

DIVERSITÀ GENETICA: SCOPERTE DIFFERENZE IMPORTANTI TRA LE VARIETÀ DELLA STESSA SPECIE

APERTE NUOVE PROSPETTIVE PER IL MIGLIORAMENTO GENETICO IN AGRICOLTURA

Publicato su "The Plant Journal" un lavoro che dimostra la grande plasticità del genoma dell'orzo

Abbiamo sempre pensato che tra le varietà di una stessa specie le differenze genetiche fossero minime. Fino ad oggi. Fino a quando, cioè, l'analisi dei molteplici dati di sequenziamento disponibili ha rivelato l'esistenza, tra le diverse varietà di una stessa specie, di genomi "fluidi", caratterizzati da un numero mutevole di geni e che differiscono tra loro per larghi tratti di DNA, capaci di contenere svariati geni.

Un ulteriore e significativo passo, in tal senso, è fornito dallo studio relativo all'orzo, svolto nell'ambito del progetto Europeo WHEALBI, in collaborazione con l'Università degli Studi di Milano, il PTP Science Park, un istituto scozzese (James Hutton Institute) ed uno tedesco (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research) e coordinato da Agostino Fricano, ricercatore del CREA Genomica e Bioinformatica. Infatti, sono stati analizzati i dati di sequenziamento parziale di circa 400 tra popolazioni locali, varietà antiche e moderne di orzo, dimostrando come le diverse varietà differiscano tra loro per la presenza o assenza di larghi tratti di DNA. Il lavoro ha comportato il sequenziamento della parte espressa (i geni) di tutte le varietà ed il loro confronto con una varietà di riferimento, per la quale è disponibile la sequenza dell'intero genoma.

I risultati, pubblicati sulla rivista scientifica "The Plant Journal", hanno evidenziato circa **15.000 tratti di DNA presenti solo in alcune delle varietà analizzate ed assenti in altre**, oppure presenti in una copia in alcune varietà ed in più copie in altre (un fenomeno noto come copy number variation- CNV). Questi dati **dimostrano l'incredibile plasticità del genoma delle piante coltivate in generale e dell'orzo in particolare**, la specie usata come modello per lo studio dei cereali più complicati come i frumenti, ed evidenziano come la diversità genetica all'interno di una specie non sia solo frutto di mutazioni nei singoli geni, ma anche di frequenti eventi di delezione o duplicazione.

*"Fino a pochi anni fa si pensava che la diversità genetica e quindi le differenze tra le varietà di una specie, fossero dovute principalmente a variazioni tra singole basi del DNA (i polimorfismi a singolo nucleotide o SNP) - spiega **Agostino Fricano (CREA), coordinatore del lavoro** - Le tecnologie di sequenziamento massivo, applicate alle specie coltivate, ci hanno permesso rilevare l'ampia diffusione della presenza/assenza di larghi tratti di DNA e di dimostrare che geni con specifiche funzioni sono più inclini a possedere variazioni del numero di copie".*

“Le analisi delle sequenze di ampie collezioni di germoplasma ci stanno insegnando molto sulla storia delle piante coltivate” commenta **Laura Rossini del Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali della Statale di Milano**, che ha curato il lavoro di sequenziamento in collaborazione con il PTP *“per esempio la variazione delle copie di particolari geni può permettere alla pianta di adattarsi a differenti condizioni ambientali”*.

“In un’epoca dove l’inserimento di un singolo gene in una varietà crea timori nell’opinione pubblica, sapere che le popolazioni naturali o le varietà di una stessa specie che già coltiviamo differiscono tra loro per presenza/assenza di larghi tratti di DNA è un perfetto esempio di come la natura sia molto più flessibile di quanto comunemente si creda” - afferma **Luigi Cattivelli, direttore del Centro di ricerca per la Genomica e Bioinformatica** del CREA che continua: *“Questo studio apre la strada alla ricerca del futuro in cui il pangenoma (ovvero la somma di tutti i geni che si trovano nelle diverse varietà di una specie) permetterà di aprire una nuova dimensione nello studio della diversità genetica, con evidenti ricadute per il miglioramento genetico e l’adattamento delle colture ai cambiamenti climatici”*.

Il lavoro dal titolo " Segmental duplications are hot spots of copy number variants affecting barley gene content" è disponibile a questo [link](#).