

# **BIODIVERSITÀ E BIOTECNOLOGIE: DUE RISORSE PER L'AGRICOLTURA DEL MEDITERRANEO**



**EUROPEAN BIOTECH WEEK**  
(SECONDA EDIZIONE)  
6 -12 OTTOBRE 2014

**CIHEAM- Bari**  
**Istituto Agronomico Mediterraneo**  
Via Ceglie, 9 - Valenzano (Bari)

**10 ottobre 2014**  
09.00-13.30

## PROGRAMMA SCIENTIFICO

### STATO DELL'ARTE DELLE CONOSCENZE

- 09.30-10.50 **Biotecnologie per la gestione e l'uso sostenibile della biodiversità**  
9.30 Domenico Pignone – Istituto di Bioscienze e Biorisorse - CNR  
**Uso delle biotecnologie per lo studio delle risorse genetiche vegetali**  
9.50 Francesco Cellini - Centro Ricerche Metapontum Agrobios - ALSIA  
**La piattaforma di fenotipizzazione**  
10.10 Michele Morgante – Istituto di Genomica Applicata, Università di Udine  
**Le nuove tecnologie di sequenziamento per l'analisi della diversità genetica nelle piante**  
10.30 Luigi Cattivelli – Centro di ricerca per la Genomica e Postgenomica – CRA  
**Studiare la biodiversità per selezionare nuovi ideotipi di frumento duro**
- 10.50-11.10 **Coffee break**  
11.10 Flavia Pizzi e Gustavo Gandini – Istituto di Biologia e Biotecnologie Agrarie, CNR  
**Biotecnologie per la caratterizzazione e la conservazione delle risorse genetiche animali**  
11.30 Federico Baruzzi, Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari - CNR  
**Biodiversità Microbica nella Dieta Mediterranea**  
11.50 Giovanni Giuseppe Vendramin– Istituto di Bioscienze e Biorisorse - CNR  
**Biodiversità e cambiamenti climatici in ecosistemi forestali del Mediterraneo**

#### Comitato Scientifico

Aldo Ceriotti, CNR IBBA

Domenico Pignone, CNR IBBR

#### Segreteria Organizzativa

Maria Pia Dibuduo, CNR IBBR

Ines Mendoza, IAMB CIHEAM

## ABSTRACTS DEGLI INTERVENTI

### Uso delle biotecnologie per lo studio delle risorse genetiche vegetali

***Domenico Pignone***

Istituto di Bioscienze e Biorisorse, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Bari

La regione mediterranea è ricca di risorse genetiche di piante agrarie e selvatiche che hanno contribuito a forgiare un sistema alimentare considerato patrimonio dell'umanità. Tuttavia questa regione deve anche fronteggiare le sfide dei mutamenti climatici. Tale prova può essere vinta grazie all'utilizzazione della grande quantità di biodiversità d'interesse agrario e alimentare conservata *ex situ* nelle banche dei geni e/o *in situ* nei territori dove essa si è affermata.

Tuttavia, proprio questa vasta disponibilità di genotipi rappresenta uno dei principali ostacoli alla completa utilizzazione delle risorse genetiche conservate. Le biotecnologie oggi mettono a disposizione degli studiosi un nuovo arsenale di strumenti attraverso i quali scardinare le barriere che rendono difficile l'uso delle risorse contenute nelle antiche varietà delle piante coltivate o nei loro progenitori selvatici.

Vengono presentati alcuni dei possibili esempi di applicazione delle biotecnologie allo studio delle risorse genetiche vegetali, quale base per un loro utilizzo corretto e sostenibile, oltre che flessibile a nuovi futuri bisogni, anche di carattere sociale o culturale.

### Le nuove tecnologie di sequenziamento per l'analisi della diversità genetica nelle piante

***Michele Morgante***

Istituto di Genomica Applicata e Dipartimento di Scienze Agrarie ed Ambientali, Università di Udine

The genomics revolution of the last 15 years has improved our understanding of the genetic make up of living organisms. Together with the achievements represented by complete genomic sequences for an increasing number of species, high throughput and parallel approaches are available for the analysis of DNA sequence variation, transcripts, proteins. The use of genomic tools has allowed us to start to unravel the genetic make up of traits that are relevant to adaptation. At the same time a deeper understanding of what natural variation is at the sequence level has also been achieved, allowing us to realize that nature can sometime have much greater fantasy and inventiveness than any laboratory scientist and that genetic variation is continuously created in plant species. The pace at which we can analyze natural

sequence variation has recently been greatly accelerated thanks to the advent of new DNA sequencing technologies.

The comparative sequencing of several plant genomes revealed that, in addition to single nucleotide polymorphisms (SNPs), transposable elements are largely responsible for extensive variation in both intergenic and local genic content not only between closely related species but also among individuals within a species. In addition larger structural variants can be detected, similar to the copy number variants identified in the human genome and involving hundreds of Kbp of DNA and tens of genes. A single genome sequence may therefore not reflect the entire genomic complement of a species and prompted us to introduce in plants the concept of the pan-genome, which includes core genomic features common to all individuals and a dispensable genome composed of non-shared DNA elements that can be individual- or population-specific.

We will describe the variation that can be detected among plant genotypes not only as SNP but also as structural variants due either to simple transposable element insertions or to insertions/deletions of large genomic regions using next generation sequencing methodologies. We will particularly focus on how to create either horizontal catalogues of genetic variation, i.e. looking at the variation in a limited number of very interesting genes in a very large number of individuals or vertical catalogues, i.e. looking at the variation in the entire genome of a limited number of very interesting individuals and provide examples of how to make use of such catalogues to address specific biological questions.

## **Studiare la biodiversità per selezionare nuovi ideotipi di frumento duro**

### ***Luigi Cattivelli***

CRA Centro di ricerca per la Genomica Vegetale, Fiorenzuola d'Arda (PC)

La biodiversità rappresenta una riserva in larga misura ancora inesplorata di nuovi loci/alleli codificanti per caratteri da utilizzare per lo sviluppo di nuovi genotipi capaci di soddisfare le moderne esigenze in termine di sostenibilità ambientale e di capacità produttiva nei futuri scenari dominati dai cambiamenti climatici. In frumento, così come in molte altre specie, esistono centinaia di migliaia di accessioni (varietà coltivate, landraces e accessioni selvatiche) disponibili nelle banche di germoplasma a cui si può far ricorso per migliorare le varietà attualmente in uso.

Nel corso della presentazione verranno illustrati alcuni esempi di come “scavando” nella diversità dei frumenti (duro e tenero) sia possibile identificare loci o alleli capaci di rispondere alle nuove esigenze del miglioramento genetico. Le risorse del germoplasma sono spesso utilizzate per ricercare nuove fonti di resistenza a malattie ed il caso della resistenza alle ruggini in frumento è un esempio emblematico di questa attività. Tuttavia la diversità genetica esistente consente anche di affrontare sfide più complesse come l'adattamento alle nuove condizioni climatiche dei prossimi anni dominate dall'aumento della CO<sub>2</sub> atmosferica, un fatto che oltre ad influenzare il clima del pianeta influenza anche le capacità fotosintetica delle piante coltivate con un impatto diretto sulla produzione potenziale. Infine, anche alcune patologie legate all'uso alimentare del frumento e dei suoi derivati come la celiachia possono

essere affrontate ricercando nella variabilità genetica esistente nuovi alleli/loci capaci di modificare la risposta celiaca.

## **Bioteologie per la caratterizzazione e la conservazione delle risorse genetiche animali**

***Gustavo Gandini \* e Flavia Pizzi \*\****

\* Dipartimento di Scienze Veterinarie e Sanità Pubblica, UNIMI, Milano

\*\* Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria, CNR, Milano

Le bioteologie forniscono importanti contributi alla salvaguardia delle risorse genetiche animali di interesse zoo-economico (AnGR). Facilitano il raggiungimento di alcune delle priorità strategiche del Global Plan of Action for Animal Genetic Resources (adottato dalla comunità internazionale, sotto l'egida FAO, nel 2007), in particolare la caratterizzazione, l'uso sostenibile e la conservazione delle AnGR. A questo riguardo si presentano alcuni esempi nel campo delle bioteologie legate alla genomica e delle bioteologie riproduttive. Per quanto riguarda il primo aspetto: 1) la landscape genomics offre l'opportunità di capire la struttura di caratteri complessi come quelli dell'adattamento all'ambiente; 2) i marcatori genetici di nuova generazione offrono grandi potenzialità per: la definizione della priorità di conservazione (identificazione delle razze / popolazioni di maggiore valore), per il controllo della consanguineità in assenza di informazioni genealogiche, per l'identificazione di razze e incroci (tracciabilità dei prodotti, identificazione di animali di particolare valore di conservazione). Inoltre ci consentono una sempre più approfondita caratterizzazione delle razze: si riporta un esempio sulla caratterizzazione del valore ambientale attraverso l'analisi della biodiversità dei suoli di aree pascolate. Per quanto riguarda le bioteologie riproduttive, si fa riferimento in modo particolare alla conservazione di materiale genetico quale garanzia di salvaguardia: si analizzano le bioteologie legate alla raccolta di materiale genetico (spermatozoi epididimali, ovum pick up), alla sua conservazione tramite congelamento o liofilizzazione, all'utilizzo per la ricostruzione di individui (sessaggio degli spermatozoi, ICSI, clonazione).

## **Biodiversità Microbica nella Dieta Mediterranea**

***Federico Baruzzi***

Istituto di Scienze delle Produzioni Alimentari, CNR, Bari

Molti degli alimenti della Dieta Mediterranea derivano da complessi processi fermentativi le cui popolazioni vengono assunte mediante cibi quali formaggi, salumi e vegetali fermentati; in casi come vino e pane, invece, il processo di lavorazione porta ad una stabilizzazione microbica.

La rinomata differenziazione di alimenti esistente in Italia, in larga parte derivante da una secolare messa a punto dei processi di lavorazione, ha portato alla definizione di microflora

specifiche per ogni alimento che, se correttamente studiate e conservate, ne consentono la loro valorizzazione a partire dai loro processi produttivi. Tali microflorose originano fondamentalmente dalla contaminazione delle materie prime che spesso può veicolare microrganismi patogeni o funghi micotossigeni.

Gli studi continuano a dimostrare la mutua influenza tra tecnologia di produzione e l'evolversi e l'affermarsi di una determinata nicchia ecologica, tipica non solo di un determinato alimento, ma spesso anche di un particolare produttore. Il complesso equilibrio metabolico tra i microrganismi presenti che governa la fermentazione conferisce agli alimenti sapori ed odori differenti.

Il pluriennale studio delle microflorose coinvolte in differenti processi di fermentazione di alimenti tipici nazionali, tutti notoriamente inclusi nella Dieta Mediterranea, ha portato all'allestimento di una collezione microbica che comprende circa 3000 ceppi appartenenti ad oltre 160 specie microbiche (batteri e lieviti). A questi si aggiunge l'importante collezione di funghi tossigeni d'interesse fitopatologico, micotossicologico e agro-alimentare, costituita da circa 5.000 ceppi.

## Diversità genetica e cambiamenti climatici negli ecosistemi forestali mediterranei

**Giovanni Giuseppe Vendramin<sup>1</sup>, Rose Ruiz Daniels<sup>2</sup>, Zaida Lorenzo<sup>2</sup>, Francesca Bagnoli<sup>1</sup>, Delphine Grivet<sup>2</sup>, Santiago C. González-Martínez<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> CNR, Istituto di Bioscienze e BioRisorse, Sesto Fiorentino (FI)

<sup>2</sup> INIA, Forest Research Centre, Madrid (Spagna)

Comprendere i modelli a livello di distribuzione e le interazioni tra ambiente, demografia e evoluzione è essenziale a fronte degli imminenti cambiamenti climatici. Le specie del bacino del Mediterraneo, che abitano ambienti altamente eterogenei, sono particolarmente a rischio a causa del previsto aumento dell'aridità e recente cambiamento nell'uso del territorio in questa zona, che favorisce la frammentazione. Le conifere sono specie arboree ecologicamente ed economicamente importanti ed è quindi di grande interesse valutare il loro potenziale adattativo ai cambiamenti climatici previsti. In questa presentazione, passiamo in rassegna i nostri studi di population genomics e association genetics in pino marittimo e di Aleppo, due elementi rilevanti del paesaggio mediterraneo. In pino marittimo (*Pinus pinaster* Aiton), 17 marcatori SNP (Single Nucleotide Polymorphisms) hanno mostrato di essere fortemente correlati con il clima, una volta che i modelli di associazione ambientale sono stati depurati della struttura genetica delle popolazioni. L'utilità di questi SNP per prevedere il disadattamento climatico di impianti forestali è stato ulteriormente testato in un common garden, mostrando che la distanza genetica da frequenze alleliche ottimali porta a una ridotta sopravvivenza. Allo stesso tempo, alcuni di questi loci sono stati correlati sia con caratteri associate agli incendi che alla siccità utilizzando approcci di association genetics. In pino d'Aleppo (*Pinus halepensis* Miller), stiamo studiando le firme genetiche dell'espansione del range di distribuzione da popolazioni rifugio in Turchia e in Grecia verso la grande distribuzione del Mediterraneo occidentale. Nel corso di un precedente studio basato su geni

candidati per la risposta alla siccità, questa specie ha mostrato impronte di selezione durante l'espansione della propria area di distribuzione. Tuttavia, i nuovi dati basati su SNP hanno mostrato segnali di bottleneck ricorrenti nell'area colonizzata e il 'genesurfing' nell'espansione dell'areale di distribuzione appare una valida ipotesi alternativa. Questi studi a grandi scale spaziali sono accompagnati da ricerche a scala locale volte a rilevare il ruolo della variazione micro-ambientale nella creazione e mantenimento della diversità genetica all'interno delle popolazioni. La combinazione di diversi approcci e scale spaziali fornisce una visione integrata per comprendere i meccanismi di genetica quantitativa e molecolari responsabili per l'adattamento, nonché i driver di selezione (sia climatica sia ecologica) in conifere mediterranee. Inoltre, potrà anche fornire una base per identificare le differenze nelle popolazioni che possono aiutare le specie di sopravvivere ai futuri cambiamenti ambientali, nonché una visione approfondita delle strategie ottimali di gestione delle future foreste europee.