# La biodiversità alla luce della rivoluzione genomica

#### Licia Colli

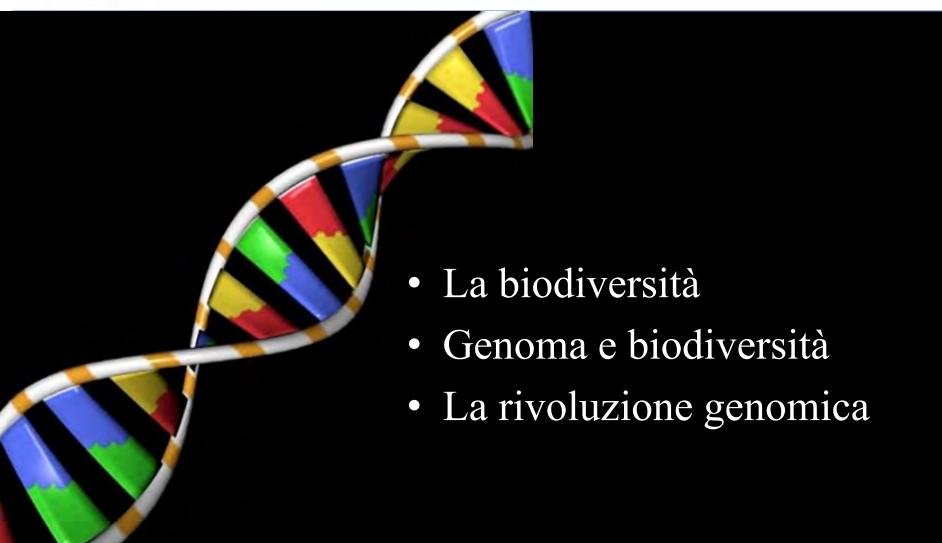
UNIVERSITÀ CATTOLICA del Sacro Cuore

Istituto di Zootecnica, Centro di ricerca sulla Biodiversità e sul DNA antico – BioDNA Facoltà di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali

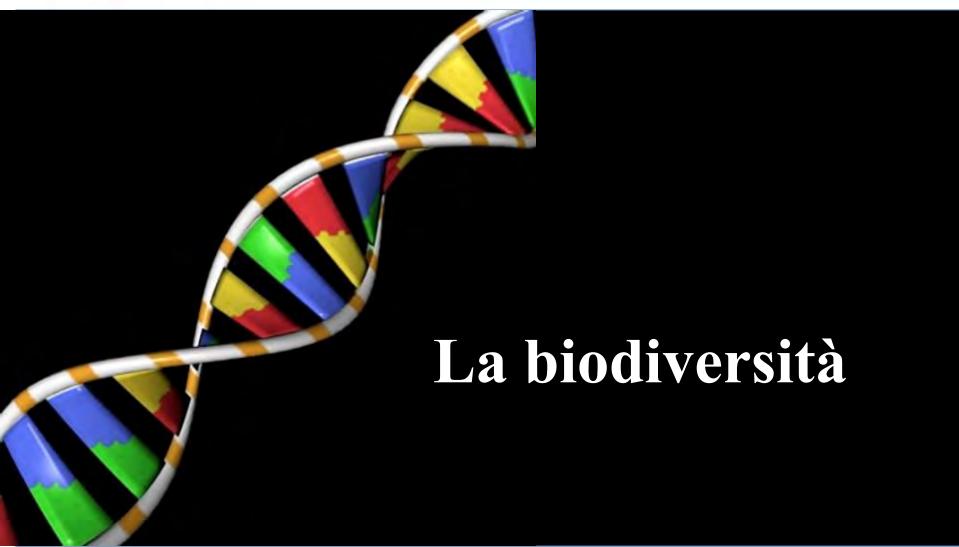




### Contenuti









#### Cos'è la "biodiversità"?

"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).



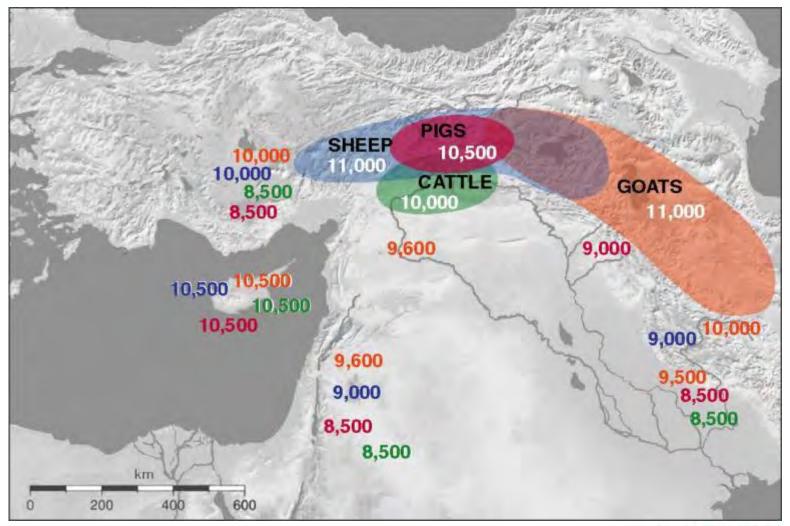
#### I livelli della biodiversità

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

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



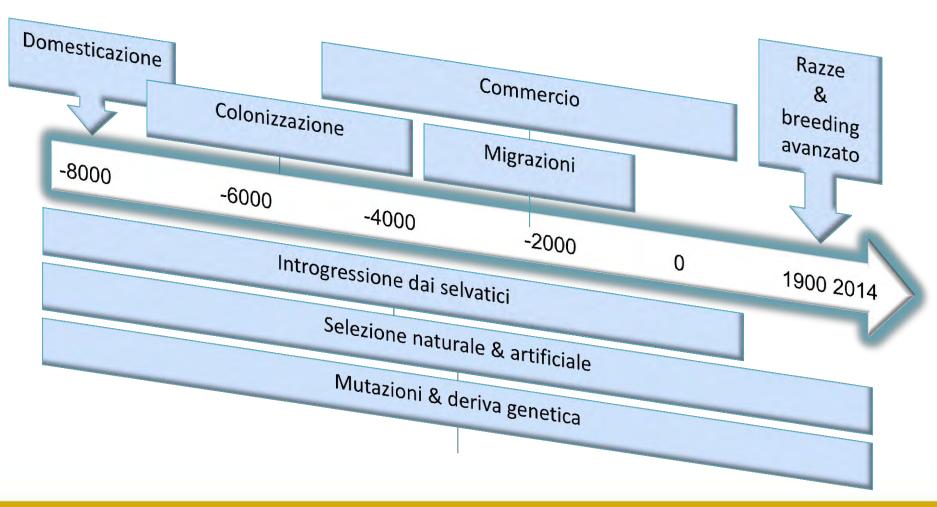
## Origini della biodiversità zootecnica



Zeder M. A. PNAS 2008;105:11597-11604



### La biodiversità moderna





#### Diversità e adattamento

Esistono razze locali adattate ad ambienti estremamente diversi e talora ostili, es. condizioni estreme per umidità/aridità, temperatura e altitudine (FAO, 2007).







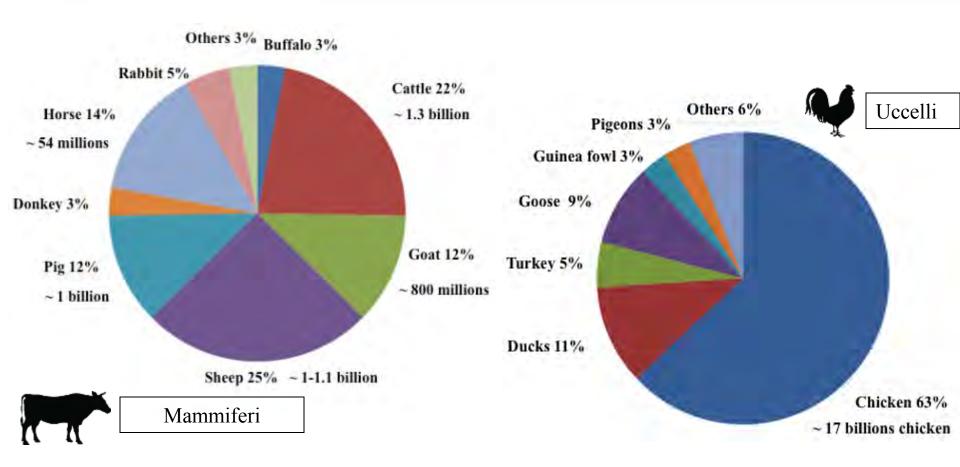


**Cashmere** 





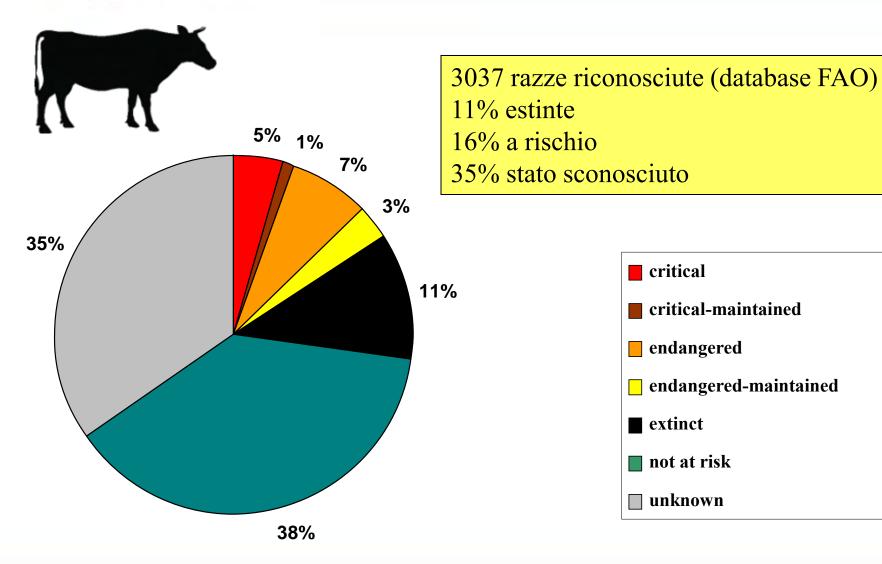
# Specie zootecniche nel mondo



[FAO 2007: The state of the world's animal genetic resources for food and Agriculture]

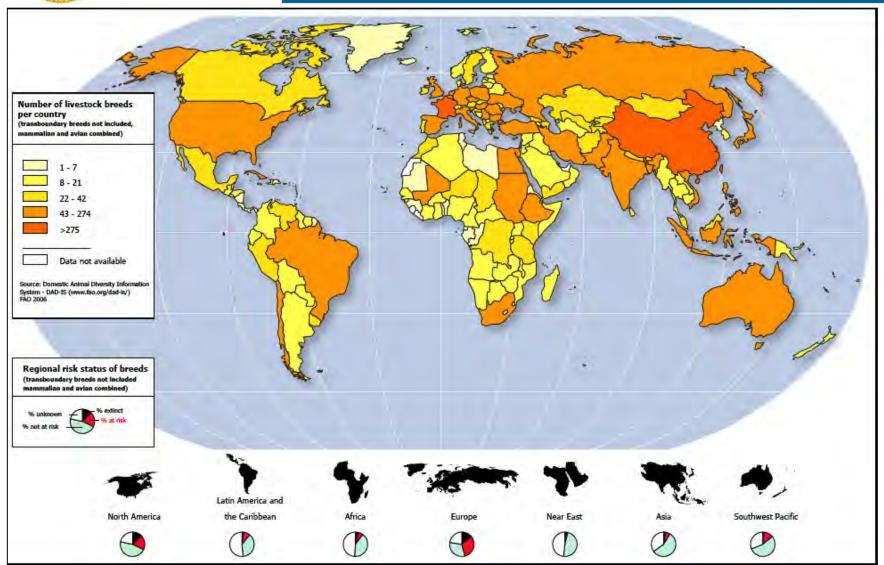


## Stato di rischio delle razze bovine - situazione globale





### Numero di razze autoctone per paese e stato di rischio per macro-aree





# La biodiversità animale in Europa

- Elevata biodiversità da tutelare
  - Progressiva scomparsa di razze autoctone
    - Abbandono aree marginali e cambiamenti climatici
    - Sostituzione con razze cosmopolite
    - Incroci non controllati
  - 80% delle razze estinte nell'ultimo secolo sono europee.



## Perchè conservare la biodiversità degli animali domestici?

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.

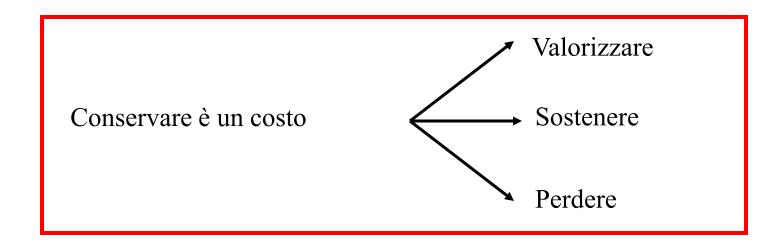
"Tu diventi responsabile per sempre di quello che hai addomesticato".

Antoine de Saint-Exupéry



#### Limiti alla conservazione

- Condizioni socio-economiche
- Scelte politiche
- Difficoltà di stima del vero valore delle risorse genetiche



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



# Utilità delle informazioni molecolari

Requisito fondamentale: caratterizzare la biodiversità esistente.

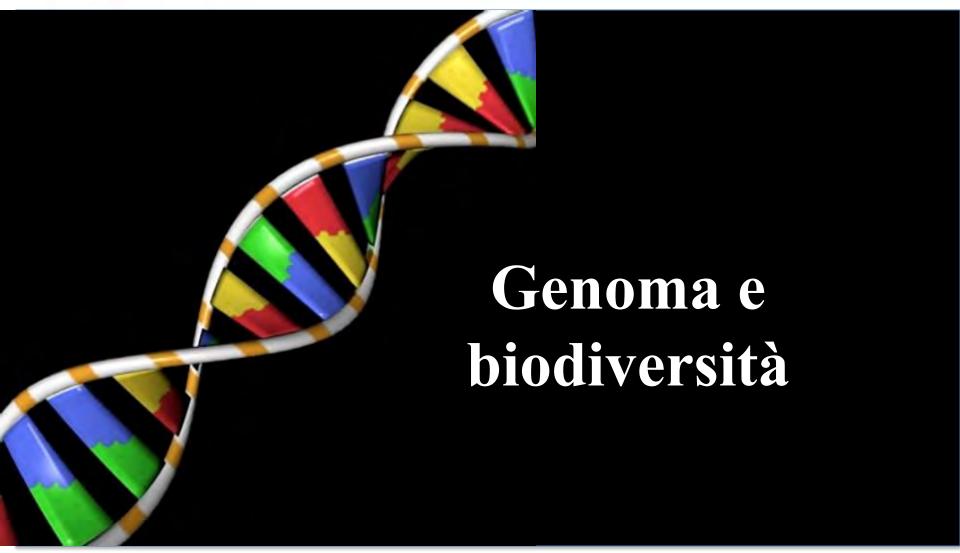


Informazioni molecolari.



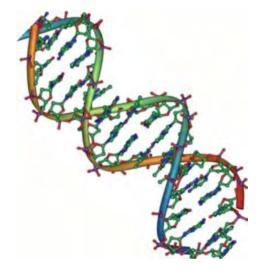
- Domesticazione
- Storia evoluzionistica
- Storia dell'uomo
- Adattamento ad ambiente







#### Il DNA è il codice della vita



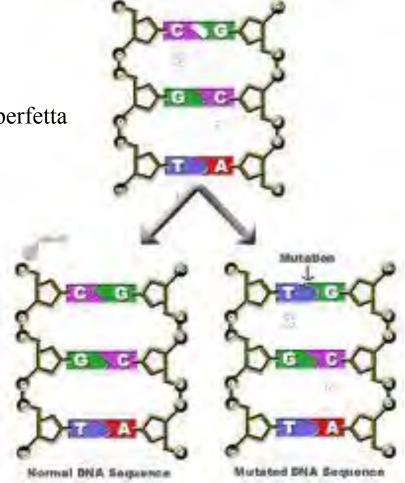
La copiatura non è perfetta

CAATTCGACTTCTACCCTAGG GTTAAGCTGAAGATGGGATCC

le mutazioni sono la materia prima

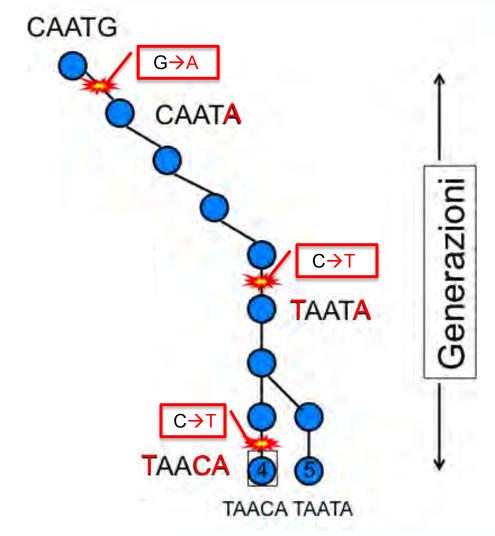
dell'evoluzione





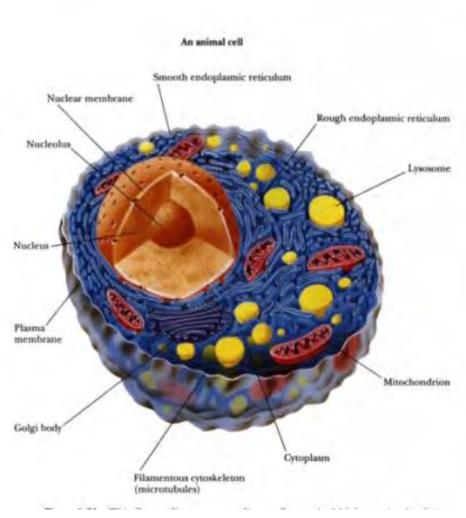


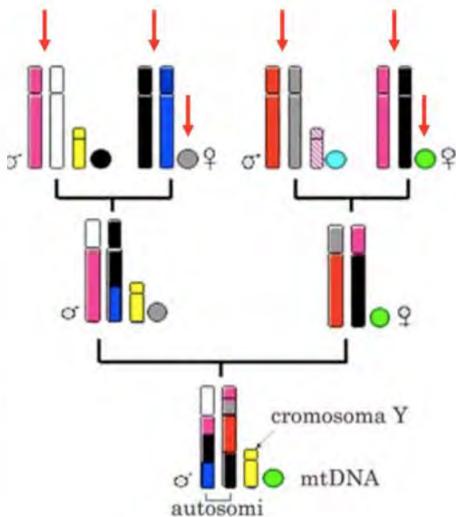
## Le mutazioni vengono trasmesse da una generazione all'altra





## Due genomi, tre ereditarietà

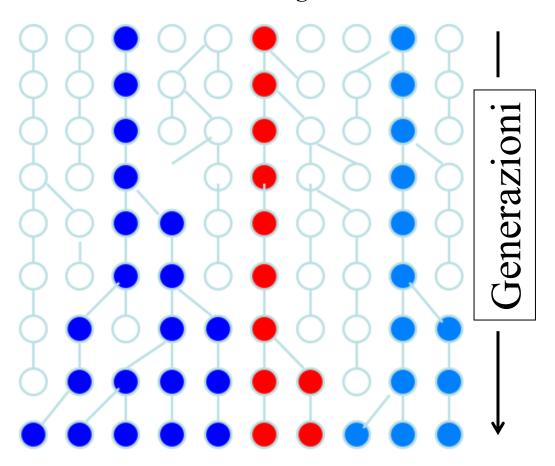






## II DNA mitocondriale: gli aploGRUPPI

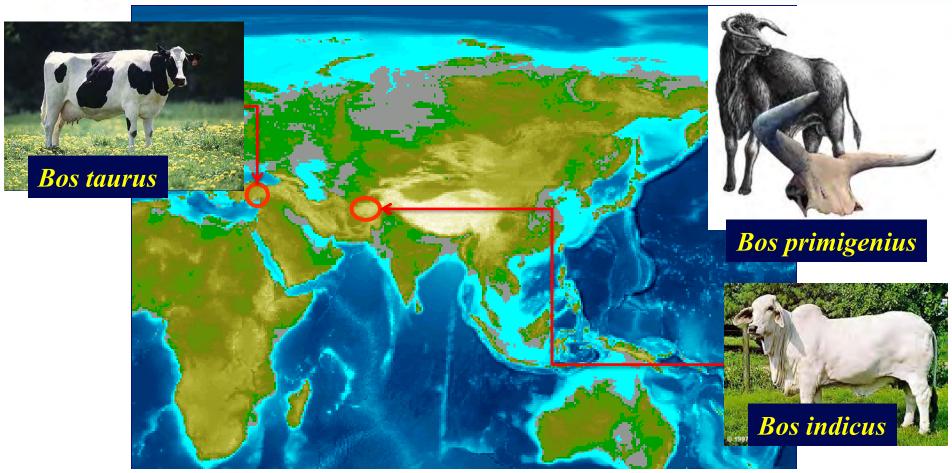
#### Da madre a figli



gruppi di sequenze che discendono da una antenata comune



# Centri di domesticazione dei bovini



8500 AC nella Mezzaluna Fertile

7000 AC Nella valle dell'Indo

(Meadows, 1993; Helmer et al., 2005; Payne & Hodges 1997)



## Ricostruzione di eventi della storia antica dell'uomo

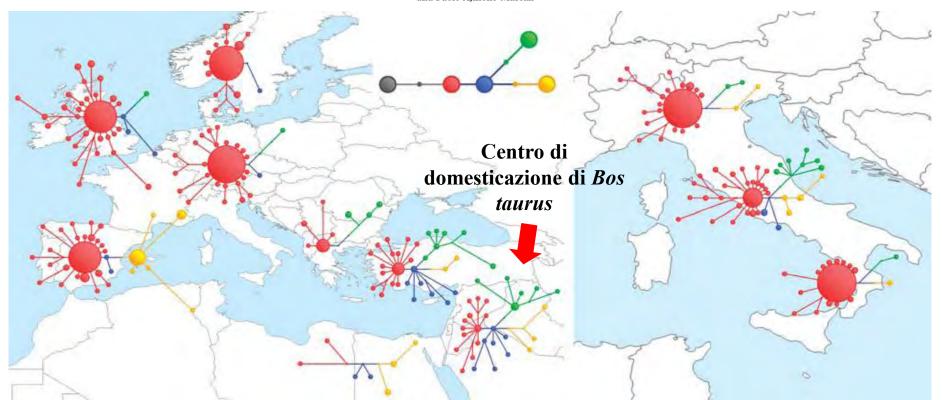
PROCEEDINGS

OF
THE ROYAL
SOCIETY

Proc. R. Soc. B (2007) 274, 1175–1179 doi:10.1098/rspb.2006.0258 Published online 13 February 2007

#### The mystery of Etruscan origins: novel clues from *Bos taurus* mitochondrial DNA

Marco Pellecchia<sup>1</sup>, Riccardo Negrini<sup>1</sup>, Licia Colli<sup>1</sup>, Massimiliano Patrini<sup>1</sup>, Elisabetta Milanesi<sup>1,†</sup>, Alessandro Achilli<sup>2</sup>, Giorgio Bertorelle<sup>3</sup>, Luigi L. Cavalli-Sforza<sup>4</sup>, Alberto Piazza<sup>5</sup>, Antonio Torroni<sup>2</sup> and Paolo Ajmone-Marsan<sup>1,\*</sup>

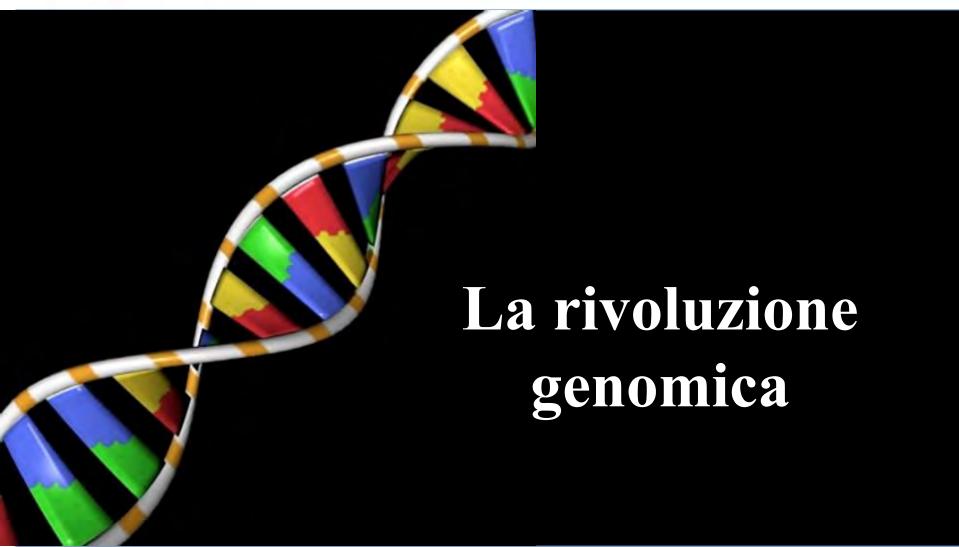




### Bovini etruschi?

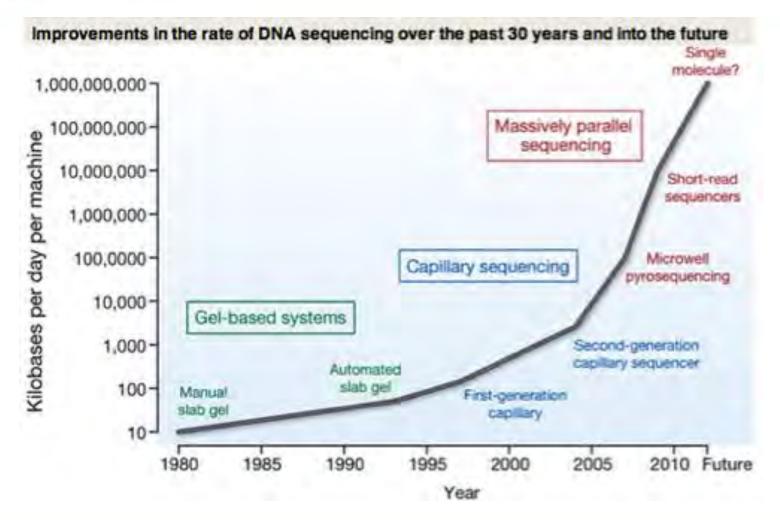








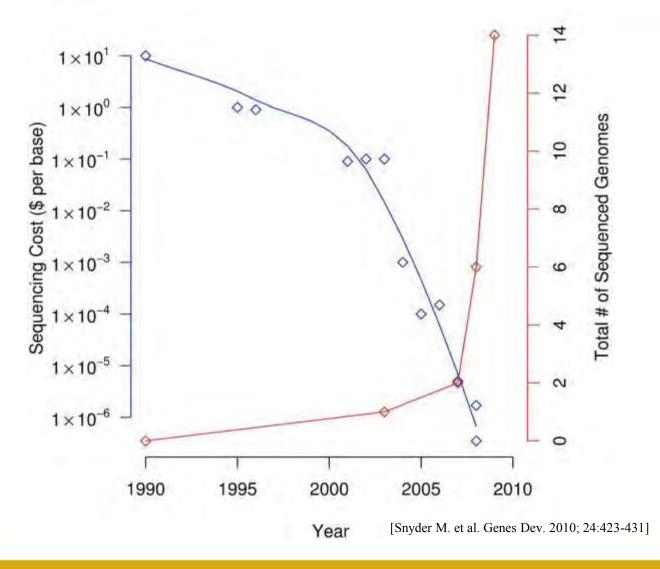
## Velocità di sequenziamento



[Stratton M.R. et al. Nature 2009: 458, 719-724]



## Costo del sequenziamento





## Oltre le specie modello, di interesse economico o viventi

## The sequence and de novo assembly of the giant panda genome

Ruiqiang Li<sup>11,12</sup>, Wei Fan<sup>11</sup>, Geng Tian<sup>11,12</sup>, Hongmei Zhu<sup>11</sup>, Lin He<sup>11,12</sup>, Jing Cal<sup>11,12</sup>, Quanfei Huang<sup>1</sup>, Qingle Cal<sup>11</sup>, Yinqi Bai<sup>1</sup>, Zhihe Zhang<sup>1</sup>, Yaping Zhang<sup>1</sup>, Wen Wang<sup>1</sup>, Jun Li<sup>1</sup>, Fuwen Wai<sup>1</sup>, Heing Li<sup>11</sup>, Min Jian<sup>1</sup>, Jianwen Li<sup>1</sup>, Zhaolei Zhang<sup>1</sup>, Rasmus Neisen<sup>1</sup>, Dawei Li<sup>1</sup>, Wanjun Gul<sup>1</sup>, Zhenteo Yang<sup>1</sup>, Zhaoling Xuan<sup>1</sup>, Oliver A. Ryde<sup>11</sup>, Frederick Chi-Ching Leung<sup>1</sup>, Yan Zhou<sup>1</sup>, Jianjun Cao<sup>1</sup>, Xiao Sun<sup>11</sup>, Yenggui Fu<sup>1</sup>, Xiaodong Fang<sup>1</sup>, Xiaosen Guo<sup>1</sup>, Bo Wang<sup>1</sup>, Royan Guo<sup>1</sup>, Rummao Un<sup>1</sup>, Wubin Qian<sup>1</sup>, Guodong Wang<sup>1</sup>, Chang Yu<sup>1</sup>, Wenhui Nie<sup>1</sup>, Jinhuan Wang<sup>2</sup>, Zhigang Wu<sup>1</sup>, Huiqing Liang<sup>1</sup>, Jiumeng Min<sup>1</sup>, Qi Wu<sup>1</sup>, Shifteng Cheng<sup>1</sup>, Jue Ruan<sup>1,2</sup>, Mingwei Wang<sup>1</sup>, Zhongbin Shi<sup>1</sup>, Ming Wen<sup>1</sup>, Binghang Liu<sup>1</sup>, Xuboli Ren<sup>1</sup>, Huisong Zheng<sup>1</sup>, Dong Dong<sup>1</sup>, Kathleen Cooki<sup>1</sup>, Gao Shan<sup>1</sup>, Hao Zhang<sup>1</sup>, Carolin Kosio<sup>1,2</sup>, Xueying Xie<sup>1,2</sup>, Zuhong Lu<sup>1</sup>, Hancheng Zheng<sup>1</sup>, Yingrui Li<sup>1,2</sup>, Cynthia C. Steiner<sup>1,4</sup>, Tommy Tsan<sup>1</sup>, Yuk Lam<sup>1,2</sup>, Siyuan Lin<sup>1</sup>, Qinghui Zhang<sup>1</sup>, Guoqing Li<sup>1</sup>, Jing Tian<sup>1</sup>, Timing Gong<sup>1</sup>, Hongde Liu<sup>10</sup>, Dejin Zhang<sup>11</sup>, Li Fang<sup>2</sup>, Chen Ye<sup>1</sup>, Juanbin Zhang<sup>1</sup>, Wenbo Hu<sup>11</sup>, Anlong Xu<sup>11</sup>, Yuanyuan Ren<sup>1</sup>, Guoje Zhang<sup>1,1,2</sup>, Michael W. Bruford<sup>1,2</sup>, Qibin Li<sup>1,2</sup>, Lijia Ma<sup>1,2</sup>, Yiran Guo<sup>1,2</sup>, Na An<sup>1</sup>, Yujie Hu<sup>1,2</sup>, Yang Zheng<sup>1,2</sup>, Yongyong Shi<sup>1</sup>, Zhiqiang Li<sup>2</sup>, Qing Liu<sup>1</sup>, Yanling Chen<sup>1</sup>, Jing Zhao<sup>1</sup>, Ning Qu<sup>1,2</sup>, Shancen Zhao<sup>1,2</sup>, Sulping Kiu<sup>2</sup>, Hayni Wang<sup>1,2</sup>, Shiping Liu<sup>2</sup>, Hemin Zhang<sup>2</sup>, Desheng Li<sup>2,4</sup>, Yan Huang<sup>3,4</sup>, Xia Wang<sup>1</sup>, Guohua Yang<sup>2</sup>, Zhi Jiang<sup>1</sup>, Junyi Wang<sup>1</sup>, Nan Qin<sup>1</sup>, Li Li<sup>1</sup>, Jingxiang Li<sup>1</sup>, Lars Bolund<sup>1</sup>, Karsten Kristman<sup>1,2</sup>, Gane Ka-Shu Wong<sup>1,25</sup>, Maynard Olson<sup>-</sup>, Xiuqing Zhang<sup>2</sup>, Songgang Li<sup>1</sup>, Huanning Yang<sup>2</sup>, Jian Wang<sup>2</sup>, Shur Wang<sup>2,5</sup>





#### A Draft Sequence of the Neandertal Genome

Richard E. Green, \*\*† Johannes Krause, \*†§ Adrian W. Briggs, \*†§ Tomislav Maricic, \*†§ Udo Stenzel, \*†§ Martin Kircher, \*†§ Nick Patterson, \*†§ Heng Li, \*† Weiwei Zhai, \*†||
Markus Hsi-Yang Fritz, \*† Nancy F. Hansen, \*† Eric Y. Durand, \*† Anna-Sapfo Malaspinas, \*†
Jeffrey D. Jensen, \*† Tomas Marques-Bonet, \*\*, \*\*1\*† Can Alkan, \*† Kay Prüfer, \*† Matthias Meyer, \*†
Hernán A. Burbano, \*† Jeffrey M. Good, \*\*, \*† Rigo Schultz, \*† Ayinuer Aximu-Petri, \*† Anne Butthof, \*†
Barbara Höber, \*† Barbara Höffner, \*† Madlen Siegemund, \*† Antje Weihmann, \*† Chad Nusbaum, \*\*
Eric S. Lander, \*† Carsten Russ, \*† Nathaniel Novod, \*† Jason Affourtit, \*† Michael Egholm, \*†
Christine Verna, \*\*\* Pavao Rudan, \*\*
Vladimir B. Doronichev, \*†\* Liubov V. Golovanova, \*† Carles Lalueza-Fox, \*\*\* Marco de la Rasilla, \*\*
Javier Fortea, \*\*\* Antonio Rosas, \*\* Ralf W. Schmitz, \*\*16, \*\*17\* Philip L. F. Johnson, \*\*\* Evan E. Eichler, \*†
Daniel Falush, \*\*\* Evan Birney, \*† James C. Mullikin, \*\*† Montgomery Slatkin, \*\* Rasmus Nielsen, \*†
Janet Kelso, \*†\* Michael Lachmann, \*† David Reich, \*\*2, \*\*20\*\* † Svante Pääbo\*\* †



## Risoluzione dell'informazione





## Risoluzione dell'informazione





### Cambiamento di prospettiva

The 1000 Genome project (umani)



http://www.1000genomes.org

The genome 10K Project (vertebrati)



http://www.genome10k.org/



The 1000 bull genomes project (bovini) 34



## Nuovi modelli per la ricerca

- Importanza del disegno sperimentale
- Campionamento strategico
- Lavoro di laboratorio ridotto al minimo
- Produzione dati in conto terzi
- Controllo qualità
- Biostatistica e bioinformatica ← fondamentali!



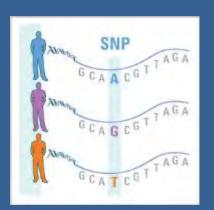
## Cambiamento epocale con ricadute in settori molto diversi

- Predisposizione a malattie multifattoriali
- Farmacogenomica
- Miglioramento genetico
- Sicurezza alimentare
- Biodiversità
- Ecologia
- Biologia
- Storia evoluzionistica

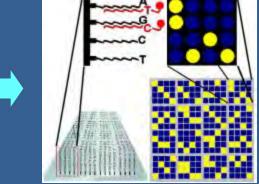


#### I MARCATORI SNP

#### SNP = "Single Nucleotide Polymorphisms" = polimorfismi di singolo nucleotide



**Identificazione** dei polimorfismi



Analisi su chip/microarray





- Alta processività.
- Molti marcatori → approccio altamente informativo.

Caratterizzazione del genotipo individuale a livello di decine di migliaia di loci.

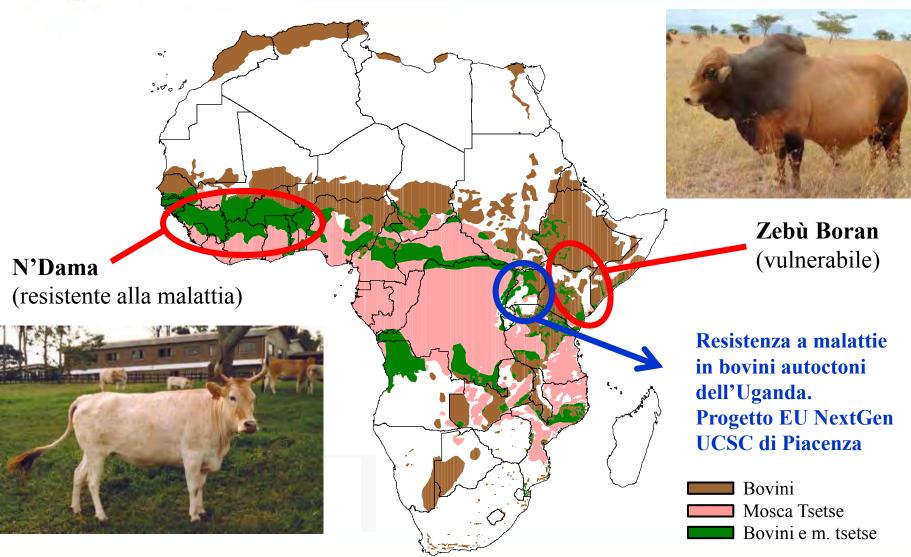




- Identificazione del singolo individuo.
- Identificazione della razza/popolazione di origine.

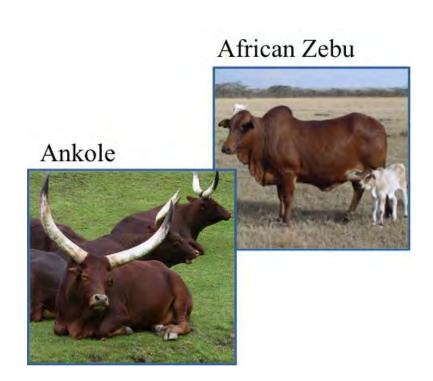


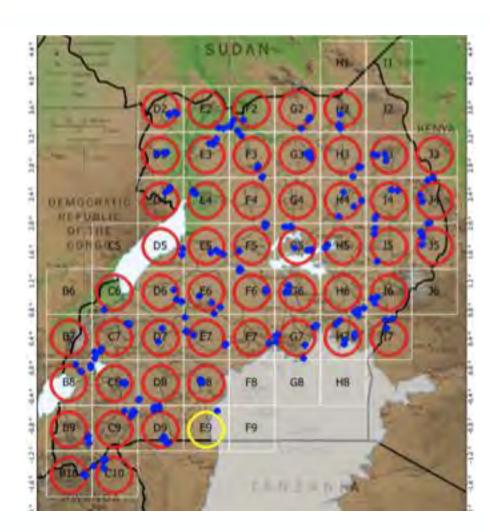
#### Resistenza alle malattie

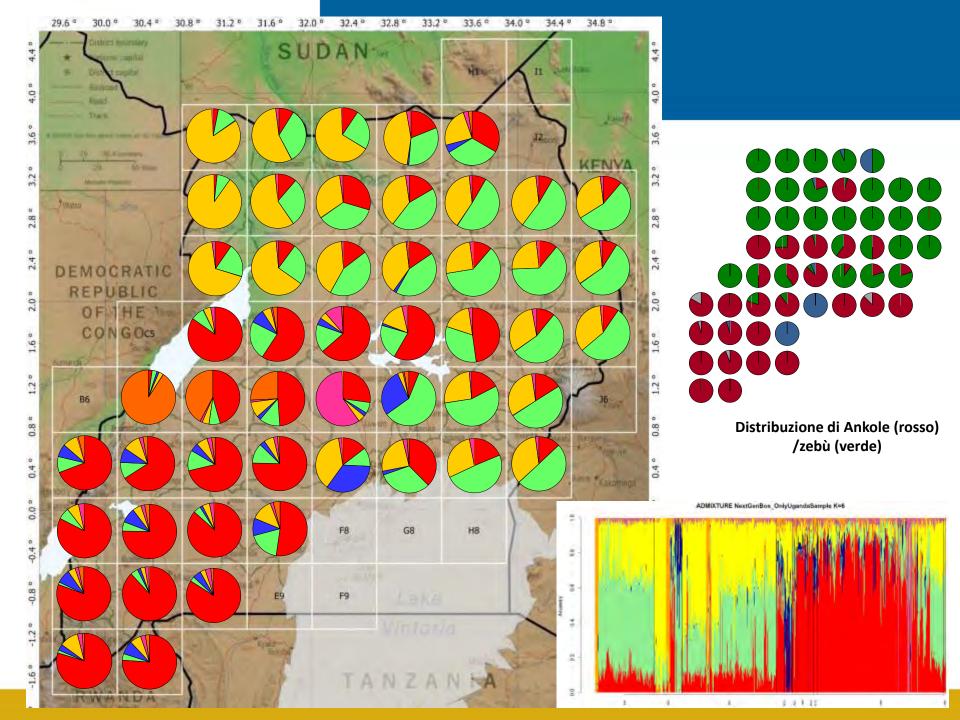




## Campionamento in Uganda





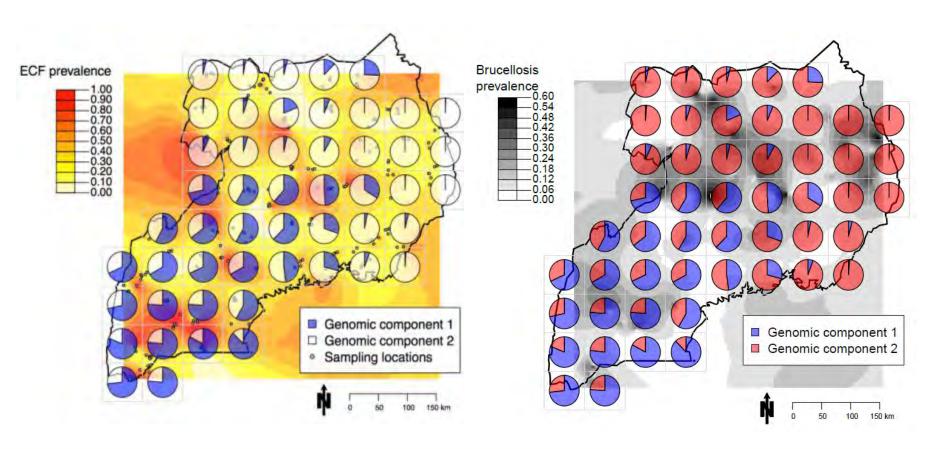




### Relazione genoma/presenza di malattie

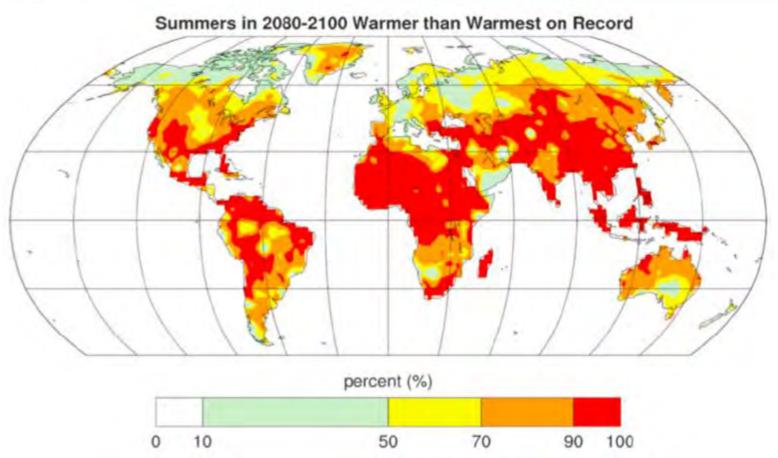
#### **East Coast Fever**

#### Brucellosi





#### Adattamento



Probabilita (in %) che le temperature medie estive future (2080-2100) superino i valori massimi mai registrati. Da Science, 2009, 323: 240.



# Conservazione della biodiversità

- La genomica può dare informazioni molto utili per definire priorità e strategie di gestione della biodiversità.
- Importante valutare anche:
  - il fenotipo
  - L'adattamento a condizioni agro-ambientali
  - ➤ I fattori socio-culturali
  - ➤ I fattori economici.



## Grazie per l'attenzione!