallina* e uno per *C. striatula*) e, per *C. gallina*, tre cluster principali: Adriatico, Turchia e Penisola Iberica. Le vongole siciliane hanno mostrato affinità sia con l'Adriatico che con Spagna/Portogallo. Nell'Adriatico non è emersa struttura genetica interna, suggerendo panmissia e ancora più importante confermando i risultati ottenuti dal precedente finanziamento ottenuto dalla Cariverona (responsabile scientifico Prof.ssa Adriana Canapa). In generale è stata rilevata un'elevata variabilità genetica, utile alla resilienza della specie e alla gestione sostenibile. È stata poi condotta un'analisi di adattamento locale con il metodo *gradient forest*, basata su variabili ambientali (clorofilla, ossigeno, salinità, temperature superficiali e di fondo). La temperatura (media e massima annua) è risultata il fattore principale che spiega la variazione genetica, confermando il ruolo dell'adattamento termico negli invertebrati marini. Un'analisi morfometrica al SEM ha mostrato differenze microstrutturali nelle conchiglie: *C. gallina* presenta variazioni regolari o frastagliate in base al sito di raccolta, mentre *C. striatula* mostra valve più spesse e stratificate, con differenze specie-specifiche nei processi di biomineralizzazione. Parallelamente a queste analisi, grazie ai nostri colleghi portoghesi che ci hanno fornito esemplari di *C. striatula*, abbiamo sequenziato anche il genoma della *striatula* mediante il service BGI impiegando la tecnologia PacBio HiFi e Hi-C. L'assemblaggio ha prodotto un genoma di 6,39 Gb, organizzato in 76 cromosomi, con un'elevata completezza (BUSCO 96,7%). Le analisi preliminari hanno mostrato che il genoma è diploide, caratterizzato da un'elevata eterozigosità (3,95%) e ricco di sequenze ripetute (61,6%), con una struttura complessa confermata dal profilo dei K-mer. Queste



caratteristiche rendono l'assemblaggio impegnativo, ma i dati ottenuti costituiscono una solida base per la futura annotazione e lo studio della specie. La ploidia è attualmente in corso di verifica mediante analisi citofluorimetriche e strumenti bioinformatici avanzati.

Attualmente sto lavorando alla stesura del manoscritto relativo all'analisi dei dati ddRAD-seq.

ATTIVITÀ EDITORIALE:

- Associate Editor della rivista *European Zoological Journal* (IF: 1.4, ISSN: 2475-0263).
- Si è conclusa la preparazione del numero speciale "New Insights on Vertebrate Repetitive DNA" per la rivista *International Journal of Molecular Sciences* [IJMS] (IF: 4.9, ISSN: 1422-0067) di cui sono Co-Guest Editor. Siamo in attesa di pubblicazione dell'editoriale.

CONGRESSI- PARTECIPAZIONE A POSTER:

- **17-19 settembre 2025:** Secondary Grasslands: the role of genetics in seed mixture formulation. C. Spinsante, **F. Carducci**, D. L. J. Vendrami, M. Allegrezza, S. Casavecchia, A. Canapa, M. A. Biscotti, M. Barucca. Poster of the AGI 2025 Congress.
- **16-19 settembre 2025:** population genetics and local adaptation of the mediterranean *Chamelea gallina* (mollusca: bivalvia) for conservation and management. **Federica Carducci**, Elisa Carotti, Chiara Spinsante, Maria Assunta Biscotti, Adriana Canapa, Venera Ferrito, Anna Maria Pappalardo, Marco Barucca. Poster al Congresso AAI-UZI 2025 (26° CONGRESSO - ASSOCIAZIONE ANTROPOLOGICA ITALIANA e 84° CONGRESSO - UNIONE ZOOLOGICA ITALIANA).
- **25-26 Giugno 2025:** Let it Bee, defending native *Apis mellifera ligustica* from hybridization. E. Carotti, **F. Carducci**, E. Tittarelli, C. Spinsante, D. L. J. Vendrami, M. A. Biscotti, M. Barucca, A. Canapa. Virtual Poster of the 2nd Symposium of ENvironmental cHANGES, Conservation biology, and Evolution – ENHANCE.



- **25-26 giugno 2025:** Genetic analysis for the conservation of secondary grasslands in central Italy. C. Spinsante, M. Allegrezza, M. Barucca, M. A. Biscotti, A. Canapa, E. Carotti, S. Casavecchia, E. Tittarelli, D. L. J. Vendrami, **F. Carducci**. Virtual Oral Poster presentation of the 2nd Symposium of ENvironmental cHANGES, Conservation biology, and Evolution – ENHANCE
- **25-26 Giugno 2025:** Comparing transcriptional activity of transposable elements between *Xenopus tropicalis* and *Xenopus laevis* during embryonic development. N. Albanese, E. Carotti, **F. Carducci**, E. Tittarelli, C. Spinsante, A. Canapa, M. Barucca, M. A. Biscotti. Virtual Poster of the 2nd Symposium of ENvironmental cHANGES, Conservation biology, and Evolution – ENHANCE.
- **25-26 Giugno 2025:** Unlocking the Secrets of Thermal Stress: Transposable Elements in *Trematomus bernacchii*. E. Tittarelli, E. Carotti, C. Palladinelli, C. Spinsante, **F. Carducci**, A. Canapa, M. Barucca, M. A. Biscotti. Virtual Poster of the 2nd Symposium of ENvironmental cHANGES, Conservation biology, and Evolution – ENHANCE.
- **25-26 Giugno 2025:** Structure genetic analysis of the genus *Chamelea* in the whole mediterranean basin and beyond. F. Costante, M. A. Biscotti, A. Canapa, **F. Carducci**, E. Carotti, C. Spinsante, E. Tittarelli, D. L. J. Vendrami, M. Barucca. Virtual Poster of the 2nd Symposium of ENvironmental cHANGES, Conservation biology, and Evolution – ENHANCE.
- **25-26 Giugno 2025:** The low-density lipoprotein receptor gene family: trying to reconstruct the evolutionary history in Chordata. A. Orsini, C. Spinsante, M. A. Biscotti, A. Canapa, E. Carotti, E. Tittarelli, **F. Carducci**, M. Barucca. Virtual Poster of the 2nd Symposium of ENvironmental cHANGES, Conservation biology, and Evolution – ENHANCE.



ORGANIZZAZIONE

Giugno 2025: Membro del comitato organizzativo 2° virtual Symposium presented by the Molecular Phylogenetic Lab of the Department of Life and Environmental Sciences (DISVA), Polytechnic University of Marche, ENvironmental cHANGES, Conservation biology, and Evolution – ENHANCE. (Membro del comitato organizzativo, <https://www.molecularphylogeneticlab.it/organization-2/>).

CHAIRPERSON

Giugno 2025: Chairperson della sessione presentazioni orali sulla “Conservation Biology” e delle due sessioni poster relative alla “Conservation Biology” e “Repetitive DNA” del 2° virtual Symposium presented by the Molecular Phylogenetic Lab of the Department of Life and Environmental Sciences (DISVA), Polytechnic University of Marche, ENvironmental cHANGES, Conservation biology, and Evolution – ENHANCE (<https://www.molecularphylogeneticlab.it/enhance2025/>).

TERZA MISSIONE

Partecipazione all’organizzazione stand e attività di divulgazione scientifica (ricercatori on air) nell’ambito dell’evento “*Sharper la Notte dei Ricercatori*” per l’Università Politecnica delle Marche (Ancona) 2024 e 2025 e “*Tipicità in blu 2025*” (17 maggio 2025).

PROPOSTE PROGETTUALI PRESENTATE

Ho lavorato alla sottomissione di un progetto HORIZON2020 come partecipante.

REFERAGGIO DI PROPOSTE PROGETTUALI

Nel corso del 2025 sono stata nominata revisore dal comitato nazionale di valutazione della Croatian Science Foundation per la call *Research Projects*. Ho svolto la revisione di una



UNIVERSITÀ
POLITECNICA
DELLE MARCHE

proposta scientifica secondo i principi di riservatezza, assenza di conflitto di interesse e competenza. Allego certificato di revisione.

Firma

Federico Conducci