

LA BIODIVERSITÀ ALLA LUCE DELLA RIVOLUZIONE GENOMICA



UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore





“La diversità esistente a qualsiasi livello dell’organizzazione biologica” (W.G. Rosen, 1988)

o, in alternativa,

“La variabilità tra gli organismi viventi di qualsiasi origine” (IUCN, 1994).



- ambienti (ecosistemi)
- specie
- genoma (diversità intra-specifica)

La diversità genetica dovrebbe essere considerata come l'unità fondamentale per misurare la diversità biologica.



UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore



© Simon Feiertag



La biodiversità nel mondo ha dei numeri impressionanti. Fino a oggi sono state descritte oltre 1 milione e 700 mila specie, ma in realtà si ipotizza che ne possano esistere oltre 12 milioni: moltissime aspettano di essere scoperte!

Le specie animali sono circa 1.318.000, di cui 1.265.000 invertebrati e 52.500 vertebrati (2.500 pesci, 9.800 uccelli, 8.000 rettili, 4960 anfibi, 4.640 mammiferi).

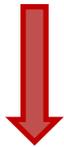
E poi 10.000 specie di batteri, 72.000 specie di funghi, 50.000 specie di protisti, 270.000 specie di piante.



International Union for Conservation of Nature: conservazione biodiversità, si intende «una gestione delle risorse genetiche tale che queste diano il maggiore beneficio alle generazioni presenti mantenendo la loro potenziale utilità per quelle future»

Preservare la biodiversità sia di specie naturali che di specie domestiche

Inizio XIX secolo, molta biodiversità
che ha permesso grandi aumenti
produttivi



Diffusione di poche varietà altamente
produttive che ha portato alla perdita di
molta biodiversità (Erosione genetica)



Frumento, Riso, Mais, Patata,
Pomodoro, Vite, Fagiolo.....



Minore biodiversità, minore
probabilità di ottenere ulteriori
aumenti produttivi



✧ **Risorsa per l'umanità**

- valore socio-culturale.
- importanza economica (carne, latte e derivati).

✧ **Risorsa per il territorio**

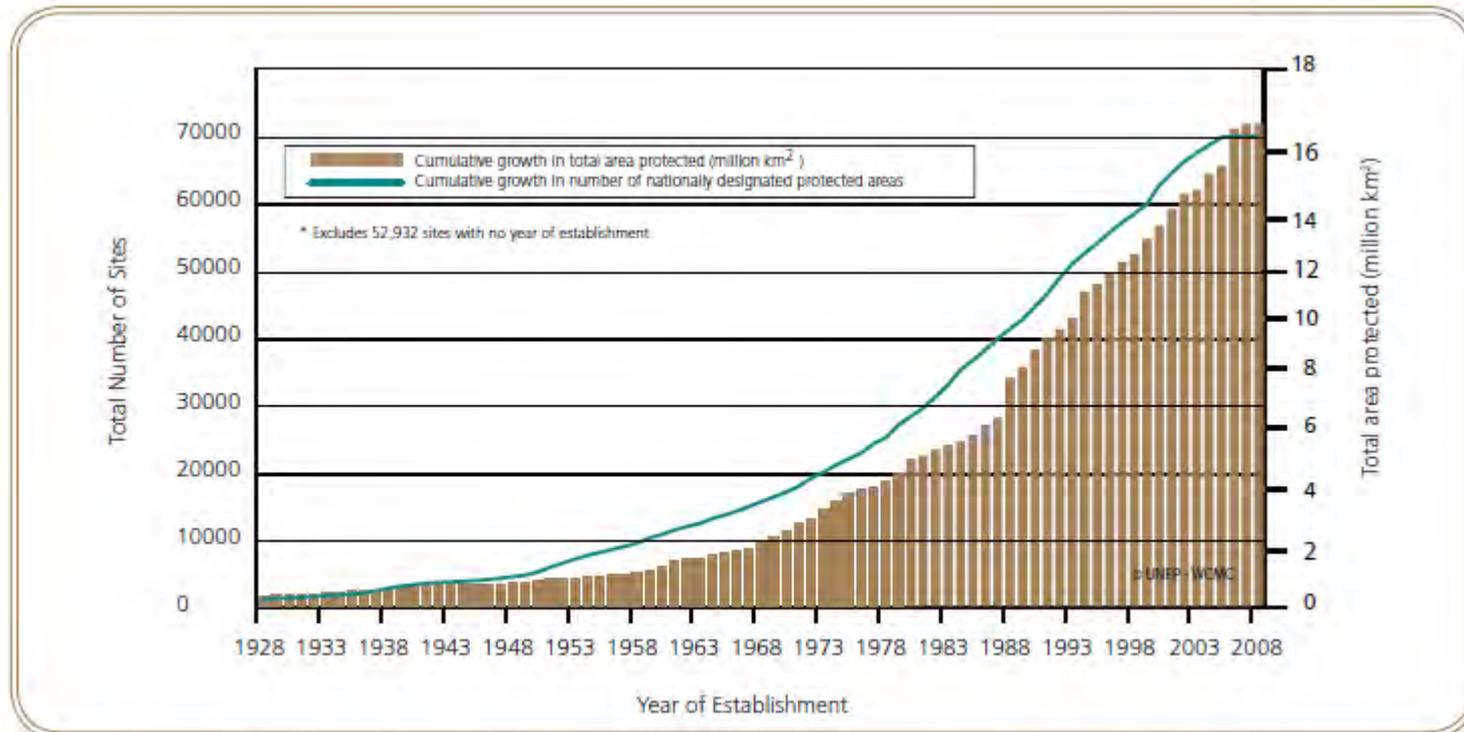
- valorizzazione delle tradizioni e dei prodotti locali.
- sono parte integrante degli agro-ecosistemi.

✧ **Risorsa per la scienza**

- identificazione di nuovi tratti vantaggiosi (produttività, qualità dei prodotti, resistenza a malattie, adattamento ai cambiamenti climatici ecc.).
- ricostruzione di eventi della storia antica dell'uomo.



Conservazione in-situ



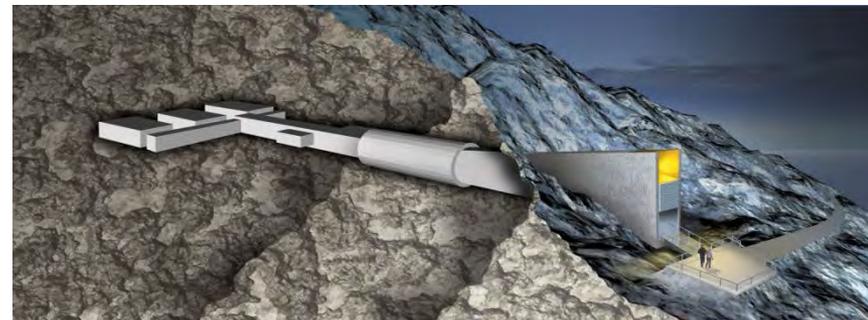
Source: World Database on Protected Areas (WDPA).²⁴



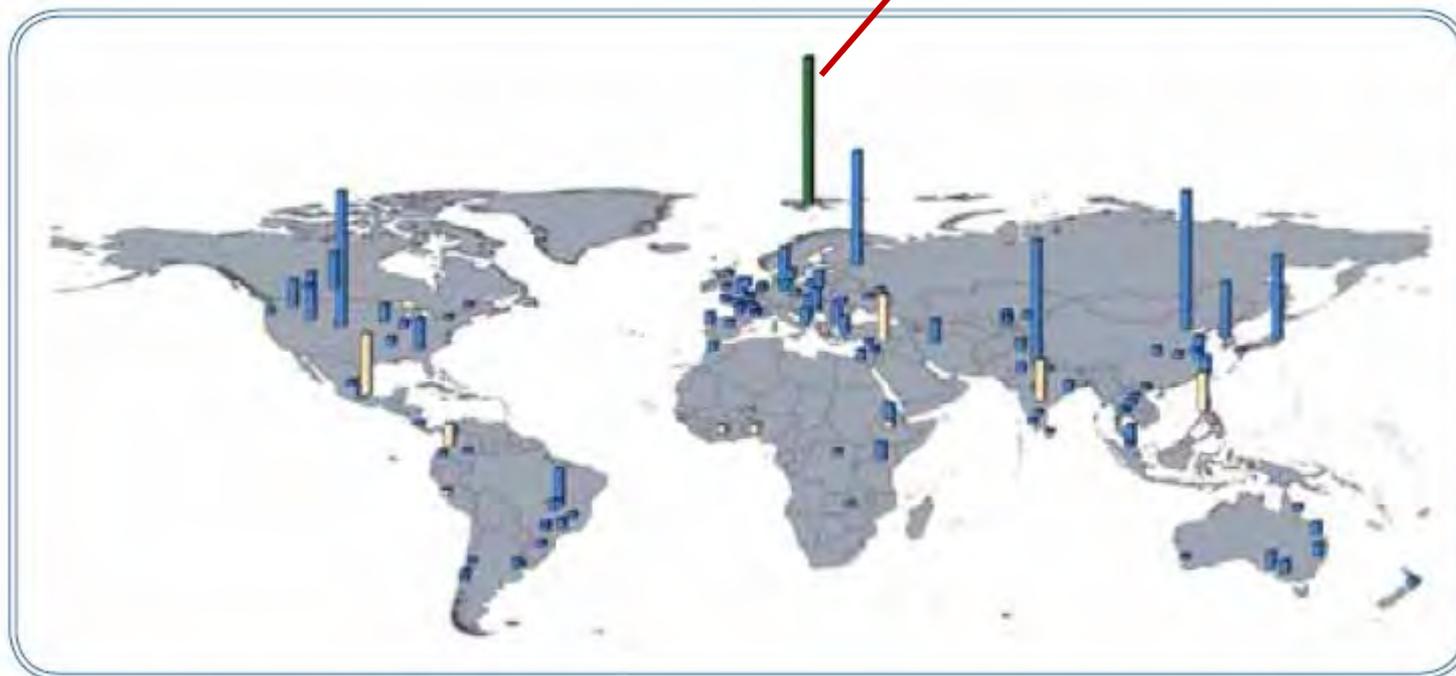
UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore

Conservazione della Biodiversità

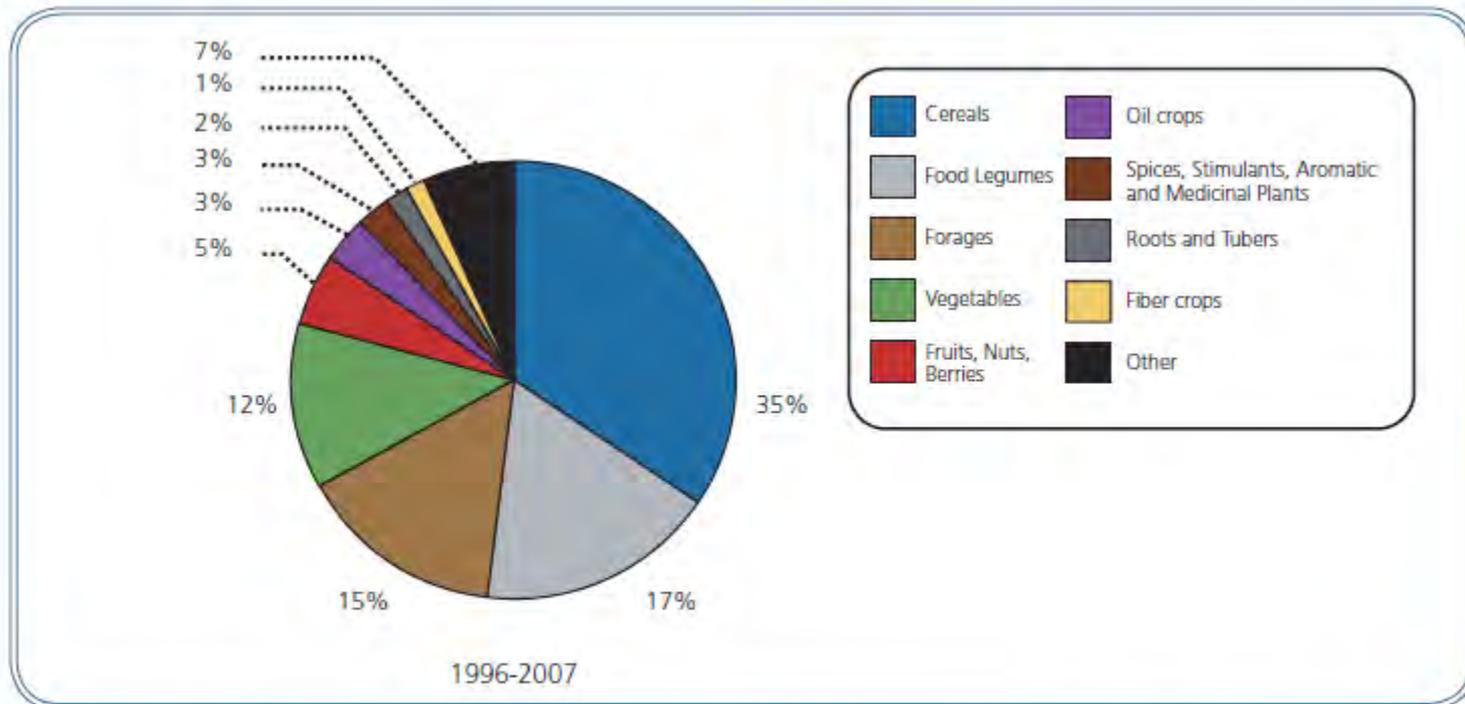
Conservazione ex-situ
Soprattutto per specie di interesse agrario



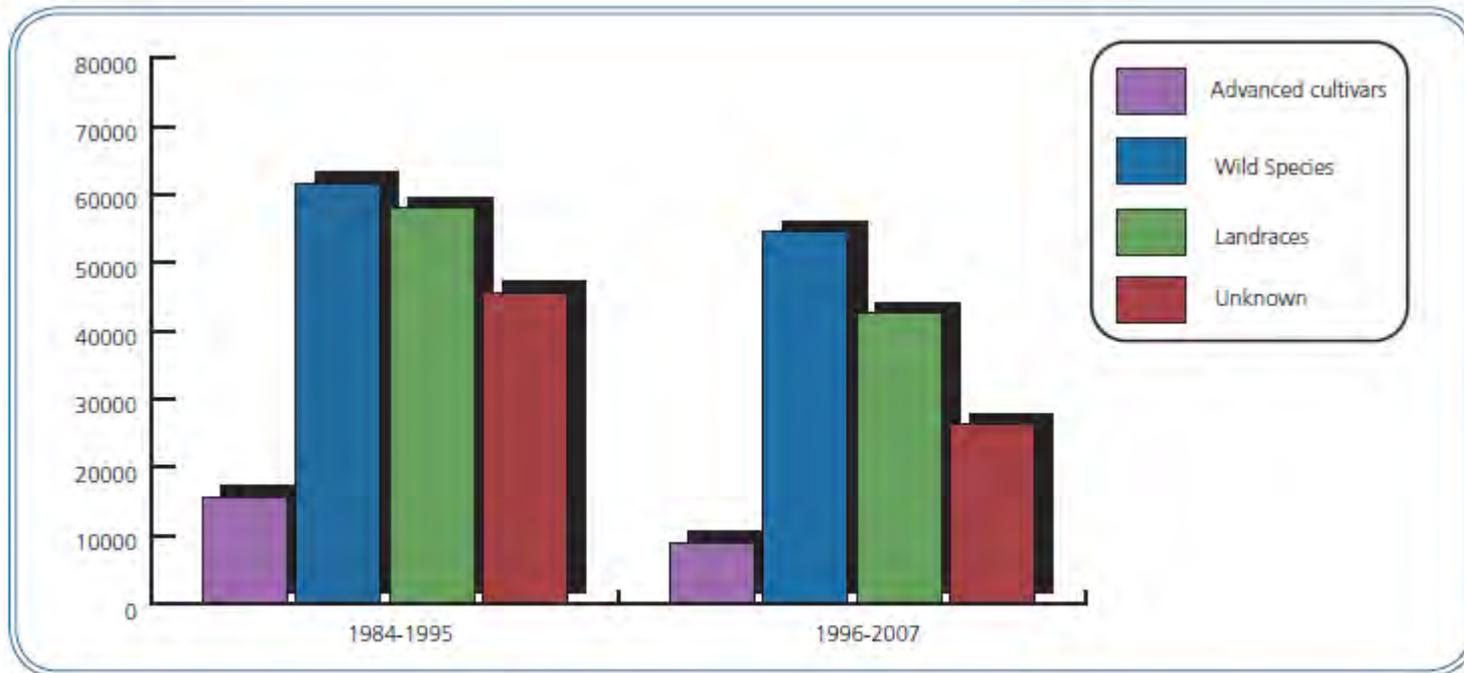
Svalbard
Global Seed
Vault



Source: WIEWS 2009; Country reports; USDA-GRIN 2009

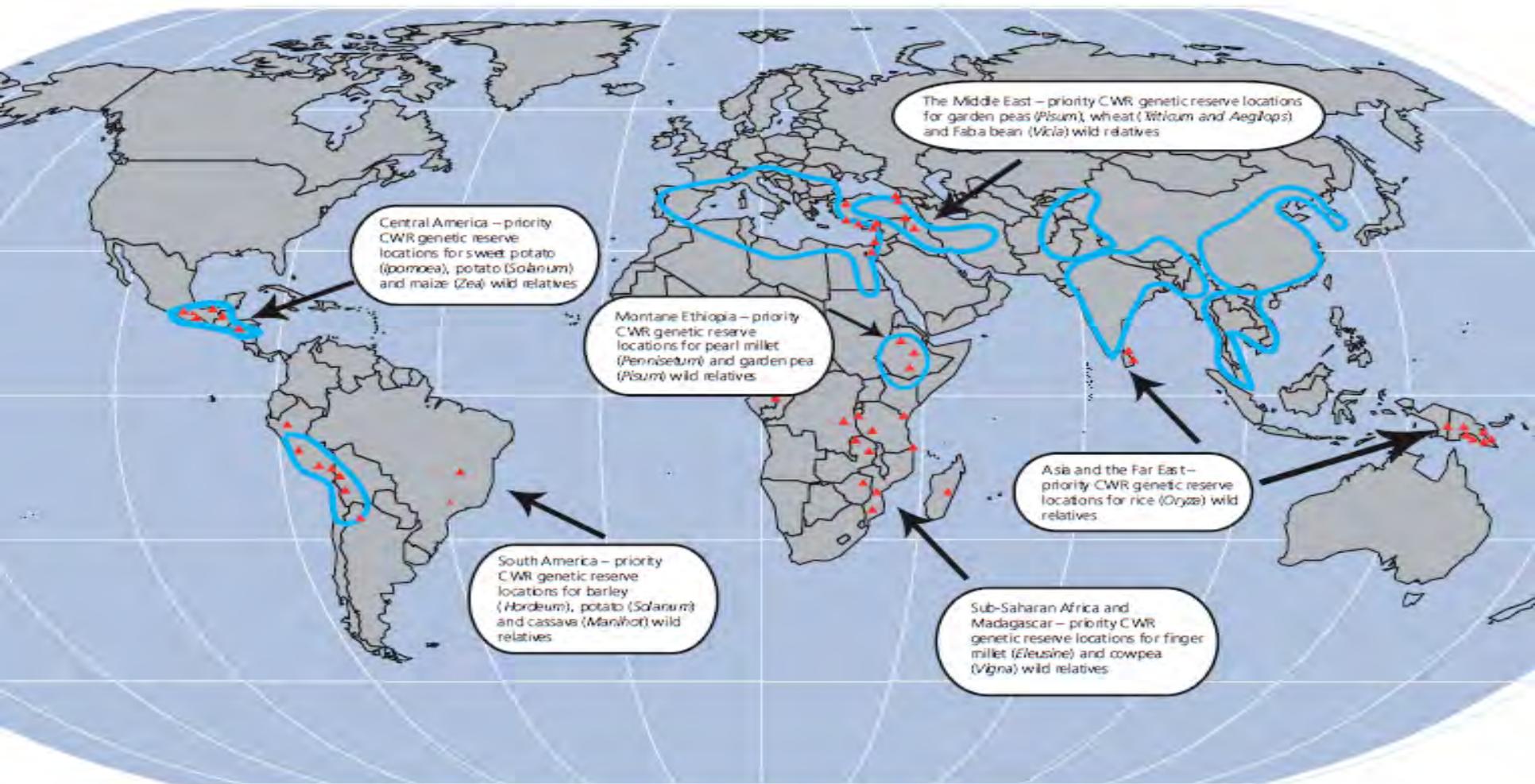


Source: 31 genebanks of the NPGS of USDA (source: GRIN, 2008); 234 genebanks from Europe (source: EURISCO, 2008); 12 genebanks from SADC (source: SDIS, 2007); NGBK (Kenya) (source: dir. info., 2008); INIAP/DENAREF (Ecuador) (source: dir. info., 2008); NBPGR (India) (source: dir. info., 2008); IRRI, ICARDA, ICRISAT and AVRDC (source: dir. info., 2008); CIP, CIMMYT, ICRAF, IITA, ILRI and WARDA (source: SINGER, 2008)



Source: genebanks of the NPGS of USDA (source: GRIN, 2008); 234 genebanks from Europe (source: EURISCO, 2008); 12 genebanks from SADC (source: SDIS, 2007); NGBK (Kenya) (source: dir. info., 2008); INIAP/DENAREF (Ecuador) (source: dir. info., 2008); NBPGR (India) (source: dir. info, 2008); IRRI, ICARDA, ICRISAT and AVRDC (source: dir. info., 2008); CIP, CIMMYT, ICRAF, IITA, ILRI and WARDA (source: SINGER, 2008)

PRESERVATION CROP WILD RELATIVES





Poiché le risorse disponibili sono limitate, non è possibile conservare tutta la biodiversità esistente. E' necessario compiere delle scelte, ma su quali basi?

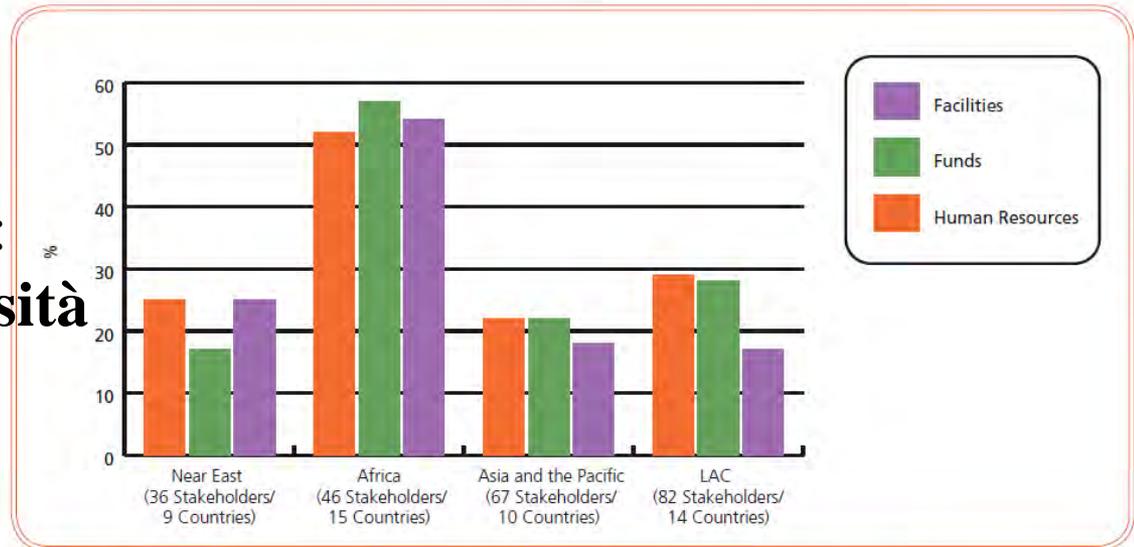
Requisito fondamentale:
caratterizzare la biodiversità
esistente.



Informazioni molecolari.

FIGURE 4.4

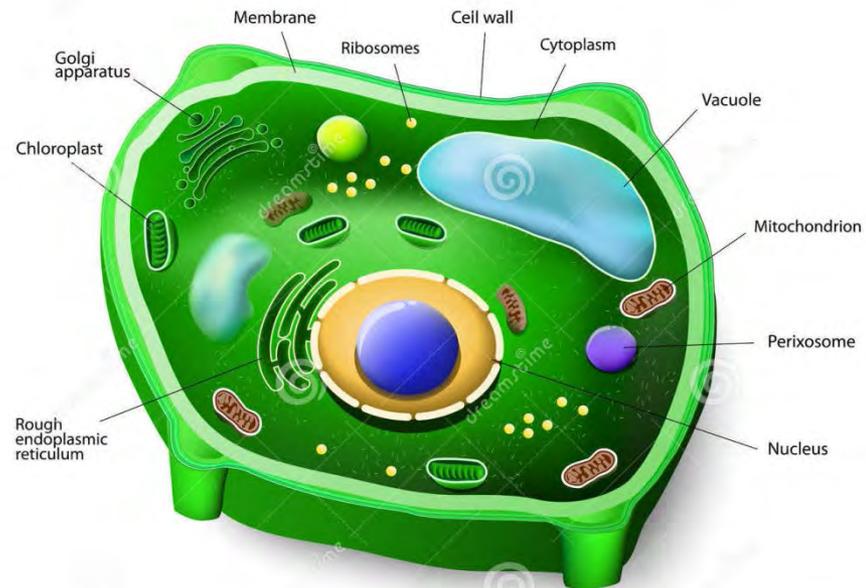
Major constraints to plant breeding: percentage of respondents indicating that a particular constraint was of major importance in their region



Source: NISM 2008 (available at: www.pgrfa.org/gpa). The figures are based on the response of 195 plant breeders from 36 developing countries in 5 regions to a question on the constraints to plant breeding.



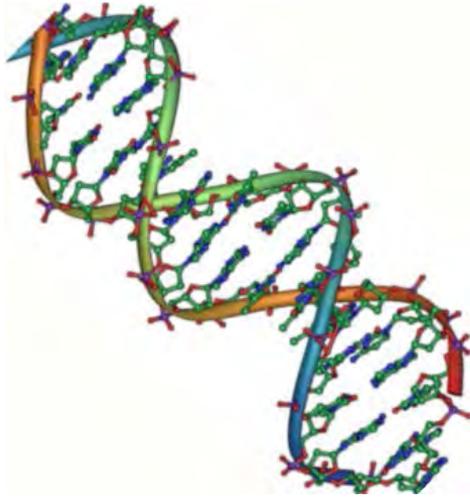
PLANT CELL





UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore

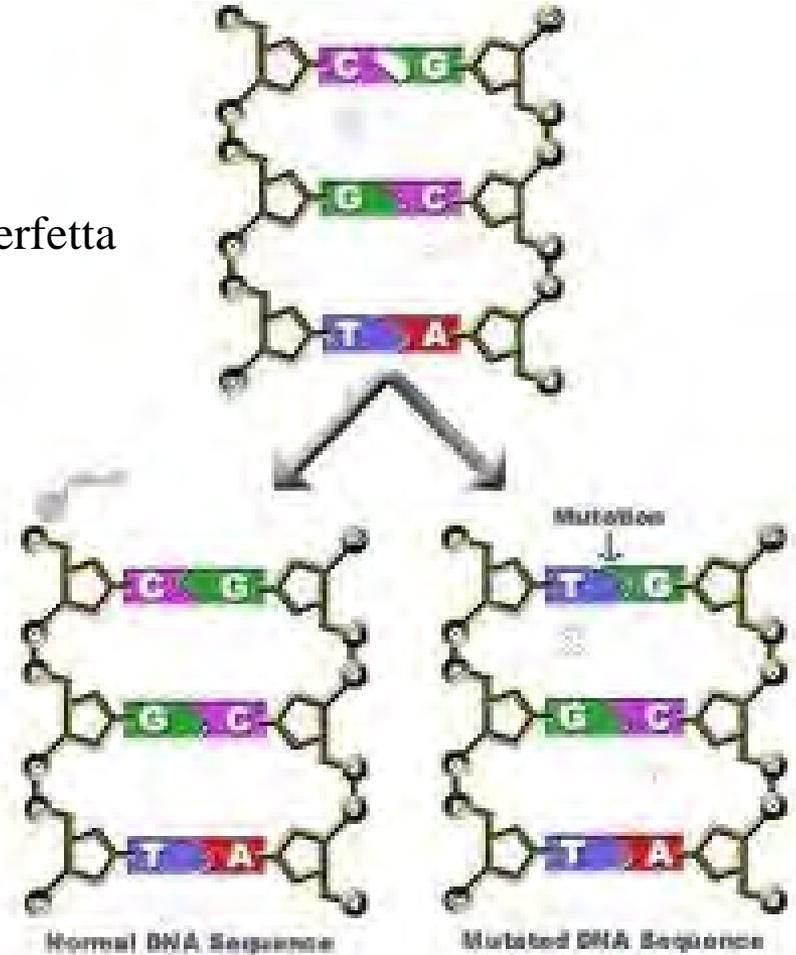
IL DNA È IL CODICE DELLA VITA



La copiatura non è perfetta

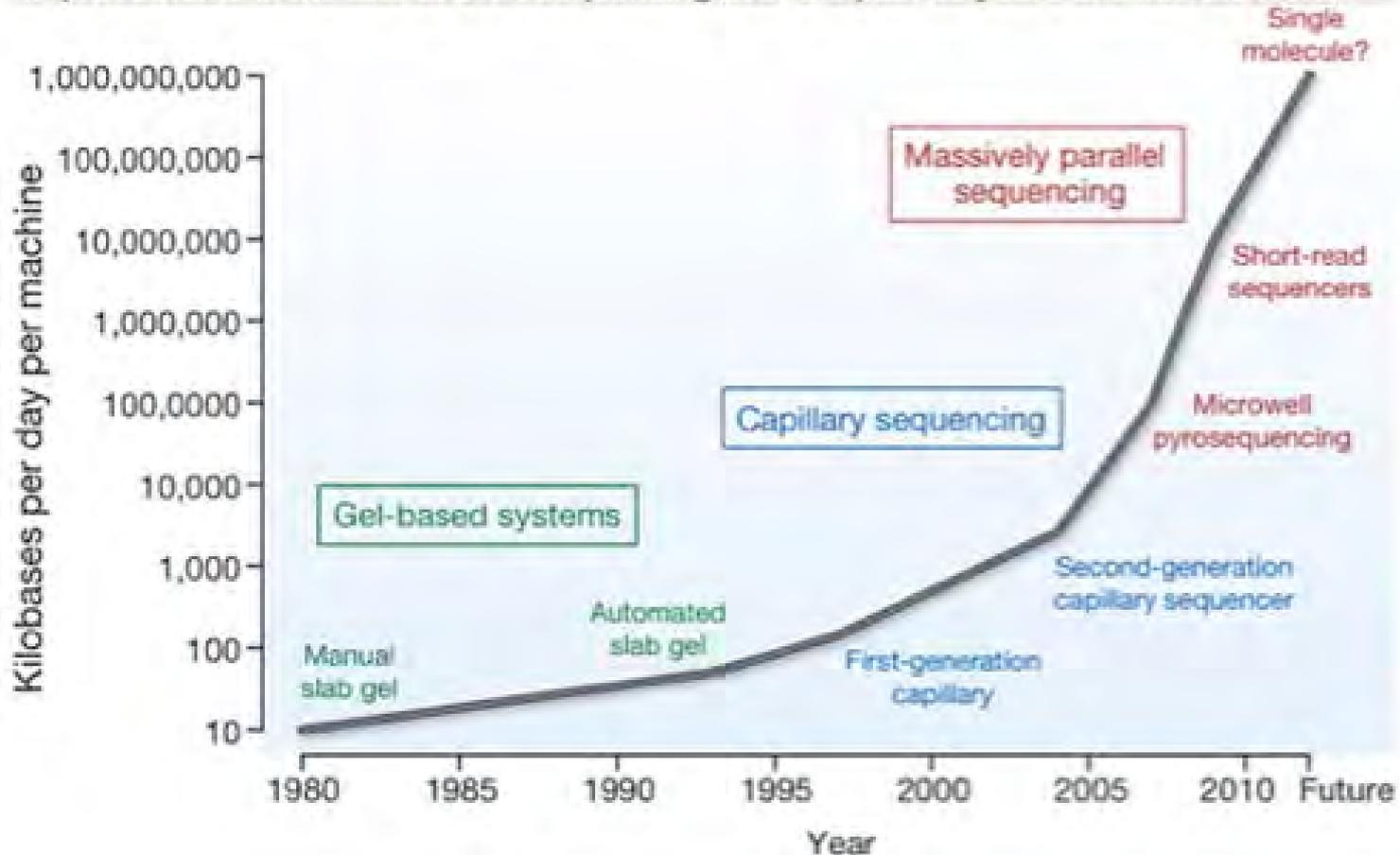
CAATTCGACTTCTACCCTAGG
GTTAAGCTGAAGATGGGATCC

le mutazioni sono la materia prima
dell'evoluzione



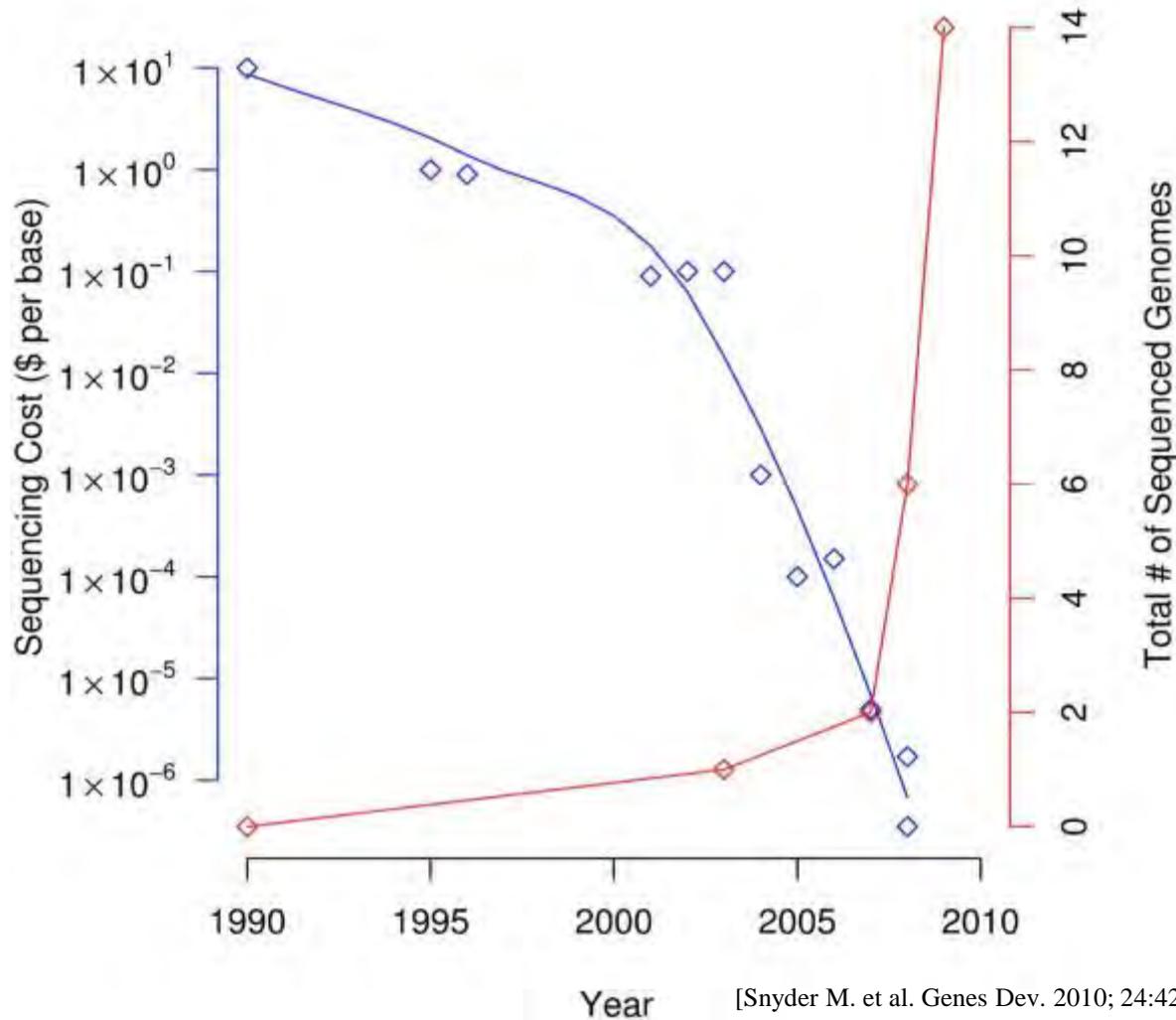


Improvements in the rate of DNA sequencing over the past 30 years and into the future





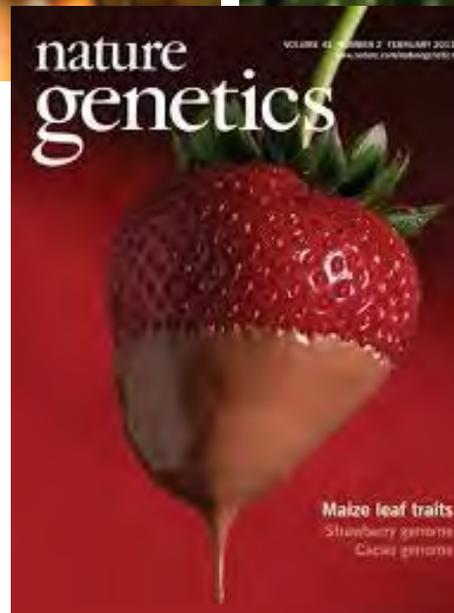
Costo del sequenziamento



[Snyder M. et al. Genes Dev. 2010; 24:423-431]



UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore



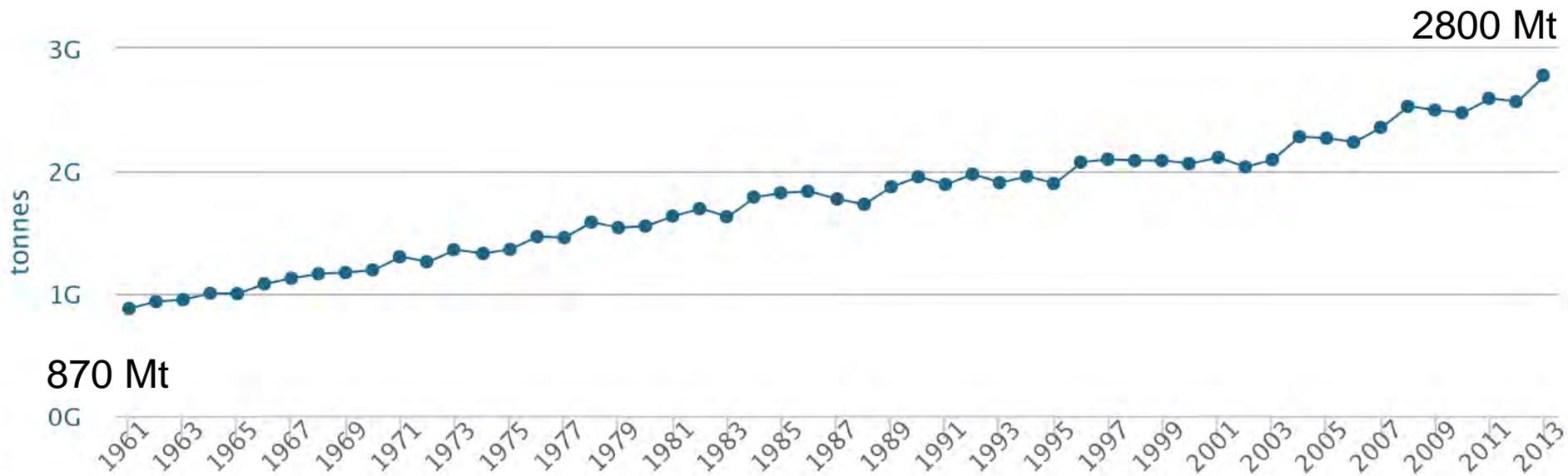


Biodiversità e Genomica per:

- 1) Breeding
- 2) Studi evolutivi
- 3) Tracciabilità

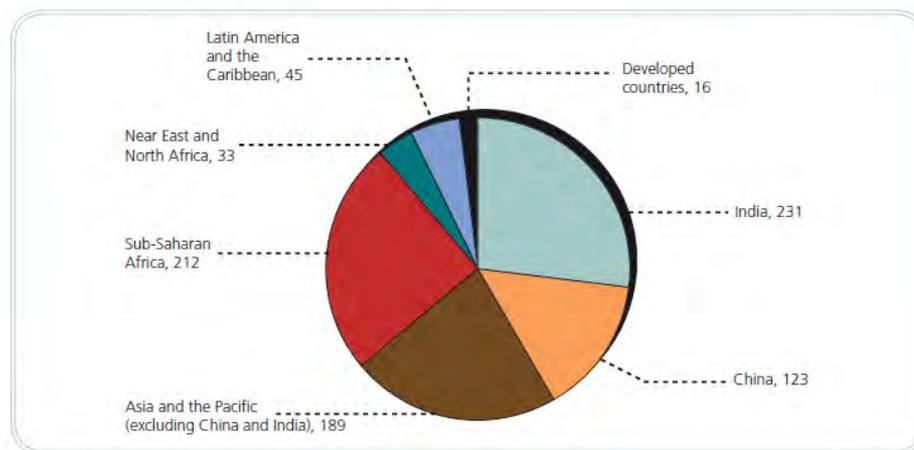


Produzione globale di cereali a livello mondiale

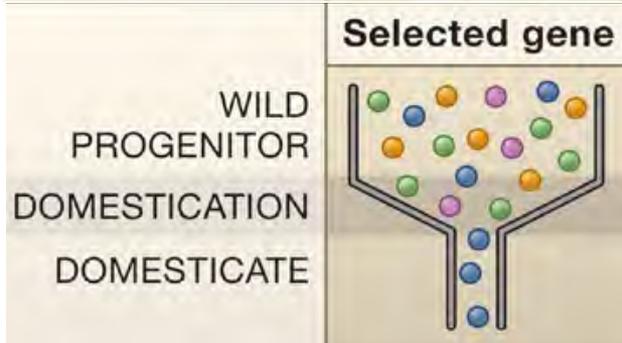
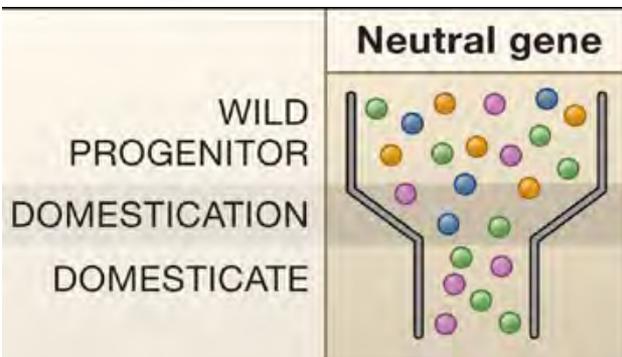


870 Mt

M = Million, k = Thousand



Source: FAO, 2008, The State of Food Insecurity in the World, Rome



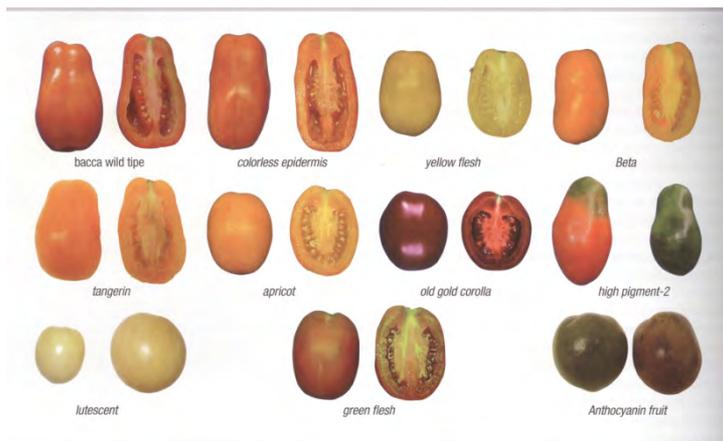
Elenco (non esaustivo) di caratteri monogenici di resistenza a stress biotici trasferiti (o trasferibili) da specie selvatiche al pomodoro coltivato

Categoria di patogeni	Avversità/malattia	Agente eziologico	Geni di resistenza	Specie di origine	
Virus	Mosaico del tabacco	<i>Tobacco Mosaic Virus (TMV)</i>	<i>Tm-1</i>	<i>S. habrochaites</i>	
			<i>Tm-2</i> <i>Tm-2^e</i>	<i>S. peruvianum</i>	
	Avvizzimento maculato	<i>Tomato Spotted Wilt Virus (TSWV)</i>	<i>Sw-5, Sw-6</i>	<i>S. peruvianum</i>	
	Accartocciamento fogliare giallo del pomodoro	<i>Tomato Yellow Leaf Curl Virus (TYLCV)</i>	<i>Ty1c</i>	<i>S. pimpinellifolium</i>	
			<i>Ty-1, Ty-3</i>	<i>S. chilense</i>	
			<i>Ty-2</i>	<i>S. habrochaites</i>	
	Mosaico dell'erba medica	<i>Alfalfa Mosaic Virus</i>	<i>Am</i>	<i>S. habrochaites</i>	
	Virus Y della patata	<i>Potato Virus Y</i>	<i>pot-1</i>	<i>S. habrochaites</i>	
Batteri	Mosaico del cetriolo	<i>Cucumber Mosaic Virus (CMV)</i>	<i>Cmr</i>	<i>S. chilense</i>	
	Picchiatura batterica	<i>Pseudomonas syringae pv. tomato</i>	<i>Pto</i>	<i>S. pimpinellifolium</i>	
Funghi	Maculatura batterica	<i>Xanthomonas campestris pv. vesicatoria</i>	<i>Bs-4</i>	<i>S. pennellii</i>	
	Tracheovercilliosi	<i>Verticillium dahliae</i>	<i>Ve</i>	<i>S. pimpinellifolium</i>	
	Tracheofusariosi	<i>Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici</i>	<i>I, I-2</i>	<i>S. pimpinellifolium</i>	
			<i>I-3</i>	<i>S. pennellii</i>	
		<i>Fusarium oxysporum f. sp. radicis-lycopersici</i>	<i>Fr-1</i>	<i>S. peruvianum</i>	
	Alternariosi	<i>Alternaria alternata f. sp. lycopersici</i>	<i>Asc</i>	<i>S. pennellii</i>	
	Stemfiliosi	<i>Stemphylium spp.</i>	<i>Sm</i>	<i>S. pimpinellifolium</i>	
	Cladosporiosi	<i>Cladosporium fulvum</i>	<i>Cf (da 1 a 24)</i>	<i>S. pimpinellifolium, S. lycopersicoides, S. habrochaites, S. peruvianum</i>	
	Oidio	<i>Leveillula taurica</i>	<i>Lv</i>	<i>S. chilense</i>	
		<i>Oidium neolyopersici</i>	<i>OI (da 1 a 5)</i>	<i>S. habrochaites</i>	
	Peronospora	<i>Phytophthora infestans</i>	<i>Ph1-Ph4</i>	<i>S. pimpinellifolium, S. habrochaites</i>	
	Radice suberosa	<i>Pyrenochaeta lycopersici</i>	<i>Py-1</i>	<i>S. peruvianum</i>	
	Nematodi	Nematodi galligeni	<i>Meloidogyne spp.</i>	<i>Ma, Mi, Mi-1, Mi-3, Mi-9</i>	<i>S. peruvianum</i>
		Nematode dorato della patata	<i>Globodera rostochiensis</i>	<i>Hero</i>	<i>S. pimpinellifolium</i>

Fonti: Labate *et al.* 2007; Díez e Nuez 2008



Importanza mantenimento biodiversità per ritrovare caratteristiche utili da introdurre nelle varietà coltivate per:



M82

sft-4537

x
M82

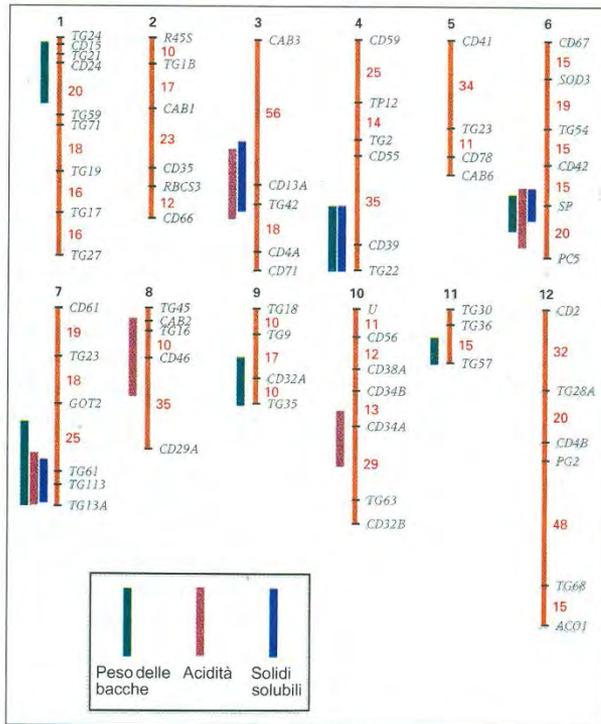
sft-4537

Aumentare la produttività

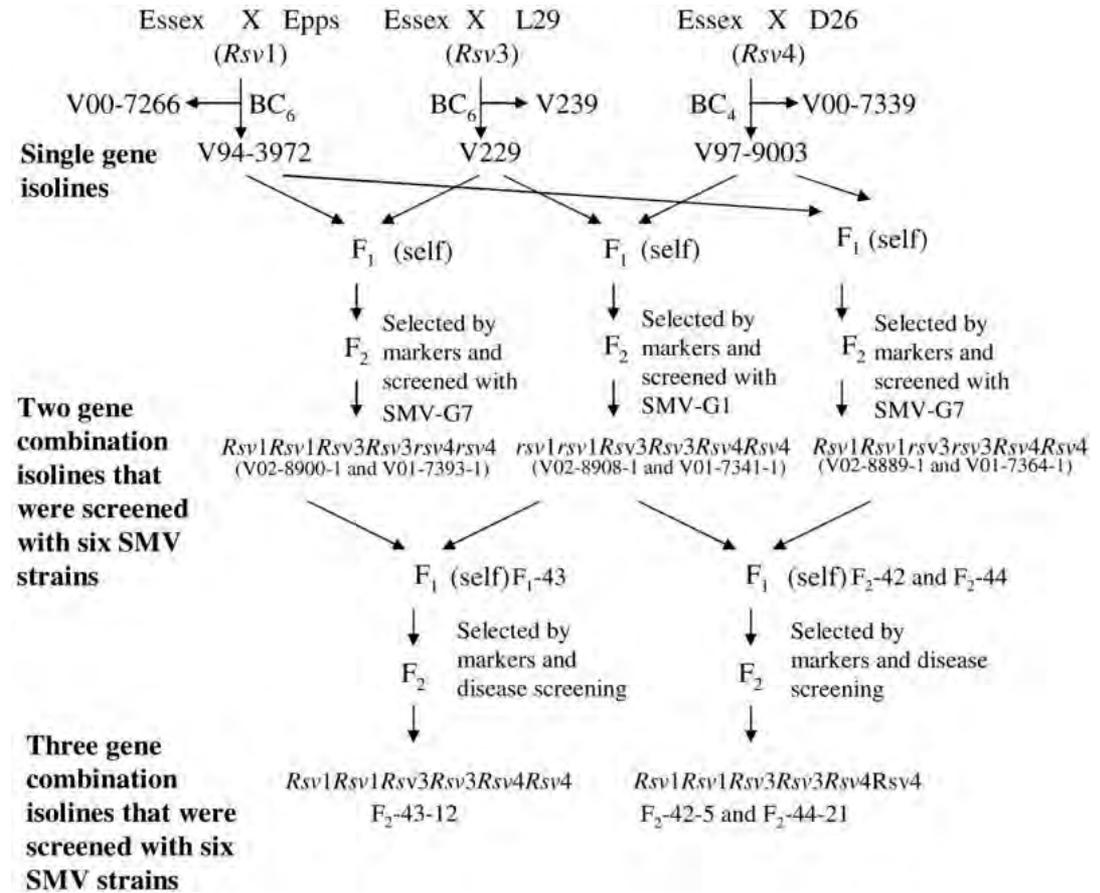
Aumentare le resistenze e di conseguenza la produttività



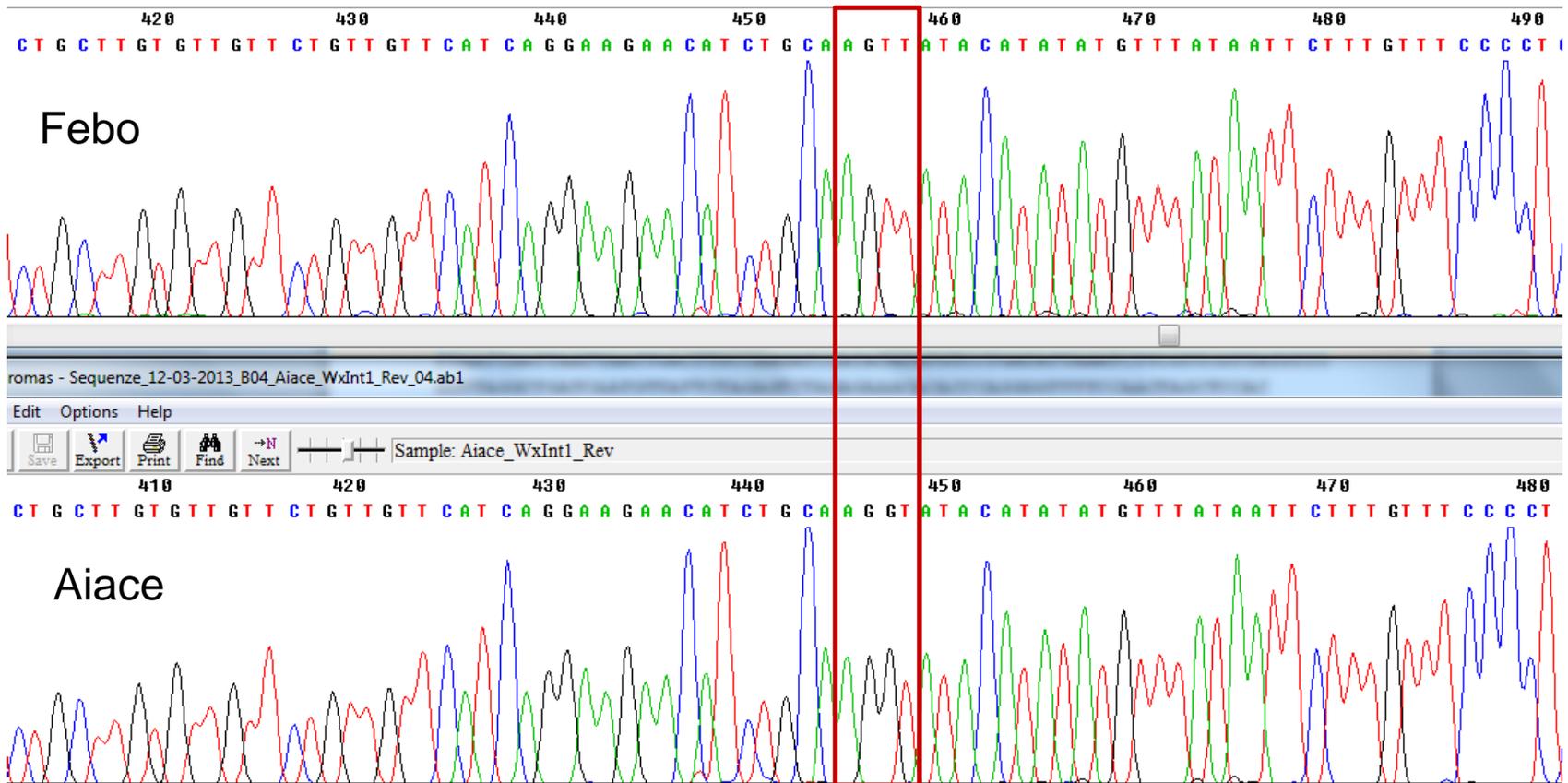
Alcune applicazioni della genomica nel breeding



Identificazione geni utili e sviluppo marcatori molecolari



Accumulo «Pyramiding» di geni utili



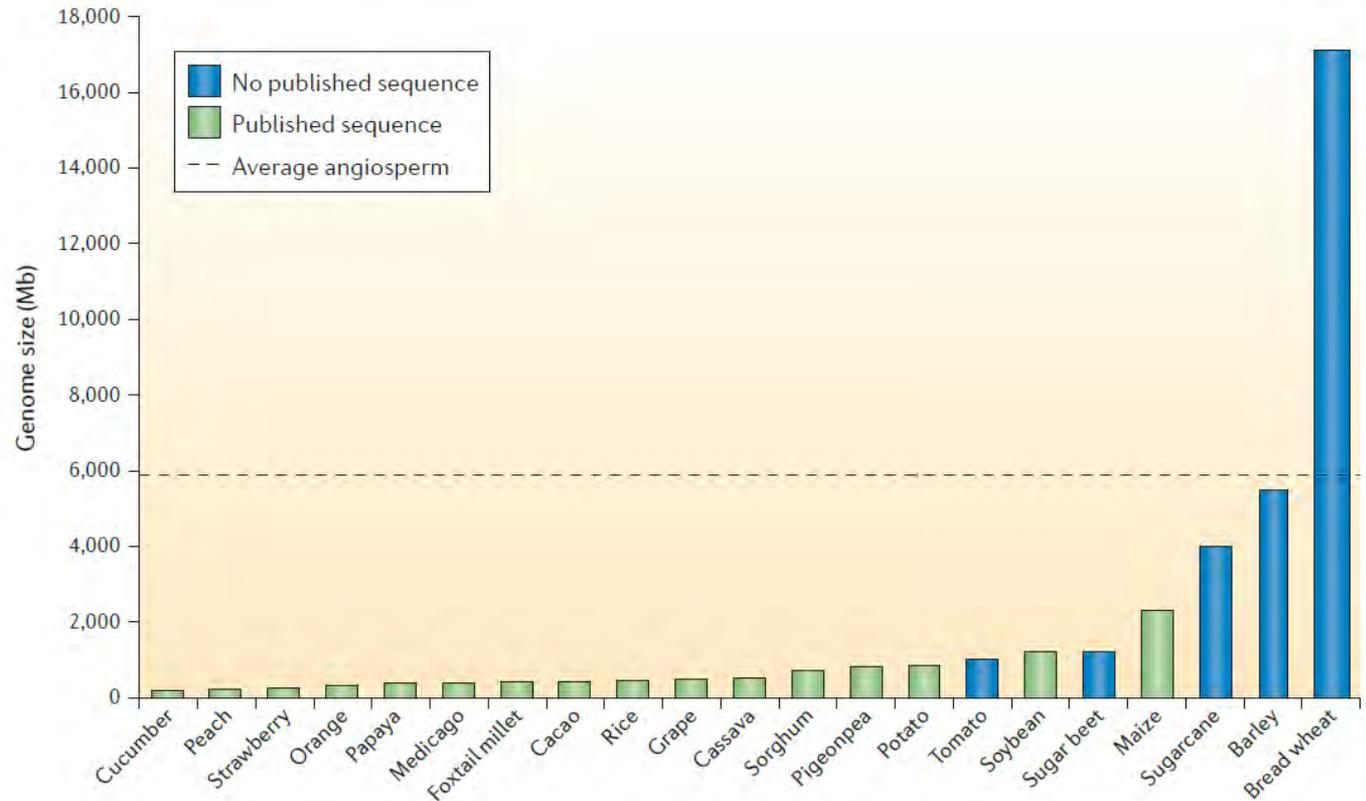
Polimorfismo nel gene GBSS influenza il contenuto di amilosio della cariosside di riso
G = alto contenuto; T = basso contenuto



2) Studi evolutivi

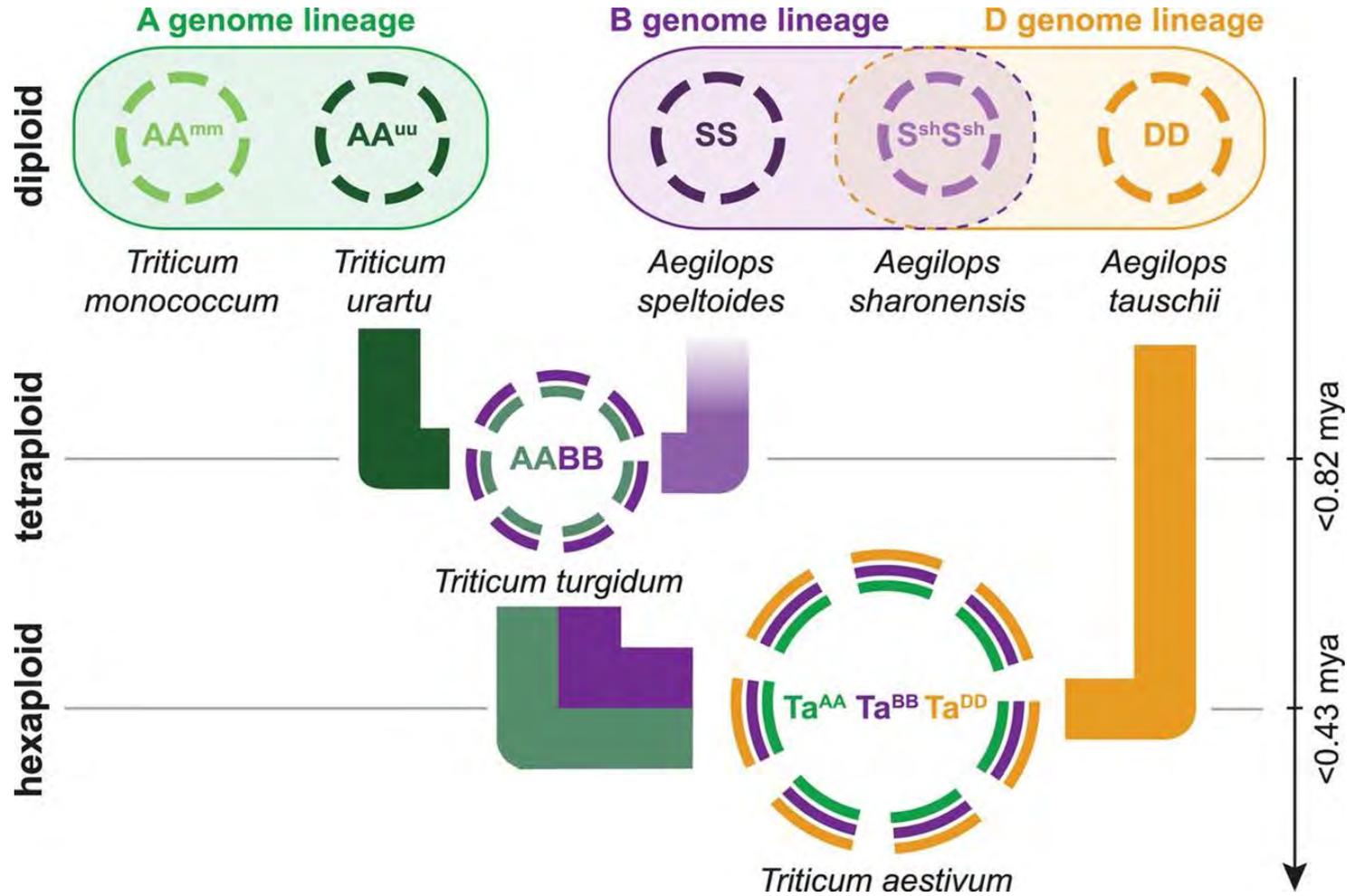
53 specie vegetali con genoma sequenziato e assemblato quasi completamente.

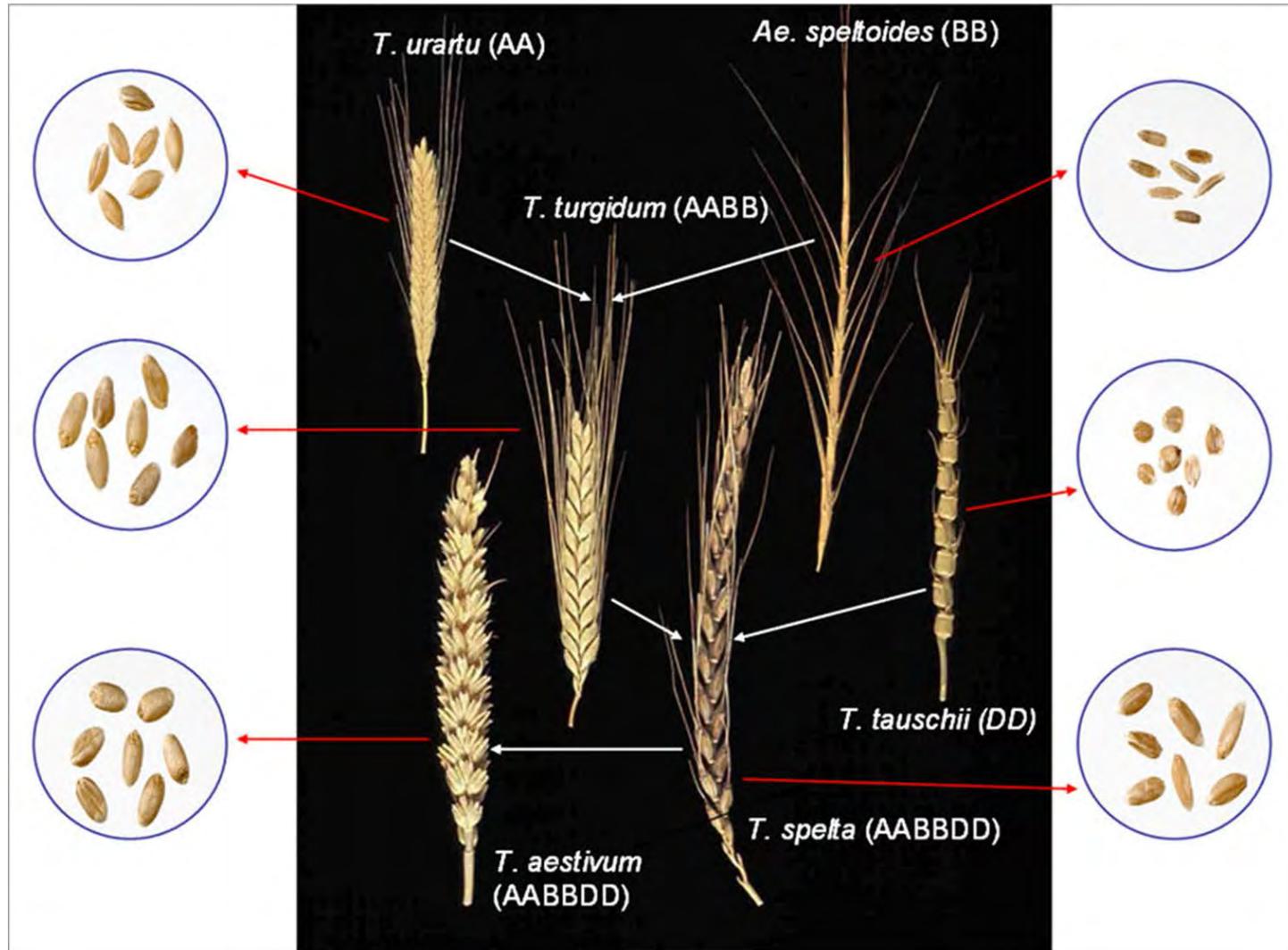
197 specie se si considerano anche quelle per cui l'assemblaggio del genoma è ancora indietro.

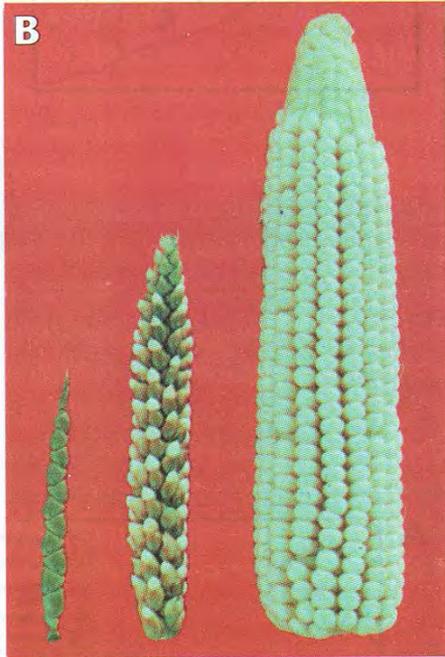




Evoluzione frumento

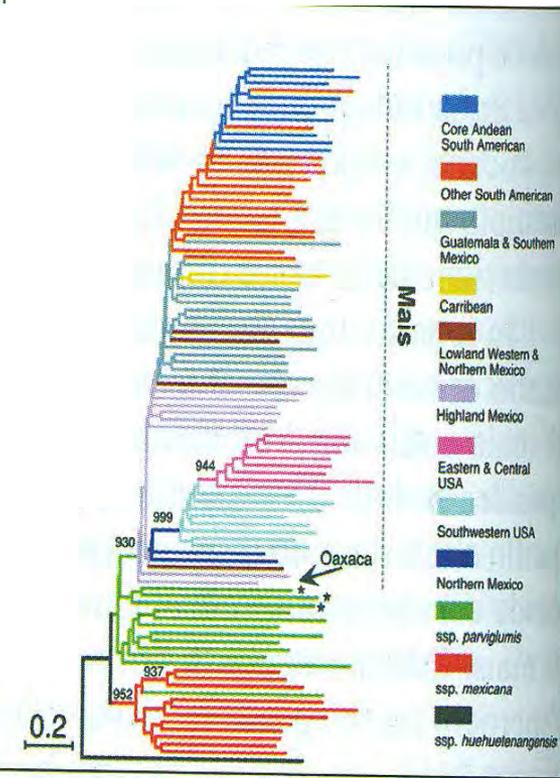
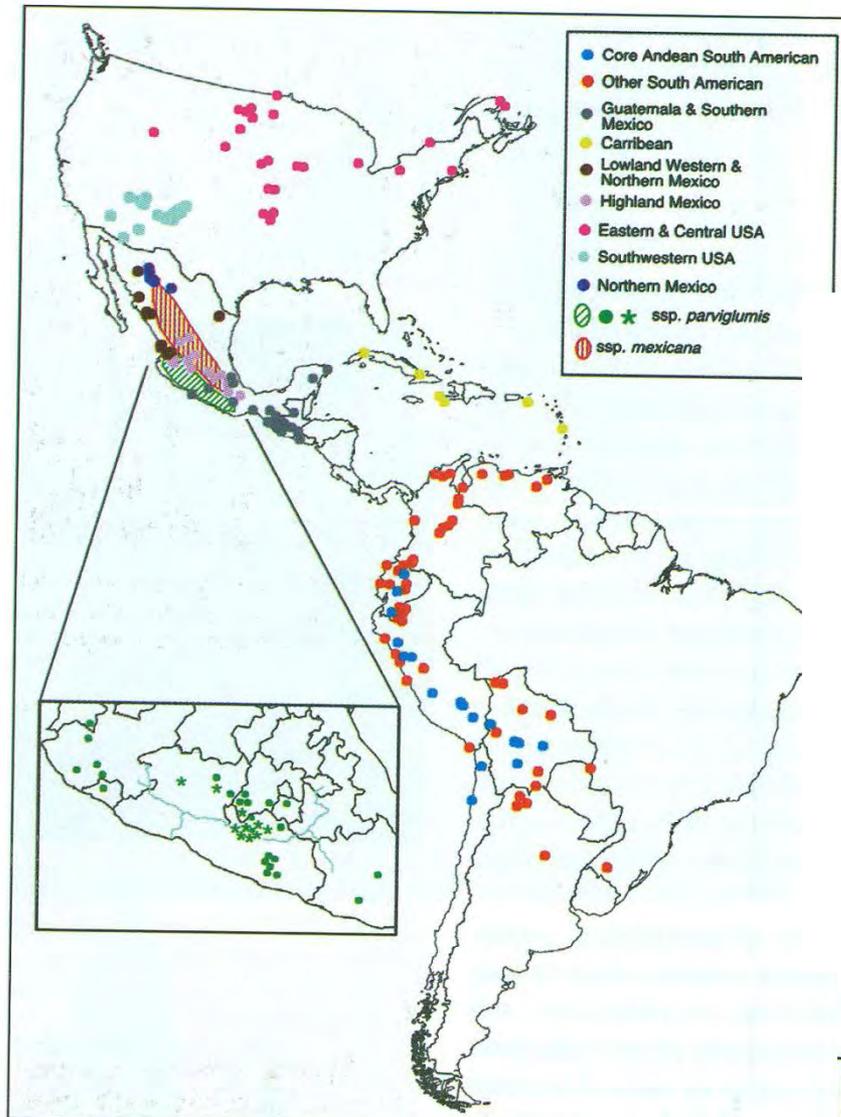


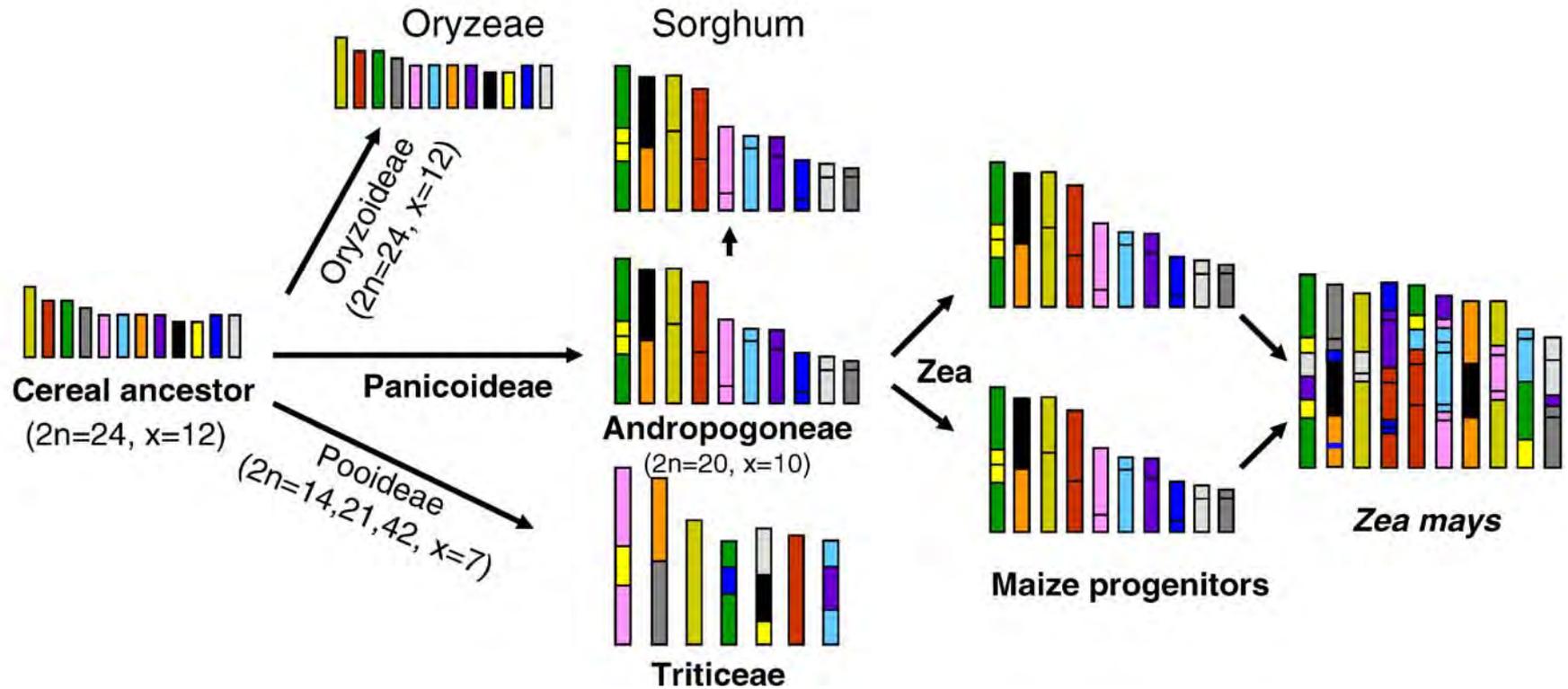


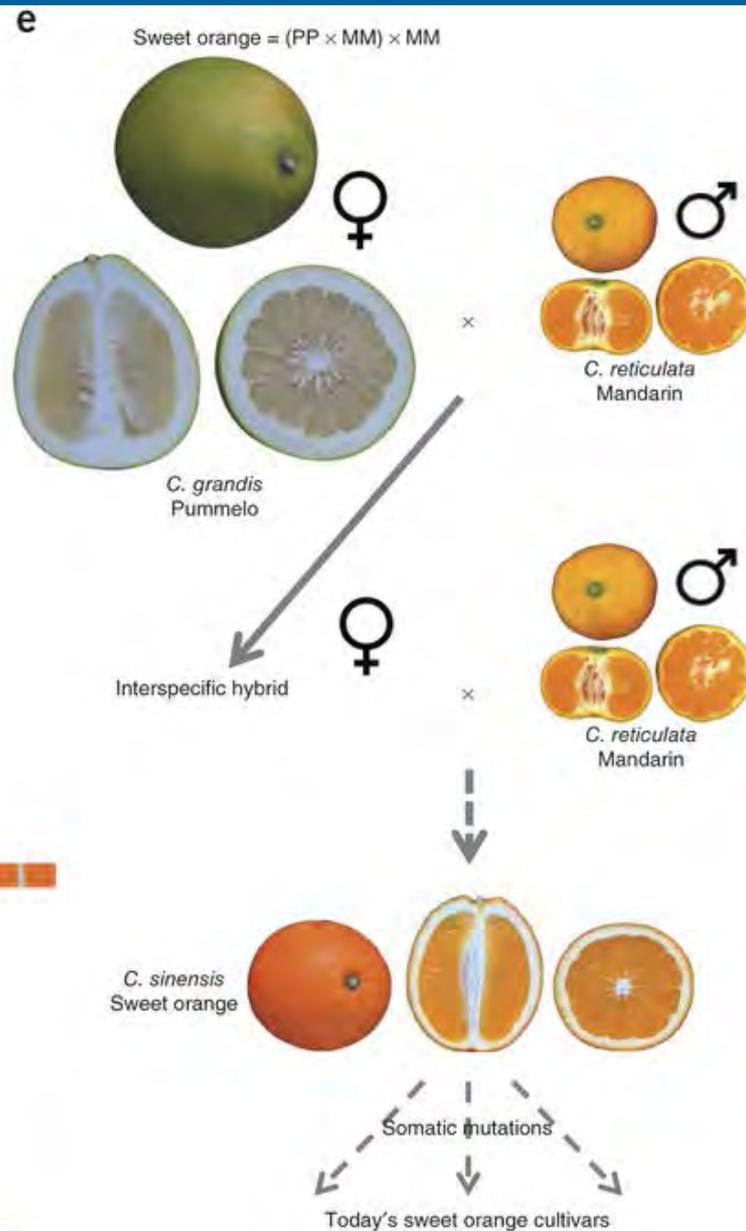
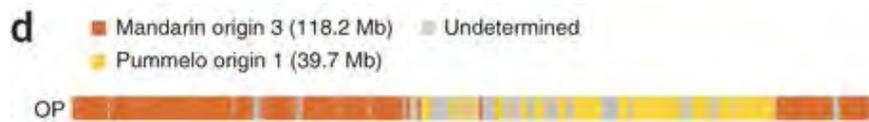


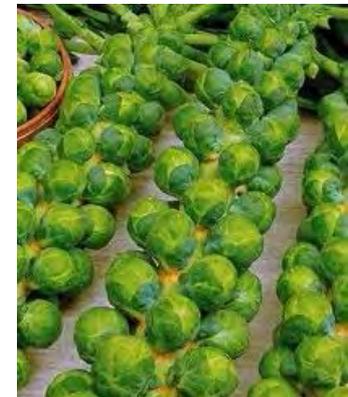
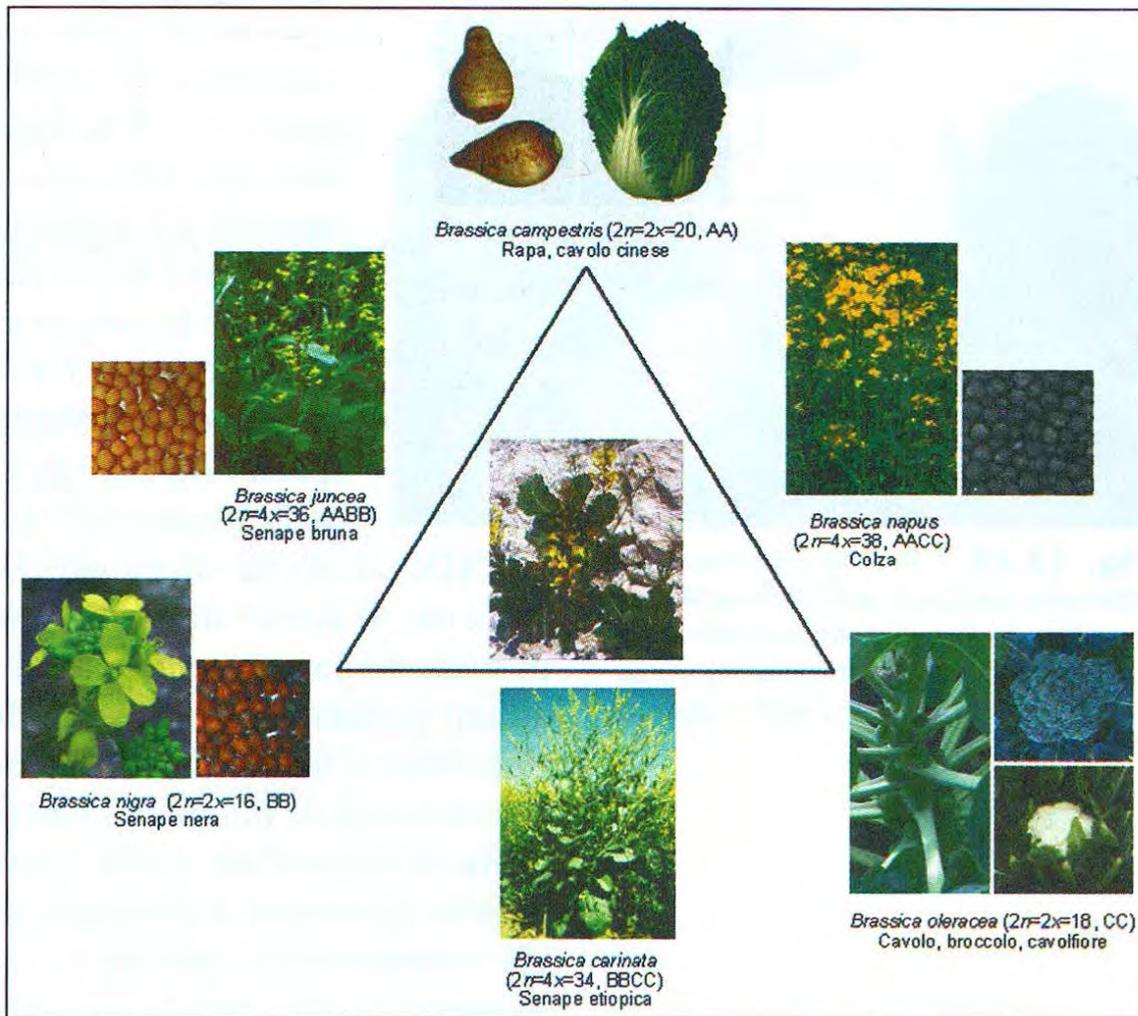
Teosinte

Mais











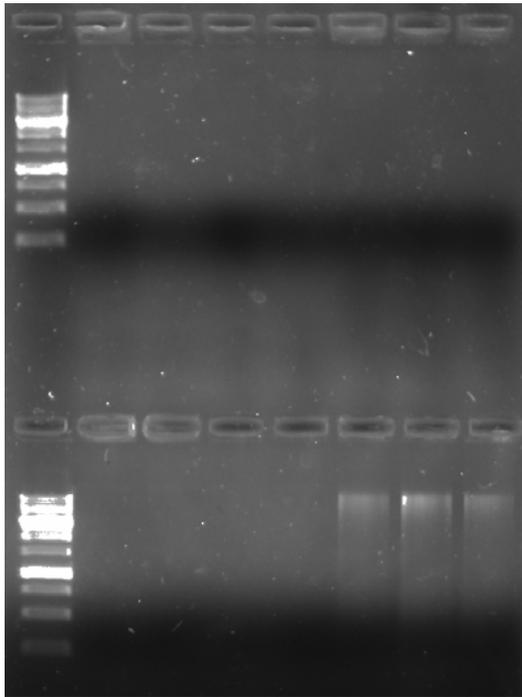
3) Tracciabilità

Tabella 13.1 – Principali esempi di problemi legati all'autenticità genetica degli alimenti di origine vegetale.

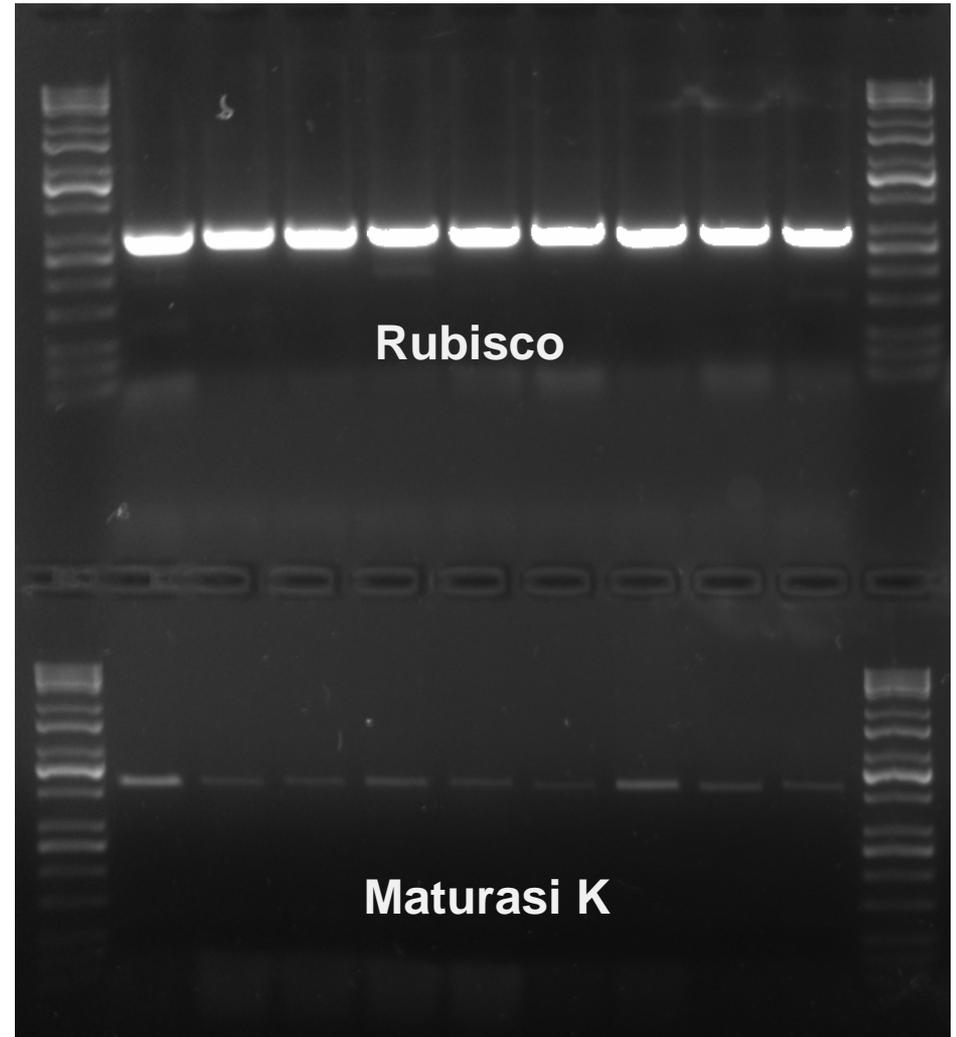
Categoria di prodotti	Esempi
Bevande	Incorretta dichiarazione o mescolanza di caffè (Arabica con Robusta)
	Incorretta dichiarazione della varietà di tè (sinesis e assamica)
	Mescolanze non dichiarate di varietà di tè verde
Vini	Incorretta dichiarazione del vitigno
	Mescolanza non dichiarata di uve diverse
Cereali	Sostituzione di varietà (riso Basmati con riso non Basmati)
	Sostituzione di grano duro con grano tenero
	Contaminazione di cereali (avena e/o triticale nel grano)
Erbe e spezie	Incorretta dichiarazione della specie
	Aggiunta di specie di minor valore
Frutta e ortaggi	Incorretta dichiarazione della varietà nel mercato fresco e nei prodotti trasformati
	Mescolanza di varietà o specie nella produzione di succhi, puree, nettari, etc.
Oli e grassi	Aggiunta di oli vegetali di altre specie
	Aggiunta o sostituzione varietale in oli monovarietali di olivo
Piante medicinali	Difficoltà nel riconoscere ed identificare specie e varietà esotiche
	Confusione nell'etichettatura (ginseng americano e ginseng asiatico)
Varie	Incorretta dichiarazione della specie florale di origine del miele
	Uso non dichiarato di prodotti derivanti da OGM
	Presenza non dichiarata di specie allergeniche
	Aggiunta di prodotti di origine animale in alimenti per vegetariani
	Presenza di specie tossiche in alimenti, mangimi e preparati erboristici



PCR di geni cloroplastici



DNA genomico da differenti
matrici alimentari



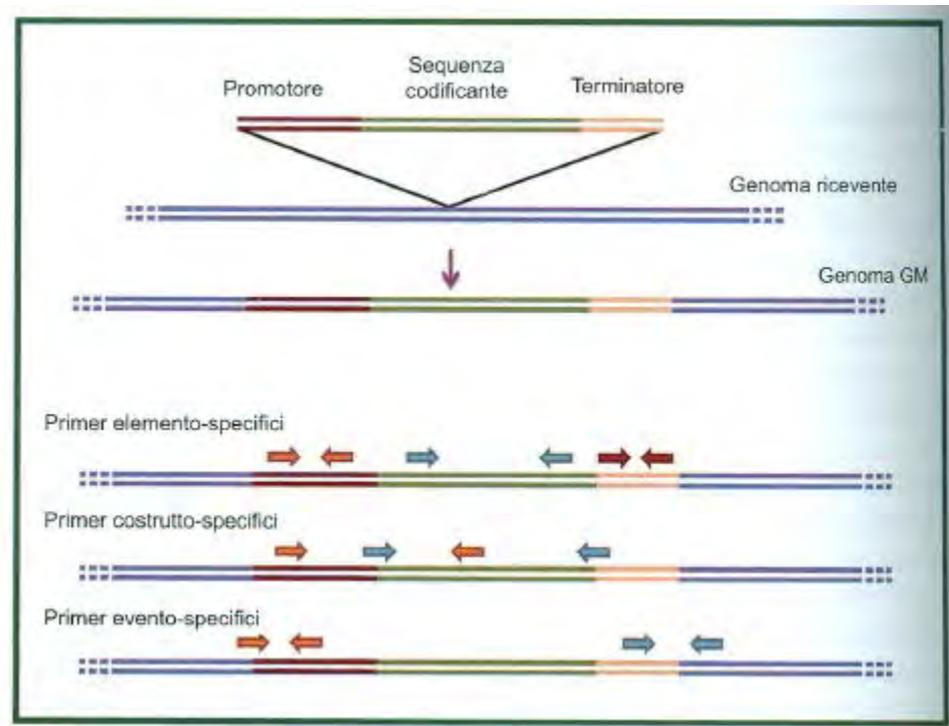
Rubisco

Maturasi K

Rilevamento OGM in matrici alimentari

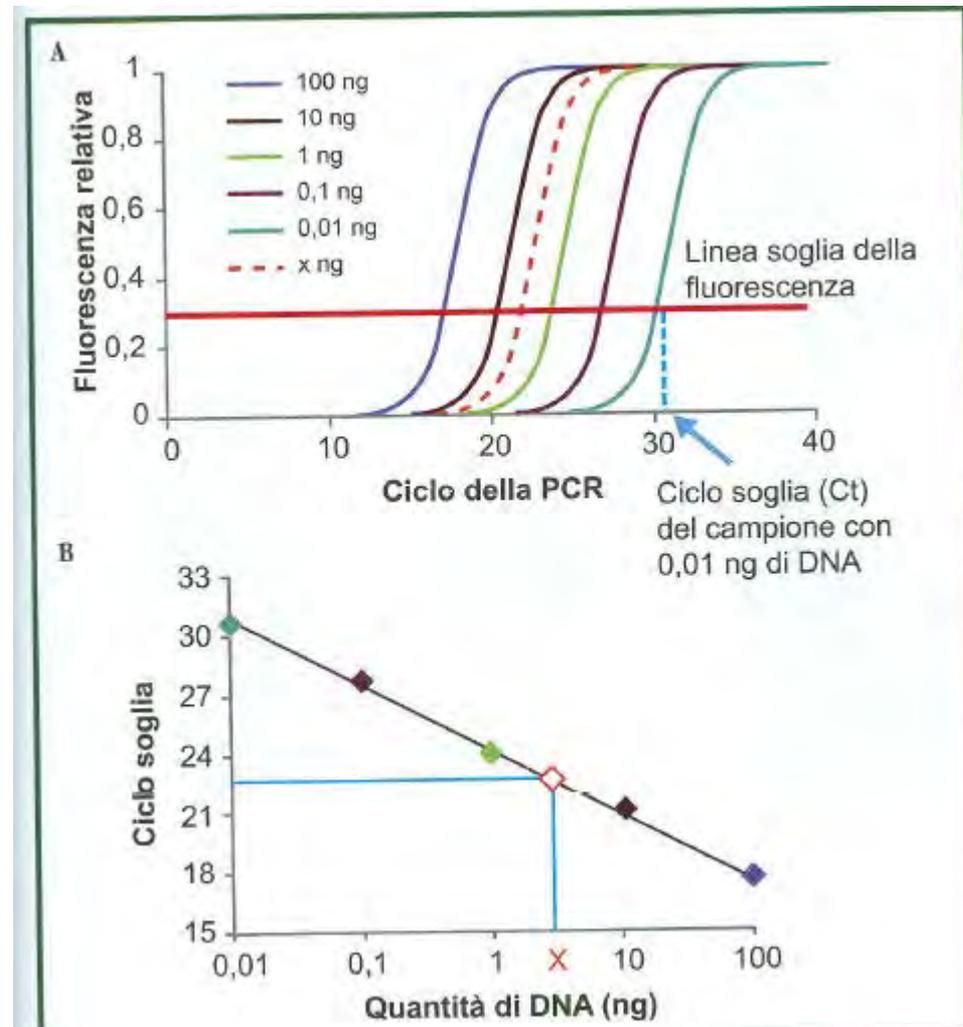
Obbligo di etichettatura per tutti i prodotti destinati all'alimentazione di uomo o animali con una soglia di tolleranza fissata allo 0.9%.

PCR qualitativa
Identifica la presenza o
meno di DNA transgenico





PCR quantitativa
Identifica la quantità di
DNA transgenico nella
matrice alimentare





UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore

THANK YOU!