



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI GENOVA

DIPARTIMENTO DI SCIENZE DELLA TERRA,
DELL'AMBIENTE E DELLA VITA (DISTAV)

Classe delle Lauree Magistrali in Biologia LM/6

Corso di Laurea Magistrale in Biologia ed Ecologia Marina

REVERSE TAXONOMY DEI POLYCHAETA (ANNELIDA) DEL MUSEO NAZIONALE
DELL'ANTARTIDE (MNA, SEZIONE DI GENOVA): UN CONTRIBUTO
ALL'AMPLIAMENTO DELLE CONOSCENZE SULLA BIODIVERSITÀ ANTARTICA IN
PREPARAZIONE ALL'INTERNATIONAL POLAR YEAR (2032-33)

Laureando:

Daniel De Alexandris

Relatori:

Prof. Stefano Schiaparelli

Dott.ssa Alice Guzzi

Correlatore:

Prof. Giorgio Bavestrello

ANNO ACCADEMICO 2025-2026

RIASSUNTO

L'International Polar Year, previsto per il 2032-2033 (IPY5) rappresenterà uno dei principali sforzi coordinati della comunità scientifica per migliorare le conoscenze sugli ecosistemi polari. Questa iniziativa internazionale supporta lo sforzo per la produzione di dati armonizzati, condivisibili e riutilizzabili secondo i principi FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable), nonché il focus sui campioni conservati nei musei di storia naturale e polari per comprendere le variazioni climatiche del passato, la distribuzione delle specie nel futuro e i cambiamenti ambientali in corso. In questo contesto risulta di particolare importanza la “*museomica*”, una nuova disciplina che integra dati molecolari, caratteri morfologici e metadati associati ai campioni museali per la produzione di “*extended specimens*”. Le collezioni museali assumono quindi un ruolo strategico, poiché conservano materiale raccolto nel corso di decenni e rappresentano una fonte di informazioni ancora ampiamente inesplorata. L'applicazione di questi approcci risulta particolarmente rilevante per gruppi importanti dal punto di vista ecologico, quali i policheti antartici. Questo gruppo rappresenta infatti uno dei principali *taxa* di invertebrati bentonici in termini di ricchezza specifica e abbondanza, oltre ad includere specie al vertice delle reti trofiche marine antartiche. Nonostante l'elevata importanza ecologica del gruppo, le conoscenze sulla reale diversità dello stesso risultano ancora incomplete. In quest'ottica, il presente lavoro ha avuto come obiettivo la valorizzazione della collezione museale di policheti antartici conservata presso il Museo Nazionale dell'Antartide (MNA, Sezione di Genova) attraverso tre attività principali: i) revisione e conversione del database MNA secondo lo standard internazionale Darwin Core (DwC); ii) applicazione della *reverse taxonomy* mediante integrazione di dati molecolari e morfologici per la revisione delle assegnazioni tassonomiche; iii) aggiornamento della checklist dei policheti antartici per l'area di Baia Terra Nova (BTN), una delle aree maggiormente studiate all'interno dell'Area Marina Protetta del Mare di Ross.

L'analisi molecolare ha portato al sequenziamento di 440 individui e alla produzione di 332 sequenze barcode associate ad altrettanti esemplari museali, consentendo l'identificazione di 36 cladi differenti mediante approcci multipli di delimitazione delle specie. Di questi, 18 hanno avuto un *match* positivo con sequenze presenti nei *repository* internazionali, ricevendo un'assegnazione tassonomica a livello specifico. I restanti cladi sono stati provvisoriamente attribuiti a livelli tassonomici superiori, vista la mancanza di adeguati riferimenti molecolari nei *repository*. La successiva revisione dei risultati molecolari mediante le analisi morfologiche ha

permesso di confermare o aggiornare le assegnazioni tassonomiche preliminari. Questo approccio integrato ha permesso di confermare l'assegnazione tassonomica di *Aglaophamus trissophyllus* (Grube, 1877) e *Trypanedenta gigantea* (McIntosh, 1885), consentendo inoltre l'identificazione di *Perkinsiana brigitteae* Tovar-Hernandez, Yanez-Rivera, Giangrande & Gambi, 2012. Durante le analisi, sono emerse alcune criticità tassonomiche dovute alla disponibilità di informazioni tra loro contrastanti. Molti degli studi presenti in letteratura sui policheti antartici, infatti, sono basati esclusivamente sui caratteri morfologici, spesso variabili tra esemplari e quindi di difficile interpretazione. Inoltre, numerose specie descritte nell'ambito delle campagne antartiche italiane sono state istituite su esemplari spesso di piccole dimensioni, con la potenziale introduzione di un ulteriore bias nella definizione dei caratteri diagnostici. Le incongruenze riscontrate tra il materiale esaminato e le descrizioni originali hanno evidenziato quindi la necessità di una profonda revisione tassonomica basata su un numero maggiore di esemplari appartenenti a differenti classi dimensionali e sull'integrazione di dati morfologici e molecolari. Tale processo è tuttavia reso complesso dal fatto che, per molte delle specie considerate, il materiale tipo o gli esemplari di riferimento utilizzati per le descrizioni originali, anche se prelevati nell'ambito di spedizioni italiane a Baia terra Nova, non sono stati depositati presso il MNA, limitando notevolmente la possibilità di confronto diretto.

La revisione del database MNA ha permesso di standardizzare e armonizzare le informazioni associate alla collezione museale secondo lo standard Darwin Core. Il database comprende attualmente 849 campioni e 2.154 individui, dei quali il 43,7% identificati a livello di specie e l'11% a livello di genere, mentre i restanti risultano attribuiti a livelli tassonomici superiori. Complessivamente, la collezione comprende 82 specie, distribuite in 69 generi e 28 famiglie della classe Polychaeta Grube, 1850. La collezione risulta inoltre di importante rilevanza nazionale ed internazionale per la presenza di 16 campioni tipo, nel dettaglio i due ologotipi ed i 13 paratipi di *Amphicteis teresae* Schiaparelli & Jirkov, 2016 e *Amage giacomobovei* Schiaparelli & Jirkov, 2021.

I risultati ottenuti nel presente lavoro hanno consentito di aggiornare la checklist per Baia Terra Nova attraverso l'aggiunta di *Perkinsiana brigitteae* Tovar-Hernandez, Yanez-Rivera, Giangrande & Gambi, 2012, che rappresenta il primo record di questa specie per l'area, portando il numero totale di specie note per l'area a 238. Inoltre, sono stati prodotti *voucher* molecolari associati a 16 specie attualmente incluse nella checklist.

Nel loro insieme, le attività svolte hanno portato alla produzione di 332 “*extended specimens*” attraverso l'integrazione di sequenze barcode, caratteri morfologici e metadati associati ai campioni museali. Questi risultati evidenziano l'importanza delle collezioni storiche

come strumento efficiente per ampliare le conoscenze sulla biodiversità antartica, contribuendo alla produzione di dati armonizzati, condivisibili e riutilizzabili in vista dell'International Polar Year 2032-2033.

ABSTRACT

The forthcoming International Polar Year 2032–2033 (IPY5) will represent one of the largest coordinated efforts undertaken by the international scientific community to advance our understanding of polar ecosystems. Key priorities of the initiative include the generation of harmonized, shareable and reusable FAIR data, together with the enhanced use of specimens preserved in natural history and polar museums to investigate past climatic variability, species distributions and ongoing environmental changes. Within this framework, *museomics* has emerged as a powerful interdisciplinary approach integrating molecular data, morphological information and specimen-associated metadata to generate *extended specimens*. Consequently, museum collections are increasingly recognized as strategic scientific resources, preserving decades of sampling effort while representing an invaluable and still largely underexploited source of biodiversity information.

These approaches are particularly relevant for Antarctic polychaetes, one of the dominant benthic invertebrate groups in terms of both species richness and abundance and an important component of Antarctic marine food webs, including species occupying upper trophic levels. Despite their ecological importance, the actual diversity of Antarctic polychaetes remains only partially understood.

In this context, the present study aimed to enhance the scientific value of the Antarctic polychaete collection housed at the Italian National Antarctic Museum (MNA, Genoa Section) through three main activities: i) revision and standardization of the collection database according to the Darwin Core (DwC) standard; ii) application of reverse taxonomy through the integration of molecular and morphological data to revise previous taxonomic identifications; and iii) revision and update of the Antarctic polychaete checklist for Terra Nova Bay (TNB), one of the most extensively investigated areas within the Ross Sea Marine Protected Area.

Molecular analyses involved the sequencing of 440 individuals and resulted in the generation of 332 DNA barcode sequences associated with museum specimens. Species delimitation analyses identified 36 molecular clades, 18 of which matched sequences available in international repositories and could therefore be assigned to species level. The remaining clades were

provisionally assigned to higher taxonomic ranks owing to the lack of suitable molecular references.

Subsequent morphological investigations allowed the validation and refinement of preliminary molecular identifications. The integrated approach adopted in this study confirmed the taxonomic assignments of *Aglaophamus trissophyllus* (Grube, 1877) and *Trypanedenta gigantea* (McIntosh, 1885), while also enabling the identification of *Perkinsiana brigitteae* Tovar-Hernandez, Yanez-Rivera, Giangrande & Gambi, 2012. At the same time, several taxonomic issues emerged because of conflicting information available in the literature. Many Antarctic polychaete taxa have historically been described exclusively based on morphological characters, which are often highly variable and difficult to understand. Furthermore, several species established during Italian Antarctic expeditions were described from relatively small specimens, potentially introducing additional bias in the definition of diagnostic characters. The discrepancies observed between the examined material and original descriptions highlight the need for comprehensive taxonomic revisions based on larger sample sizes, broader size ranges and the integration of morphological and molecular evidence. Such efforts are further complicated by the fact that type material or reference specimens used in original descriptions, despite often originating from Italian expeditions to Terra Nova Bay, were not deposited in the MNA collections, greatly limiting opportunities for direct comparisons.

The revision of the MNA database enabled the standardization and harmonization of collection-associated information according to Darwin Core standards. The database currently includes 849 samples and 2,154 individuals, of which 43.7% are identified to species level and 11% to genus level, whereas the remaining specimens are assigned to higher taxonomic categories. Overall, the collection comprises 82 species belonging to 69 genera and 28 polychaete families. The collection also holds considerable national and international value owing to the presence of 16 type specimens, including the holotypes and paratypes of *Amphicteis teresae* Schiaparelli & Jirkov, 2016 and *Amage giacomobovei* Schiaparelli & Jirkov, 2021.

The results obtained during this study allowed the update of the Terra Nova Bay checklist through the addition of *Perkinsiana brigitteae*, representing the first record of the species for the area and increasing the number of known species to 238. In addition, molecular vouchers were generated for 16 species currently included in the checklist.

Overall, this work resulted in the production of 332 *extended specimens* through the integration of DNA barcode sequences, morphological characters and specimen-associated metadata. These findings highlight the value of historical museum collections as powerful resources for

advancing Antarctic biodiversity research and for generating harmonized, shareable and reusable datasets in preparation for the International Polar Year 2032–2033.

INDICE

RIASSUNTO.....	i
ABSTRACT	iii
1. INTRODUZIONE	1
1.1 ANTARTIDE – CARATTERI GENERALI	1
1.2 FAUNA BENTONICA ANTARTICA.....	4
1.3 <i>REVERSE TAXONOMY</i> E DNA BARCODING	6
1.4 POLICHETI – CARATTERISTICHE GENERALI E POLICHETI ANTARTICI.....	8
2. SCOPO DELLA TESI.....	12
3. MATERIALI E METODI.....	14
3.1 <i>REVERSE TAXONOMY</i>	17
3.1.1 ANALISI MOLECOLARE	17
3.1.2 ANALISI MORFOLOGICA	18
3.2 FORMATTAZIONE DEL DATABASE MNA IN DARWIN CORE (DwC)	19
4. RISULTATI.....	20
4.1 <i>REVERSE TAXONOMY</i>	20
4.1.1 RISULTATI DELL’ANALISI MOLECOLARE	20
4.1.2 RISULTATI DELL’ANALISI MORFOLOGICA	24
4.2 RISULTATI SULL’ANALISI DEL DATABASE MNA	36
5. DISCUSSIONE	41
6. CONCLUSIONI.....	44
7. BIBLIOGRAFIA.....	46

1. INTRODUZIONE

1.1 ANTARTIDE – CARATTERI GENERALI

L'Antartide rappresenta una delle aree più remote presenti sul pianeta ed è caratterizzata da condizioni oceanografiche e atmosferiche uniche che contribuiscono in modo determinante al suo isolamento geografico e climatico rispetto al resto dei continenti e degli oceani (Peck et al., 2006; Bargagli, 2008). Il continente antartico e l'Oceano Antartico presentano caratteristiche ambientali uniche, risultato di una storia geologica ed evolutiva molto lunga e complessa. In particolare, la definitiva separazione della Penisola Antartica dall'America del Sud, seguita dall'apertura e dal progressivo sviluppo del Passaggio di Drake, hanno favorito l'instaurarsi della Corrente Circumpolare Antartica e del vortice ciclonico antartico. Tali processi hanno contribuito fortemente sia ad aumentare il grado di isolamento del continente, sia al repentino raffreddamento di questa area (Knox, 2006; Bargagli, 2008). Da allora, l'Antartide è stata interessata da una successione di cicli climatici alternati di raffreddamento e riscaldamento, che hanno avuto una profonda influenza nel determinare l'attuale assetto ambientale, ecologico e biologico degli ecosistemi antartici.

L'eredità di questa lunga storia climatica è visibile oggi nel netto contrasto tra gli ecosistemi marini e quelli terrestri. Gli ecosistemi terrestri possono essere definiti come piccole "isole nel ghiaccio" (Bergstrom and Chown, 1999), in quanto solo circa lo 0,5% della superficie continentale è libera da ghiaccio e/o neve su scala stagionale (Convey and Peck, 2019). Inoltre, gli ecosistemi terrestri sono sottoposti a condizioni ambientali estreme, che li rendono molto simili a dei deserti freddi in cui la complessità della componente biotica, spesso relegata a pochi gruppi tassonomici molto tolleranti, è determinata dalla biodisponibilità di acqua allo stato liquido, dall'isolamento biogeografico e dalle temperature estremamente rigide (Bargagli, 2008; Convey and Peck, 2019). Al contrario, l'Oceano Antartico ospita alcuni tra gli ecosistemi marini più ricchi del globo caratterizzati da elevati livelli di biodiversità, in termini sia di abbondanza sia di ricchezza specifica, paragonabili a quelli delle scogliere coralline (*coral reef*) tropicali (Peck et al., 2006).

L'Oceano Antartico è definito come l'insieme delle masse d'acqua delimitate a sud dal continente antartico e a nord dal Fronte Polare (Aronson et al., 2007). Quest'ultimo coincide con il "getto" più intenso dei flussi che costituiscono la Corrente Circumpolare Antartica e rappresenta una barriera fisica che limita significativamente lo scambio di acqua tra l'Oceano Antartico e gli oceani circostanti (Peck, 2018). Tale condizione, contribuisce al mantenimento della stabilità

dei principali parametri ambientali che caratterizzano quest'area (Peck et al., 2006; Bargagli, 2008).

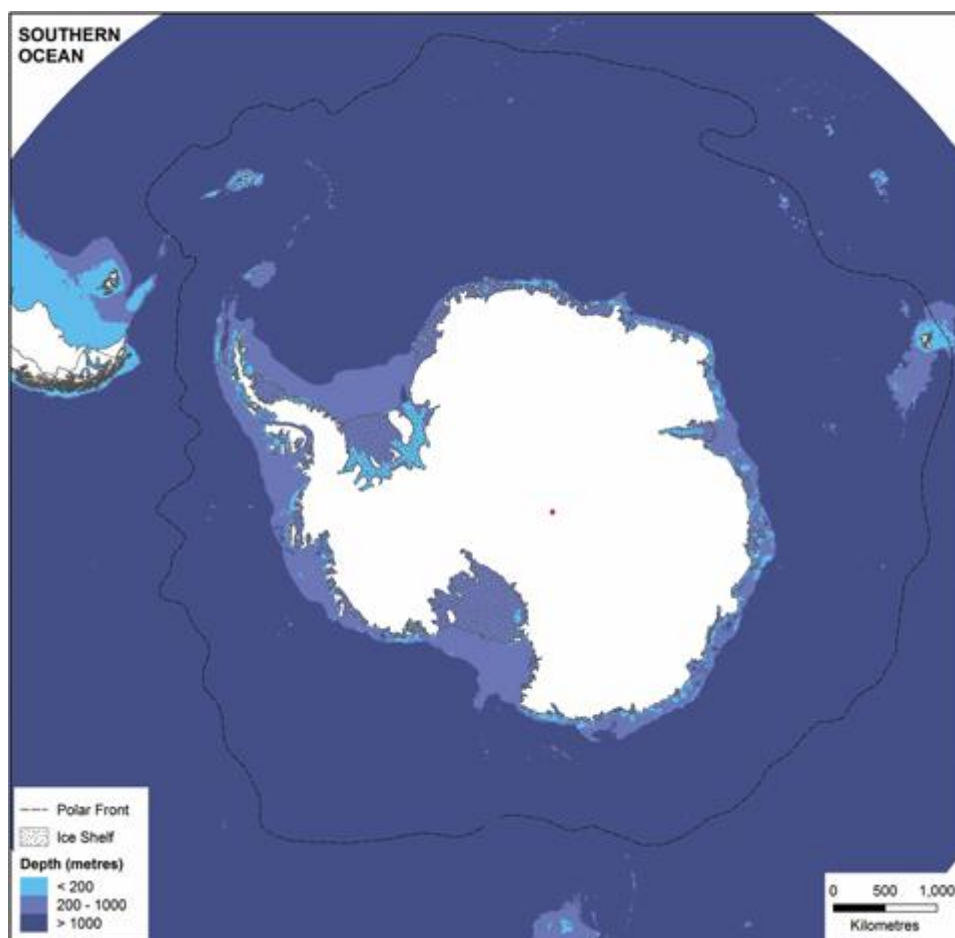


Figura 1. Mappa dell'Oceano Antartico (area a sud del Fronte Polare) (Peck, 2018)

I principali descrittori ambientali che influenzano la struttura e la distribuzione delle comunità biologiche presenti negli ecosistemi marini antartici sono la salinità, la temperatura, la presenza di ghiaccio in varie forme e la profondità (Peck, 2018). La temperatura, pur mostrando variazioni locali e lungo la colonna d'acqua, si mantiene generalmente costante in un intervallo molto ristretto, tra circa $-1,9^{\circ}\text{C}$ e $+1,5^{\circ}\text{C}$ (Peck et al., 2006; Convey & Peck, 2019). Il Mare di Ross è considerato uno dei mari più freddi del pianeta, con temperature prossime al punto di congelamento (circa $-1,86^{\circ}\text{C}$). Durante il periodo estivo, le acque superficiali possono registrare un lieve incremento termico fino a circa $-1,5^{\circ}\text{C}$, mentre a maggiori profondità le temperature possono diventare positive (fino a circa $+1,5^{\circ}\text{C}$) per effetto dell'intrusione di un ramo della *Circumpolar Deep Water* (CDW) (Peck, 2018). La salinità è generalmente costante (intorno ai 35 p.s.u.), ma può subire delle fluttuazioni costiere dovute ai processi di formazione o fusione sia del ghiaccio marino, sia di quello continentale (Bargagli, 2008; Convey & Peck, 2019). Il ghiaccio rappresenta il fattore ambientale dominante nell'Oceano Antartico e si manifesta in

diverse forme, tra cui il ghiaccio marino (*sea ice*), gli *iceberg* e le piattaforme di ghiaccio continentale (*ice shelves*), ciascuna con effetti distinti sugli ecosistemi marini (Peck et al., 2006; Peck, 2018).

Il ghiaccio marino influenza direttamente la penetrazione della radiazione luminosa e, conseguentemente, la produzione primaria. Durante la stagione invernale, la sua formazione riduce il rimescolamento (*mixing*) della colonna d'acqua e limita drasticamente la luce disponibile, risultando in una riduzione della produttività primaria (Meredith & Brandon, 2017). Al contrario, la fusione del ghiaccio durante il periodo estivo favorisce la stratificazione della colonna d'acqua e il rilascio di nutrienti nello strato eufotico, promuovendo i *bloom* fitoplanctonici (Arrigo et al., 2008; Montes-Hugo et al., 2009). Tuttavia, studi recenti hanno dimostrato come il rapporto tra copertura di ghiaccio marino e produttività primaria sia complesso: riduzioni nella copertura glaciale non si traducono necessariamente in un incremento della produzione primaria (Rozema et al. 2017). Sul fondale marino, il ghiaccio rappresenta la principale fonte di disturbo meccanico, svolgendo un ruolo ecologico strutturante sugli habitat bentonici fino a circa 550 m di profondità (Barnes & Conlan, 2006). In particolare, è stato osservato come l'azione abrasiva degli iceberg (*scouring*) sia in grado di rimuovere oltre il 99,5% della macrofauna e più del 90% della meiofauna bentonica (Peck et al., 1999). Ulteriori effetti sul fondale sono esercitati dall'*anchor ice*, ovvero il ghiaccio che si forma direttamente su fondali poco profondi (fino a circa 30m), e dalle *brine*, masse d'acque ipersaline rilasciate durante la formazione del ghiaccio marino. Tutti questi fattori contribuiscono a rendere il fondale antartico un ambiente fisicamente eterogeneo e discontinuo, caratterizzato da una marcata variabilità sia spaziale sia temporale (Peck, 2018). L'interazione tra questi fattori di disturbo genera un mosaico di habitat a diversi stadi di ricolonizzazione, modellando i pattern di biodiversità della comunità bentonica (Barnes & Conlan, 2006). Anche la profondità costituisce un importante descrittore ambientale degli ecosistemi marini antartici (Peck, 2018). La piattaforma continentale antartica, infatti, è mediamente più profonda rispetto a quelle degli altri continenti, con una profondità media di circa 450 m e con depressioni che raggiungono gli 800-1000 m, dove convenzionalmente è posta l'isobata che ne segna il limite esterno (Clarke & Johnston, 2003). Tutti questi descrittori concorrono a determinare le condizioni ambientali dell'Oceano Antartico e a modellare la struttura e la distribuzione della biodiversità che lo caratterizza (Peck, 2018).

L'elevata biodiversità marina osservabile oggi nell'Oceano Antartico è inoltre il risultato di un processo ciclico di isolamento e riesplorazione degli areali, definito da Clarke & Crame (2010) *biodiversity pump* (Peck, 2018). Questo fenomeno ha origine dalla lunga storia evolutiva del

continente e dal continuo alternarsi delle condizioni climatiche ed ecologiche, i principali fattori che hanno modellato nel tempo la biodiversità dell'Oceano Antartico. Da quando l'Antartide ha raggiunto le sue attuali condizioni di temperatura ed isolamento, si sono infatti verificati cicli alternati di raffreddamento e riscaldamento che hanno determinato una significativa variazione nell'estensione del ghiaccio marino e delle calotte glaciali. Durante le fasi glaciali, l'espansione del ghiaccio riduceva la superficie disponibile per la colonizzazione degli organismi, frammentando areali precedentemente continui e limitando le popolazioni a piccole aree rifugio lungo la piattaforma continentale esterna. Nelle fasi interglaciali, il ritiro del ghiaccio permetteva la riespansione degli areali e, con essa, nuovi episodi di contatto e diversificazione tra popolazioni precedentemente isolate (Peck, 2018). Inizialmente, l'esistenza di questi rifugi era stata messa in dubbio da dati che mostravano come l'azione erosiva del ghiaccio avesse interessato l'intera superficie della piattaforma continentale, azzerando di fatto le aree disponibili alla colonizzazione (O'Cofaigh et al., 2002; Thatje et al., 2005). Studi successivi hanno tuttavia dimostrato come rifugi di dimensioni sufficienti si siano mantenuti durante tutti i precedenti massimi glaciali, permettendo la persistenza e la successiva riespansione della vita marina sulla piattaforma (Graham et al., 2008; Thatje et al., 2008; Barnes & Kuklinski, 2010), come confermato anche dalla presenza nell'Oceano Antartico di gruppi di organismi rimasti in isolamento dal resto del mondo fin dal Mesozoico. Un'ipotesi analoga era stata già proposta anche per gli ambienti terrestri, dove analisi genetiche hanno identificato rifugi costieri e montani persistiti attraverso i cicli glaciali (Stevens et al., 2006; Convey & Stevens, 2007). Parallelamente, Brey et al. (1996) hanno ipotizzato che, durante i periodi di glaciazione, gli organismi potessero trovare rifugio anche a maggiori profondità, oltre che nelle piccole aree rimaste libere dal ghiaccio sulla piattaforma continentale. Tale ipotesi è coerente con l'osservazione che gli organismi bentonici antartici sembrano essere più euribati rispetto a quelli di altre piattaforme continentali sul globo, suggerendo un adattamento evolutivo a range batimetrici più ampi come risposta alle pressioni glaciali.

1.2 FAUNA BENTONICA ANTARTICA

La fauna marina dell'Oceano Antartico si distingue per una composizione tassonomica unica, caratterizzata dalla riduzione o dall'assenza di alcuni dei principali gruppi tassonomici e funzionali (e.g. crostacei brachiuri, molluschi gasteropodi e i predatori durofagi) come diretta conseguenza della peculiare storia evolutiva e climatica della regione (Clarke et al., 2004; Peck, 2018). Tali assenze avevano inizialmente orientato la comunità scientifica verso l'ipotesi di una diversità complessivamente ridotta (Winston, 1992; Clarke & Johnston, 2003), coerentemente

con il modello del gradiente latitudinale di diversità, che prevede una diminuzione della ricchezza specifica all'aumentare della latitudine e della profondità (Peck et al., 2018). Studi successivi hanno tuttavia smentito questa ipotesi, dimostrando come la ricchezza specifica dell'Oceano Antartico sia sensibilmente superiore a quanto precedentemente stimato. Tale ricchezza è particolarmente evidente soprattutto negli ecosistemi bentonici. Le stime attuali di biodiversità riportano circa 8000 specie descritte di invertebrati marini (De Broyer et al., 2014), a fronte di un numero atteso compreso tra 17.000 e 20.000 specie bentoniche associate alla sola piattaforma continentale (Gutt et al., 2004). Il divario tra specie descritte e specie stimate è riconducibile a molteplici fattori, tra cui: i) una scarsa caratterizzazione degli habitat bentonici: dovuta principalmente alla profondità eccezionale della piattaforma continentale antartica e alla difficoltà di accesso a vaste aree permanentemente o stagionalmente coperte dal ghiaccio, che rendono il campionamento diretto estremamente complesso, costoso e geograficamente disomogeneo (Clarke & Johnston, 2003; Ingels et al., 2012); ii) diversità criptica: presenza di numerosi *taxa* morfologicamente indistinguibili ma geneticamente distinti, che ha portato storicamente a considerare come singole specie entità biologiche in realtà composte da complessi di specie differenti (Peck, 2018), determinando una sottostima della reale diversità tassonomica (Convey & Peck, 2019); iii) elevato tasso di endemismo: ovvero la condizione per cui una specie è nativa e confinata esclusivamente a una specifica area geografica, è particolarmente elevato nelle regioni antartiche e si associa a una marcata strutturazione spaziale delle popolazioni. Questi due fattori rendono complessa la corretta delimitazione delle specie e la definizione dei rispettivi areali, aumentando la probabilità che unità tassonomiche distinte vengano erroneamente attribuite alla medesima specie sulla base dei soli caratteri morfologici (citazione?); iv) la mancanza di chiavi tassonomiche sia dicotomiche che politomiche per esemplari immaturi ed adulti: ovvero strumenti di identificazione di entità biologiche basate su una sequenza fissa di operazioni di individuazione (Brasier et al., 2016; Blake, 2018), infine v) il cosiddetto *taxonomic impediment*: la cronica carenza di specialisti in numerosi gruppi tassonomici, unita alla presenza di vaste collezioni museali contenenti campioni ancora non identificati o descritti, rappresenta un ulteriore limite all'effettiva quantificazione della biodiversità bentonica antartica (Hopkins and Freckleton, 2002).

Negli ultimi decenni, numerosi sforzi internazionali sono stati avviati con l'obiettivo di migliorare il censimento e la conoscenza della fauna marina antartica, attraverso la creazione di infrastrutture di dati condivisi e il coordinamento di campagne di campionamento su scala circumpolare (Ingles et al., 2012). Tra le iniziative più rilevanti figurano il SCAR *Marine Biodiversity Information Network* (MarBIN), sviluppato nell'ambito dello *Scientific Committee*

on Antarctic Research (<https://www.biodiversity.aq>), e il *Census of Antarctic Marine Life* (CAML, www.caml.aq), entrambi finalizzati all'integrazione e alla standardizzazione dei dati di biodiversità marina su scala regionale e globale. A queste iniziative si affiancano le campagne del programma ANDEEP (*ANtartic benthic DEEP-sea biodiversity: colonisation history and recent community patterns*), che hanno fornito un contributo fondamentale alla conoscenza della biodiversità dei fondali profondi antartici, ampliando in modo significativo il numero di *taxa* noti e le informazioni sulla loro distribuzione (Brandt et al., 2007). Il progressivo accumulo di dati derivante da questi programmi ha reso possibile la realizzazione del *Biogeographic Atlas of the Southern Ocean* (De Broyer et al., 2014), attualmente la sintesi più completa delle conoscenze sulla distribuzione della vita marina nell'Oceano Antartico, basata su oltre un milione di record georeferenziati. Queste iniziative hanno inoltre evidenziato la necessità di un approccio integrato e *taxon*-specifico per una corretta interpretazione dei pattern biogeografici antartici. In questo contesto, le attività di coordinamento scientifico e di raccolta dati su scala internazionale si pongono come base fondamentale per le future iniziative globali di osservazione polare, tra cui l'*International Polar Year 2032–33*, che rappresenterà un'opportunità chiave per consolidare e ampliare gli sforzi di censimento della biodiversità nelle regioni polari.

1.3 REVERSE TAXONOMY E DNA BARCODING

L'avvento ed il successivo sviluppo delle tecniche di biologia molecolare hanno rivoluzionato gli studi tassonomici, fornendo nuovi strumenti per l'identificazione delle specie e contribuendo a una più accurata caratterizzazione della biodiversità (Brasier et al., 2016). Tra questi, il DNA barcoding rappresenta uno degli approcci più diffusi per l'identificazione molecolare degli organismi, basandosi sull'analisi di una breve sequenza di DNA standardizzata utilizzata come "codice a barre" genetico per discriminare le diverse specie (Puillandre et al., 2012a; Puillandre et al., 2012b). Nel regno animale, il marcatore più utilizzato per il DNA barcoding è un frammento di circa 650 coppie di basi (658 bp) del gene mitocondriale *cytochrome c oxidase subunit I* (COI) (Hebert et al., 2003b; Carr et al., 2011). Questo gene è stato selezionato perché presenta una limitata variabilità all'interno della stessa specie, ma una divergenza generalmente sufficiente a distinguere specie differenti. Inoltre, il suo elevato tasso evolutivo favorisce la discriminazione tra *taxa* strettamente imparentati e la disponibilità di primer universali (e.g. Folmer et al., 1994) ne consente l'amplificazione in un'ampia gamma di invertebrati (Carr et al., 2011; Brasier et al., 2016).

L'efficacia del DNA barcoding si basa sul concetto del *barcode gap*, ovvero sulla differenza tra la variabilità genetica osservata all'interno della stessa specie (intraspecifica) e quella riscontrata tra specie differenti (interspecifica). In condizioni ideali, la distanza genetica tra individui appartenenti a specie diverse è significativamente maggiore rispetto a quella osservata tra individui della stessa specie, consentendo una chiara attribuzione tassonomica delle sequenze ottenute (Hebert et al., 2003a). In termini operativi, il DNA barcoding prevede il sequenziamento del marcatore COI, il confronto delle sequenze ottenute con quelle disponibili in repository dedicati, quali il *Barcode of Life Data System* (BOLD) e GenBank, e la successiva individuazione di *Molecular Operational Taxonomic Units* (MOTUs), ovvero unità tassonomiche definite sulla base della similarità genetica, mediante diversi approcci di partizione delle specie (e.g. ABGD, BIN, bPTP) (Carr et al., 2011; Guzzi et al., 2022; Guzzi et al., 2023). Oltre a rappresentare uno strumento rapido per l'identificazione delle specie, il DNA barcoding offre numerosi vantaggi rispetto ai soli approcci morfologici. In particolare, consente di attribuire un'identità tassonomica anche a esemplari frammentari o danneggiati, privi dei caratteri diagnostici necessari all'identificazione tradizionale, nonché a stadi larvali e giovanili che spesso differiscono morfologicamente dall'adulto (Carr et al., 2011; Guzzi et al., 2023). Inoltre, il confronto tra dati molecolari e morfologici ha permesso di evidenziare la presenza di numerose specie criptiche e di rivalutare complessi tassonomici precedentemente considerati un'unica specie, contribuendo a una revisione più accurata della biodiversità (Brasier et al., 2016). Le applicazioni del DNA barcoding si estendono anche alle collezioni museali, che rappresentano una risorsa di grande valore per gli studi tassonomici. L'analisi molecolare di esemplari raccolti e conservati anche molti anni prima consente infatti di verificare identificazioni pregresse, correggere eventuali errori tassonomici e riconoscere specie rimaste inosservate in passato (Piazza et al., 2014; Cecchetto et al., 2017; Ghiglione et al., 2018). In questo modo, le collezioni biologiche assumono un ruolo sempre più centrale non solo nella conservazione del materiale zoologico, ma anche nella ricostruzione della distribuzione delle specie e nell'aggiornamento delle conoscenze sulla biodiversità. A questo scopo, risulta fondamentale associare ogni sequenza a un esemplare di riferimento (*voucher specimen*), conservato in una collezione museale o istituzionale, così da consentire future verifiche morfologiche e controlli incrociati tra dati molecolari e caratteri anatomici (Hebert et al., 2003a; Ratnasingham et al., 2007). L'introduzione del DNA barcoding ha consentito lo sviluppo di tecniche integrate, in particolare la *reverse taxonomy*. A differenza della tassonomia tradizionale, nella quale l'identificazione delle specie si basa principalmente sul riconoscimento di caratteri morfologici diagnostici, la *reverse taxonomy* è un approccio che utilizza il DNA come punto di

partenza per individuare le *Molecular Operational Taxonomic Units* (MOTUs) e, solo successivamente, i risultati vengono validati attraverso il confronto con i caratteri morfologici per confermare l'identità o evidenziare la presenza di specie non ancora riconosciute (Markmann and Tautz, 2005; Michaloudi et al., 2018). Questo approccio si è dimostrato particolarmente efficace nello studio di gruppi caratterizzati da elevata plasticità morfologica o dalla presenza di specie criptiche, contribuendo alla descrizione di nuovi *taxa* (Carr et al., 2011; Brasier et al., 2016).

Nonostante i numerosi vantaggi, il DNA barcoding presenta ancora alcuni limiti. L'affidabilità delle identificazioni dipende infatti dalla completezza e dall'accuratezza dei database di riferimento, quali BOLD e GenBank; eventuali errori di identificazione presenti nei repository possono infatti propagarsi nelle analisi successive, influenzando l'identificazione di nuovi campioni (Ekrem et al., 2007; Puillandre et al., 2009). Inoltre, sebbene il dato molecolare rappresenti uno strumento estremamente efficace per la discriminazione delle specie, esso non è generalmente sufficiente, da solo, a identificarle con certezza. Per questi motivi, gli studi moderni adottano solitamente approcci integrati, nei quali dati molecolari, caratteri morfologici, informazioni ecologiche e distribuzione geografica vengono considerati in modo congiunto per arrivare ad una distinzione accurata delle specie (Carr et al., 2011; Alvarez-Campos et al., 2017).

1.4 POLICHETI – CARATTERISTICHE GENERALI E POLICHETI ANTARTICI

Polychaeta Grube, 1850 è la classe più ricca del phylum Annelida, comprendendo 12.953 specie viventi sulle 19.788 note per l'intero *phylum* (WoRMS - *World Register of Marine Species*, consultato il 30/06/2026). Questi organismi popolano ambienti terrestri, salmastri, marini e d'acqua dolce, sebbene la maggior parte delle specie (12.906 specie viventi accettate) viva in ambiente marino, dove rappresentano uno dei *taxa* di invertebrati più diffusi, abbondanti e diversificati nel bentos marino mondiale (Salazar-Vallejo et al., 2019; Read and Fauchald, 2026).

Da un punto di vista morfologico i policheti sono definiti come vermi multi-segmentati con il corpo suddiviso in tre regioni: la regione cefalica, il tronco segmentato e la porzione terminale (Fauchald, 1977; Read and Fauchald, 2026). La regione cefalica è costituita da due unità principali che circondano l'apertura boccale: il prostomio ed il peristomio; entrambe queste porzioni possono essere caratterizzate dalla presenza di appendici e organi di senso (e.g. antenne, cirri, palpi, occhi e organi nicali) (Fauchald, 1977). In alcune famiglie, come i Sabellidae, la regione anteriore è trasformata in una corona radiolare vascolarizzata che funge

sia da organo respiratorio, che da apparato filtratore (Capa, 2007). L'apparato boccale, quando presente, contiene il faringe (o proboscide), che è spesso eversibile e può presentare delle mascelle, dei denti o un *trepan*, ovvero una corona di denticoli chitinosi (Uebelacker and Johnson, 1984). Il tronco è costituito da una serie di segmenti ripetuti (o metameri), la cui dimensione può essere uniforme o variare lungo il corpo dell'organismo; ciascuna unità è caratterizzata dalla presenza di una coppia di appendici laterali, i parapodi (Fauchald, 1977). La struttura di queste appendici è spesso utilizzata come elemento diagnostico per il riconoscimento morfologico degli organismi (e.g. Barnich et al., 2012; San Martin and Worsfold, 2015). I parapodi sono generalmente strutture biramose, ovvero suddivise in due rami: il notopodio (i.e. ramo superiore, dorsale) ed il neuropodio (i.e. ramo inferiore, ventrale); talvolta, il notopodio può essere poco sviluppato o ridotto alla sola acicula e, in questi casi, si parla di parapodi uniramiosi o sub-biramiosi (Fauchald, 1977; Barnich et al., 2012; San Martin and Worsfold, 2015). Da notopodio e neuropodio emergono le chete (o sete), delle secrezioni chitinee dalle quali deriva il nome Polychaeta; le chete possono essere semplici (struttura unica) o complesse (costituite da un manico e un articolo terminale) e possono avere diverse morfologie (e.g. capillari, limbate, falcigere) (Fauchald, 1977, Uebelacker and Johnson, 1984; Tovar-Hernández et al., 2012). In alcuni policheti sedentari, il cui tronco può essere suddiviso in addome e torace, i notopodi o i neuropodi si trasformano in *tori*, strutture sulle quali sono disposte delle fila di uncini, mentre le chete sono assenti o presenti sull'altro ramo (Uebelacker and Johnson, 1984). In alcuni gruppi di policheti erranti, i parapodi possono portare strutture accessorie quali branchie, lobi e cirri sensoriali. Le branchie possono inserirsi sulla porzione dorsale dell'organismo o occupare il solco interramale (i.e. lo spazio che separa notopodio e neuropodio); in alcuni *taxa* l'organizzazione, la forma e la posizione delle branchie lungo il corpo dell'organismo rappresentano caratteri diagnostici per discriminare i generi e le specie (e.g. Hartman, 1967; Rainer and Kaly, 1988; Ravara et al., 2017). Infine, il pigidio rappresenta la porzione terminale dell'organismo e può essere semplice o avere proiezioni allungate con funzione sensoriale che prendono il nome di cirri pigidiali (Fauchald, 1977).

Da un punto di vista tassonomico, i policheti vengono convenzionalmente suddivisi in due sottoclassi, Errantia e Sedentaria (Fauchald, 1977), sebbene la loro sistematica sia in continuo aggiornamento visto il grande numero di specie che vengono descritte ogni anno (Kükenthal, 2019). Ad oggi, sono state descritte 12.906 specie accettate di policheti marini, suddivise in oltre 80 famiglie, di cui le più biodiverse sono i Syllidae (oltre 1100 specie), i Polynoidae (circa 900 specie), i Nereididae (760 specie) e gli Spionidae (circa 700 specie) (Schiaparelli and Jirkov, 2016; Read and Fauchald, 2026).

Nell'Oceano Antartico, i policheti costituiscono una componente chiave della fauna bentonica, risultando particolarmente dominanti negli habitat a sedimento fine e nei fondali sabbiosi. In alcune aree possono rappresentare fino al 70% della macrofauna totale in termini di ricchezza specifica e abbondanza (Gambi et al. 1997; Glover et al. 2008; Brasier et al. 2017), con picchi ancora più elevati in siti specifici. Ad esempio, nell'area di Baia di Terra Nova (Mare di Ross) i policheti raggiungono il 74-76% dell'abbondanza totale della macrofauna (Cantone et al., 2000). Tra le famiglie più biodiverse figurano i Polynoidae, i Syllidae, i Terebellidae e i Phyllodocidae (De Broyer et al., 2026), sebbene la dominanza in termini di abbondanza ricada spesso su famiglie diverse: in Baia Terra Nova, Spionidae e Orbiniidae risultano le famiglie quantitativamente più rappresentate (Gambi et al., 1997).

Oltre all'elevata ricchezza specifica, anche i tassi di endemismo rappresentano un aspetto di particolare rilievo: si stima che circa il 50% delle specie di policheti antartici attualmente conosciute siano endemiche della provincia antartica (De Broyer et al., 2014). Tuttavia, il grado di endemismo varia in funzione dell'area geografica, della profondità e del gruppo tassonomico considerato. Ad esempio, in alcune zone, come il Mare di Ross e la Penisola Antartica, circa il 60-75% delle specie di policheti sedentari risulta endemico delle aree antartiche e sub-antartiche (Cantone, 1995; Cantone and Di Pietro, 2001). La distribuzione delle specie lungo il gradiente batimetrico costituisce un ulteriore elemento di interesse. Brandt et al. (2009) hanno evidenziato come molte specie siano in grado di occupare un ampio intervallo di profondità, dalle acque superficiali fino a circa 2000 m. Gli autori hanno inoltre osservato che la ricchezza specifica dei policheti raggiunge un picco sulla piattaforma continentale, per poi diminuire progressivamente fino a circa 1000 m di profondità; oltre questa soglia, il numero di specie tende a rimanere relativamente costante, attestandosi intorno a 100-150 specie. Nonostante l'elevata diversità e la loro rilevanza ecologica, i policheti antartici risultano ancora relativamente poco studiati (Cantone et al., 2000), in particolare per quanto riguarda la loro biogeografia. La maggior parte delle ricerche dedicate a questo *taxon* risale infatti al periodo compreso tra gli anni '60 e i primi anni 2000 ed è stata rivolta principalmente agli aspetti tassonomici (e.g. Hartman, 1967; Knox and Lowry, 1977) oppure al loro ruolo ecologico, con particolare riferimento al contributo dei policheti alla rete trofica antartica in qualità di prede di alcuni pesci nototenioidi demersali (e.g. Vacchi et al., 1994; La Mesa et al., 1997). Negli anni successivi, l'interesse si è esteso anche ad aspetti ecologici più specifici, come le relazioni simbiotiche tra i policheti e altre componenti della fauna antartica (e.g. Schiaparelli et al., 2011; Bogantes et al., 2020). Molti di questi studi si sono concentrati nella regione del Mare di Ross. Le conoscenze sui policheti in quest'area sono aumentate considerevolmente a seguito dell'istituzione della Stazione Mario Zucchelli

(MZS) nel 1985, soprattutto nella Baia di Terra Nova, sede della stazione stessa (Cantone et al., 2000). La prima *checklist* delle specie di policheti per questo bacino fu fornita da Knox and Cameron (1998), che riportarono un totale di 174 specie bentoniche e 10 pelagiche. Due anni dopo, Cantone et al. (2000) ampliarono il quadro delle conoscenze, riportando 235 specie bentoniche appartenenti a 33 famiglie per l'intero Mare di Ross e fornendo, inoltre, una checklist specifica per la Baia di Terra Nova, nella quale registrarono 132 specie appartenenti a 29 famiglie.

Ad oggi, il numero di specie note è sensibilmente aumentato rispetto a quanto riportato nelle checklist storiche: sul *Register of Antarctic Marine Species* (RAMS) (De Broyer et al., 2026) sono censite circa 550 specie di policheti per l'Oceano Antartico, mentre l'*Ocean Biodiversity Information System* (OBIS) (<https://obis.org>) riporta circa 450 specie con record georeferenziati. Tuttavia, questi dati, così come le stime dei tassi di endemismo, si basano prevalentemente su identificazioni morfologiche. L'integrazione delle tecniche molecolari, in particolare del DNA barcoding, ha infatti evidenziato come numerose specie considerate in passato cosmopolite o circum-antartiche costituiscono in realtà complessi di specie criptiche con distribuzioni più ristrette, suggerendo che sia la ricchezza specifica sia i livelli di endemismo dei policheti antartici siano significativamente sottostimati (Brasier et al., 2016; Brasier et al., 2017; Bogantes et al., 2020).

2. SCOPO DELLA TESI

L'International Polar Year ormai alle porte (2032-2033 - IPY5) rappresenterà uno dei principali sforzi coordinati della comunità scientifica internazionale per migliorare le conoscenze sugli ecosistemi polari. Tra gli obiettivi centrali dell'IPY5 rientrano la produzione di dati armonizzati, condivisibili e riutilizzabili secondo i principi FAIR (*Findable, Accessible, Interoperable, Reusable*) e il focus su reperti fisici conservati nei musei di storia naturale e nei musei polari per comprendere le variazioni climatiche del passato, la distribuzione delle specie e i cambiamenti ambientali. In questo contesto risulta quindi di particolare importanza la “museomica”, una nuova disciplina che integra dati molecolari, caratteri morfologici e metadati associati ai campioni museali per la produzione di *extended specimens*. Le collezioni museali assumono quindi un ruolo strategico, poiché conservano materiale raccolto nel corso di decenni di attività scientifica e rappresentano una fonte di informazioni ancora ampiamente inesplorata. L'applicazione di questi approcci risulta particolarmente rilevante per le *key species* antartiche, quali i policheti, uno dei principali *taxa* di invertebrati bentonici in termini di ricchezza specifica e abbondanza. Questi organismi svolgono un ruolo ecologico fondamentale, occupando numerose gilde trofiche e contribuendo al trasferimento di energia tra i diversi livelli della rete trofica marina antartica. Grazie alla presenza di specie predatrici, essi sono rappresentati anche ai livelli trofici più elevati, fino a comprenderne gli apici. Nonostante la loro importanza ecologica, le conoscenze sulla loro reale diversità risultano ancora oggi incomplete ed automaticamente una priorità in vista dell'IPY5. Tra le aree maggiormente investigate per lo studio di questi organismi figura Baia Terra Nova, dove le numerose campagne di campionamento condotte sin dalla fondazione della Stazione di ricerca Mario Zucchelli hanno prodotto una delle più estese collezioni di policheti antartici, oggi di particolare interesse anche in quanto l'area ricade all'interno dell'Area Marina Protetta del Mare di Ross. In quest'ottica, il presente lavoro di tesi si propone di analizzare la collezione museale di policheti antartici custodita presso il Museo Nazionale dell'Antartide (MNA, Sezione di Genova). Questo obiettivo si articolerà in tre aspetti principali: i) revisione e formattazione del database MNA secondo lo standard internazionale Darwin Core (DwC); ii) applicazione della *reverse taxonomy* per confermare o, ove necessario, aggiornare le assegnazioni tassonomiche precedentemente basate esclusivamente sui caratteri morfologici, evidenziando l'eventuale presenza di specie criptiche all'interno della collezione; inoltre, tutte le sequenze ottenute saranno depositate nei *repository* molecolari internazionali, contribuendo ad ampliare la disponibilità di *molecular vouchers* associati a esemplari museali permanentemente conservati; iii) revisione e aggiornamento della

checklist dei policheti antartici per l'area di Baia Terra Nova, integrando i risultati delle nuove analisi tassonomiche e molecolari effettuate nel presente studio.

Nel loro insieme, queste attività contribuiranno alla produzione di nuovi *extended specimens* e alla valorizzazione delle collezioni storiche del MNA, supportando gli obiettivi scientifici e infrastrutturali dell'IPY5.

3. MATERIALI E METODI

Il presente lavoro di tesi ha preso in esame la collezione di policheti antartici conservata presso il Museo Nazionale dell'Antartide (MNA), Sezione di Genova, costituita dagli esemplari museali e dai relativi dati di collezione. Il dataset è costituito da 849 campioni, corrispondenti ad un totale di 2154 individui appartenenti alla classe Polychaeta (Annelida). Il materiale custodito presso l'MNA è stato raccolto durante 25 spedizioni antartiche condotte dal 1987 al 2025 nell'ambito di programmi di ricerca nazionali e internazionali, finanziate da diversi enti, tra cui il Programma Nazionale di Ricerche in Antartide (PNRA), il *National Institute of Water and Atmospheric Research* (NIWA, Nuova Zelanda), l'Istituto Alfred Wegener (AWI, Germania) ed il *British Oceanographic Data Centre* (BODC, Gran Bretagna) (Tabella 1). Complessivamente, il materiale analizzato proviene da 188 stazioni (Figura 2), distribuite in diversi settori dell'Oceano Antartico e comprese in un intervallo batimetrico che si estende dalla superficie fino a circa 1.265 m di profondità. Il dataset comprende campioni provenienti da regioni antartiche e subantartiche. La maggior parte degli individui sono stati raccolti nell'area del Mare di Ross (1947 individui), che rappresentano circa il 90% del materiale analizzato, seguito da 83 individui provenienti dallo Stretto di Bransfield (circa il 4%) e da 15 individui dal Mare di Weddell (circa lo 0,7%). All'interno del Mare di Ross, oltre il 66% dei campioni proviene da Baia di Terra Nova (BTN), una delle aree maggiormente investigate dal PNRA dovuta alla presenza della base di ricerca italiana Mario Zucchelli, operativa dal 1985. Una quota minoritaria del materiale proviene invece da diverse regioni sub-antartiche, tra cui 14 individui dallo Stretto di Magellano (circa lo 0,6% degli esemplari) e 41 individui da Burdwood Bank (Namuncurá), un rilievo sottomarino situato a sud delle Isole Falkland, da cui proviene circa il 2% degli esemplari analizzati.

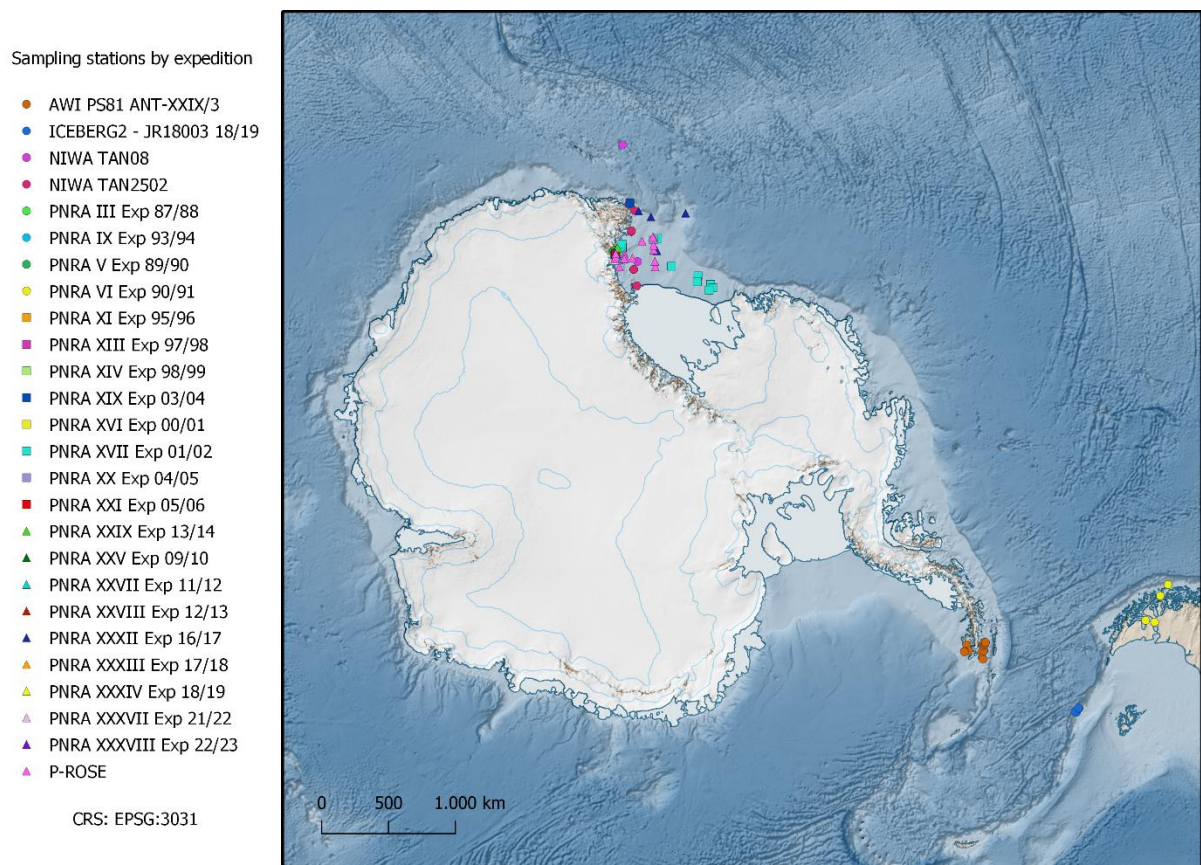


Figura 2. Mappa delle 188 stazioni campionate nel corso delle 25 spedizioni antartiche effettuate tra il 1987 ed il 2025

I campioni sono stati raccolti mediante differenti metodologie e strumenti di campionamento, selezionati in funzione delle caratteristiche ambientali e degli obiettivi dei singoli progetti.

La maggior parte del materiale proviene da campionamenti bentonici effettuati mediante benne (principalmente Van Veen grab e Box Corer) e differenti tipologie di draghe, tra cui Charcot Dredge, Triangular Dredge, Rauschert Dredge e draghe bentoniche tradizionali, impiegate per il campionamento dei fondali duri e mobili. Una parte consistente del materiale è stata inoltre raccolta mediante Agassiz Trawl (AGT), utilizzata durante numerose campagne per il campionamento della megafauna e macrofauna bentonica su ampie superfici. Accanto ai metodi di campionamento tradizionali, alcune spedizioni hanno impiegato tecniche specifiche per particolari obiettivi di ricerca. Tra queste rientrano campionamenti mediante immersione (SCUBA diving), che hanno consentito il prelievo diretto di esemplari in ambienti costieri poco profondi, l'impiego di Artificial Reef Monitoring Structures (ARMS) per lo studio delle comunità bentoniche associate a substrati artificiali e l'utilizzo di sistemi di ormeggio (*moorings*) e trappole per sedimento (*sediment trap*) per il monitoraggio di organismi e particolato nella colonna d'acqua. In alcune campagne sono stati inoltre utilizzati strumenti dedicati al campionamento della fauna pelagica, quali il Multiple Tucker Trawl (MT/TT), lo Small Hamburg Plankton Net (SHPN), il retino WP2, reti da posta (*gill nets*) e palangari (*long lines*),

che hanno fornito materiale aggiuntivo, talvolta come cattura accessoria (*by-catch*), successivamente confluito nella collezione museale. I campioni della collezione sono attualmente conservati secondo differenti modalità, in funzione delle finalità per cui sono stati raccolti e dei protocolli di conservazione adottati durante le diverse campagne di campionamento. Nel dettaglio ~71% in etanolo (1523 individui), ~3% congelati a -20°C (69 individui), mentre una percentuale inferiore, pari al ~26%, sono essiccati (29 individui) o fissati in formalina (532 individui).

Tabella 1. Elenco delle spedizioni antartiche in cui sono stati raccolti i campioni analizzati, con i rispettivi anni e strumenti di campionamento utilizzati. Abbreviazioni: RD: Rauschert Dredge; AGT: Agassiz Trawl; CD: Charcot Dredge; TD: Triangular Dredge; TT: Multiple Net Tucker Trawl; TN: Trammel Net; GN: Gill Net; LL: Long Line; SHPN: Small Hamburg Plankton Net; ARMS: Autonomous Reef Monitoring Structures.

Anno	Spedizione	Strumenti di campionamento
1987/1988	PNRA III Spedizione	Benna di Van Veen
1989/1990	PNRA V Spedizione	CD; TD; Benna di Van Veen
1990/1991	PNRA VI Spedizione	Benna; Draga
1993/1994	PNRA IX Spedizione	Benna
1995/1996	PNRA XI Spedizione	Benna di Van Veen
1997/1998	PNRA XIII Spedizione	AGT
1998/1999	PNRA XIV Spedizione	Benna di Van Veen
2000/2001	PNRA XVI Spedizione	Benna di Van Veen
2001/2002	PNRA XVII Spedizione	Draga; Benna di Van Veen
2003/2004	PNRA XIX Spedizione	Benna di Van Veen
2004/2005	PNRA XX Spedizione	Sediment Trap
2005/2006	PNRA XXI Spedizione	Draga
2009/2010	PNRA XXV Spedizione	Draga; Diving
2011/2012	PNRA XXVII Spedizione	Draga; Mooring
2012/2013	PNRA XXVIII Spedizione	Draga; Diving; GN; LL; SHPN
2013/2014	PNRA XXIX Spedizione	Draga; Mooring; Diving; TT; TN
2016/2017	PNRA XXXII Spedizione	ARMS; Draga; Box-Core; WP2
2017/2018	PNRA XXXIII Spedizione	ARMS
2018/2019	PNRA XXXIV Spedizione	ARMS
2021/2022	PNRA XXXVII Spedizione	ARMS
2022/2023	PNRA XXXVIII Spedizione	ARMS

2013	AWI PS81 ANT-XXIX/3	AGT, RD
2018/2019	ICEBERG2 - JR18003	AGT
2008	NIWA TAN08	AGT
2025	NIWA TAN2502	AGT

3.1 REVERSE TAXONOMY

3.1.1 ANALISI MOLECOLARE

Per l'analisi molecolare è stata prelevata una porzione di tessuto da 440 individui, successivamente trasferita in *microplate* e inviata, in più lotti, al *Canadian Centre for DNA Barcoding* (University of Guelph, Guelph, ON, Canada), dove sono state effettuate le procedure di estrazione, amplificazione e sequenziamento del DNA. L'amplificazione del frammento del gene mitocondriale *cytochrome c oxidase subunit I* (COI) è avvenuta tramite PCR utilizzando i primers polyLCO (F) (5' – GAYTATWTTCAACAAATCATAAAGATATTGG – 3') e polyHCO (R) (5' – TAMACTTCWGGGTGACCAAARAATCA – 3') (Carr et al., 2011). Le sequenze sono state caricate sulla piattaforma BOLD (*Barcode Of Life Data systems*, <http://www.boldsystems.org>) e revisionate per qualità (lunghezza superiore a 600 paia di basi) e potenziali contaminazioni. L'assegnazione tassonomica preliminare è stata eseguita attraverso il confronto delle sequenze con quelle presenti nei database del *Barcode of Life Data system* (BOLD) e del *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) BLAST (BLAST: Basic Local Alignment Search Tool, consultato il 05/07/2026). Ai fini dell'identificazione tassonomica, è stata adottata una soglia minima di similarità (*match*) del 98% tra la sequenza in esame e la miglior sequenza di riferimento presente nei database di riferimento (Leray and Knowlton, 2016). I cromatogrammi sono stati analizzati in CodonCode Aligner v9.0.1 (CodonCode Corporation, www.codoncode.com) per verificare l'assenza di codoni di stop nelle sequenze e rimuovere i primer. Le sequenze sono state allineate utilizzando l'algoritmo MUSCLE, disponibile in CodonCode Aligner. *Sipunculus* (*Sipunculus*) *nudus* Linnaeus, 1766 (codice univoco GenBank: EF521189) è stato utilizzato come *outgroup*. La determinazione del modello di sostituzione è stata effettuata su MEGA12 (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 12 for adaptive and green computing*) (Kumar et al., 2024). Il modello con il punteggio BIC (*Bayesian Information Criterion*) più basso è risultato essere il GTR + G + I (*General Time Reversible* + distribuzione Gamma + siti Invariabili). L'albero basato sulle sequenze del gene COI (*gene tree*) è stato ricostruito in MEGA12 utilizzando il metodo *Maximum Likelihood* (ML), basato sul modello evolutivo *General Time Reversible* (Tavaré,

1986) con 1500 repliche *bootstrap* per valutare la robustezza dei nodi dell'albero. Durante le analisi successive è stato adottato un concetto filogenetico di specie, basato sul principio del *barcode gap*, secondo cui la variabilità genetica interspecifica (*between*) è generalmente superiore a quella intraspecifica (*within*) (Hebert et al., 2003b). La delimitazione delle specie e la definizione delle *Molecular Operational Taxonomic Units* (MOTUs) è stata effettuata mediante l'applicazione di quattro metodologie differenti, appartenenti sia ad approcci *distance-based* sia *tree-based*, al fine di formulare ipotesi preliminari di unità tassonomiche. Tra i metodi *distance-based* rientrano il *Barcode Index Number system* (BIN), l'*Automatic Barcode Gap Discovery* (ABGD) e l'*Assemble Species by Automatic Partitioning* (ASAP), mentre l'approccio *tree-based* utilizzato è il *Bayesian Poisson Tree Process* (bPTP). Il sistema BIN assegna automaticamente le sequenze a unità operative standardizzate all'interno del database del BOLD, contribuendo alla definizione preliminare delle unità tassonomiche (Ratnasingham and Hebert, 2013). Il metodo ABGD è una procedura automatica che considera le sequenze come specie ipotetiche basandosi sul *barcode gap*. Questo modello sfrutta un sistema a due fasi, in cui le sequenze vengono ripetutamente suddivise in gruppi candidati a specie sulla base delle distanze genetiche (Puillandre et al., 2012a). Il metodo ASAP, invece, identifica automaticamente la partizione ottimale del dataset in gruppi candidati a specie attraverso l'analisi delle distanze genetiche e l'individuazione del *barcode gap* globale. Il metodo non richiede un albero filogenetico a priori e restituisce soluzioni alternative ordinate in base a un indice di qualità della partizione. (Puillandre et al., 2021). Infine, l'ultimo approccio utilizzato per la delimitazione delle specie è il bPTP. Questo metodo utilizza il numero di sostituzioni lungo i rami dell'albero per inferire i potenziali confini tra le specie, assumendo che il numero di sostituzioni tra specie sia significativamente maggiore rispetto a quello osservato all'interno delle specie (Zhang et al., 2013). In questo studio è stata utilizzata l'implementazione bayesiana del modello PTP, che consente di stimare in modo probabilistico la delimitazione delle specie a partire dall'albero ottenuto mediante ML (<https://species.h-its.org/ptp>).

3.1.2 ANALISI MORFOLOGICA

Seguendo l'approccio della *reverse taxonomy* (Markmann and Tautz, 2005; Michaloudi et al., 2018), tutti gli esemplari sottoposti ad analisi molecolare sono stati successivamente riesaminati dal punto di vista morfologico al fine di verificare e, ove necessario, aggiornare l'assegnazione tassonomica ottenuta mediante DNA barcoding. Le osservazioni sono state eseguite mediante stereoscopio *Leica MZ8 stereomicroscope* presso il laboratorio del Museo Nazionale dell'Antartide (MNA, Sezione di Genova). Le identificazioni sono state effettuate fino al livello

tassonomico più basso possibile sulla base dello stato di conservazione e dalle informazioni diagnostiche disponibili in letteratura. Il primo passaggio ha previsto la conferma della famiglia di appartenenza di ciascun individuo, utilizzando le chiavi dicotomiche fornite da Glasby et al. (2024) e i caratteri morfologici diagnostici riportati da Rouse et al. (2022) per le diverse famiglie della classe Polychaeta. Laddove possibile, gli individui sono stati assegnati fino al livello di genere sulla base delle informazioni fornite da Fauchald (1977). I caratteri morfologici diagnostici più attenzionati in questa fase sono stati: i) la morfologia ed organizzazione della porzione cefalica, comprendente i caratteri distintivi del prostomio e del peristomio, come forma, presenza e tipologia di organi sensoriali e di appendici accessorie; ii) l'organizzazione del tronco segmentato, con particolare riferimento alla struttura ed organizzazione dei metameri lungo il corpo dell'organismo, nonché ai caratteri dei parapodi e delle chete; iii) la porzione pigidiale, considerando, ove conservata, la forma del pigidio, le sue dimensioni e l'eventuale presenza di cirri pigidiali.

3.2 FORMATTAZIONE DEL DATABASE MNA IN DARWIN CORE (DwC)

Per la formattazione definitiva del dataset in formato DarwinCore (DwC) nel rispetto dei principi FAIR (Wieczorek et al., 2012; Wilkinson et al., 2016), tutti i record del database sono stati sottoposti a una procedura di controllo di qualità (*quality control*), articolata in diversi passaggi di verifica, validazione e integrazione delle informazioni. In primo luogo, tutti i record sono stati sottoposti a un controllo di completezza e coerenza delle informazioni disponibili. Le coordinate geografiche, originariamente riportate in diversi formati, sono state convertite in latitudine e longitudine decimali (WGS84) e successivamente rappresentate cartograficamente, al fine di verificare la corrispondenza tra la posizione geografica e la località di campionamento riportata nei brogliacci di campo. Tutti gli esemplari sono stati identificati al più basso livello tassonomico possibile mediante l'utilizzo di chiavi dicotomiche disponibili (tassonomia tradizionale) o mediante *reverse taxonomy* (tassonomia integrata). La classificazione tassonomica adottata segue la revisione filogenetica proposta da Jimi (2024), attualmente adottata dal *World Register of Marine Species* (WoRMS). Tutti i nomi scientifici sono stati verificati per individuare eventuali errori ortografici o sinonimie e successivamente validati mediante confronto con il database WoRMS. Per ciascun *taxon* è stato inoltre associato il corrispondente *Life Science Identifier* (LSID), registrato nel campo scientificNameID secondo lo standard Darwin Core. Infine, le informazioni relative alla data e all'ora di campionamento sono state verificate sulla base dei rapporti originali delle spedizioni e convertite nel formato standard ISO 8601, garantendo l'uniformità e l'interoperabilità temporale dell'intero dataset.

4. RISULTATI

4.1 *REVERSE TAXONOMY*

4.1.1 RISULTATI DELL'ANALISI MOLECOLARE

Per questo lavoro di tesi sono stati analizzati 440 individui, dai quali sono state ottenute 332 sequenze con una lunghezza pari o superiore a 600pb, corrispondenti a un successo del sequenziamento pari a circa il 75,7%. Tutte le sequenze ottenute sono risultate *barcode compliant* e, conseguentemente, la piattaforma BOLD ha assegnato automaticamente un BIN a ciascuna di esse. L'albero prodotto in ML (Figure 3 e 4) è stato successivamente sottoposto a quattro differenti metodi di partizione di specie al fine di identificare i cladi presenti. L'utilizzo del sistema BIN ha consentito di identificare 35 cladi, mentre gli altri 3 approcci utilizzati (ABGD, ASAP, bPTP) hanno evidenziato in modo concorde la presenza di 36 cladi. La discordanza tra il sistema BIN e gli altri metodi di delimitazione delle specie riguarda tre cladi specifici all'interno dei generi *Perkinsiana* Knight-Jones, 1983, specificatamente cladi C1 e C2, *Aglaophamus* Kinberg, 1866, cladi C33 e C34, ed infine *Barrukia* Bergström, 1916, clade C18. Nel genere *Perkinsiana* (Figura 5), il sistema BIN raggruppa i due individui in un unico clade, mentre ASAP, ABGD e bPTP li separano in due unità distinte. Nel genere *Aglaophamus* (Figura 6), si osserva invece la casistica opposta: il BIN distingue due cladi, mentre gli altri metodi li riuniscono in una singola unità. Infine, nel caso del genere *Barrukia* (Figura 7), il sistema BIN include un individuo all'interno del clade principale, mentre gli altri approcci lo separano attribuendogli un clade distinto.

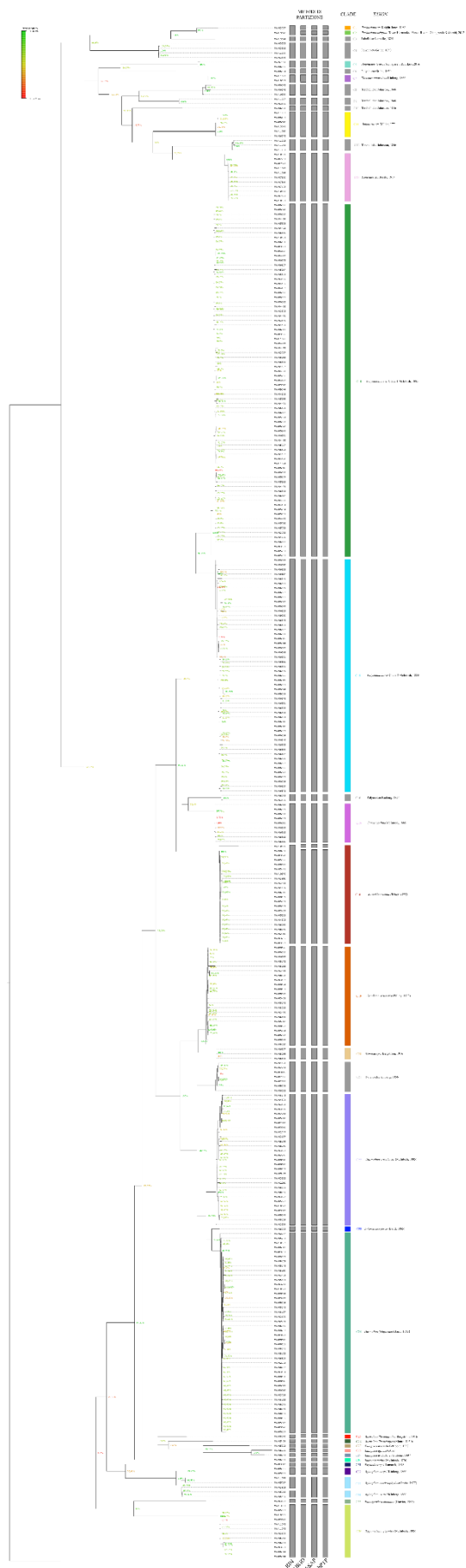


Figura 3. Albero in *Maximum Likelihood*

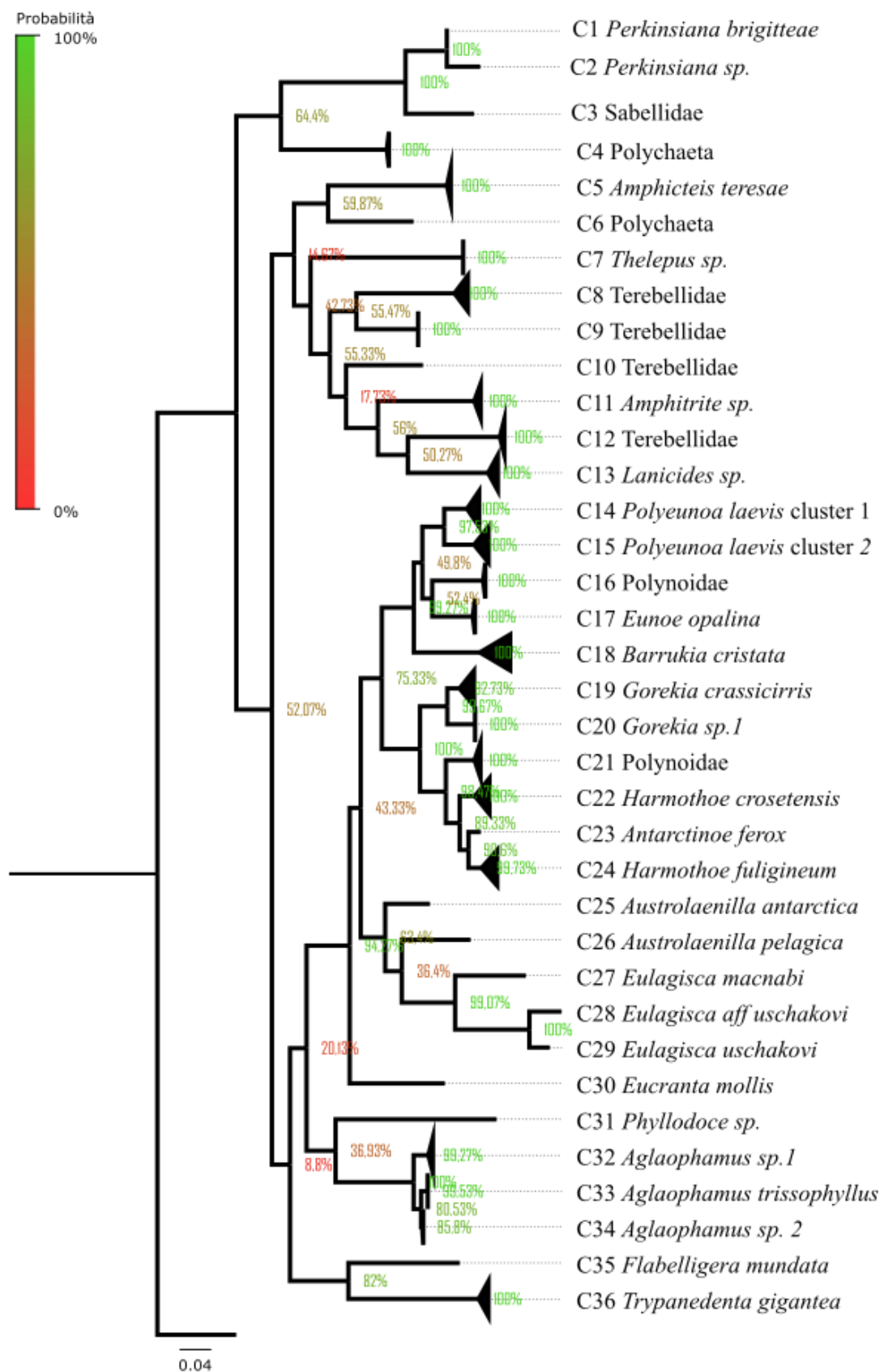


Figura 4. Albero in ML collassato con i 36 cladi individuati dai vari metodi di partizione delle specie utilizzati



Figura 5. Suddivisione dei cladi all'interno del genere *Perkinsiana* secondo i metodi di delimitazione delle specie (box grigi; in ordine da sinistra verso destra: BIN, ABGD, ASAP, bPTP)

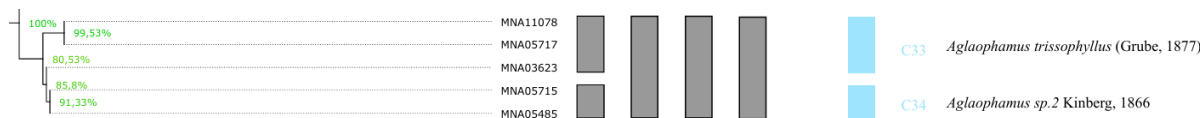


Figura 6. Suddivisione dei cladi all'interno del genere *Aglaophamus* secondo i metodi di delimitazione delle specie (box grigi; in ordine da sinistra verso destra: BIN, ABGD, ASAP, bPTP)

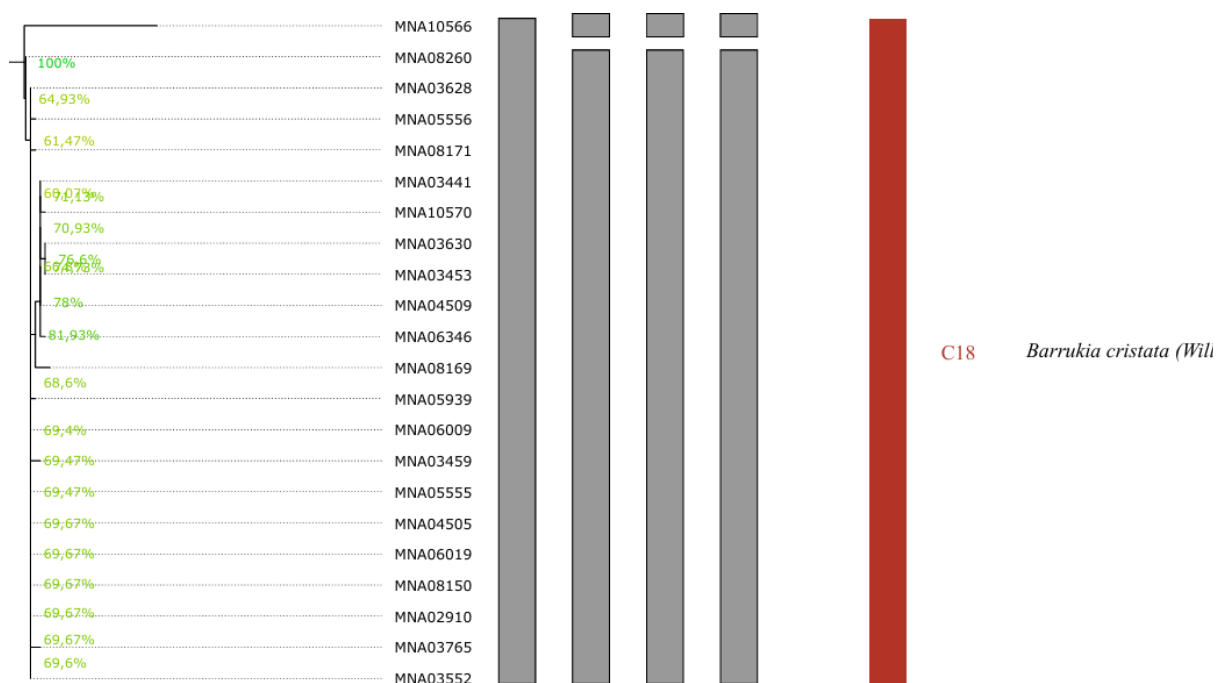


Figura 7. Suddivisione dei cladi all'interno del genere *Barrukia* secondo i metodi di delimitazione delle specie (box grigi; in ordine da sinistra verso destra: BIN, ABGD, ASAP, bPTP)

Per attribuire a ciascun clade un potenziale *taxon* è stato eseguito il confronto tra le sequenze che lo compongono e quelle depositate nei *repository* di riferimento. Una corrispondenza maggiore del 98% è stata considerata indicativa di un'identificazione affidabile a livello di specie (*match* esatto). Per nove cladi non è stato possibile arrivare ad una risoluzione tassonomica elevata a causa della ridotta similarità con le sequenze di riferimento (in Figura 3, cladi evidenziati in colore grigio). In questi casi, è stato possibile ricondurre i cladi solamente a livello di famiglia (sette cladi: C3, C8, C9, C10, C12, C16, C21) o di classe (due cladi: C4 e C6). I restanti 27 cladi hanno avuto un *match* positivo (>98%) con sequenze di riferimento identificate

a livello di genere o specie. In particolare, è stato possibile ricondurre 20 cladi a potenziali specie, mentre ai restanti sette è stata assegnata un'identificazione provvisoria: C11 *Amphitrite* sp. Müller, 1771; C13 *Lanicides* sp. Hessle, 1917, C20 *Gorekia* sp. Bergström, 1916, C28 *Eulagisca* aff. *uschakovi*, C31 *Phyllodoce* sp. Lamarck, 1818, C32 e C34 *Aglaophamus* sp.1 e sp.2. La maggior parte dei cladi identificati a livello specifico è sostenuta da una probabilità dei nodi maggiore o uguale a circa il 90% (nello specifico per i cladi C1, C2, C5, C7, C14, C15, C17, C18, C19, C22, C23, C24, C27, C29, C30, C33, C36). Fanno eccezione i cladi C25 (~64%), C26 (~37%) e C35 (82%), caratterizzati da valori di supporto inferiori, probabilmente riconducibili al fatto che ciascuno di essi è rappresentato da una singola sequenza. Un ulteriore caso peculiare è quello che riguarda i cladi C14 e C15. Entrambi questi cladi sono stati infatti identificati come *Polyeunoa laevis* McIntosh, 1885, sebbene la separazione in due gruppi distinti sia stata individuata da tutti i metodi di delimitazione delle specie utilizzati e sostenuta da una probabilità dei nodi pari a circa il 98%.

4.1.2 RISULTATI DELL'ANALISI MORFOLOGICA

Seguendo l'approccio della *reverse taxonomy*, le analisi morfologiche sono state condotte per verificare e, ove necessario, correggere le assegnazioni tassonomiche preliminari ottenute mediante le analisi molecolari. Nel complesso, il processo di identificazione morfologica si è rivelato particolarmente complesso a causa della carenza di chiavi dicotomiche e politomiche aggiornate per la fauna antartica. Tale limitazione ha impedito, in diversi casi, di raggiungere un'identificazione affidabile a livello specifico, rendendo possibile l'attribuzione degli esemplari esclusivamente ai soli livelli tassonomici superiori. Di conseguenza, non è stato possibile condurre un'analisi approfondita dei cladi che erano stati identificati al solo livello di classe o famiglia durante l'analisi molecolare. Le osservazioni morfologiche hanno tuttavia consentito di confermare l'assegnazione tassonomica di 17 cladi che erano stati riconosciuti come potenziali specie. Nello specifico: C5 *Amphicteis teresae* Schiaparelli & Jirkov, 2016, C14 *Polyeunoa laevis* cluster 1 McIntosh, 1885, C15 *Polyeunoa laevis* cluster 2 McIntosh, 1885, C17 *Eunoe opalina* McIntosh, 1885, C18 *Barrukia cristata* (Willey, 1902), C19 *Gorekia crasscirris* (Willey, 1902), C22 *Harmothoe crosetensis* (McIntosh, 1885), C23 *Antarcticoe ferox* (Baird, 1865), C24 *Harmothoe fuligineum* (Baird, 1865), C25 *Austrolaenilla antarctica* Bergström, 1916, C26 *Austrolaenilla pelagica* (Monro, 1930), C27 *Eulagisca macnabi* Pettibone, 1997, C29 *Eulagisca uschakovi* Pettibone, 1997, C30 *Eucranta mollis* (McIntosh, 1876), C33 *Aglaophamus trissophyllus* (Grube, 1877), C35 *Flabegraviera mundata* (Gravier, 1906) e C36 *Trypanedenta gigantea* (McIntosh, 1885). Diversamente, per i cladi C1, C2 e C7

non è stato possibile confermare l'assegnazione tassonomica preliminare. Nel caso di C1 e C2, il confronto con i *repository* molecolari aveva suggerito un'affinità con *Perkinsiana littoralis* (Hartman, 1967), *taxon* attualmente considerato sinonimo di *Perkinsiana magalhaensis* (Kinberg, 1867). Le successive verifiche morfologiche effettuate sui due esemplari disponibili (C1: MNA-03767; C2: MNA-13076) non hanno però confermato questa attribuzione. Entrambi gli individui sono stati confermati come appartenenti al genere *Perkinsiana*, tuttavia solamente MNA-13076 è stato identificato con certezza a livello specifico, permettendo l'assegnazione del clade C2 a *Perkinsiana brigitteae* Tovar-Hernandez, Yanez-Rivera, Giangrande & Gambi, 2012. Per l'esemplare MNA-03767 non è stato invece possibile superare il livello di genere, motivo per cui il clade C1 è stato mantenuto come *Perkinsiana* sp. Il clade C7, a seguito delle analisi molecolari, era stato attribuito in modo provvisorio a *Thelepus antarcticus* Kinberg, 1866. La successiva revisione morfologica dei due esemplari appartenenti a questo clade (MNA-10582 e MNA-11092) si è tuttavia rivelata particolarmente problematica a causa della quasi totale assenza di materiale tassonomico aggiornato e di descrizioni dettagliate della specie. Di conseguenza, non è stato possibile confermare l'assegnazione tassonomica preliminare proposta dallo *screening* molecolare.

Particolare attenzione è stata dedicata ai cladi C1 e C2 (provvisoriamente assegnati a *Perkinsiana littoralis*), C33 (*Aglaophamus trissophyllus*) e C36 (*Trypanedenta gigantea*), poiché tutti gli esemplari appartenenti a questi gruppi risultavano precedentemente identificati nel database del Museo Nazionale dell'Antartide esclusivamente a livello di famiglia. La conferma o la revisione delle assegnazioni tassonomiche proposte dalle analisi molecolari ha quindi permesso di incrementare significativamente il numero di esemplari identificati a livello specifico all'interno della collezione. Informazioni più dettagliate sui risultati delle analisi morfologiche condotte su questi *taxa* sono riportate di seguito.

Famiglia: Syllidae – Specie: *Trypanedenta gigantea* (McIntosh, 1885)

Per confermare l'assegnazione tassonomica del clade C36 sono stati esaminati i campioni MNA-03624, MNA-03625 e MNA-05952. L'identificazione morfologica è stata effettuata utilizzando i caratteri diagnostici riportati da Alvarez-Campos et al. (2017). Nello specifico, nei campioni analizzati sono stati osservati i seguenti caratteri: prostomio bilobato con due paia di occhi, di cui la coppia anteriore presenta dimensioni maggiori rispetto a quella posteriore (Tavola 1a); antenna mediana leggermente più lunga rispetto alle antenne laterali (Tavola 1b); cirri dorsali alternati lungo il corpo con successione regolare di un cirro lungo e uno corto; cirri ventrali digitiformi, estesi fino al margine dei parapodi (Tavola 1c); presenza di otto-dieci chete falcigere

composte per parapodio; prevalenza di chete unidentate (Tavola 1d-f) e presenza, nei parapodi posteriori, di alcune chete debolmente bidentate con un piccolo dentello accessorio. Un ulteriore carattere diagnostico è stato osservato nel campione MNA-03624, che presenta una catena di stoloni riproduttivi facilmente distinguibili dal corpo dell'organismo per la differente colorazione.

L'insieme dei caratteri osservati risulta pienamente coerente con la diagnosi proposta da Alvarez-Campos et al. (2017) e ha quindi permesso di confermare l'assegnazione tassonomica ottenuta mediante le analisi molecolari.

Famiglia: Sabellidae – Genere: *Perkinsiana* Knight-Jones, 1983

Poiché i due cladi attribuiti al genere *Perkinsiana* sono rappresentati ciascuno da un unico individuo, le analisi morfologiche sono state effettuate esclusivamente sui campioni MNA-03767 (C1) e MNA-13076 (C2). Il principale riferimento utilizzato durante queste analisi è stato lo studio di Tovar-Hernandez et al. (2012), dedicato alla revisione delle specie antartiche e sub-antartiche del genere *Perkinsiana* e alla descrizione di *P. brigitteae*. Come ulteriore fonte di informazioni è stato consultato anche il lavoro di Giangrande and Gambi (1997), anch'esso incentrato sul medesimo genere. L'analisi morfologica è stata inizialmente condotta sul campione MNA-13076, nel quale sono stati osservati i seguenti caratteri: corona branchiale più lunga del torace, caratterizzata da tre bande orizzontali arancio-brunastre; radioli uniti alla base da una corta membrana basale (o palmata); presenza di flange radiolari e appendici pinnulari (pinnule) (Tavola 2d); lunghezza massima delle pinnule raggiunta approssimativamente a metà dei radioli; radioli terminanti con una punta filiforme (Tavola 2d); anello peristomiale orizzontale ed esposto dorso-lateralmente (Tavola 2a, c, g); collare probabilmente danneggiato, con piccoli lobi ventrali tondeggianti ripiegati su sé stessi e margini laterali leggermente obliqui, che non coprono l'unione basale dei radioli (Tavola 2e, h). Lo scudo ventrale del collare risulta suddiviso trasversalmente in due porzioni: una anteriore, più piccola e di forma sub-rettangolare, e una posteriore, più grande e di forma trapezoidale (Tavola 2b, c). Il torace è costituito da otto segmenti dotati di scudi ventrali rettangolari; i tori toracici presentano dimensioni molto simili tra loro e risultano tutti a contatto con gli scudi ventrali (Tavola 2e). I segmenti addominali presentano chete di tipo C (strettamente incappucciate, da Tovar-Hernandez et al., 2012), la cui lunghezza varia leggermente lungo il corpo dell'individuo (Tavola 2f). Non è stato possibile osservare i caratteri del pigidio, poiché l'esemplare risulta danneggiato e privo dei segmenti terminali.

Nel complesso, i caratteri osservati risultano compatibili con la diagnosi di *P. brigitteae* fornita da Tovar-Hernandez et al. (2012). Di conseguenza, il clade C2 è stato attribuito a questa specie. L'analisi morfologica del campione MNA-03767 ha invece evidenziato un insieme di caratteri parzialmente differente rispetto a quello osservato in MNA-13076, con alcuni elementi condivisi e altri che risultano invece distintivi. Nello specifico, sono stati riscontrati i seguenti caratteri morfologici: corona branchiale più lunga del torace; radioli rosei privi di membrana palmata, con flangia radiolare presente e pinnule di colore rossastro (Tavola 3a, b); lunghezza massima delle pinnule raggiunta nella metà terminale dei radioli, che terminano con una punta filiforme lunga circa quanto lo spazio occupato da dieci pinnule (Tavola 3b). È inoltre presente un paio di sacche ventrali situate al di sotto della bocca (Tavola 3d, f). L'anello peristomiale risulta lievemente obliquo ed esposto dorsalmente, ed è suddiviso longitudinalmente in due porzioni dal solco fecale (Tavola 3c). Il collare è caratterizzato da grandi lobi ventrali arrotondati con margini esterni smerlati (Tavola 3f), da margini laterali orizzontali e da margini dorsali con una lieve incisione che separa un piccolo lembo, situato immediatamente al di sopra del primo notopodio, dal resto del collare (Tavola 3c). Inoltre, i margini dorsali non coprono l'unione basale dei radioli. Lo scudo ventrale del collare è suddiviso trasversalmente in due porzioni, entrambe di forma rettangolare, con quella anteriore di dimensioni leggermente inferiori rispetto alla posteriore. Il torace è costituito da dieci segmenti dotati di scudi ventrali rettangolari; i tori toracici risultano generalmente a contatto con gli scudi ventrali, sebbene in alcuni segmenti sia presente una lieve spaziatura tra le due strutture (segmenti 1, 6 e 10; Tavola 3d). I segmenti addominali presentano chete di tipo C (Tavola 3e).

Purtroppo, l'individuo risulta danneggiato e privo di numerosi segmenti addominali medio-terminali; di conseguenza, non è stato possibile osservare alcuni caratteri diagnostici, in particolare quelli relativi al pigidio.

L'identificazione dell'individuo MNA-03767 è risultata estremamente complessa, in quanto la combinazione di caratteri morfologici appena riportata non coincide con alcuna delle descrizioni fornite da Knight-Jones (1983), Giangrande and Gambi (1997) o Tovar-Hernandez et al. (2012). L'insieme di questi caratteri mostra una forte affinità con quelli riportati per *P. magalhaensis*, ma sono anche presenti alcune differenze che ne impediscono una completa attribuzione a questa specie. In particolare, *P. magalhaensis* viene descritta da Tovar-Hernandez et al. (2012) come priva di flange radiolari, presenti invece nel campione MNA-03767; inoltre, Giangrande and Gambi (1997) riportano la presenza di punte radiolari più corte rispetto a quelle riscontrate nel campione in analisi.

Un'ulteriore differenza riguarda i segmenti toracici. Giangrande and Gambi (1997) evidenziano infatti la presenza di spazi tra i tori toracici e gli scudi ventrali nei primi 3-5 segmenti. Questo carattere viene considerato diagnostico sia dagli stessi autori sia da Tovar-Hernandez et al. (2012), che lo includono nella propria chiave dicotomica per discriminare *P. magalhaensis* da *Perkinsiana antarctica* (Kinberg, 1866). Inoltre, sempre Giangrande and Gambi (1997) riportano come questo carattere sia molto variabile, evidenziando che "quattro individui provenienti da Baia Terra Nova (BTN) non presentano spazi tra i tori toracici e gli scudi ventrali, mentre due individui mostrano piccoli spazi limitati ai primi quattro segmenti; al contrario, la maggior parte degli individui provenienti dal Mare di Weddell, che presentano dimensioni medie inferiori rispetto a quelli di BTN, sembra non mostrare tali spazi".

Un'altra specie che presenta caratteri affini a quelli osservati in MNA-03767 è *Perkinsiana borsibrunoi* Giangrande & Gambi, 1997. Ciò che rende impossibile attribuire con certezza il clade C1 a questo *taxon*, però, è la notevole eterogeneità con cui Tovar-Hernandez et al. (2012) e Giangrande and Gambi (1997) riportano i caratteri diagnostici di questa specie.

Nello specifico, Tovar-Hernandez et al. (2012), durante le osservazioni (*remarks*) sul genere *Perkinsiana*, ribadiscono come le chete addominali di Tipo A (ampiamente incappucciate) siano presenti in *P. borsibrunoi*; nello stesso studio, però, durante le osservazioni sulle strategie riproduttive, gli autori dichiarano che *P. brigitteae*, *P. magalhaensis* e *P. borsibrunoi* sono accomunate dalla presenza di chete addominali di Tipo C.

Sempre in riferimento alla morfologia delle chete addominali, Giangrande and Gambi (1997), durante la descrizione di *P. borsibrunoi*, definiscono queste strutture come genicolate e ampiamente incappucciate (corrispondenti al Tipo A di Tovar-Hernandez et al., 2012), per poi fornire una fotografia SEM che ritrae chete addominali genicolate e strettamente incappucciate (corrispondenti invece al Tipo B proposto da Tovar-Hernandez et al., 2012).

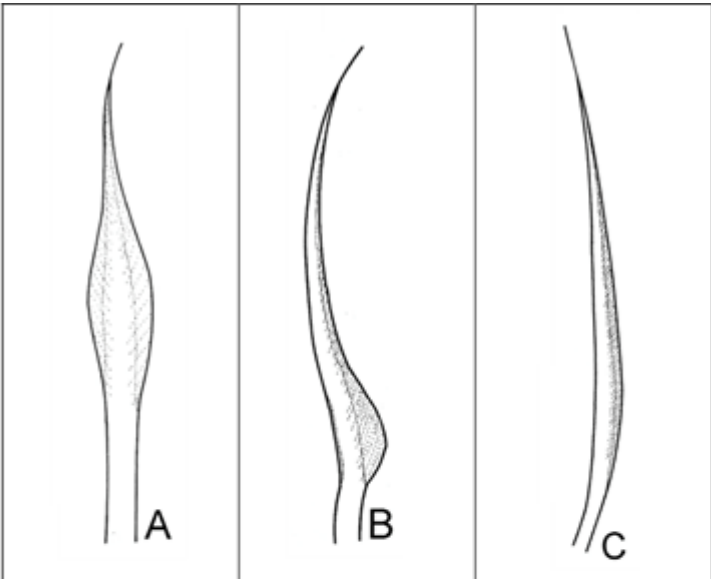
Un'ulteriore contraddizione riguarda l'anello peristomiale anteriore e il collare. Tovar-Hernandez et al. (2012) descrivono un anello peristomiale esposto dorso-lateralmente, mentre Giangrande and Gambi (1997) riportano la presenza di un collare obliquo che copre la base laterale della corona e rappresentano un anello peristomiale esposto esclusivamente dorsalmente.

Un altro aspetto che rimane ancora poco chiaro è la presenza dei sacchi ventrali. Knight-Jones (1983) dichiara infatti che gli individui appartenenti al genere *Perkinsiana* sono privi di tali strutture, mentre la loro presenza viene successivamente riportata per *Perkinsiana decorata* (Rullier, 1973) e *P. brigitteae*. Tuttavia, nella letteratura di riferimento non sono presenti fotografie o rappresentazioni schematiche che documentino tali strutture.

Infine, anche la disposizione dei tori toracici rispetto agli scudi ventrali osservata nel campione MNA-03767 non coincide con la descrizione di *P. borsibrunoi*, nella quale i tori toracici risultano sempre a diretto contatto con gli scudi ventrali.

Per questi motivi, non è stato possibile risalire con certezza all'identificazione specifica del clade C1, che è stato pertanto mantenuto come *Perkinsiana* sp.

Tabella 2. Morfologia delle chete addominali di *Perkinsiana borsibrunoi* secondo le informazioni riportate in letteratura, seguendo la classificazione proposta da Tovar-Hernandez et al. (2012).

				
Giangrande and Gambi, 1997	<i>Perkinsiana borsibrunoi</i> sp. n.	X	X	
	Fig. 9A		X	
Tovar-Hernandez et al., 2012	Genus <i>Perkinsiana</i>	X		
	Remarks <i>Perkinsiana brigittea</i> sp. nov. remarks			X

Key for species of *Perkinsiana* from the Antarctica

1	Anterior peristomial ring exposed dorsally and laterally; ventral lobes of collar not overlapped	2
	Anterior peristomial ring exposed dorsally; ventral lobes of collar overlapped	5
2	Radiolar tips long (as long as equivalent space of 20–24 pinnules) with flanges. . . <i>P. borsibrunoi</i> Giangrande and Gambi, 1997	
	Radiolar tips medium length (as long as equivalent space of 10–12 pinnules) without flanges.	3
3	Abdominal segments with interrampal spots between notochaetae and neurochaetae	<i>P. decorata</i> (Rullier, 1973)
	Abdominal segments without interrampal spots between notochaetae and neurochaeta	4
4	Abdominal chaetae broadly-hooded; adult form short size (24 mm)	<i>P. milae</i> Giangrande and Gambi, 1997
	Abdominal chaetae narrowly-hooded; adult form long size (65–102 mm)	<i>P. brigittae</i> sp. nov.
5	Ventral shields of thorax contacting tori	<i>P. antarctica</i> (Kinberg, 1867)
	Ventral shields of thorax not contacting tori	... <i>P. magalhaensis</i> (Kinberg, 1867) & <i>P. antarctica</i> (Gravier, 1906) & <i>P. littoralis</i> (Hartman, 1967) (see previous discussion).

Figura 8. Chiave dicotomica per le specie antartiche e sub-antartiche del genere *Perkinsiana* (Tovar-Hernandez et al., 2012)

Famiglia: *Nephtyidae* – Genere: *Aglaophamus trissophyllus* (Grube, 1877)

Per confermare l'assegnazione tassonomica del clade C33 sono stati esaminati i campioni MNA-11078 e MNA-05717. L'identificazione morfologica è stata effettuata utilizzando i caratteri diagnostici riportati da Hartman (1967), Knox and Cameron (1998) e Ravara et al. (2010). Nello specifico, nei campioni analizzati sono stati osservati i seguenti caratteri: prostomio sub-retangolare, più largo che lungo, con un paio di antenne di piccole dimensioni poste agli angoli del margine frontale; palpi non visibili. La faringe, osservata solamente in MNA-05717 in quanto estrusa, presenta una corona apicale e diverse file sub-terminali di papille (Tavola 4a). Le papille mostrano una dimensione decrescente dalla porzione distale, dove sono più grandi e con una morfologia simil-cirrifforme, verso la porzione basale, dove assumono l'aspetto di piccole piramidi fortemente appiattite; inoltre, nella porzione basale, ciascuna fila di papille si divide in due (Tavola 4b). Il campo orale si estende fino a circa il sesto segmento chetigero nel campione MNA-05717, mentre raggiunge il settimo in MNA-11078.

I parapodi dei primi segmenti risultano molto semplici, con pochissime o nessuna struttura accessoria, e presentano uno spazio interrampale molto ampio, che si restringe progressivamente fino a stabilizzarsi intorno al dodicesimo segmento. Parallelamente, si osserva un progressivo sviluppo dei parapodi e delle strutture associate (lobi e cirri), con il massimo sviluppo raggiunto intorno al sedicesimo segmento chetigero.

I notopodi presentano numerose strutture, talvolta difficilmente distinguibili; risalta tuttavia la presenza di due grandi lobi, uno superiore, di grandi dimensioni e con forma arrotondata, e uno inferiore, leggermente più piccolo e caratterizzato da una peculiare morfologia arrotondata con una piccola punta nella porzione apicale (Tavola 4c). I neuropodi sono invece caratterizzati dalla presenza di un cirro in posizione ventrale (Tavola 4e) e di un lobo arrotondato; inoltre, presentano due gruppi di chete, uno anteriore costituito da chete più corte e uno posteriore

formato da chete più lunghe (Tavola 4d). In generale, le chete tendono ad aumentare progressivamente di lunghezza procedendo verso i segmenti posteriori dell'organismo, fino a raggiungere la massima estensione nei segmenti sub-terminali.

Le branchie sono collocate negli spazi interramali e risultano involute internamente. Queste strutture sono ben sviluppate e facilmente osservabili a partire dall'ottavo segmento chetigero circa, sebbene strutture assimilabili a branchie interramali, ma di dimensioni inferiori e meno sviluppate, siano già presenti nei segmenti chetigeri 2 e 3.

Infine, il pigidio di MNA-05717 presenta il cirro pigidiale (Tavola 4f), carattere considerato diagnostico del genere *Aglaophamus*. Non è stato invece possibile osservare la regione pigidiale di MNA-11078, poiché l'individuo risulta frammentato e privo dei segmenti sub-terminali.

L'insieme dei caratteri osservati risulta coerente con le descrizioni di *Aglaophamus trissophyllus* riportate da Hartman (1967), Knox and Cameron (1998) e Ravara et al. (2010). In particolare, Hartman (1967) e Knox and Cameron (1998) identificano nella morfologia dei parapodi e delle strutture ad essi associate i principali caratteri diagnostici per la discriminazione delle specie appartenenti al genere *Aglaophamus*. I caratteri parapodiali osservati nei campioni esaminati risultano compatibili con quelli descritti e rappresentati dagli autori, permettendo così di confermare l'assegnazione tassonomica del clade C33 ad *A. trissophyllus*.

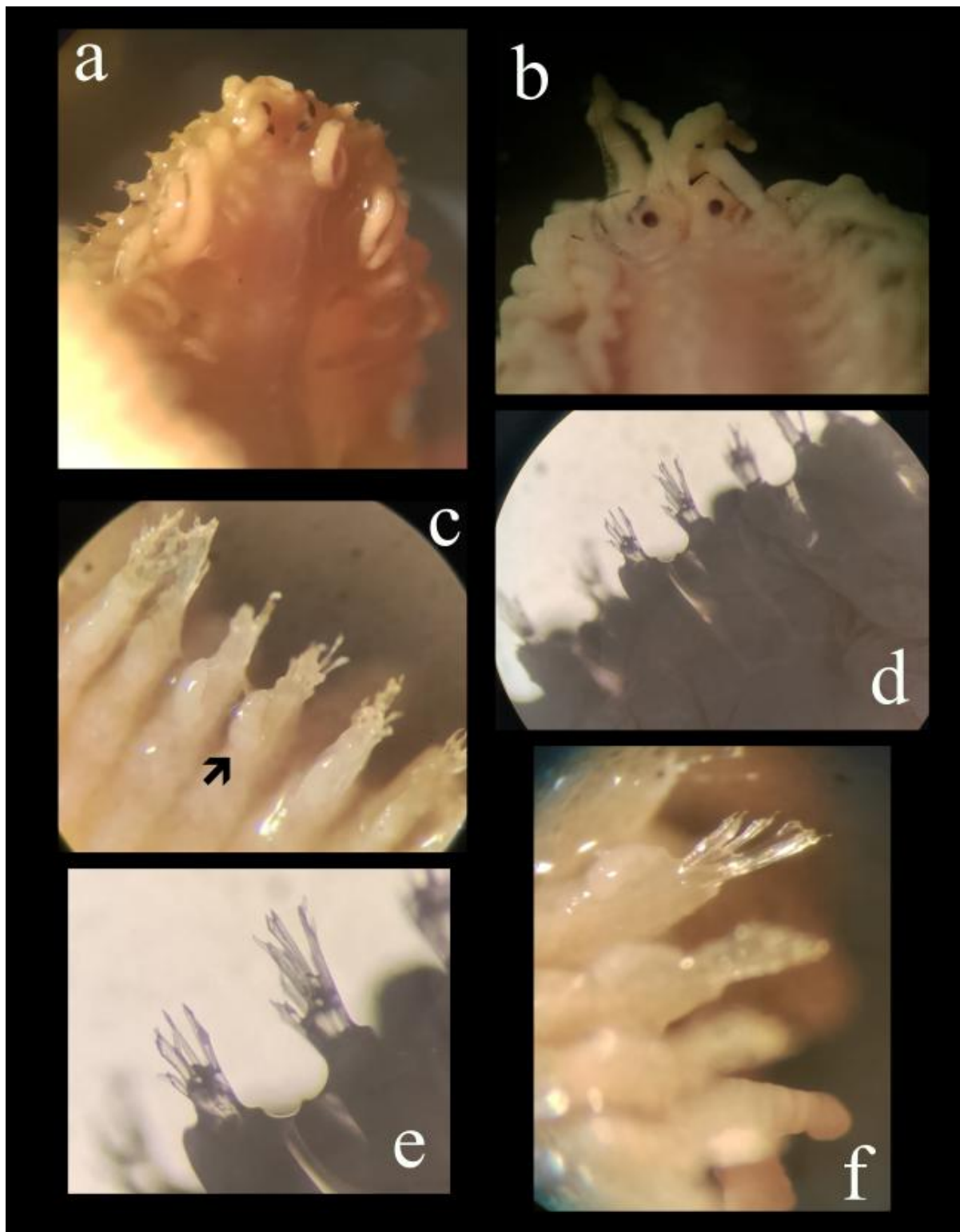


Tavola 1. *Trypanedenta gigantea*: **a)** prostomio bilobato con due paia di occhi composti, vista dorsale; **b)** prostomio con occhi composti posteriori, antenna mediana e antenne laterali, vista dorsale; **c)** parapodi dei segmenti, vista ventrale, la freccia punta ad un cirro digitiforme; **d)** parapodi dei segmenti mediani, vista ventrale; **e)** dettaglio delle chete sui parapodi mediani **f)** parapodi anteriori con chete unidentate, vista ventrale. a, c-f) MNA-03624; b) MNA-05952.

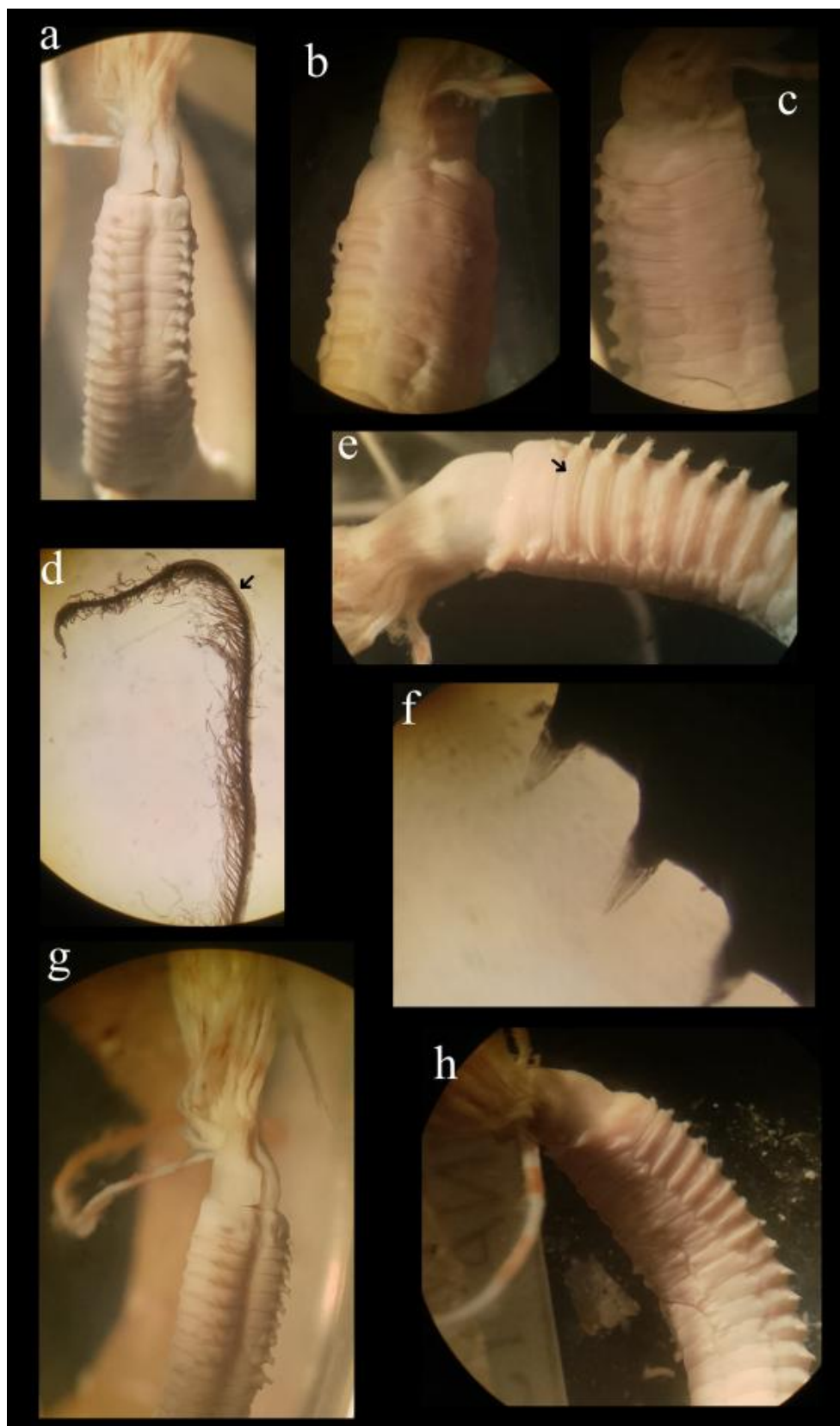


Tavola 2. *Perkinsiana brigittae*: **a, g)** torace anteriore e anello peristomiale esposto, vista dorsale; **b, c)** scudo ventrale del collare diviso trasversalmente, torace anteriore, vista ventrale; **d)** dettaglio di un radiolo con appendici pinnulari (la freccia indica la flangia radiolare); **e)** torace anteriore, vista laterale (la freccia indica i tori toracici) **f)** chete addominali di tipo C (strettamente incappucciate); **h)** tori del torace a contatto con gli scudi ventrali, vista ventrale. Tutte le foto: MNA-13076.

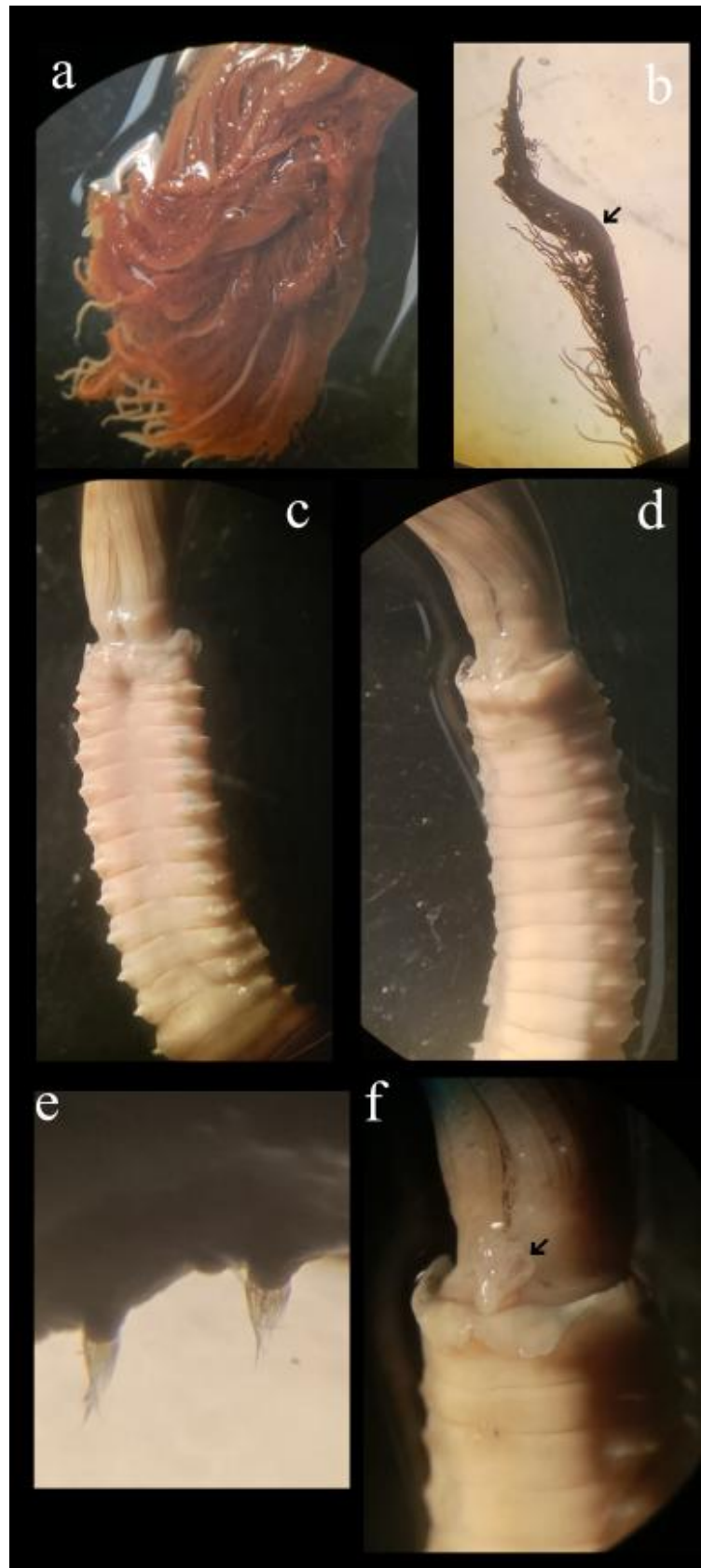


Tavola 3. *Perkinsiana* sp.: **a)** corona radiolare e appendici pinnulari; **b)** dettaglio di un radiolo con appendici pinnulari (la freccia indica la flangia radiolare); **c)** anello peristomiale esposto dorsalmente e segmenti toracici, vista dorsale; **d)** segmenti toracici, vista ventrale; **e)** chete addominali di tipo C (strettamente incappucciate); **f)** dettaglio del collare con lobi arrotondati, vista ventrale (la freccia indica i sacchi ventrali). Tutte le foto: MNA-03767.

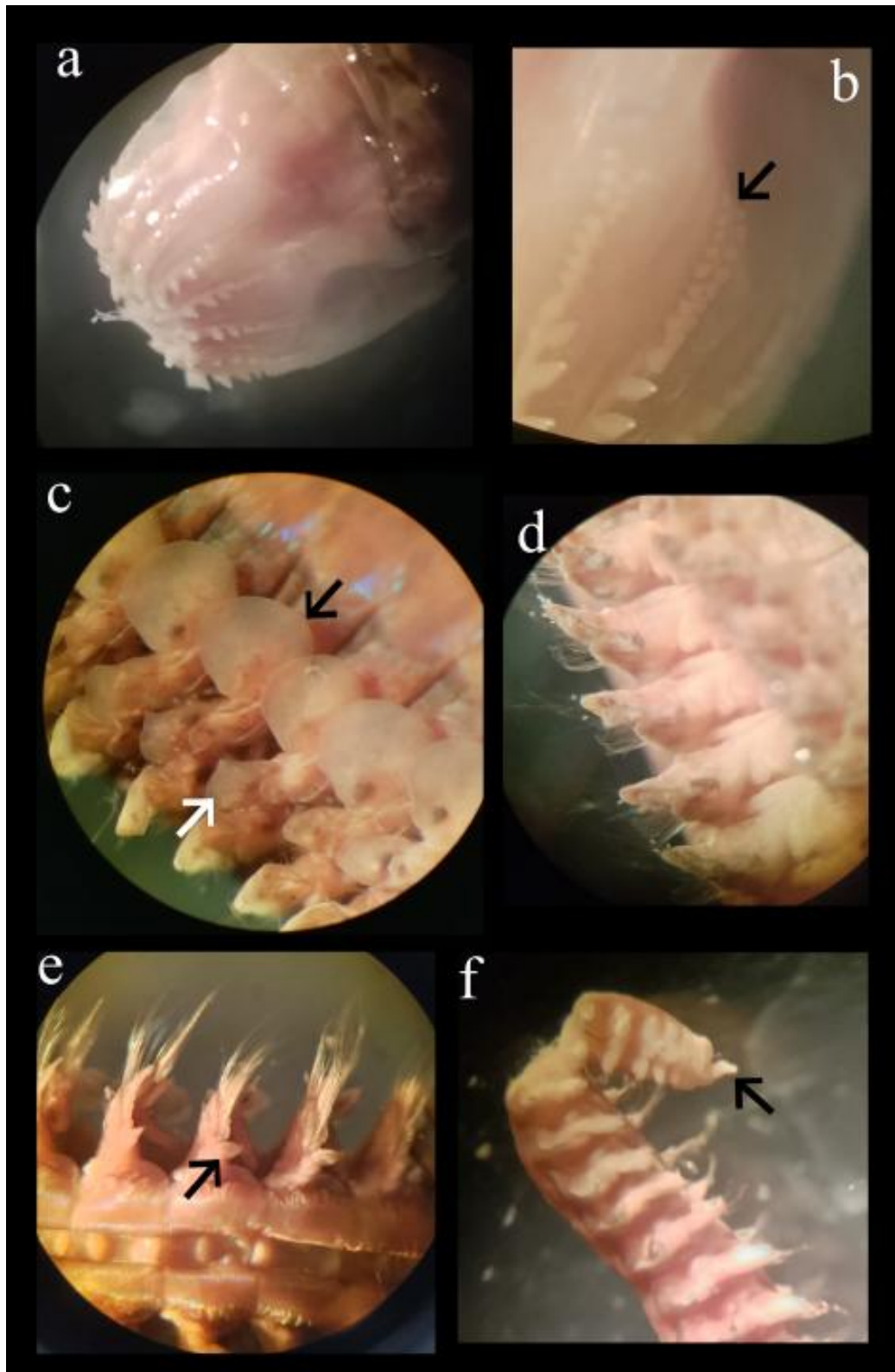


Tavola 4. *Aglaophamus trissophyllus*: **a)** faringe estrusa con corona terminale e file sub-terminali di papille; **b)** dettaglio di una fila sub-terminale di papille (la freccia indica la suddivisione in due file distinte); **c)** notopodi mediani con strutture accessorie, vista dorsale (la freccia nera indica un lobo superiore, la freccia bianca un lobo inferiore); **d)** neuropodi mediani, vista dorsale; **e)** neuropodi mediani, vista ventrale (la freccia indica un cirro ventrale); **f)** estremità pigidiale, vista laterale (la freccia indica il cirro pigidiale). a, b, e, f) MNA-05717; c, d) MNA-11078.

4.2 RISULTATI SULL'ANALISI DEL DATABASE MNA

Il database MNA è costituito da 849 campioni, per un totale di 2154 individui. L'analisi della collezione museale ha evidenziato la presenza di 82 specie accettate, distribuite in 28 famiglie e 69 generi appartenenti alla classe Polychaeta (Annelida).

Dei 2154 individui presenti in collezione, il 43,7% è stato identificato a livello di specie (941 individui), l'11,0% a livello di genere (237 individui) e il 10,0% a livello di famiglia (215 individui), mentre i restanti esemplari sono stati assegnati a livelli tassonomici superiori (759 individui) (Figura 9).

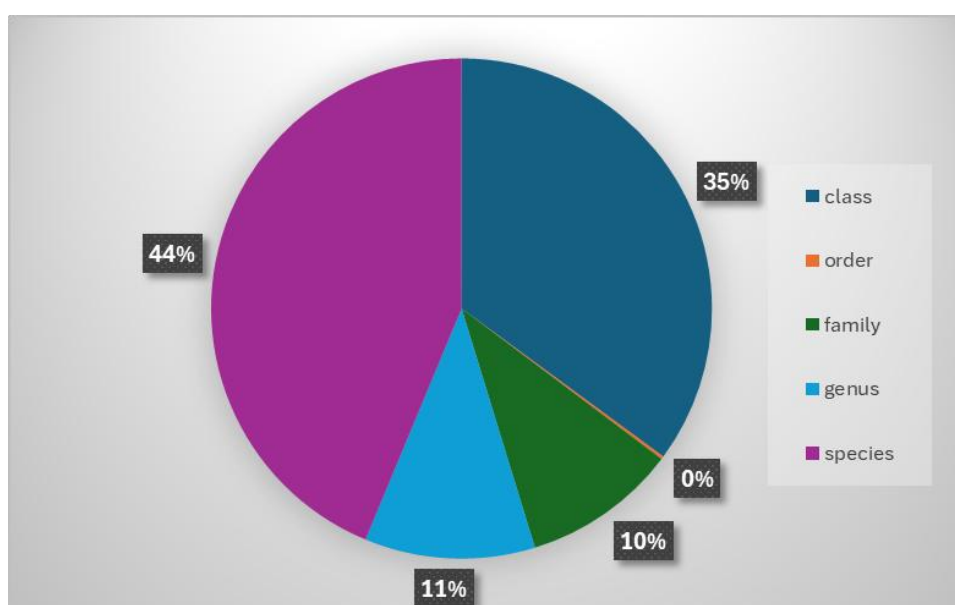


Figura 9. % degli individui assegnati a ciascun livello tassonomico

Le famiglie maggiormente rappresentate nel dataset (Figura 10) sono Polynoidae Kinberg, 1856 (431 individui), Lopadorrhynchidae Claparède, 1870 (263 individui) e Serpulidae Rafinesque, 1815 (242 individui).

Tra gli individui identificati solamente fino a livello di genere (Figura 11), la maggior parte appartiene a *Spirorbis* Daudin, 1800 (134 individui), seguito da *Harmothoe* Kinberg, 1856 (42 individui). Considerando invece l'intero dataset, i generi più rappresentati risultano essere *Pelagobia* Greeff, 1879 (263 individui), *Harmothoe* Kinberg, 1856 (182 individui), *Polyeunoa* McIntosh, 1885 (164 individui) e *Spirorbis* Daudin, 1800 (134 individui) (Figura 12).

Le specie dominanti in termini di abbondanza sono invece *Pelagobia longicirrata* Greeff, 1879 e *Polyeunoa laevis* McIntosh, 1885, rappresentate rispettivamente da 263 e 163 individui (Figura 13).

Il dataset comprende inoltre diversi record contrassegnati con le abbreviazioni "cf." e "sp.", utilizzate per indicare gli individui che non è stato possibile attribuire con certezza a livello specifico.

Per quanto riguarda gli stadi vitali, informazioni esplicite sono disponibili esclusivamente per il campione MNA-01318, registrato come forma giovanile. Per tutti gli altri individui lo stadio vitale risulta non specificato oppure gli individui sono stati campionati in fase adulta.

La collezione museale comprende inoltre gli olotipi e i paratipi di *Amphicteis teresae* Schiapparelli & Jirkov, 2016 e *Amage giacomobovei* Schiapparelli & Jirkov, 2021. L'elenco completo degli esemplari tipo conservati nella collezione è riportato in Tabella 3.

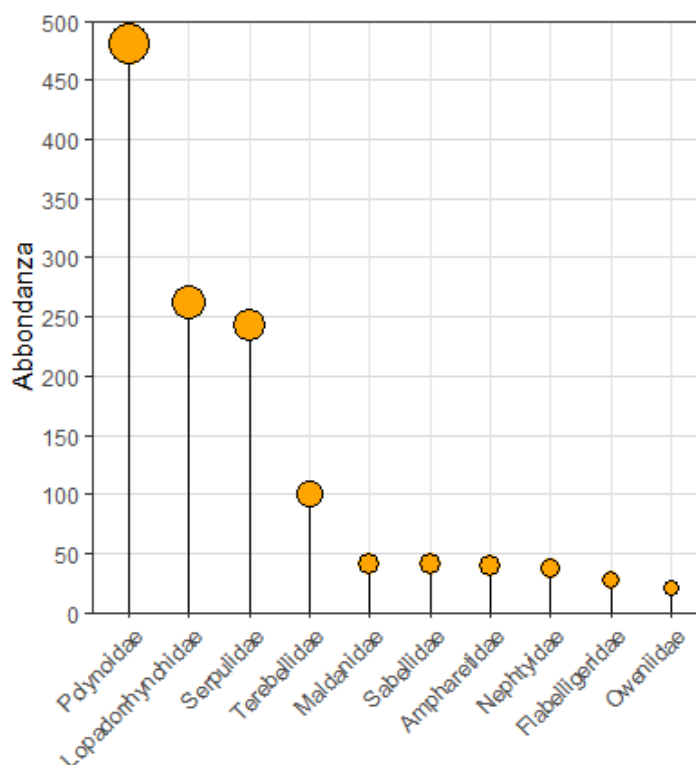


Figura 10. Numero di individui per ciascuna delle famiglie più rappresentate nel dataset

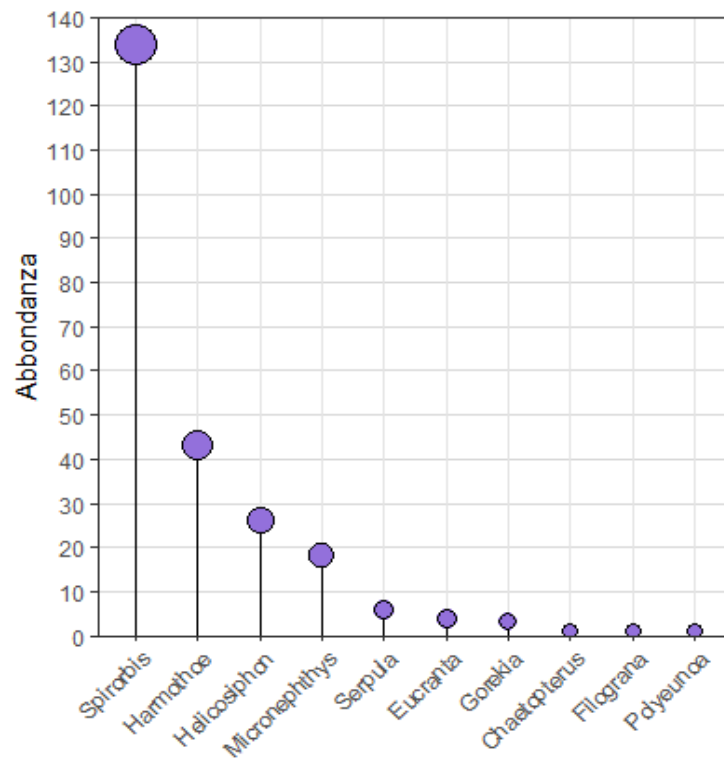


Figura 11. Generi più rappresentati tra gli individui identificati solo fino a livello di genere

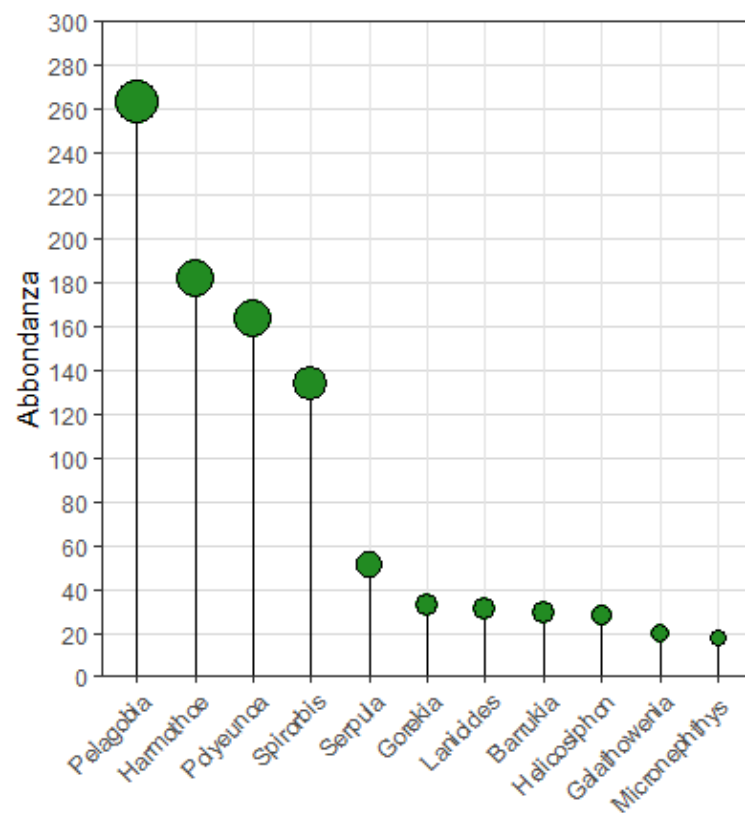


Figura 12. Numero di individui per ciascuno dei generi più rappresentati nel dataset

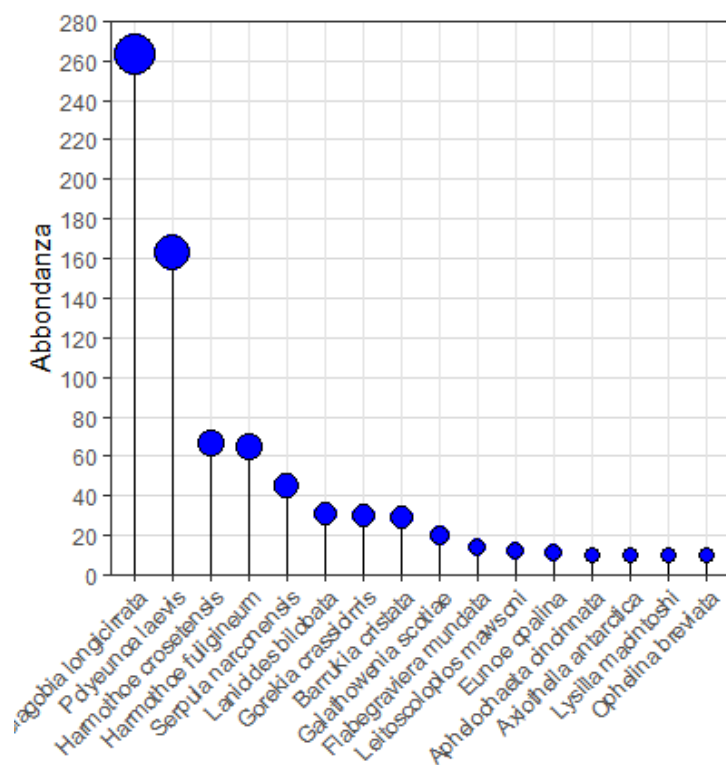


Figura 13. Numero di individui per ciascuna delle specie più rappresentate nel dataset

Tabella 3. Lista degli individui tipo conservati presso la collezione museale del MNA

Tipo	MNA	Nome Scientifico
Olotipo	MNA-06354	<i>Amage giacomobovei</i> Schiaparelli & Jirkov, 2021
Olotipo	MNA-07937	<i>Amphicteis teresae</i> Schiaparelli & Jirkov, 2016
Paratipo	MNA-06086	<i>Amphicteis teresae</i> Schiaparelli & Jirkov, 2016
Paratipo	MNA-06087	<i>Amphicteis teresae</i> Schiaparelli & Jirkov, 2016
Paratipo	MNA-06121	<i>Amphicteis teresae</i> Schiaparelli & Jirkov, 2016
Paratipo	MNA-06373	<i>Amage giacomobovei</i> Schiaparelli & Jirkov, 2021
Paratipo	MNA-06374	<i>Amage giacomobovei</i> Schiaparelli & Jirkov, 2021
Paratipo	MNA-06377	<i>Amage giacomobovei</i> Schiaparelli & Jirkov, 2021
Paratipo	MNA-06591	<i>Amphicteis teresae</i> Schiaparelli & Jirkov, 2016
Paratipo	MNA-07930	<i>Amage giacomobovei</i> Schiaparelli & Jirkov, 2021
Paratipo	MNA-07931	<i>Amage giacomobovei</i> Schiaparelli & Jirkov, 2021
Paratipo	MNA-07932	<i>Amage giacomobovei</i> Schiaparelli & Jirkov, 2021
Paratipo	MNA-07933	<i>Amphicteis teresae</i> Schiaparelli & Jirkov, 2016
Paratipo	MNA-07936	<i>Amphicteis teresae</i> Schiaparelli & Jirkov, 2016
Paratipo	MNA-07938	<i>Amphicteis teresae</i> Schiaparelli & Jirkov, 2016

Il confronto tra il database MNA e la checklist dei policheti di Baia Terra Nova proposta da Cantone et al. (2000) e successivamente aggiornata da Rosso and San Filippo (2000), Cantone and Di Pietro (2001), Schiaparelli et al. (2011), Schiaparelli and Jirkov (2016), Schiaparelli and Jirkov (2021) e Cowart et al. (2022) ha permesso di individuare un nuovo record specifico per quest'area. Grazie al presente studio sarà infatti possibile implementare la checklist di Baia Terra Nova con *Perkinsiana brigitteae*, portando il numero totale di specie identificate per quest'area a 238. L'applicazione della *reverse taxonomy* in questo lavoro di tesi ha portato alla produzione di 332 *extended specimens*, corrispondenti a 36 cladi differenti. L'approccio integrato ha permesso di ricondurre 16 di questi 36 cladi al livello tassonomico più basso, generando i primi *vouchers molecolari* per la checklist di Baia Terra Nova.

5. DISCUSSIONE

I risultati prodotti nel presente elaborato di tesi hanno permesso di analizzare e valorizzare parte della collezione museale di policheti antartici del Museo Nazionale dell'Antartide (MNA, Sezione di Genova). Attraverso l'applicazione della *reverse taxonomy*, sono stati sottoposti a sequenziamento 440 individui, ottenendo 332 sequenze barcode con un successo del sequenziamento pari al 75,7%. Questo valore risulta in linea con quanto riportato da Carr et al. (2011), che hanno proposto per primi i primers universali per policheti PolyLCO e PolyHCO, utilizzati anche nel presente studio, ottenendo percentuali di successo mediamente superiori al 70%. Le 332 sequenze barcode prodotte sono state associate ai rispettivi esemplari museali e integrate con le informazioni morfologiche e con i metadati disponibili per ciascun campione, consentendo la realizzazione di nuovi *extended specimens*. Le informazioni prodotte nel corso di questo studio sono state integrate nel database del MNA, successivamente revisionato e convertito secondo lo standard internazionale Darwin Core. Questo processo ha portato alla realizzazione di un dataset conforme ai principi FAIR, pronto per essere messo a disposizione della comunità scientifica internazionale.

Nel corso delle analisi sono emersi alcuni risultati di particolare interesse, che evidenziano sia le potenzialità sia i limiti dei diversi approcci di delimitazione delle specie impiegati. Le discrepanze osservate tra i metodi molecolari confermano infatti come algoritmi differenti, basati su presupposti e criteri di delimitazione diversi, possano produrre ipotesi tassonomiche non sempre coincidenti. In questo contesto, l'integrazione delle evidenze molecolari con le osservazioni morfologiche si è rivelata determinante per una corretta interpretazione dei risultati. Inizialmente, il sistema BIN individuava infatti 35 cladi, mentre ABGD, ASAP e bPTP ne riconoscevano 36. Le successive verifiche morfologiche hanno permesso di risolvere questa discrepanza. Nel caso dei cladi C1 e C2, raggruppati dal sistema BIN ma distinti dagli altri approcci, le evidenze morfologiche hanno confermato la presenza di due specie differenti, consentendo di mantenere distinti i due cladi e di attribuirli rispettivamente a *Perkinsiana brigitteae* e *Perkinsiana* sp. Una situazione opposta è stata osservata per i cladi C33 e C34, separati dal BIN ma unificati dagli altri metodi di partizione di specie. I campioni appartenenti ai due cladi sono risultati morfologicamente simili, pur presentando alcune differenze nei caratteri osservati. Tuttavia, tali evidenze non sono risultate sufficienti per stabilire con certezza se gli individui esaminati appartenessero o meno alla stessa specie. In considerazione di questa incertezza e nell'ottica di adottare un approccio conservativo, si è scelto di mantenere separati i due cladi, in attesa di ulteriori approfondimenti basati su un numero maggiore di campioni o

sull'impiego di marcatori aggiuntivi. Un'ulteriore discrepanza è stata riscontrata all'interno del clade C18, dove ABGD, ASAP e bPTP separavano il campione MNA-10566 dal resto degli individui del gruppo. Anche in questo caso, l'ipotesi di una suddivisione specifica non è stata supportata dalle analisi morfologiche, che non hanno evidenziato differenze significative tra i campioni esaminati. Di conseguenza, tale delimitazione è stata rifiutata.

Un caso particolarmente interessante è rappresentato dai cladi C14 e C15, entrambi identificati come *Polyeunoa laevis*, ma separati in due gruppi distinti da tutti i metodi di delimitazione delle specie utilizzati e supportati da una probabilità dei nodi pari a circa il 98%. Questo risultato è in linea con quanto riportato da Cowart et al. (2022), che hanno evidenziato una chiara suddivisione della specie morfologica *Polyeunoa laevis* in quattro cluster genetici, ciascuno associato a specifici aplotipi.

Anche le analisi morfologiche hanno evidenziato alcune situazioni particolarmente problematiche, che in diversi casi hanno impedito di raggiungere un'identificazione a livello specifico. Tra queste rientra il caso di *Thelepus antarcticus*. Le informazioni disponibili in letteratura per questo *taxon* risultano infatti limitate, soprattutto per quanto riguarda gli aspetti morfologici. Nella maggior parte dei casi, la specie viene descritta come molto simile a *Thelepus cincinnatus* (Fabricius, 1780), *taxon* attualmente considerato cosmopolita, sebbene alcuni autori ipotizzino che possa in realtà rappresentare un complesso di specie differenti (Jirkov, 2018; Nogueira, 2019). Non è stato pertanto possibile individuare caratteri diagnostici sufficientemente affidabili da consentire una discriminazione accurata della specie. Per questo motivo, il clade C7, inizialmente attribuito a *Thelepus antarcticus*, è stato rinominato come *Thelepus* sp. in attesa di ulteriori approfondimenti. Nel caso del genere *Perkinsiana*, si è invece verificata la situazione opposta: la letteratura disponibile è relativamente abbondante, ma presenta numerose incongruenze e interpretazioni contrastanti. In particolare, la chiave dicotomica proposta da Tovar-Hernandez et al. (2012) (Figura 8) si è dimostrata poco efficace nel consentire un'identificazione certa delle specie del genere. Una prima incongruenza riguarda la descrizione dei caratteri univoci identificati per *Perkinsiana brigitteae*. La chiave richiede infatti, al punto 2, la presenza di punte radiolari di media lunghezza (equivalenti allo spazio occupato da 10-12 pinnule) e l'assenza di flange radiolari. Nello stesso lavoro, tuttavia, la specie viene descritta come dotata di flange radiolari e gli autori forniscono immagini SEM che ne documentano chiaramente la presenza. Ulteriori problematiche riguardano invece il punto 5 della medesima chiave, nel quale la distinzione tra *Perkinsiana antarctica* e *Perkinsiana magalhaensis* si basa sulla presenza di spazi tra i tori toracici e gli scudi ventrali. Giangrande e Gambi (1997) avevano in precedenza già evidenziato come la presenza e l'estensione di questi

spazi possano dipendere sia dalle dimensioni degli individui sia dall'area geografica di provenienza. Alla luce di queste considerazioni, non è stato possibile attribuire con certezza il clade C1 ad alcuna specie descritta, motivo per cui esso è stato mantenuto come *Perkinsiana* sp. È inoltre da sottolineare come nelle descrizioni originali di numerose specie analizzate provenienti da campagne antartiche del PNRA, il materiale utilizzato per la caratterizzazione e la descrizione delle nuove specie deriva esclusivamente da campionamenti effettuati mediante benna di Van Veen Tale aspetto, unitamente alle numerose incongruenze riscontrate tra il materiale esaminato nel presente studio e i caratteri riportati nelle chiavi dicotomiche, suggerisce la possibile presenza di un *bias* di campionamento legato alle ridotte dimensioni degli esemplari originariamente descritti. Di conseguenza, si rende necessaria una revisione critica di tali descrizioni, basata sull'analisi di un numero maggiore di esemplari e di individui appartenenti a differenti classi dimensionali, al fine di verificarne la variabilità morfologica e ridefinirne, ove necessario, i caratteri diagnostici.

Nel complesso, l'approccio di *reverse taxonomy*, basato sull'integrazione delle evidenze molecolari e morfologiche, ha consentito di riconoscere un totale di 36 cladi differenti. Questo risultato sottolinea come l'impiego congiunto di più metodi di delimitazione, validati attraverso l'analisi morfologica, rappresenti una strategia efficace per ottenere ipotesi tassonomiche più robuste rispetto all'utilizzo di un singolo approccio.

L'integrazione dei risultati ottenuti nel presente lavoro nella checklist attualmente disponibile per i policheti di Baia Terra Nova ha portato il numero di specie accettate a 238, mentre il numero complessivo di *taxa* riportati per l'area raggiunge attualmente le 319 unità. Questa discrepanza è principalmente dovuta alla presenza di numerosi record contrassegnati dagli identificativi "sp." e "cf.", utilizzati per indicare individui per i quali non è stato possibile raggiungere un'identificazione certa a livello specifico. Una parte consistente di questi record difficilmente potrà essere sottoposta a revisione tassonomica o a successive verifiche, poiché la collezione museale dell'MNA non conserva l'intero materiale su cui si basano le segnalazioni per Baia Terra Nova. Numerosi *taxa* inclusi nella checklist storica dell'area derivano infatti da campioni raccolti durante campagne PNRA e identificati in passato da diversi tassonomi, ma non successivamente depositati presso il museo. Tutto questo materiale risulta quindi indisponibile sia per ulteriori verifiche tassonomiche sia per l'applicazione di approcci integrati basati sul DNA barcoding. Questa situazione evidenzia uno dei principali limiti degli studi storici sulla biodiversità antartica. L'assenza di voucher permanentemente conservati impedisce infatti la rivalutazione delle identificazioni tassonomiche alla luce delle tecniche moderne e limita

fortemente la possibilità di produrre *extended specimens* associati ai record bibliografici esistenti.

6. CONCLUSIONI

Le attività svolte nel corso del presente elaborato di tesi hanno permesso di raggiungere gli obiettivi prefissati, contribuendo alla valorizzazione della collezione di policheti antartici conservata presso il Museo Nazionale dell'Antartide (MNA, Sezione di Genova) e all'ampliamento delle conoscenze sulla biodiversità di questo gruppo per Baia Terra Nova. L'approccio adottato, basato sull'integrazione di dati molecolari, morfologici e museali, si è dimostrato particolarmente efficace nel supportare l'identificazione tassonomica degli organismi esaminati. In diversi casi, le analisi molecolari hanno permesso di evidenziare situazioni che sarebbero difficilmente emerse attraverso il solo utilizzo dei caratteri morfologici (diversità criptica/non riconosciuta), mentre le successive verifiche morfologiche hanno consentito di confermare, correggere o contestualizzare i risultati ottenuti mediante DNA barcoding. Le evidenze emerse nel presente studio rappresentano quindi un'ulteriore conferma dell'efficacia degli approcci integrati nello studio della biodiversità antartica. Allo stesso tempo, il presente studio ha inoltre evidenziato anche alcuni dei limiti che caratterizzano gli approcci basati sulla *reverse taxonomy*. In particolare, la disponibilità ancora limitata di sequenze di riferimento nei *repository* molecolari internazionali rappresenta uno dei principali ostacoli all'identificazione tassonomica di numerosi *taxa* antartici. Dei 36 cladi individuati nel corso delle analisi, infatti, solamente 18 sono stati ricondotti con match esatto a livello specifico, mentre i restanti sono stati assegnati a livelli tassonomici superiori, tra cui nove cladi identificati a livello di genere, sette a livello di famiglia e due solamente a livello di classe. Questo risultato evidenzia come la conoscenza della biodiversità dei policheti antartici sia ancora incompleta, sottolineando la necessità di ampliare la disponibilità di *voucher* molecolari associati a esemplari museali accuratamente identificati e adeguatamente conservati. L'integrazione di dati molecolari e collezioni di riferimento rappresenta infatti un passaggio fondamentale per migliorare la risoluzione tassonomica, favorire l'identificazione delle specie e approfondire la comprensione della biodiversità antartica.

Un ulteriore aspetto emerso durante il presente lavoro riguarda il notevole potenziale della collezione del MNA, ad oggi espresso solo in parte. Sebbene siano stati sequenziati 440 individui, ottenendo un totale di 332 sequenze barcode, il materiale potenzialmente disponibile per future analisi risulta molto più ampio. Gli individui presenti attualmente in collezione sono

2154, di cui 1592 sono conservati in etanolo o congelati a -20°C, risultando idonei allo screening molecolare. I restanti 562 individui non possono invece essere sottoposti ad analisi molecolari poiché conservati mediante tecniche che non preservano l'integrità del DNA, come la fissazione in formalina o l'essiccazione. Considerando che i risultati ottenuti nel presente studio sono stati raggiunti analizzando solamente una parte del materiale disponibile, è ragionevole ipotizzare che, proseguendo le attività di sequenziamento e successiva revisione morfologica, si possa arrivare all'identificazione di ulteriori *taxa*, alla produzione di nuovi *voucher* molecolari e alla scoperta di ulteriori casi di interesse tassonomico e biogeografico. I risultati ottenuti sottolineano inoltre il ruolo centrale che le collezioni museali continuano a rivestire nello studio della biodiversità, specialmente in contesti remoti e logisticamente complessi come quello antartico. Campioni raccolti anche molti decenni fa possono infatti essere riesaminati alla luce delle moderne tecniche molecolari e degli approcci integrati propri della museomica. Questo consente di rivalorizzare le collezioni storiche, trasformandole da semplici archivi di biodiversità in risorse scientifiche in grado di generare nuove conoscenze. In questo contesto, la produzione di *extended specimens*, la formattazione del database secondo lo standard Darwin Core e la futura condivisione dei dati nel rispetto dei principi FAIR rappresentano strumenti fondamentali per garantire la riutilizzabilità delle informazioni prodotte e per massimizzare il valore scientifico delle collezioni museali. Il presente lavoro si inserisce quindi nel più ampio processo di valorizzazione dei dati biologici promosso dalla comunità scientifica internazionale e contribuisce agli sforzi coordinati finalizzati al miglioramento delle conoscenze sulla biodiversità antartica in vista dell'International Polar Year 2032-2033 (IPY5).

7. BIBLIOGRAFIA

- Alvarez-Campos, P., Giribet, G., San Martin, G., Rouse, G. W., & Riesgo, A. (2017). Straightening the striped chaos: systematics and evolution of Trypanosyllis and the case of its pseudocryptic type species Trypanosyllis krohnii (Annelida, Syllidae). *Zoological Journal of the Linnean Society*, 179(3), 492-540.
- Aronson, R. B., Thatje, S., Clarke, A., Peck, L. S., Blake, D. B., Wilga, C. D., & Seibel, B. A. (2007). Climate change and invasibility of the Antarctic benthos. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.*, 38(1), 129-154.
- Arrigo, K. R., van Dijken, G. L., & Bushinsky, S. (2008). Primary production in the Southern Ocean, 1997–2006. *Journal of Geophysical Research: Oceans*, 113(C8).
- Bargagli, R. (2008). Environmental contamination in Antarctic ecosystems. *Science of the total environment*, 400(1-3), 212-226.
- Barnes, D. K., & Conlan, K. E. (2006). Disturbance, colonization and development of Antarctic benthic communities. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 362(1477), 11.
- Barnes, D. K., & Kuklinski, P. (2010). Bryozoans of the Weddell Sea continental shelf, slope and abyss: did marine life colonize the Antarctic shelf from deep water, outlying islands or in situ refugia following glaciations?. *Journal of Biogeography*, 37(9), 1648-1656.
- Barnich, R. U. T. H., Gambi, M. C., & Fiege, D. I. E. T. E. R. (2012). Revision of the genus Polyeunoa McIntosh, 1885 (polychaeta, Polynoidae). *Zootaxa*, 3523(1), 25-38.
- Bergstrom, D. M., & Chown, S. L. (1999). Life at the front: history, ecology and change on southern ocean islands. *Trends in Ecology & Evolution*, 14(12), 472-477.
- Blake, J. A. (2018). Bitentaculate cirratulidae (Annelida, Polychaeta) collected chiefly during cruises of the R/v Anton Bruun, USnS eltanin, UScG Glacier, R/v hero, RviB nathaniel B. Palmer, and R/v Polarstern from the Southern Ocean, Antarctica, and off Western South America. *Zootaxa*, 4537(1), 1-130.
- Bogantes, V. E., Whelan, N. V., Webster, K., Mahon, A. R., & Halanych, K. M. (2020). Unrecognized diversity of a scale worm, Polyeunoa laevis (Annelida: Polynoidae), that feeds on soft coral. *Zoologica Scripta*, 49(2), 236-249.

- Brasier, M. J., Wiklund, H., Neal, L., Jeffreys, R., Linse, K., Ruhl, H., & Glover, A. G. (2016). DNA barcoding uncovers cryptic diversity in 50% of deep-sea Antarctic polychaetes. *Royal Society open science*, 3(11), 160432.
- Brasier, M. J., Harle, J., Wiklund, H., Jeffreys, R. M., Linse, K., Ruhl, H. A., & Glover, A. G. (2017). Distributional patterns of polychaetes across the West Antarctic based on DNA barcoding and particle tracking analyses. *Frontiers in Marine Science*, 4, 356.
- Brandt, A., Gooday, A. J., Brandao, S. N., Brix, S., Brökeland, W., Cedhagen, T., ... & Vanreusel, A. (2007). First insights into the biodiversity and biogeography of the Southern Ocean deep sea. *Nature*, 447(7142), 307-311.
- Brandt, A., Linse, K., & Schüller, M. (2009). Bathymetric distribution patterns of Southern Ocean macrofaunal taxa: bivalvia, Gastropoda, Isopoda and Polychaeta. *Deep Sea Research Part I: Oceanographic Research Papers*, 56(11), 2013-2025.
- Brey, T., Dahm, C., Gorny, M., Klages, M., Stiller, M., & Arntz, W. E. (1996). Do Antarctic benthic invertebrates show an extended level of eurybathy?. *Antarctic Science*, 8(1), 3-6.
- Cantone, G. (1995). Polychaeta "Sedentaria" of Terra Nova Bay (Ross Sea, Antarctica): Capitellidae to Serpulidae. *Polar Biology*, 15(4), 295-302.
- Cantone, G., Castelli, A., & Gambi, M. C. (2000). Benthic polychaetes off Terra Nova Bay and Ross Sea: species composition, biogeography, and ecological role. In *Ross Sea Ecology: Italian Antarctic Expeditions (1987–1995)* (pp. 551-561). Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg.
- Cantone, G., & Di Pietro, N. (2001). Benthic littoral Polychaeta "Sedentaria" of Terra Nova Bay (Ross Sea, Antarctica). *Antarctic Science*, 13(1), 3-8.
- Capa, M. (2007). Taxonomic revision and phylogenetic relationships of apomorphic sabellids (Polychaeta) from Australia. *Invertebrate Systematics*, 21(5), 537-567.
- Carr, C. M., Hardy, S. M., Brown, T. M., Macdonald, T. A., & Hebert, P. D. (2011). A tri-oceanic perspective: DNA barcoding reveals geographic structure and cryptic diversity in Canadian polychaetes. *PLoS one*, 6(7), e22232.
- Cecchetto, M., Alvaro, M. C., Ghiglione, C., Guzzi, A., Mazzoli, C., Piazza, P., & Schiaparelli, S. (2017). Distributional records of Antarctic and sub-Antarctic Ophiuroidea from samples curated at the Italian National Antarctic Museum (MNA): check-list update of the group in the

Terra Nova Bay area (Ross Sea) and launch of the MNA 3D model ‘virtual gallery’. *ZooKeys*, (705), 61.

Clarke, A., & Johnston, N. M. (2003). Antarctic marine benthic diversity. In *Oceanography and marine biology* (pp. 55-57). CRC Press.

Clarke, A., Aronson, R. B., Crame, J. A., Gili, J. M., & Blake, D. B. (2004). Evolution and diversity of the benthic fauna of the Southern Ocean continental shelf. *Antarctic Science*, 16(4), 559-568.

Clarke, A., & Crame, J. A. (2010). Evolutionary dynamics at high latitudes: speciation and extinction in polar marine faunas. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 365(1558), 3655.

Convey, P., & Stevens, M. I. (2007). Antarctic biodiversity. *Science*, 317(5846), 1877-1878.

Convey, P., & Peck, L. S. (2019). Antarctic environmental change and biological responses. *Science Advances*, 5(11), eaaz0888.

Cowart, D. A., Schiaparelli, S., Alvaro, M. C., Cecchetto, M., Le Port, A. S., Jollivet, D., & Hourdez, S. (2022). Origin, diversity, and biogeography of Antarctic scale worms (Polychaeta: Polynoidae): a wide-scale barcoding approach. *Ecology and Evolution*, 12(7), e9093.

De Broyer, C., Koubbi, P., d’ACÓZ, A. V. D., DANIS, B., DAVID, B., GRANT, S., ... & ROPERT-COUDERT, Y. (2014). Biogeographic atlas of the Southern Ocean. *Cambridge, UK*, 731.

De Broyer, C.; Clarke, A.; Koubbi, P.; Pakhomov, E.; Scott, F.; Vanden Berghe, E. and Danis, B. (Eds.) (2026). Register of Antarctic Marine Species. Accessed at <https://www.marinespecies.org/rams> on 2026-07-01

Ekrem, T., Willassen, E., & Stur, E. (2007). A comprehensive DNA sequence library is essential for identification with DNA barcodes. *Molecular phylogenetics and evolution*, 43(2), 530-542.

Fauchald, K. (1977). The polychaete worms. Definitions and keys to the orders, families and genera.

Folmer O, Black M, Hoeh W, Lutz R, Vrijenhoek R. 1994 DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Mol. Mar. Biol. Biotechnol.* 3, 294–299.

- Gambi, M. C., Castelli, A., & Guizzardi, M. (1997). Polychaete populations of the shallow soft bottoms off Terra Nova Bay (Ross Sea, Antarctica): distribution, diversity and biomass. *Polar Biology*, 17(3), 199-210.
- Ghiglione, C., Alvaro, M. C., Cecchetto, M., Canese, S., Downey, R., Guzzi, A., ... & Schiaparelli, S. (2018). Porifera collection of the Italian National Antarctic Museum (MNA), with an updated checklist from Terra Nova Bay (Ross Sea). *ZooKeys*, (758), 137.
- Giangrande, A., & Gambi, M. C. (1997). The genus *Perkinsiana* (Polychaeta, Sabellidae) from Antarctica, with descriptions of the new species *P. milae* and *P. borsibrunoi*. *Zoologica Scripta*, 26(3), 267-278.
- Glasby, C., Biriukova, O., Martin, P., Dyne, G., Utevsky, S., & Wilson, R. (2024). Annelida—diagnoses, descriptions and keys to family-level taxa. *ARPHA Preprints*, 5, e137961.
- Glover, A. G., Smith, C. R., Mincks, S. L., Sumida, P. Y., & Thurber, A. R. (2008). Macrofaunal abundance and composition on the West Antarctic Peninsula continental shelf: evidence for a sediment ‘food bank’ and similarities to deep-sea habitats. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*, 55(22-23), 2491-2501.
- Graham, A. G., Fretwell, P. T., Larter, R. D., Hodgson, D. A., Wilson, C. K., Tate, A. J., & Morris, P. (2008). A new bathymetric compilation highlighting extensive paleo-ice sheet drainage on the continental shelf, South Georgia, sub-Antarctica. *Geochemistry, Geophysics, Geosystems*, 9(7).
- Gutt, J., Sirenko, B. I., Smirnov, I. S., & Arntz, W. E. (2004). How many macrozoobenthic species might inhabit the Antarctic shelf?. *Antarctic Science*, 16(1), 11-16.
- Guzzi, A., Alvaro, M. C., Danis, B., Moreau, C., & Schiaparelli, S. (2022). Not all that glitters is gold: Barcoding effort reveals taxonomic incongruences in iconic Ross Sea sea stars. *Diversity*, 14(6), 457.
- Guzzi, A., Alvaro, M. C., Cecchetto, M., & Schiaparelli, S. (2023). Echinoids and crinoids from Terra Nova Bay (Ross Sea) based on a reverse taxonomy approach. *Diversity*, 15(7), 875.
- Hartman, O. (1967). *Polychaetous annelids collected by the USNS Eltanin and Staten Island cruises, chiefly from Antarctic seas* (Vol. 2). Allan Hancock Foundation, University of Southern California.

- Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. (2003a). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the royal society B: Biological sciences*, 270(1512), 313.
- Hebert, P. D., Ratnasingham, S., & Jeremy, R. D. (2003b). Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(Suppl 1), S96.
- Hopkins, G. W., & Freckleton, R. P. (2002, August). Declines in the numbers of amateur and professional taxonomists: implications for conservation. In *Animal conservation forum* (Vol. 5, No. 3, pp. 245-249). Cambridge University Press.
- Ingels, J., Vanreusel, A., Brandt, A., Catarino, A. I., David, B., De Ridder, C., ... & Robert, H. (2012). Possible effects of global environmental changes on Antarctic benthos: a synthesis across five major taxa. *Ecology and evolution*, 2(2), 453-485.
- Jimi, N. (2024). The polychaetous annelids of Japan: Updated checklist of known species. *Species Diversity*, 29(2), 337-377.
- Jirkov, I. (2018). Three new species of Thelepus Leuckart, 1849 from Europe and a re-description of *T. cincinnatus* (Fabricius, 1780)(Annelida, Terebellidae). *ZooKeys*, (759), 29.
- Knight-Jones, P. (1983). Contributions to the taxonomy of Sabellidae (Polychaeta). *Zoological Journal of the Linnean Society*, 79(3), 245-295.
- Knox, G. A., & Lowry, J. K. (1977). A comparison between the benthos of the Southern Ocean and the North Polar Ocean with special reference to the Amphipoda and the Polychaeta. *Polar oceans. Arctic Institute of North America, Calgary*, 423-462.
- Knox, G. A., & Cameron, D. B. (1998). The marine fauna of the Ross Sea: Polychaeta. *New Zealand Oceanographic Institute Memoir*.
- Knox, G. A. (2006). *Biology of the southern ocean*. CRC press.
- Kükenthal, W. (2019). *Annelida Basal Groups and Pleistoannelida, Sedentaria I*. Walter de Gruyter GmbH & Co KG.
- Kumar, S., Stecher, G., Suleski, M., Sanderford, M., Sharma, S., & Tamura, K. (2024). MEGA12: molecular evolutionary genetic analysis version 12 for adaptive and green computing. *Molecular biology and evolution*, 41(12), msae263.

- La Mesa, M. L., Vacchi, M., Castelli, A., & Diviacco, G. (1997). Feeding ecology of two nototheniid fishes, *Trematomus hansonii* and *Trematomus loennbergii*, from Terra Nova Bay, Ross Sea. *Polar Biology*, 17(2), 62-68.
- Leray, M., & Knowlton, N. (2016). Censusing marine eukaryotic diversity in the twenty-first century. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 371(1702), 20150331.
- Markmann, M., & Tautz, D. (2005). Reverse taxonomy: an approach towards determining the diversity of meiobenthic organisms based on ribosomal RNA signature sequences. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1917.
- Meredith, M. P., & Brandon, M. A. (2017). Oceanography and sea ice in the Southern Ocean. *Sea ice*, 216-238.
- Michaloudi, E., Papakostas, S., Stamou, G., Neděla, V., Tihlaříková, E., Zhang, W., & Declerck, S. A. (2018). Reverse taxonomy applied to the *Brachionus calyciflorus* cryptic species complex: Morphometric analysis confirms species delimitations revealed by molecular phylogenetic analysis and allows the (re) description of four species. *PLoS One*, 13(9), e0203168.
- Montes-Hugo, M., Doney, S. C., Ducklow, H. W., Fraser, W., Martinson, D., Stammerjohn, S. E., & Schofield, O. (2009). Recent changes in phytoplankton communities associated with rapid regional climate change along the western Antarctic Peninsula. *Science*, 323(5920), 1470-1473.
- Nogueira, J. M. D. M. (2019). Redescriptions of *Streblosoma bairdi* (Malmgren, 1866) and *Thelepus cincinnatus* (Fabricius, 1780), based on types and material from type localities. *Zootaxa*, 4544(3), 419-428.
- OBIS (2026) Ocean Biodiversity Information System. Intergovernmental Oceanographic Commission of UNESCO. <https://obis.org>.
- Ó Cofaigh, C., Pudsey, C. J., Dowdeswell, J. A., & Morris, P. (2002). Evolution of subglacial bedforms along a paleo-ice stream, Antarctic Peninsula continental shelf. *Geophysical Research Letters*, 29(8), 41-1.
- Peck, L. S., Brockington, S., Vanhove, S., & Beghyn, M. (1999). Community recovery following catastrophic iceberg impacts in a soft-sediment shallow-water site at Signy Island, Antarctica. *Marine Ecology Progress Series*, 186, 1-8.

- Peck, L. S., Convey, P., & Barnes, D. K. (2006). Environmental constraints on life histories in Antarctic ecosystems: tempos, timings and predictability. *Biological reviews*, 81(1), 75-109.
- Peck, L. S. (2018). Antarctic marine biodiversity: adaptations, environments and responses to change. *Oceanography and marine biology*, 105-236.
- Piazza, P., Błażewicz-Paszkowycz, M., Ghiglione, C., Alvaro, M. C., Schnabel, K., & Schiaparelli, S. (2014). Distributional records of Ross Sea (Antarctica) Tanaidacea from museum samples stored in the collections of the Italian National Antarctic Museum (MNA) and the New Zealand National Institute of Water and Atmospheric Research (NIWA). *ZooKeys*, (451), 49.
- Puillandre, N., Strong, E. E., Bouchet, P., Boisselier, M. C., Couloux, A., & Samadi, S. (2009). Identifying gastropod spawn from DNA barcodes: possible but not yet practicable. *Molecular Ecology Resources*, 9(5), 1311-1321.
- Puillandre, N., Lambert, A., Brouillet, S., & Achaz, G. J. M. E. (2012a). ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Molecular ecology*, 21(8), 1864-1877.
- Puillandre, N., Modica, M. V., Zhang, Y., Sirovich, L., Boisselier, M. C., Cruaud, C., ... & Samadi, S. (2012b). Large-scale species delimitation method for hyperdiverse groups. *Molecular ecology*, 21(11), 2671-2691.
- Puillandre, N., Brouillet, S., & Achaz, G. (2021). ASAP: assemble species by automatic partitioning. *Molecular ecology resources*, 21(2), 609-620.
- Rainer, S. F., & Kaly, U. L. (1988). Nephtyidae (Polychaeta: Phyllodocida) of Australia: new species from the North West Shelf, and a key to Australian species. *Journal of Natural History*, 22(3), 685-703.
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular ecology notes*, 7(3), 355-364.
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. (2013). A DNA-based registry for all animal species: the Barcode Index Number (BIN) system. *PloS one*, 8(7), e66213.
- Ravara, A., Wiklund, H., Cunha, M. R., & Pleijel, F. (2010). Phylogenetic relationships within Nephtyidae (Polychaeta, Annelida). *Zoologica Scripta*, 39(4), 394-405.
- Ravara A., Rizzo A., Lana P. (2017) Nephtyidae Grube, 1850. In: Schmidt-Rhaesa A. (Ed.) *Handbook of Zoology Online*. Berlin, Boston, De Gruyter

- Read, G.; Fauchald, K. (Ed.) (2026). World Polychaeta Database. Accessed at <https://www.marinespecies.org/polychaeta> on 2026-06-30
- Rosso, A., & Sanfilippo, R. (2000). Shallow-water bryozoans and serpuloids from the Ross Sea (Terra Nova Bay, Antarctica). In *Ross Sea Ecology: Italian Antarctic Expeditions (1987–1995)* (pp. 515-525). Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg.
- Rouse, G., Pleijel, F., & Tilic, E. (2022). *Annelida*. Oxford University Press.
- Rozema, P. D., Venables, H. J., Van De Poll, W. H., Clarke, A., Meredith, M. P., & Buma, A. G. J. (2017). Interannual variability in phytoplankton biomass and species composition in northern Marguerite Bay (West Antarctic Peninsula) is governed by both winter sea ice cover and summer stratification. *Limnology and Oceanography*, 62(1), 235-252.
- Salazar-Vallejo, S. I., Purschke, G., Böggemann, M., & Westheide, W. (2019). Handbook of zoology. Annelida. Volume 1: Annelida basal groups and Pleistoannelida, Sedentaria I.
- San Martín, G., & Worsfold, T. (2015). *Guide and keys for the identification of Syllidae (Annelida, Phyllodoidea) from the British Isles (reported and expected species)*. *ZooKeys* 488: 1-29.
- Schiaparelli, S., Alvaro, M. C., & Barnich, R. (2011). Polynoid polychaetes living in the gut of irregular sea urchins: a first case of inquilinism in the Southern Ocean. *Antarctic Science*, 23(2), 144-151.
- Schiaparelli, S., & Jirkov, I. A. (2016). A reassessment of the genus *Amphicteis* Grube, 1850 (Polychaeta: Ampharetidae) with the description of *Amphicteis teresae* sp. nov. from Terra Nova Bay (Ross Sea, Antarctica). *Italian Journal of Zoology*, 83(4), 531-542.
- Schiaparelli, S., & Jirkov, I. A. (2021). Contribution to the taxonomic knowledge of Ampharetidae (Annelida) from Antarctica with the description of *Amage giacomobovei* sp. nov. *European journal of taxonomy*, 733, 125-145.
- Stevens, M. I., Greenslade, P., Hogg, I. D., & Sunnucks, P. (2006). Southern hemisphere springtails: could any have survived glaciation of Antarctica?. *Molecular biology and Evolution*, 23(5), 874-882.
- Tavaré, S. (1986). In the analysis of DNA sequences. *Some mathematical questions in biology: DNA sequence analysis*, 17, 57.

Thatje, S., Hillenbrand, C. D., & Larter, R. (2005). On the origin of Antarctic marine benthic community structure. *Trends in Ecology & Evolution*, 20(10), 534-540.

Thatje, S., Hillenbrand, C. D., Mackensen, A., & Larter, R. (2008). Life hung by a thread: endurance of Antarctic fauna in glacial periods. *Ecology*, 89(3), 682-692.

Tovar-Hernández, M. A., Yanez-Rivera, B., Giangrande, A., & Gambi, M. C. (2012). Notes on the species of Perkinsiana (Polychaeta: Sabellidae) from Antarctica with the description of *P. brigittae* sp. nov. *Zootaxa*, 3485(1), 56-68.

Uebelacker, J. M., & Johnson, P. G. (1984). *Taxonomic guide to the polychaetes of the Northern Gulf of Mexico* (Vol. 2). Service, Gulf of Mexico Regional Office.

Vacchi M, La Mesa M, Castelli A (1994) Diet of two coastal nototheniid fish from Terra Nova Bay, Ross Sea. *Antarct Sci* 6:61—65

Wieczorek, J., Bloom, D., Guralnick, R., Blum, S., Döring, M., Giovanni, R., ... & Vieglais, D. (2012). Darwin Core: an evolving community-developed biodiversity data standard. *PloS one*, 7(1), e29715.

Wilkinson, M. D., Dumontier, M., Aalbersberg, I. J., Appleton, G., Axton, M., Baak, A., ... & Mons, B. (2016). The FAIR Guiding Principles for scientific data management and stewardship. *Scientific data*, 3(1), 1-9.

Winston, J. E. (1992). Systematics and marine conservation. In ‘Systematics, Ecology and the Biodiversity Crisis’.(Ed. N. Eldredge.) pp. 144—168.

[WoRMS Editorial Board](https://www.marinespecies.org) 2026. World Register of Marine Species. Available from <https://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2026-06-30. doi:10.14284/170

Zhang, J., Kapli, P., Pavlidis, P., & Stamatakis, A. (2013). A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. *Bioinformatics*, 29(22), 2869-2876.